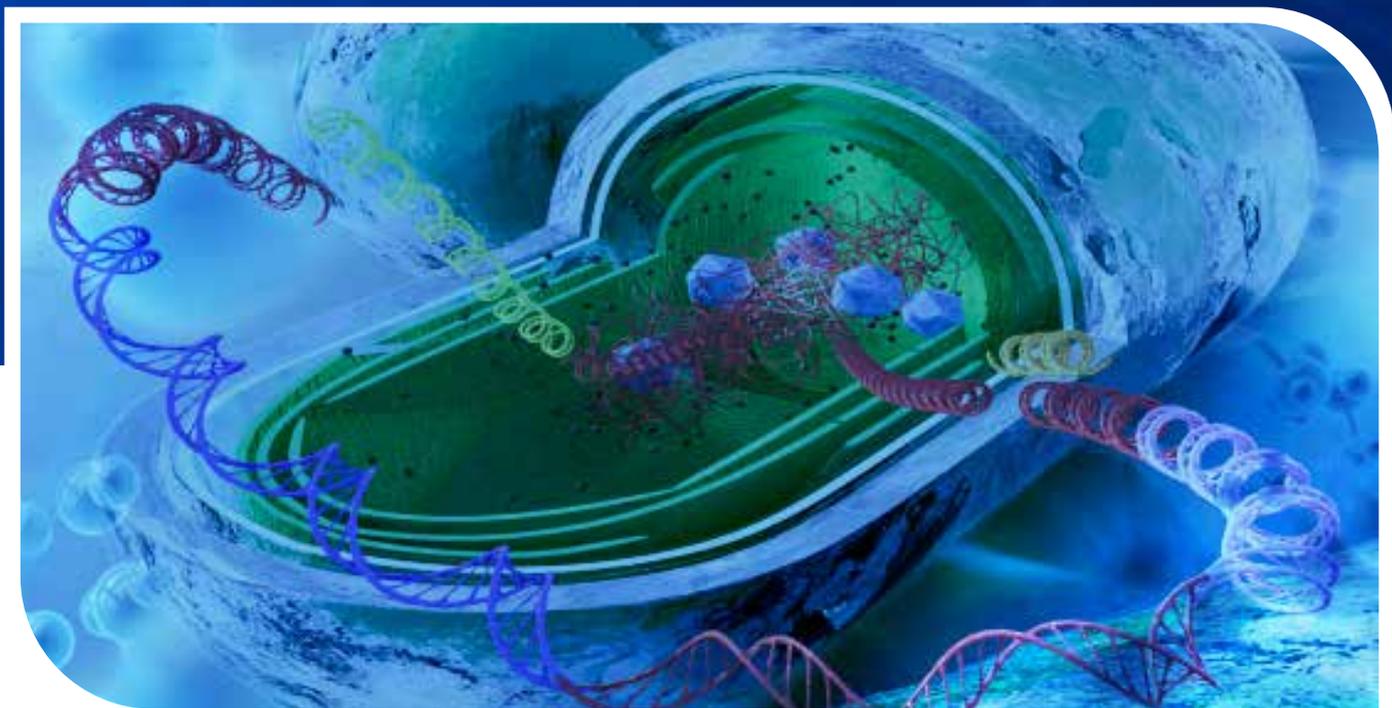


# 合成生物学服务手册

## 关键底层使能技术



- DNA合成(引物合成/基因合成)
- DNA拼接和组装
- 食品加工用微生物残留DNA检测服务
- 基因编辑(CRISPR-Cas9)、基因测序
- 蛋白质/酶工程
- 宿主核酸残留DNA检测试剂盒

## 通用生物园区



## 瑞拜药业园区



### 中国市场

- ◇ 9大片区
- ◇ 销售团队100+人
- ◇ 技术支持40+人

### 全球市场

- ◇ 我们在美国、南京设立分公司
- ◇ 客户遍及全球

### 网络销售平台

- ◇ 七大技术支持专线
- ◇ 全天在线服务

# 公司简介

COMPANY PROFILE



成立时间



员工人数



服务机构

通用生物（安徽）股份有限公司（简称：通用生物）是一家面向全球客户提供一站式产品及服务的生物科技企业，致力于为体外诊断(IVD)试剂开发、生物创新药研发及基础生命科学研究领域提供全套解决方案和原料供应，服务客户遍及全球20多个国家及地区的知名药企、生物技术公司及科研机构等。

- 国家高新技术企业
- 国家规模以上工业企业
- 国家企业技术中心
- 国家专精特新“小巨人”企业
- 国家级博士后工作站
- ISO9001:2015认证
- ISO13485:2016认证
- ISO/IEC17025:2017 CNAS实验室认可
- 二级生物安全实验室(BSL-2)



## 八大业务平台 覆盖三大主要应用场景



生命科学研究  
服务及产品



IVD核心原料  
开发



新药研发  
CRO/CDMO



基因合成



引物合成



蛋白表达



抗体定制



检测验证



病毒包装



寡核苷酸CRDMO



生物制品

# 目录

## DNA合成(引物合成/基因合成)

### DNA拼接和组装

□ <b>基因合成</b>	03
长片段基因合成	03
PCR产物定制化	04
高通量基因合成	04
□ <b>质粒制备</b>	05
科研级质粒DNA制备	05
转染级( $\leq 0.1$ EU/ $\mu$ g)质粒DNA制备	05
准医疗级( $\leq 0.01$ EU/ $\mu$ g)质粒DNA制备	06
高标准大规模(克级)质粒DNA制备服务	07
□ <b>PCR克隆/亚克隆</b>	08
□ <b>shRNA表达载体构建</b>	08
□ <b>定点突变</b>	09
□ <b>基因文库构建</b>	10
定点饱和突变文库	10
扫描文库	11
随机突变文库	11
氨基酸定制(Trimer、IUBcode、NNK)文库构建	11
□ <b>DNA/RNA Oligos合成服务</b>	12

## 基因编辑(CRISPR-Cas9)相关

□ <b>sDNA合成</b>	15
□ <b>SgRNA化学合成</b>	15
□ <b>SgRNA质粒构建</b>	15
□ <b>经济型套餐:gRNA合成+转染级质粒制备</b>	15
□ <b>CRISPR gRNA文库</b>	15
□ <b>LC-dsDNA合成服务</b>	16
□ <b>模式动物基因型(鼠尾)鉴定</b>	16

## 基因测序

□DNA常规测序	17
□复杂结构测序	18
□3730跑板服务	18
□核酸提取及扩增测序	18
□荧光定量PCR	19
□TA克隆	20
□细菌16S rDNA种厘鉴定(CNAS认可)	20
□人源/小鼠细胞鉴定(STR法)	21
□基因组测序	22
全基因组测序	22
外显子组测序	23
细菌真菌基因组测序	24
□转录组测序	26
普通转录组测序	26
LnCRNA测序	28
miRNA测序	30
circRNA测序	32
全转录组测序	34
□蛋白质组学	35
□非靶向代谢组学	36
□单细胞转录组测序	38

## 蛋白质/酶工程

□蛋白表达(酶突变体的表达)	40
□大规模重组抗体/蛋白生产(原核、真核系统)	40

## 相关产品及服务

□FastStain快速染色剂	42
□BioCleaner核酸清洁剂	43

## 食品加工用遗传修饰微生物安全性评价

□食品加工用遗传修饰微生物产品中生产菌株DNA检测	44
□宿主残留外源性DNA检测试剂盒	44

# 合成生物学关键底层使能技术

合成生物学，作为一门结合生物学和工程学的前沿学科，正逐步改变我们对生命的理解和利用方式。从有目标地设计、改造生物体到创建赋予非自然功能的“人造生命”，合成生物学正在推动生物制造效率的提升，并在工业、农业、医学等多个领域展现出巨大的应用前景。



图. 合成生物学(源自网络)

合成生物学的高速发展，离不开底层技术的进步。自20世纪后半叶开始，DNA双螺旋结构被发现之后，基因测序、基因编辑、基因合成三大技术突飞猛进；同时，随着系统生物学、蛋白质工程等技术的持续发展，合成生物技术也有望迎来新的飞跃。

基因测序技术从第一代发展至第三代，提升基因测序效率的同时，也降低了基因测序的成本。基因测序是合成生物研究的基础，是人类“睁开眼睛看世界”的重要手段，基因测序效率和成本直接决定了行业的发展。

基因编辑技术决定了对生命体遗传物质的定向改造，进而可实现对生命体性状和代谢的改变，是合成生物学的非常重要的基础工具。CRISPR技术克服了传统基因操作的周期长、效率低、应用窄等缺点，大大提高了基因操作的便捷度。

**DNA的人工合成是合成生物学研究的底层推动技术。** DNA化学合成法是当前主流的商业化合成方法，在合成长度和合成通量上不断取得突破，发展出柱式合成和芯片合成工艺，使寡核苷酸链合成通量可以达到百万条级，合成成本降低约3个数量级。近年来，DNA酶促合成法日益受到关注，利用末端脱氧核苷酸转移酶(TdT)在温和的条件进行寡核苷酸链的合成，有望推动DNA合成技术的再次升级。**生物体基因组合成与组装能力迭代提升，逐步实现原核生物基因组和酵母染色体的合成，正在挑战多细胞生物染色体合成，支撑合成生物学研究和推动下游产业转化。**

系统生物学是研究一个生物系统中所有组成成分的构成，以及在特定条件下这些组分间的相互关系的学科。其主要技术平台为基因组学(DNA)、转录组学(mRNA)、蛋白质组学(蛋白质/酶)、代谢组学(产物)等。在合成生物领域，如果需要对目标产物的生产指标做出调整，代谢组学是非常适合的方法。

酶是微生物体内的催化剂，承担物质转化的功能，效率与其结构密切相关。理论上，任何化学反应都可以实现酶催化(如二氧化碳合成淀粉)。**酶的定向进化技术是合成生物的重要突破口，目前仍在技术发展阶段，在实现物质的高效率合成转化方面具有重要价值。**

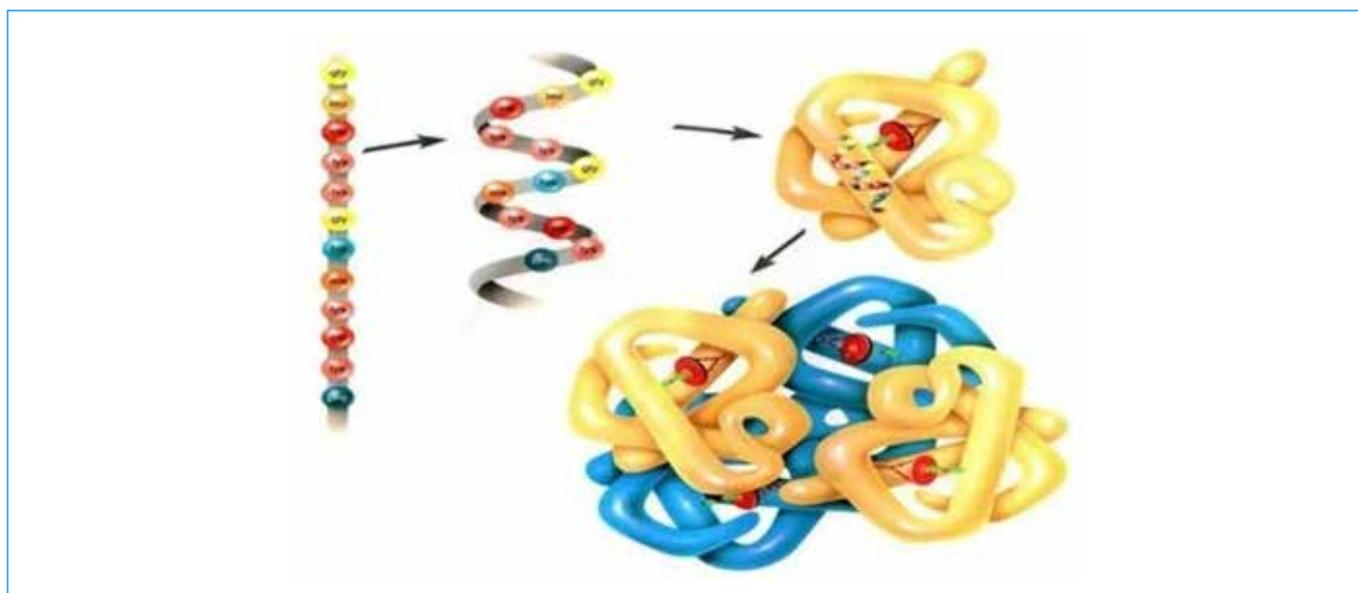


图. 酶的突变位点(源自网络)

## 合成生物学一站式服务解决方案

通用生物深耕合成生物学服务领域多年，着力打造了合成生物学底层技术平台，依托该平台，可以提供全方面的技术服务，涵盖基因合成、DNA/RNA oligos合成、克隆及点突变、基因文库构建、CRISPR-Cas9基因编辑相关服务；蛋白表达服务；WGS、WES、RNA-seq及单细胞的基因测序服务，打造多样化、一站式合成生物服务解决方案，以满足更多客户的研发生产需求，助力在合成生物学的前沿领域取得突破。

## □ DNA合成(引物合成/基因合成)

## □ DNA拼接和组装

### ▲基因合成

- 长片段基因合成
- PCR产物定制化
- 高通量基因合成

### ▲质粒制备

- 科研级质粒DNA制备
- 转染级( $\leq 0.1$  EU/ $\mu$ g)质粒DNA制备
- 准医疗级( $\leq 0.01$  EU/ $\mu$ g)质粒DNA制备
- 高标准大规模(克级)质粒DNA制备服务

### ▲PCR克隆/亚克隆

### ▲shRNA表达载体构建

### ▲定点突变

### ▲基因文库构建

- 定点饱和突变文库
- 扫描文库
- 随机突变文库
- 氨基酸定制(Trimer、IUBcode、NNK)文库构建

### ▲DNA/RNA Oligos合成服务

## 基因合成

基因合成是用人工方法合成基因的技术，是基因获取的手段之一。相对于从已有生物中获取基因来说，基因合成无需模板，因而不受基因来源限制。通用生物拥有专业的基因服务团队和成熟完善的技术设备，可为客户合成所需的任何长度基因及各种复杂基因。

常规基因合成

快速基因合成

极速基因合成

高通量基因合成

长片段基因合成

PCR产物定制化

### □ 长片段基因合成

#### 一步组装多个DNA片段，准确合成长片段基因

通用生物以极具竞争力的价格，可为您合成长达6kb以上的长片段基因。公司凭借独有的克隆技术以及全新的长片段组装克隆平台支撑，可准确有效地将多个DNA片段进行一步组装。相较于传统的多个短片段基因多次拼接及组装的方法，该技术大大节省了时间及成本，且所合成的序列100%准确，没有突变及错误的发生。

#### 服务内容

基因长度	交付周期(工作日)
6 kb ~ 10 kb	30 ~ 35
10 kb ~ 50 kb	询

#### 交付标准

- ◇ 2-5 μg冻干质粒DNA(低拷贝1-2 μg冻干质粒DNA)
- ◇ 1支含有重组质粒的穿刺菌或甘油菌
- ◇ 测序峰图(abi文件电子版)
- ◇ COA文件(电子版)
- ◇ 基因序列比对文件(电子版)

## □ PCR产物定制化

交付可直接使用的线性双链DNA片段，用于简单基因的克隆、构建、改造等。

基因长度 (bp)	周期 (自然日)	产量 (ng)
100 ~ 500	2 ~ 4	500
501 ~ 750	2 ~ 4	500
751 ~ 1000	2 ~ 4	500
1001 ~ 1250	2 ~ 4	500
1251 ~ 1500	4 ~ 6	500
1501 ~ 1750	4 ~ 6	500
1751 ~ 2000	4 ~ 6	500

### 服务优势

- ◇ 质量高：每一条交付PCR产物都经过片段分析仪检测
- ◇ 合成周期短：最快2天发货
- ◇ 使用更方便：可直接使用的线性双链DNA片段
- ◇ 订购便捷：7\*24 在线订单系统实时提交和管理您的订单

### 服务说明

为了验证PCR产物的质量，我们准备了35个不同序列的Gene片段，长度在330-800bp，GC含量在20%-80%。每段基因经过3-6次的克隆后，显示总体正确率达到89.28%，有30个片段的克隆正确率超过82%。

注：如您送测3个有效克隆无法得到正确克隆，我们可免费提供对应质粒

## □ 高通量基因合成

**高通量、高保真、自动化、成本低廉**

合成生物学的快速发展对基因合成能力提出了日益迫切的需求。近年来，微芯片基因合成技术取得了令人振奋的新进展，正向着高通量、高保真、自动化的方向发展。通用生物公司在这一领域拥有领先的技术，可为客户提供快速价廉的高通量基因合成服务，尤其适用于合成大量的基因片段和长基因组序列。

### 服务优势

- ◇ 经验丰富的专家设计团队
- ◇ 天衣无缝的克隆方案
- ◇ 先进的高通量、高保真基因合成技术
- ◇ 完善的项目管理

### 交付标准

为客户提供全部技术资料和产品，包括

- ◇ 2-5μg冻干质粒DNA(低拷贝1-2μg冻干质粒DNA)
- ◇ 测序峰图(abi文件电子版)
- ◇ 1支含有重组质粒的穿刺菌或甘油菌
- ◇ COA文件(电子版)
- ◇ 基因序列比对文件(电子版)

## 质粒制备

### 全面的质粒制备解决方案

通用生物的质粒DNA制备服务通过高品质、低成本、一站式规模化质粒DNA制备平台立足于科研市场。为满足更多企业需求及追求更高品质，通用生物质粒DNA制备平台进行了升级改造，严格采用GLP标准操作程序进行生产，通过完善的质量管理、可追溯操作流程和严格的检测系统，确保了最终产品质量符合客户需求。另外平台通过大规模工业化发酵和全自动化纯化工艺生产g级以上质粒DNA产品，以满足生物工业级用户对大规模工业化质粒DNA制备的服务需求。

### □ 科研级质粒DNA制备

可应用于分子克隆、测序、定点突变、Southern blot、文库构建、探针合成、细菌转化等科研实验。

质粒抽提级别	抽提量	周期(工作日)
科研级	100-500 $\mu\text{g}$	3 ~ 5
	1-2 mg	5 ~ 7
	10-100 mg	5 ~ 10
	200-1000 mg	8 ~ 15
	> 1000 mg	询

### QC项目

检测项目	检测标准
质粒外观	清澈透明无杂质
质粒浓度	分光光度计测定( $1\mu\text{g}/\mu\text{l}$ )
A260/A280	分光光度计测定(1.8~2.0)
A260/A230	分光光度计测定(> 2.0)
酶切验证	条带大小正确且无杂带

### 服务优势

- ◇ 价格低至300元/100 $\mu\text{g}$
- ◇ 质粒纯度高，带形清晰标准
- ◇ 严格的质量控制
- ◇ 快速的交付时间，最快3天交付
- ◇ 自动化生产工艺，一次性提取10-500  $\mu\text{g}$

### □ 转染级( $\leq 0.1 \text{ EU}/\mu\text{g}$ )质粒DNA制备

可应用于多种类型细胞的转染实验、病毒包装、抗体或蛋白生产、动物学研究等。

质粒抽提级别	抽提量	周期(工作日)
转染级 ( $\leq 0.1 \text{ EU}/\mu\text{g}$ )	100-500 $\mu\text{g}$	3 ~ 5
	1-2 mg	5 ~ 7
	10-100 mg	5 ~ 10
	200-1000 mg	8 ~ 15
	> 1000 mg	询

检测项目	检测标准
质粒外观	清澈透明无杂质
质粒浓度	分光光度计测定(1µg/µl)
A260/A280	分光光度计测定(1.8~2.0)
A260/A230	分光光度计测定(> 2.0)
测序验证	测序验证符合
酶切验证	条带大小正确且无杂带
超螺旋含量	超螺旋含量显著
基因组检测	凝胶电泳检测 目测无条带
RNA检测	凝胶电泳检测 目测无条带
内毒素检测	内毒素含量小于100EU/mg
生物负载	无菌质粒

## 服务优势

- ◇ Animal-free全自动化生产工艺，显著的超螺旋结构，内毒素≤0.1 EU/µg
- ◇ 灵活的选择范围，10 µg至g级以上
- ◇ 快速的交付时间，最快4天交付

## □ 准医疗级(≤0.01 EU/µg)质粒DNA制备

可用于CAR-T等细胞治疗相关病毒载体的生产制备、疫苗、基因治疗研究等实验。

质粒抽提级别	抽提量	周期(工作日)
准医疗级 (≤0.01 EU/µg)	100-500 µg	3~5
	1-2 mg	5~7
	10-100 mg	5~10
	200-1000 mg	8~15
	>1000 mg	询

## QC项目

检测项目	检测标准
质粒外观	清澈透明无杂质
质粒浓度	分光光度计测定(1µg/µl)
A260/A280	分光光度计测定(1.8~2.0)
A260/A230	分光光度计测定(> 2.0)
测序验证	测序验证符合
酶切验证	条带大小正确且无杂带
超螺旋含量	≥90%
基因组检测	凝胶电泳检测 目测无条带
RNA检测	凝胶电泳检测 目测无条带
生物负载	无菌质粒
内毒素检测	内毒素含量≤0.01 EU/µg

## 服务优势

- ◇ 严格采用GLP规范标准操作程序进行生产，确保产品品质和可追溯
- ◇ 质粒超螺旋程度 $\geq 90\%$ ，内毒素 $\leq 0.01$  EU/ $\mu\text{g}$ ，Animal-free全自动化生产工艺，无菌处理
- ◇ 灵活的选择范围，10ug至g级以上

## □ 高标准大规模(克级)质粒DNA制备服务

依托自身强大的基因合成技术平台，通用生物可提供高标准大规模质粒制备服务。GMP规范化生产及全面的QC检测，保证了交付的质粒超螺旋程度 $\geq 90\%$ ，内毒素 $\leq 0.005$ EU/ $\mu\text{g}$ 。此外，可依据研究需求支持大规格定制，最高可达g级。

质粒抽提级别	抽提量	周期(工作日)
高标准大规模质粒制备	10 mg	7-10
	100 mg	10-12
	200 mg	12-15
	500mg	15-20
	>500 mg	询

## QC项目

	QC项目	QC指标
默认QC项目	超螺旋占比	$\geq 90\%$
	插入序列一致性测序	完全正确
	限制性内切酶分析	与预期大小一直
	外观	透明，无明显颗粒
	浓度	默认1mg/ml，可根据需求调整浓度
	A260/280	1.8-2.0
	A260/230	$\geq 2.0$
	残留RNA	500ng内无检出
	残留E.coli DNA	定量PCR $\leq 5\%$
	pH	8.0 $\pm$ 0.5(in TE buffer);7.2 $\pm$ 0.5in(PBS buffer);6.0 $\pm$ 1.0(注射用水)
	内毒素含量	$\leq 0.005$ EU/ $\mu\text{g}$
	残留宿主蛋白	$\leq 1\%$
	生物负载	48小时无生长
额外QC项目*	Animal-free生产，TSE/BSE声明	可选
	支原体检测	阴性
	卡纳霉素检测	ELISA < 1.125ng/ml
	内毒素去除	可选

\*项目为可选，均需支付额外费用

## 服务优势

- ◇ 高密度发酵，高得率，制备规格可从10 mg至g级以上
- ◇ 无酶色谱纯化
- ◇ HPLC检测超螺旋 $\geq 90\%$ ，内毒素 $\leq 0.005$  EU/ $\mu\text{g}$
- ◇ 宿主DNA / RNA /蛋白定量分析
- ◇ 可根据需求定制质粒制备QC方案

## PCR克隆/亚克隆

克隆技术不依赖于载体的酶切位点，能够将客户的目的基因片段直接克隆至客户指定载体上指定的克隆位点，故相较于普通克隆技术大大节省了时间。

PCR克隆 (bp)	交付周期 (工作日)
< 3000	6 ~ 10
3001 ~ 4000	10 ~ 13
4001 ~ 5000	11 ~ 15
5001 ~ 6000	13 ~ 18
> 6000	咨询

根据客户要求从模板中扩增或酶切目的基因片段，连接到目的载体中，并测序验证。

## 服务说明

### 客户提供信息

- ◇ 模板信息，客户的原始序列须提供测序彩图，同时需提供模板所在载体抗性信息。不能提供序列的加测序验证费用
- ◇ 目的载体信息；客户自己构建的质粒须提供测序结果或是载体全序列信息。
- ◇ 目的基因序列及两端酶切位点。

若客户使用稀有的限制性内切酶，需支付购买稀有酶的费用，剩余的返还客户。

## shRNA表达载体构建

shRNA表达载体带有抗生素标记，可以在细胞中持续抑制靶基因的表达，持续数星期甚至更久。对于一个已知有效的siRNA序列(例如，经过siRNA合成方法筛选获得的)，需要维持较长时间的基因沉默时，推荐使用shRNA载体系统。通用生物致力于提供最先进和最方便的shRNA相关工具，推出新一代shRNA表达质粒，一种高效即用型载体，该载体在细胞内可以持续产生shRNAs，从而达到持久抑制目标基因表达的目的。

shRNA载体构建	周期 (工作日)
< 100 bp	5 ~ 10

## 服务说明

### ◇ 体内抑制效果强

shRNA表达载体生物体内的抑制效果强于普通合成的siRNA，且能与组织特异性定位启动子协同作用

### ◇ 诱导表达功能

可通过shRNA表达载体服务建立可诱导表达系统，控制siRNA的表达

### ◇ 转染细胞易富集

载体上可附加抗生素抗性，筛除未转染的细胞，轻松富集有沉默潜力的细胞

### ◇ 干扰效果长期有效

shRNA表达载体能帮助研究人员获得稳定细胞系，并保证RNA干扰的长期性

### ◇ 实验操作简便

shRNA表达载体将以质粒的形式寄给客户，这种形式比一般合成的siRNA更加稳定，操作也更加简单。同时，由于载体可重复操作，客户使用更加方便。

### ◇ 优惠的价格

shRNA表达载体的可重复操作性降低了其高通量应用的价格，满足了siRNA客户的大量需求。

### ◇ 可用于基因治疗

构建在病毒载体上的shRNA能被应用于感染基因治疗核心细胞系。

## 定点突变

定点突变技术通过PCR方法向目的DNA片段中引入所需变化，包括碱基的增加、删除、点突变等，是实验室改造、优化基因的常用手段，也是研究蛋白质结构和功能之间复杂关系的有力工具。通用生物可根据不同的研究目的，为您量身定制不同的定点突变实验方案，可对任何含有重复序列或高GC序列的位点进行突变。

片段长度 (bp)	突变个数	交付周期 (工作日)
< 1000	1 ~ 3	5 ~ 8
1000 ~ 3000	1 ~ 3	5 ~ 8
3000 ~ 5000	1 ~ 3	8 ~ 10
> 5000	1 ~ 3	咨询

备注：30 bp以内算一个突变位点。仅限于常规载体，非常规载体的服务需单独咨询。

## 服务说明

◇ 使用高保真聚合酶极大地降低了PCR的扩增错误几率；

◇ 5个工作日发送序列确认的突变体；

◇ 具有竞争力的价格。

◇ 通用生物设计、优化的最佳实验方案会使实验结果更精确；

◇ 请提供需要突变的质粒及提供模板全序列信息

◇ 请提供基因原始序列(客户的原始序列必须提供测序彩图)及突变目标序列;不能提供序列的加测序验证费用；

◇ 请提供足量高纯度的质粒，浓度 $\geq 100\text{ng}/\mu\text{l}$ ，总体积 $\geq 40\mu\text{l}$ 。且质粒电泳检测图清晰，无降解。

## 基因文库构建

基因文库特指生物来源的、人工合成的或克隆技术等所得到的一个重组分子群。在体外使基因发生大量变异，并从中定向选择出所需的突变体的过程。基因突变文库是基因合成、基因突变和定向进化研究相结合的产物。

### □ 基因文库的应用

**蛋白质工程：**扫描、定点或随机突变库，可允许您测试一个蛋白质内数个特异位点上的有利替换，以增强蛋白质性能，例如：蛋白-蛋白互动、溶解度、稳定性、折叠及催化活性。

**抗体工程：**定点饱和或氨基酸定制文库，可允许在抗体高变位置内跨一个区域或多个区域引入多样化位点，从而筛选有利的抗体特性。

**定向进化：**随机库可允许通过筛选大型群体来测试预期形状，从而改良结构特性或功能特性。

**基因表达：**组合库可允许通过改变载体中的调控元件组合，从而优化蛋白质的表达性能(如：表达量、可溶性、活性及稳定性等)。

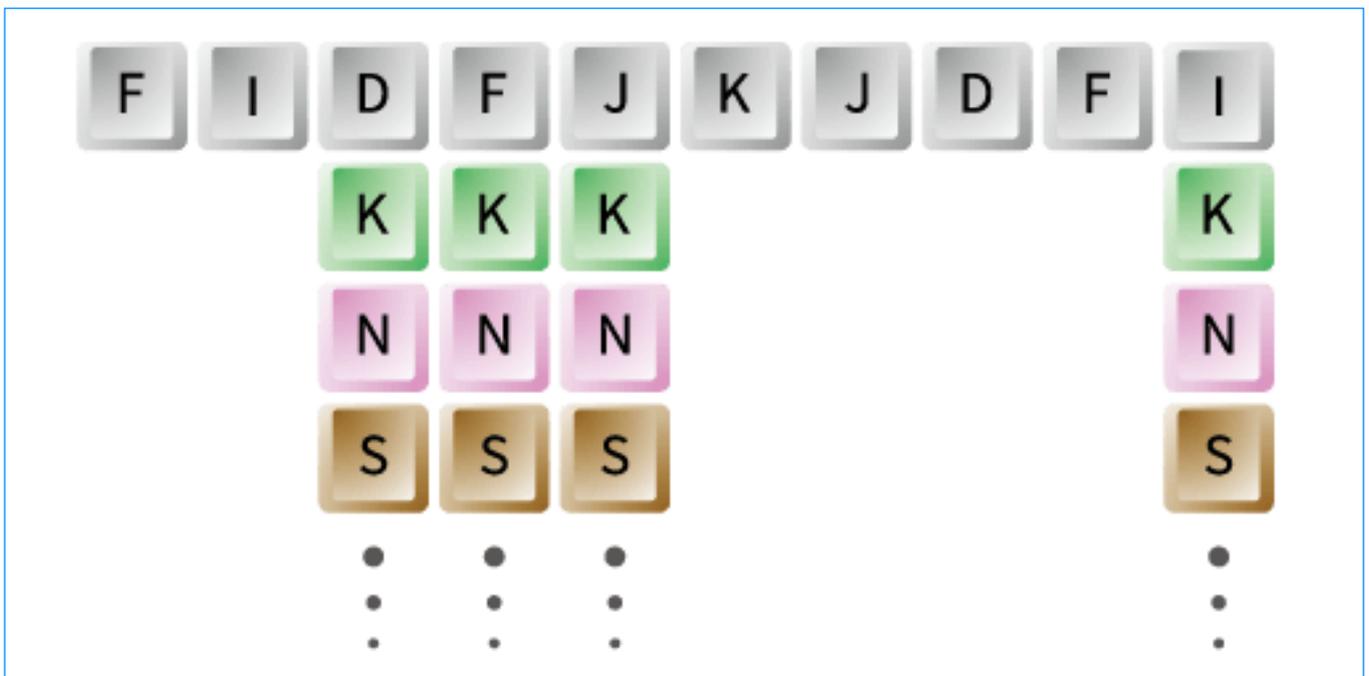
**基因敲除：**利用CRISPR/Cas9技术建立基因组突变文库或与某类功能相关的基因突变体库，sgRNA文库，通过功能性筛选及富集，及后续的PCR扩增及深度测序分析，发掘与筛选与表型相关的基因。

**合成和结构生物学：**丙氨酸和截断库用于高通量蛋白质结构研究中，此类研究涉及：功能、稳定性、溶解度、催化活性、折叠和结构域-结构域相互作用。

### □ 文库类型

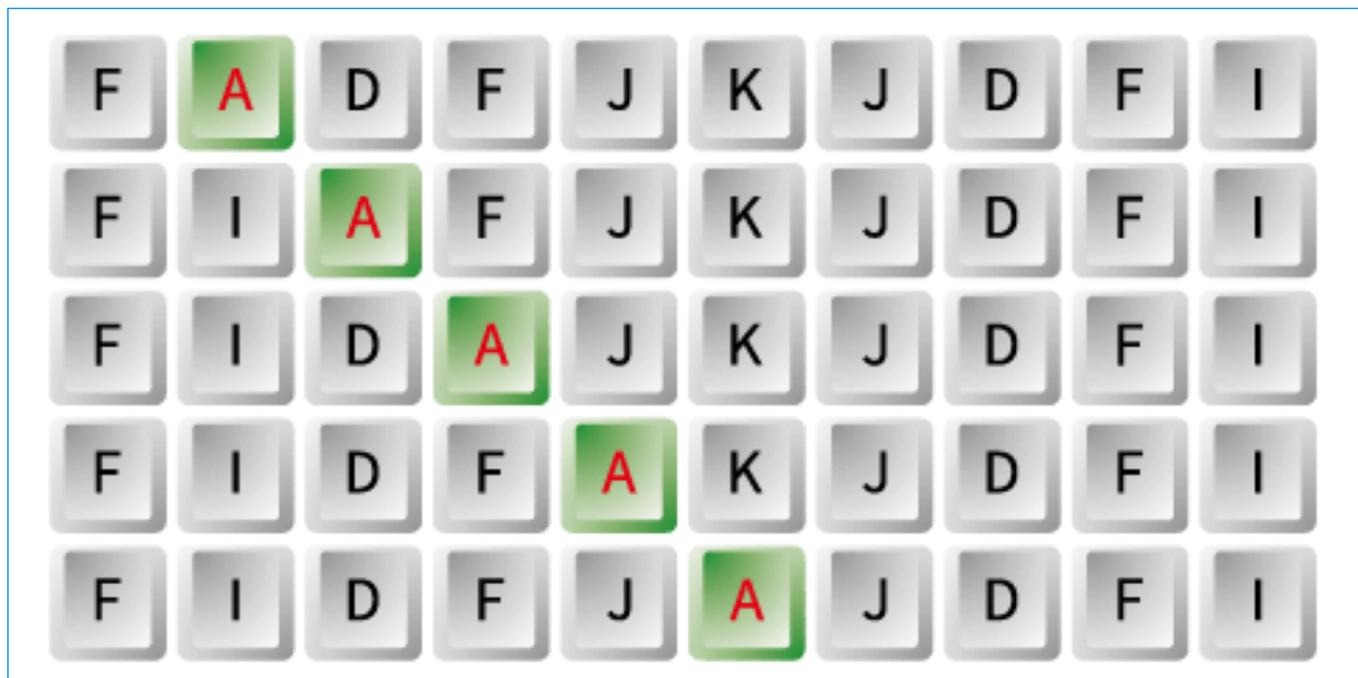
#### 定点饱和突变文库

- ◇ 使任何一个或者多个氨基酸位点都可以被其它19种常见的氨基酸所替代
- ◇ NNK文库，简并文库中的一种
- ◇ 可快速、高效地探究蛋白功能、活性中心及特殊活性构型等



## 扫描文库

- ◇ 点饱和扫描NNK
- ◇ 特定氨基酸扫描 (丙氨酸、组氨酸等)
- ◇ 通过用丙氨酸逐一取代每一个位置或关键位置的氨基酸，发现对蛋白功能、相互作用及形态具有重要功能的氨基酸残基



## 随机突变文库

- ◇ 利用可控的易错PCR技术
- ◇ 可以在一个定义的小区域创建随机氨基酸替换
- ◇ 突变频率可以设置为1~20个突变/kb的范围内的任意一个值

## 氨基酸定制(Trimer、IUBcode、NNK) 文库构建

通用生物可提供氨基酸定制(Trimer、IUBcode、NNK)文库构建，交付线性DNA文库或质粒DNA文库。文库具有库容量大、均一性好、精准经济的优势，便于后续蛋白定向进化、抗体筛选、药物靶点筛选、酶的优化等方面的研究。

## □ 氨基酸定制(Trimer、IUBcode、NNK)引物

### ● Trimer引物——可满足对蛋白、抗体文库中特定位点氨基酸的多样性和偏好性需求

- ◇ 可在突变位点处避免产生冗余突变和终止密码子
- ◇ 根据氨基酸碱基密码进行设计，密码子与氨基酸一一对应
- ◇ Trimer混合元件单元设计引物，可精准控制突变位点氨基酸比例

#### 示例1

5'GCAACTTATTACTGTCAGCAA(X)5-8CYGWTCACGTTCGGACAGGG3'X  
Trimers=Y(50%)/S

(10%)/G(10%)/A(5%)/F(5%)/W(5%)/H(5%)/P(5%)/V(5%)

#### 示例2

5'YCAVCTTATTACTATCAGCAA(X)3-6CYGWTCACGTVSGGACAAAG3' X  
Trimers=A(30%)/S

(20%)/W(15%)/Y(10%)/F(5%)/G(5%)/H(5%)/V(5%)/P(5%)

Trimer	Amino Acid	Abbreviation
AAA	Lys	K
AAC	Asn	N
ACT	Thr	T
ATC	Ile	I
ATG	Met	M
CAG	Gln	Q
CAT	His	H
CCG	Pro	P
CGT	Arg	R
CTG	Leu	L
GAA	Glu	E
GAC	Asp	D
GCT	Ala	A
GGT	Gly	G
GTG	Val	V
TAC	Tyr	Y
TCT	Ser	S
TGC	Cys	C
TGG	Trp	W
TTC	Phe	F

表1.Trimer与氨基酸对照表

### ● IUBcode简并引物

通过混合2-4种碱基，核苷代码由单一的A、T、C、G拓展到R、Y、.....N等11种混合核苷代码(IUB code, 见表2)。使用IUB code构建不同的密码子组合，可以在突变位点形成固定氨基酸的组合。

IUBcode	Mixed Bases
R	A, G
Y	C, T
M	A, C
K	G, T
S	C, G
W	A, T
H	A, C, T
B	C, G, T
V	A, C, G
D	A, G, T
N	A, C, G, T

表2.IUBcode密码对照表

### ● NNK简并引物

NNK简并密码子包含了32种密码子组合，覆盖了所有20种氨基酸残基，是构建文库常用的简并密码子。

#### 示例

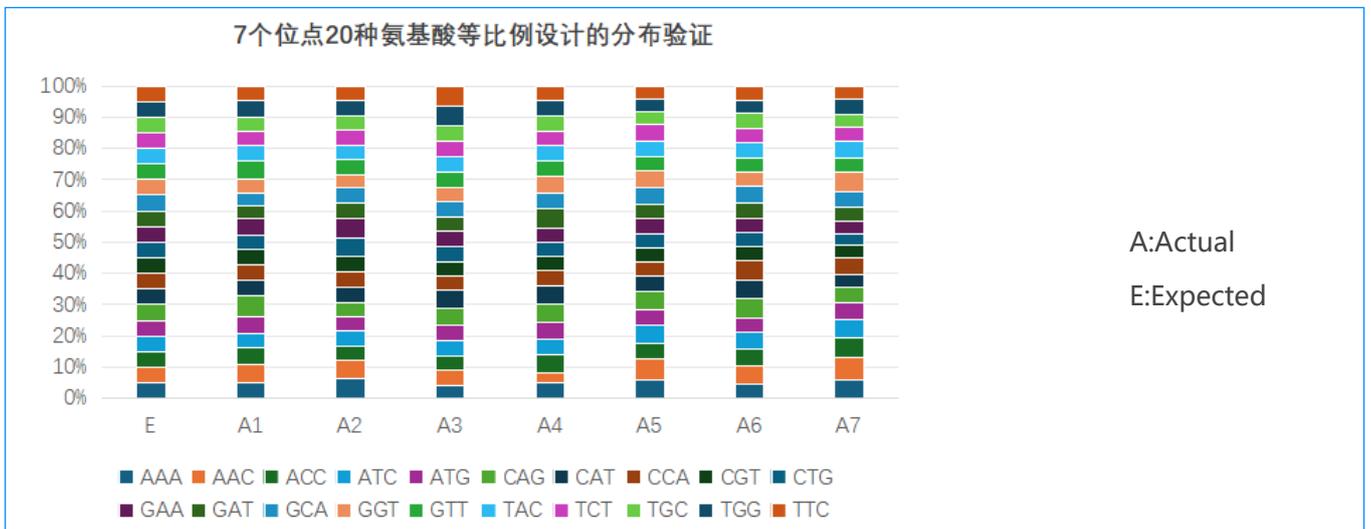
5'GGCCCTAACGGATAACCG(NNK)6GCCAATTCATGCACCTTACG3'N=A/C/G/T, K =G/T

## □ Trimer基因文库服务

Trimer基因文库(Trimer Gene Library)中所使用的引物合成过程不同于简并引物的合成，以三联体为原料，每轮添加三个碱基(对应一种氨基酸)，一个Trimer基因文库最多包含20种密码子(每种密码子对应一种氨基酸)。通过按比例混合Trimer引物，可以实现氨基酸种类和比例的精确定制，避免引入终止密码子和不需要的密码子。实际氨基酸比例可以很好地符合预期，与传统的诱变方法、简并合成方法相比，大大减少了筛选的工作量，从而有助于节省时间和成本。因此，Trimer基因文库可以创建高多样性和高质量要求的文库。

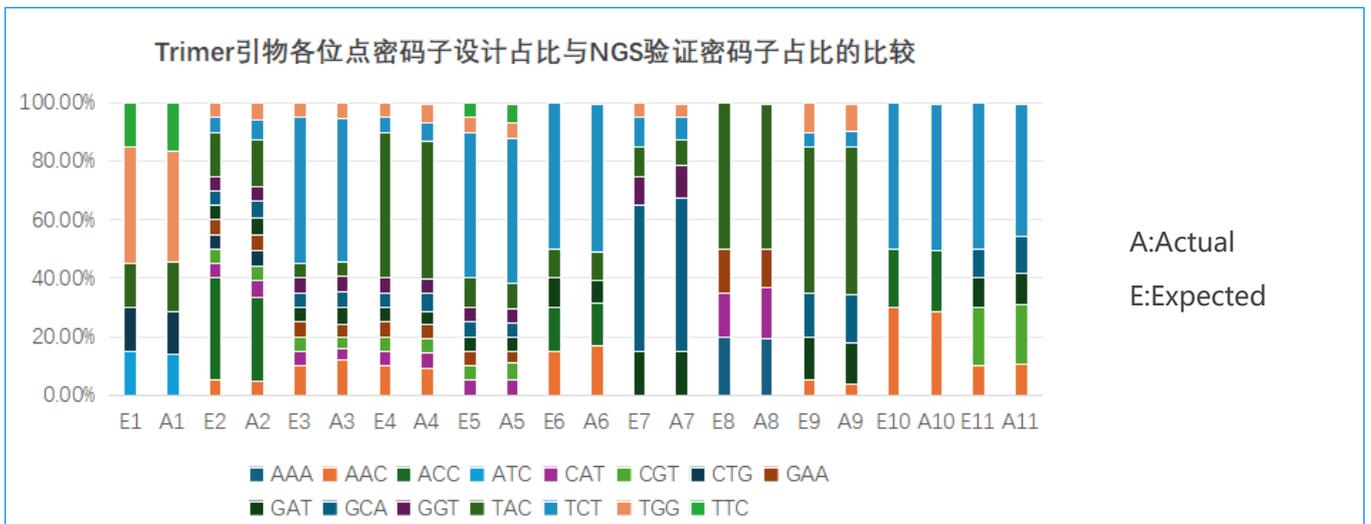
通用生物拥有专业的基因文库开发团队和先进技术平台，在Trimer基因文库构建方面具有丰富的经验，提供一站式服务和定制化解决方案。

### 案例一：氨基酸等比例分布



支持非等比例定制化突变，各种氨基酸比例分布与设计比例高度匹配。

### 案例二：非等比例定制化突变



使用Trimer基因文库的方法可以获得可控的氨基酸分布，避免引入终止密码子和不想要的氨基酸，同时减少移码突变，进一步提高文库筛选的精确度和准确性。使用Trimer基因文库，可以高精度地创建具有高复杂度的文库，这种方法大大减少了筛选的工作量，从而有助于节省时间和成本，具有更高的效率。

## 质量控制

- ◇ 线性DNA文库: PCR产物文库, 将该文库连接至特异性载体上, 随机挑取10-40个克隆测序, 从而确定该文库的多样性和准确率;
- ◇ 质粒DNA文库: 将线性DNA文库装至客户指定载体上所得到的克隆文库, 随机挑取12-96个克隆进行测序, 从而确定该文库的多样性和准确率。

## 服务优势

- ◇ 超高的突变精确性、更丰富的文库多样性
- ◇ 更大的文库容量、更高的筛选成功率

## 交付标准

- ◇ 线性DNA文库: 1-2  $\mu\text{g}$ 冻干粉
- ◇ 质粒DNA文库: 5-10  $\mu\text{g}$ 冻干粉
- ◇ 发货文件: 测序结果比对图、文库电泳图、酶切图

## DNA/RNA Oligos合成服务

DNA合成及修饰标记

RNA合成及修饰标记

### 高质量、批次间质量稳定

ISO13485:2016及ISO9001:  
2015双重质量管理体系保障

### 交付速度快, 极具竞争力的价格

“工业化思维”推进生产自动化, 规模化构建成本  
优势

### 灵活多样的合成规模, 高度定制化

微量便捷、大规模合成、高通量,  
均可定制

### 专业技术团队, 完善的项目管理

10余年核酸生产经验, 规范化项目管理流程, 成功  
交付核酸数百万条

## □ 基因编辑(CRISPR-Cas9)相关

- sDNA合成
- SgRNA化学合成
- SgRNA质粒构建
- 经济型套餐:gRNA合成+转染级质粒制备
- CRISPR gRNA文库
- LC-dsDNA合成服务
- 模式动物基因型(鼠尾)鉴定

## CRISPR-Cas9 基因编辑相关

CRISPR/Cas9是第三代基因编辑技术，CRISPR/Cas9技术由于其简单快捷的设计和构建方法、低廉的成本和较低的脱靶效率，被迅速运用于各类疾病的细胞与基因治疗中，为其带来了革命性的突破，在临床上极具应用潜力。

通用生物针对不同靶点编辑要求，可提供Crispr-Cas9基因编辑相关服务。

### □ ssDNA合成——细胞毒性低/脱靶效应低/编辑效率高/编辑正确率高

- √ 序列100%正确，序列经sanger测序验证
- √ 交付时间短，<1000 nt 10个工作日起交付
- √ 通过生物方法获取的ssDNA，细胞毒性低，编辑效率高
- √ 再次订购价格优惠，周期短，模板质粒1年内冻存，再次订购5个工作日内发货

### □ sgRNA化学合成——即买即用，让基因编辑效率更高

- √ 编辑效率高：细胞毒性低、更稳定
- √ 节约时间和成本：即买即用、价格经济
- √ 交付保证：序列正确、批次间稳定

### □ sgRNA质粒构建——克隆成功率100%/周期短，稳定性强/质粒纯度高

- √ 序列100%正确，质粒经sanger测序并与标准序列比对验证
- √ 交付时间短，订单下达2-4个自然日完成交付
- √ 细胞毒性低，编辑效率高
- √ 完善的验证报告
- √ 订购价格优惠，模板质粒1年内冻存

### □ 经济型套餐：sgRNA合成+转染级质粒制备

合成sgRNA并进行100 μg的质粒抽提(转染级别)，优惠价格：500元，最快仅需1周，即买即用。

- √ 价格低：合成+转染级质粒抽提打包优惠
- √ 周期短：最快仅需1周
- √ 使用便捷：即买即用
- √ 通量高：先进的高通量、高保真基因合成技术

### □ CRISPR gRNA文库——具有完整的覆盖范围和均匀的分布

通用生物凭借丰富的文库构建经验，可快速高效构建CRISPR-Cas9 gRNA文库，并经严格质检，交付的定制化sgRNA文库具有完整的覆盖范围和均匀的分布，可应用于CRISPR基因敲除、CRISPR转录激活及CRISPRi等高通量靶基因筛选研究中。

## □ LC-dsDNA合成服务——高产量、高纯度、低杂质残留

我们拥有专业的基因及质粒生产、工艺开发团队，在科研级LC-dsDNA定制合成方面具有丰富的经验，可提供从基因合成、质粒制备、LC-dsDNA合成一站式服务。可合成制备200-8000 bp LC-dsDNA，并可针对不同的下游应用进行优化定制。

## □ 模式动物基因型(鼠尾)鉴定——专业的鉴定团队，高效准确的鉴定报告

- √ 专业的鉴定团队，高效准确的鉴定报告
- √ 不断优化的扩增条件，优秀的服务质量
- √ 高通量服务平台，自主服务平台时效更高

## □ 基因测序

### ▲ DNA常规测序

### ▲ 复杂结构测序

### ▲ 3730跑板服务

### ▲ 核酸提取及扩增测序

### ▲ 荧光定量PCR

### ▲ TA克隆

### ▲ 细菌16S rDNA种厘鉴定(CNAS认可)

### ▲ 人源/小鼠细胞鉴定(STR法)

### ▲ 基因组测序

- 全基因组测序
- 外显子组测序
- 细菌真菌基因组测序

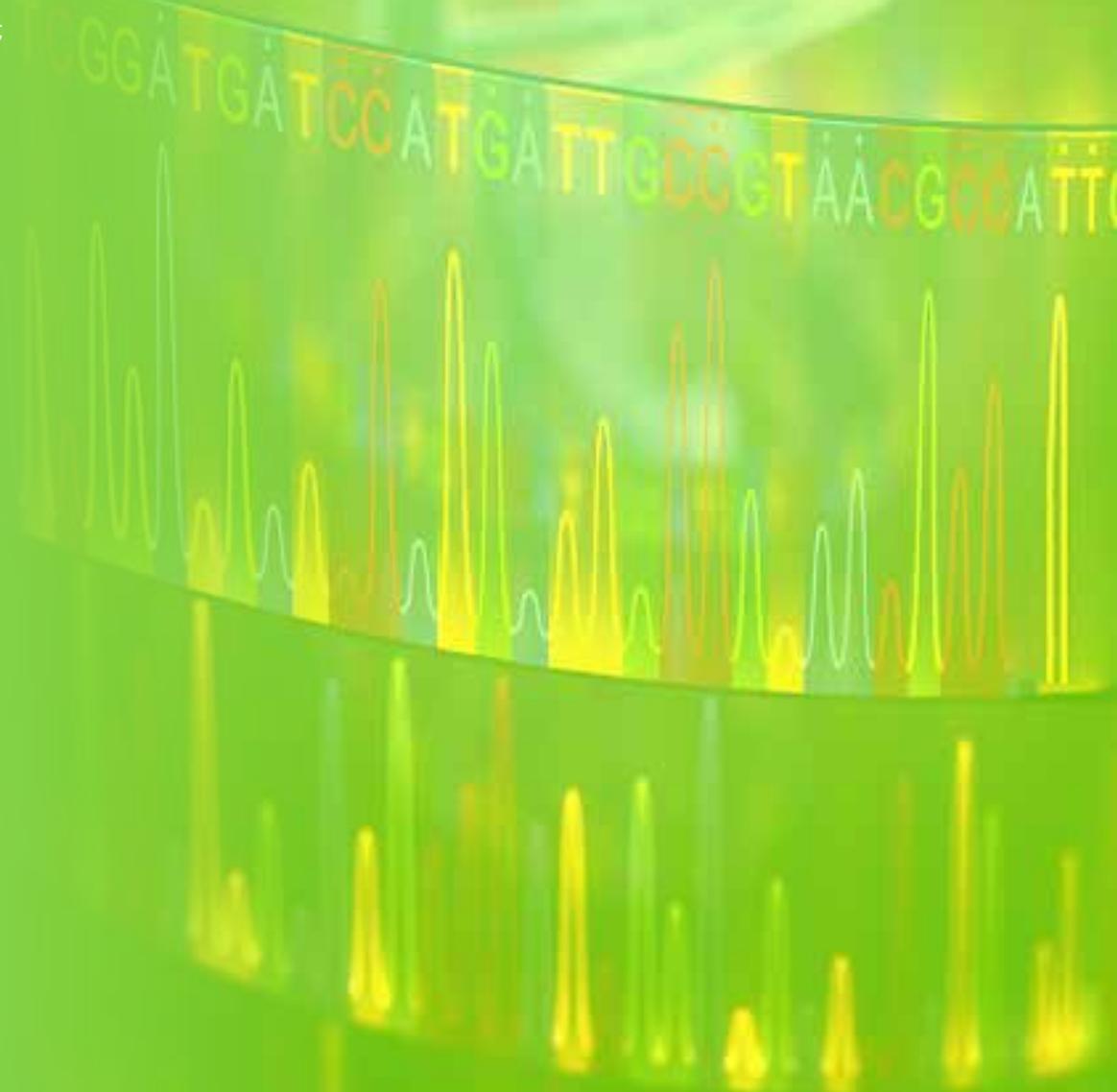
### ▲ 转录组测序

- 普通转录组测序
- LnCRNA测序
- miRNA测序
- circRNA测序
- 全转录组测序

### ▲ 蛋白质组学

### ▲ 非靶向代谢组学

### ▲ 单细胞转录组测序



## DNA常规测序

平台拥有先进的仪器设备和专业的技术人员，凭借专业的测序服务、精湛的测序技术以及具有竞争力的价格，为生物医药、食品、农业等领域的科研院所及企业提供Sanger测序服务。

### 服务内容

样品或服务类型	备注
菌液/平板测序	菌液送样体积大于200 ul，明显浑浊
质粒测序	质粒体积大于10ul，浓度大于50 ng/ul
PCR产物未纯化测序	产物体积大于20ul，浓度大于20 ng/ul
PCR产物纯化测序(+切胶回收)	只接收提取好的DNA，送样体积大于20ul，浓度大于50 ng/ul，切胶回收另外收费
Walking引物	/
PCR扩增	/

备注：

- 若样品长度为1.3~7 kb，需设计、合成Walking引物完成测序，Walking引物费用另计
- 测序订单费用满150元及以上，我司承担样品邮寄费用
- 量大从优，根据双方约定执行测序价格、邮递费用、收发样品事项。

### 服务说明

- ◇ 可为您免费提供通用引物
- ◇ 一般样品的有效测序长度可达到800 bp，一般不低于700 bp；特殊样品除外
- ◇ 样品类型包括质粒、PCR产物(已纯化PCR或无杂带的PCR原液)、菌液(平板克隆或甘油菌)；
- ◇ 如果您的样品类型是质粒或者已纯化的PCR产物，将在收到样品后的24小时内发送数据结果；样品类型是其它未纯化样品，将在收到样品后的36~48小时内发送数据结果。

## 复杂结构测序

由于高GC含量，发卡结构，重复序列等其它内在因素的影响，常规的测序方案往往容易出现提前中断或者测序结果紊乱的现象。通用生物检测中心服务平台提供针对复杂结构的测序解决方案。

### 服务说明

- ◇ 在线提交测序订单，或填写纸质订单或服务合同，在“序列特点”一栏选择相应的序列特点。
- ◇ 由于是DNA结构内在原因(如G/C rich;G/C Cluster;Poly A/T/C/G;重复序列)，我们会根据具体测序结果进行相应收费。通用生物利用特有的技术，可以成功地对高GC含量模板以及具有其它特殊二级结构的模板进行测序。
- ◇ 请根据DNA测序样品制备指南准备您的样品。

### 标准交付

测序完成后，我们会通过Email对每个样品提供一份测序报告，其中包括：

- ◇ 测出的序列彩色峰图(请用Chromas软件打开)
- ◇ 序列文件
- ◇ 拼接后结果(需要测通的样品)

## 3730跑板服务

平台承接基因分型、DNA足迹、SNP检测、测序跑板等各类型3730跑板服务。

### 服务优势

- ◇ 快速高效：当天收样，最快次日发送结果
- ◇ 资质认证：3730xl测序仪经过3Q认证
- ◇ 通量充足：本公司配置近20台ABI3730xl测序仪，每日最高可跑360板

## 核酸提取及扩增测序

### 服务优势

- ◇ 样品范围广泛
- ◇ 片段扩增稳定
- ◇ 服务价格超低
- ◇ 核酸提取高效
- ◇ 测序经验丰富

### 服务交付

- ◇ 测序原始图谱和序列
- ◇ 扩增引物序列

## 荧光定量PCR

检测中心服务平台可承接mRNA、lncRNA、miRNA、circRNA基因的相对定量和绝对定量，承接DNA水平相对定量和绝对定量。可用于基因表达差异研究、环境微生物中不同细菌含量研究、基因组中拷贝数变异CNV验证、药物开发、临床诊断、转基因研究等。

项目类型	检测方法	周期
荧光定量PCR服务	SYBR Green染料法/Taqman探针法	5-8个工作日

备注：

- 绝对定量，标准曲线另外收取(260元/基因)。
- 探针法，探针需另外收取费用(500元/条，默认FAM、BHQ)。

### 服务流程



### 送样要求

- ◇ gDNA：体积≥10μl，浓度≥50ng/μl，条带清晰且无明显降解
- ◇ RNA：体积≥10μl，浓度≥50ng/μl
- ◇ 细胞样品：10<sup>6</sup>细胞以上，细胞悬液或细胞沉淀
- ◇ 组织样品：组织量≥100mg（黄豆大小）

### 服务交付

引物和探针及序列，胶图，原始数据(包括扩增曲线和熔解曲线)、数据分析结果及实验报告。

## TA克隆

TA克隆技术(TA cloning)利用Taq聚合酶具有末端转移酶(TdT)活性, 但却不具有3'-5'端外切酶校准活性的特点, 可在PCR产物的3'端加上一个非模板依赖碱基“A”。pMD18-T是一种高效克隆PCR产物的专用载体, 它是由pUC18载体在Xba I和Sal I识别位点间插入一个EcoRV位点, 然后用EcoRV进行酶切使质粒线性化, 并在它的3'端添加“T”构建而成。因其3'端带有一个突出的“T”尾, 能高效地与带“A”尾的PCR产物连接, 极大地提高了克隆的效率。TA克隆是目前克隆PCR产物最简便、快捷的方法。

### 样品说明

- ◇ 样品类型可以为PCR产物、已纯化及基因组DNA形式
- ◇ 若样品为PCR产物, 需注明是否加A尾。

### 客户提供

- ◇ 请提供克隆片段的相关信息, 包括名称, 大小、样品是否带有“A”尾以及PCR产物是否已纯化。已纯化的PCR产物请确保使用的溶剂为灭菌的双蒸水。
- ◇ 请提供浓度 $\geq 20\text{ng}/\mu\text{l}$ , 总体积 $\geq 50\mu\text{l}$ 的PCR产物, 所需DNA的总量会随片段大小的不同而有所变化。
- ◇ 请务必在订单上注明PCR所用引物序列, 以便用于克隆结果的核对分析。
- ◇ 当克隆结果中包含您提供的单项部分引物序列, 我们即视实验成功, 将收取全额的实验费用。
- ◇ 若序列中包含高GC、Poly等特殊或复杂结构导致测序中断, 我们即视实验成功, 将收取全额的实验费用。
- ◇ 项目完成一个月后, 若合作伙伴无要求返还菌液或质粒等, 则我们将代为销毁。

## 细菌16S rDNA种属鉴定(CNAS认可)

### 满足食品、药品、环境等多个领域微生物菌种鉴定需求

通用生物基于16S rRNA核酸测序法可承接细菌种属鉴定实验, 拥有10万级洁净度微生物实验室以及万级洁净度PCR实验室, 配置生物安全柜、基因测序仪、PCR仪等多台进口设备, 可为药品、食品、化妆品、环保、海洋生物/水产品、农业微生物及生物治理等领域的企业、高校和科研院所提供微生物鉴定等服务, 满足其微生物菌种鉴定需求。

### 通过ISO/IEC 17025:2017 CNAS认可

检测结果更加公正、权威! 数据可获得CNAS签署互认协议  
的国家与地区实验室认可机构的承认。



## 人源/小鼠细胞鉴定(STR法)

依托于STR法对实验细胞进行鉴定，与ATCC, DSMZ, JCRB 和 RIKEN细胞库中收录的STR数据进行比对分析，确认细胞属性。

### 服务内容

服务类型	周期
人源/小鼠细胞鉴定(STR法)	7-10个工作日
人源细胞系来源一致性检测-STR法(两种细胞样品)	7-10个工作日
人鼠细胞交叉污染检测-qPCR法	7-10个工作日

### 服务优势

- ◇ 专业的技术支持: 平台拥有资深的项目经理，定时跟踪您的项目信息，及时反馈项目进度
- ◇ 高质的检测与分析技术: 使用的ABI 3730XL测序仪和GeneMapper v5.0数据处理软件，与ATCC, DSMZ, JCRB 和 RIKEN数据库进行分析比对。

### 送样要求

- ◇ 基因组DNA: 浓度 $\geq 20$  ng/ul, 总体积 $\geq 10$  ul; 且无明显降解
- ◇ 细胞悬浮或沉淀: 细胞数 $\geq 10^6$

### 服务交付

- ◇ 电泳文件 (fsa结果、PDF版)
- ◇ 结果分析文件 (EXCEL表格)
- ◇ 细胞STR检测报告 (中文)

备注:

目前细胞库中收录的主要是人源和小鼠细胞，其它动物细胞只能做种属鉴定，不能鉴定到具体细胞。如果待检测细胞未收录于以上细胞库或这是自行建立的新细胞系将无法进行比对，客户需根据细胞分型结果自行与其他数据库进行比对。

# 基因组测序

## 全基因组测序

人基因组重测序(全基因组测序)是指以人基因组参考序列为基础，在个体或群体水平更全面地挖掘基因序列差异和结构变异，实现基因型多样性分析、遗传进化分析，致病和易感性基因，单基因病筛查以及癌症筛查等，被广泛应用于人类遗传学、转化医学和群体演化等领域。

WGS技术对基因组中全部的DNA序列进行检测，不仅覆盖了全部基因的外显子序列，也覆盖了内含子序列和基因间序列，同时WGS技术可有效避免在对相关基因组区域进行靶向富集时产生的技术性扩增偏差，不仅可以检出单个核苷酸变异(SNV)、碱基插入缺失(InDel)、拷贝数变异(CNV)，还可以对SV进行分析，并可以常规性地对线粒体基因组(mtDNA)变异进行分析，极大地扩展了检测范围，获得更为完整的基因组信息。

## 服务优势

- ◇ 基于成熟的检测方案,可全面检测基因组变异类型包括SNP、InDel、CNV、SV
- ◇ 基于领先的分析流程，可全面检测基因的编码区变异和非编码区变异

## 项目流程



## 样本准备



(具体细节请咨询我司技术人员)

## □ 外显子组测序

外显子组测序(Whole Exome Sequencing, WES)利用序列捕获技术将全基因组中的外显子区域DNA捕获富集后进行高通量测序的基因组分析方法，用于发现与蛋白质功能变异相关的基因突变。外显子组约占基因组的1-2%，但涵盖了约85%的致病相关的基因变异，因而成为检测基因组突变的首选对象。外显子组测序已在肿瘤、遗传病、新发变异、生殖生育、药物基因组与用药指导等研究中广泛应用。

遗传性疾病是影响人类健康的重要因素。通过WES能快速、准确地鉴定变异位点，已广泛应用于群体遗传学、遗传病等的诊断当中，尤其针对遵循孟德尔遗传规律的遗传病，可高效地鉴定导致疾病发生的潜在基因变异。

在肿瘤研究中，通过WES检测胚系和体细胞的基因变异，挖掘驱动基因，分析肿瘤拷贝数变异(CNV)、肿瘤突变负荷(TMB)和预测肿瘤新抗原(Neoantigen)等，不仅可以从基因组水平揭示肿瘤发生发展机制，也可以对肿瘤的免疫治疗、靶向用药和疗效评估等具有重要参考价值。

### 服务优势

- ◇ 更优的捕获效果：优先采用捕获性能更优异的TWIST exome探针进行外显子组捕获
- ◇ 全面的数据分析：采用主流的突变筛查算法，搭配肿瘤或遗传病的基因突变鉴定流程，全面筛查疾病相关的基因突变，也提供专业的个性化分析
- ◇ 领先的肿瘤外显子组分析：针对肿瘤基因突变特征，量身定制从实验到分析的方案，快速定位肿瘤相关的突变基因，深度挖掘数据的生物学意义
- ◇ 可靠的样本处理能力：成功处理过数万例多种类型的样本，包括血液、组织、FFPE、拭子等

### 项目流程



### 样本准备



(具体细节请咨询我司技术人员)

## □ 细菌/真菌基因组测序

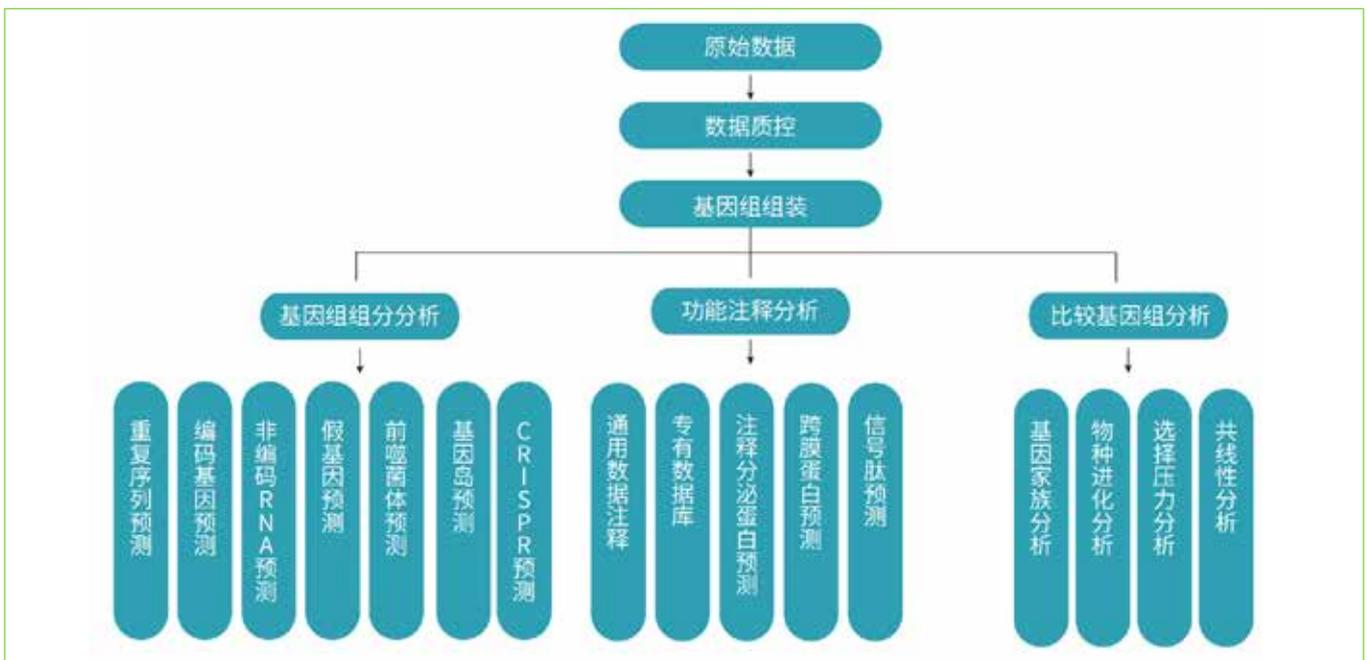
细菌/真菌全基因组测序，是指基于第二代高通量测序和第三代单分子实时测序技术，对细菌/真菌全基因组进行测序，利用生物信息分析手段，得到细菌/真菌的全基因组序列，解析编码信息和表观遗传修饰信息，并获得相应的变异信息。依据实验目的和待测样本与参考基因的序列相似性，可分为细菌/真菌全基因组(近)完成图测序、框架图测序和全基因组重测序。

细菌/真菌全基因组测序，可在致病性、耐药性、环境适应性、代谢途径等多角度进行功能基因的深入挖掘，对微生物不同的表型等特性进行深层次研究。

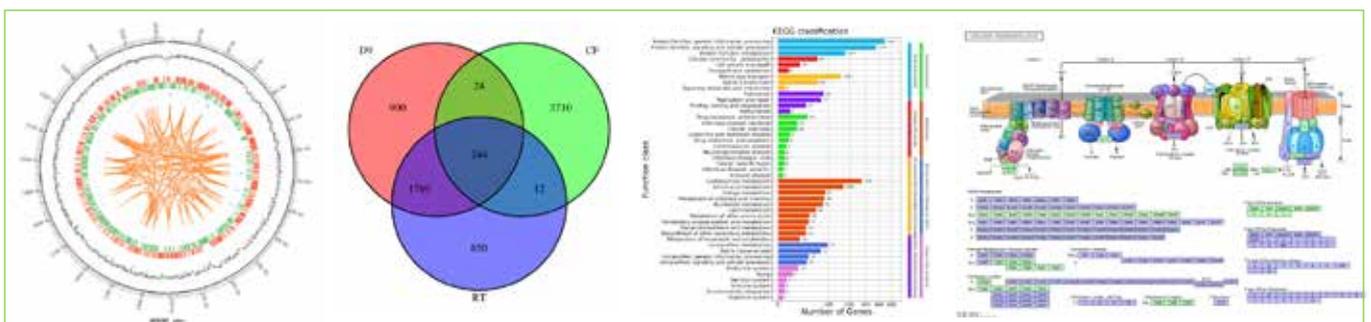
### 服务优势

- ◇ 经验丰富，完成微生物基因组项目10000+
- ◇ 多测序平台，提供多种测序方案
- ◇ 专业的售后服务体系，经验丰富的微生物数据挖掘团队，省时、省心、省力

### 技术路线



### 分析内容展示



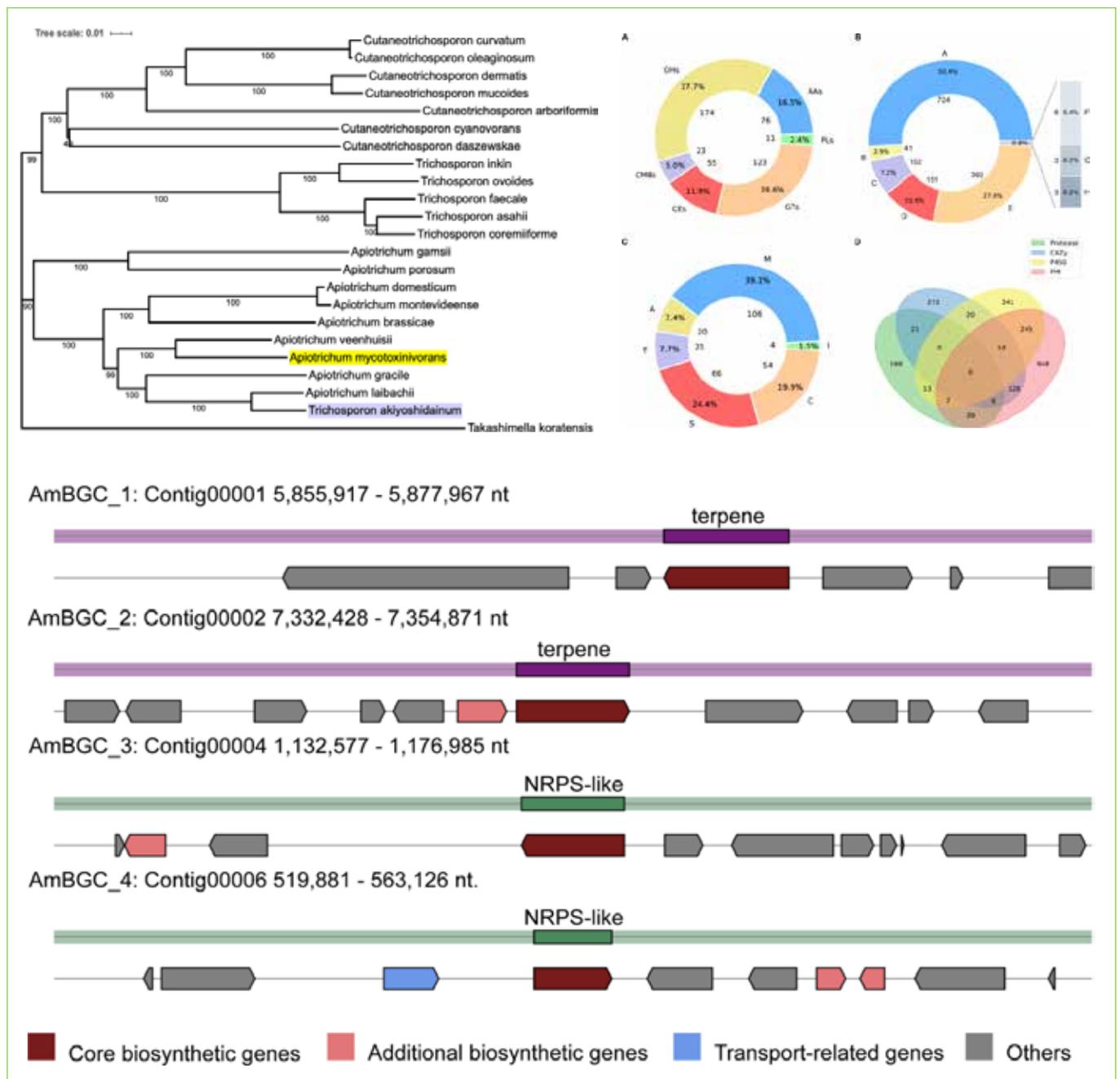
## 案例解析

### 研究背景

生物解毒技术已经发展成熟，利用微生物如细菌、酵母和真菌来消除霉菌毒素污染。然而，由于缺乏相关酶的分子细节，许多真菌毒素解毒的潜在机制仍不清楚。下一代测序技术提供了能够降解真菌毒素的微生物的大量基因组数据，使得利用生物信息学技术研究相关酶的分子细节成为可能。

### 研究结论

本研究进行了 *Apiotrichum mycotoxinivorans* 的全基因组测序，通过生物信息学分析得到了推定的 Baeyer-Villiger 单加氧酶 (BVMOs) 和用于玉米赤霉烯酮 (ZEA) 降解的羧基酯水解酶。我们开发了第一个用于底物特异性酶的基因组规模预测的流程，可建立同源的结构和分子对接模型来展示相关的降解酶作用。本研究中开发的酶预测工作流程处理 GPSE，可能有助于加速新解毒酶的发现。



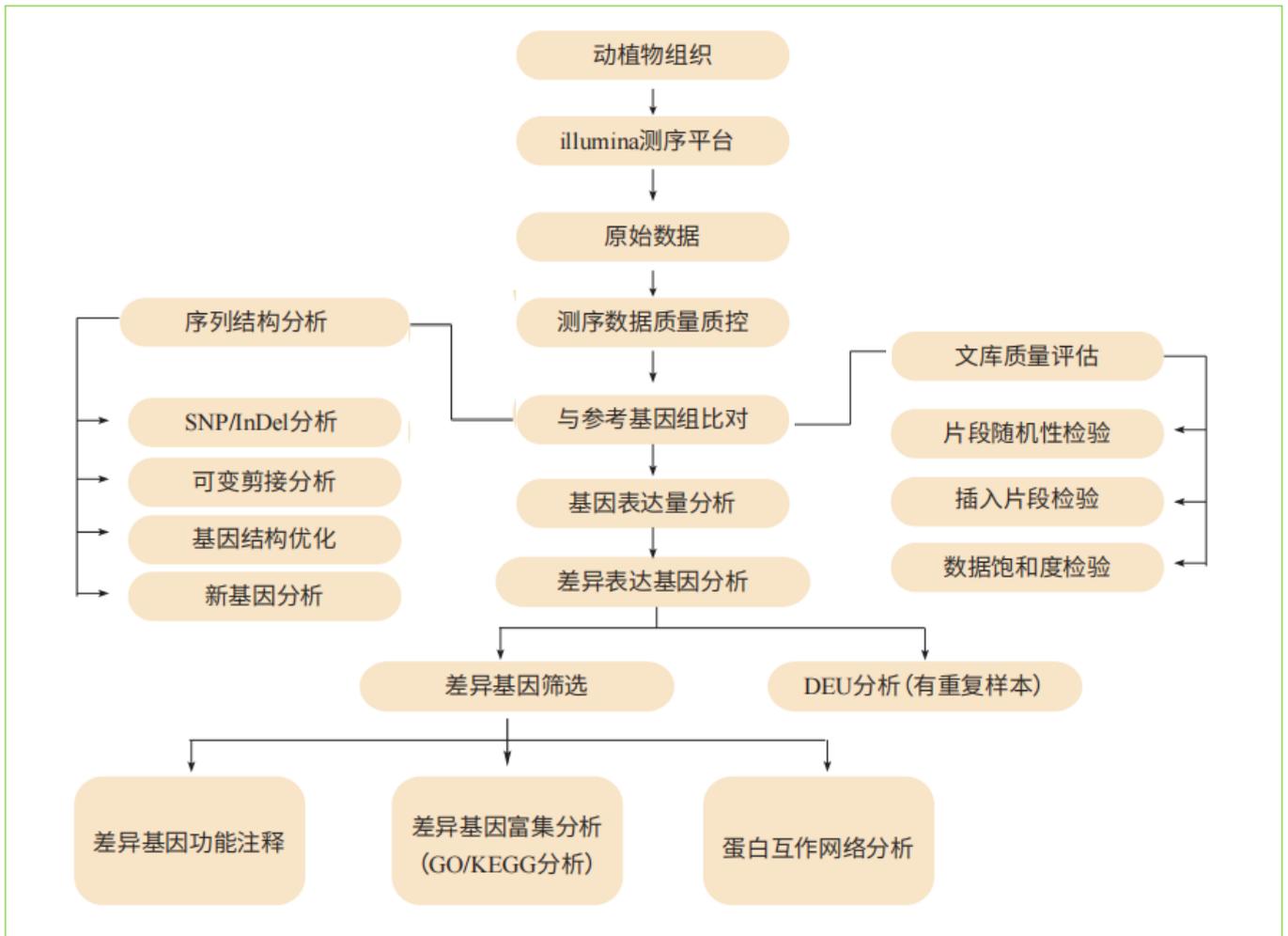
(具体细节请咨询我司技术人员)

# 转录组测序

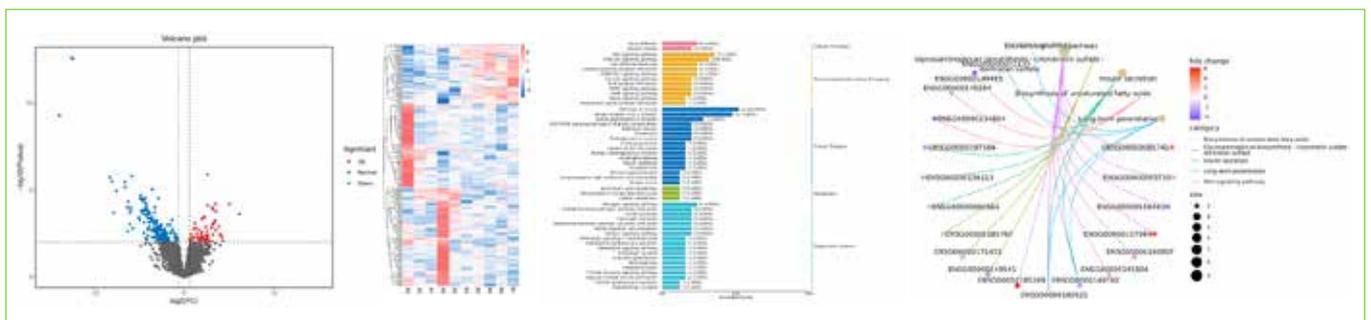
## □ 普通转录组测序

转录组测序能够对样品任意时间点或任意条件下的转录组进行测序，获取某一状态下所能转录出来的所有 mRNA 的信息，拥有精确到单个核苷酸的分辨率。能够动态反映基因转录水平，同时鉴定和定量稀有转录本和正常转录本，并提供样品特异的转录本序列结构信息。目前已广泛应用于动植物发育调控、环境适应、免疫交互、基因定位、物种遗传进化、分子育种、药物研发及遗传疾病检测等。

### 技术路线



### 分析内容展示



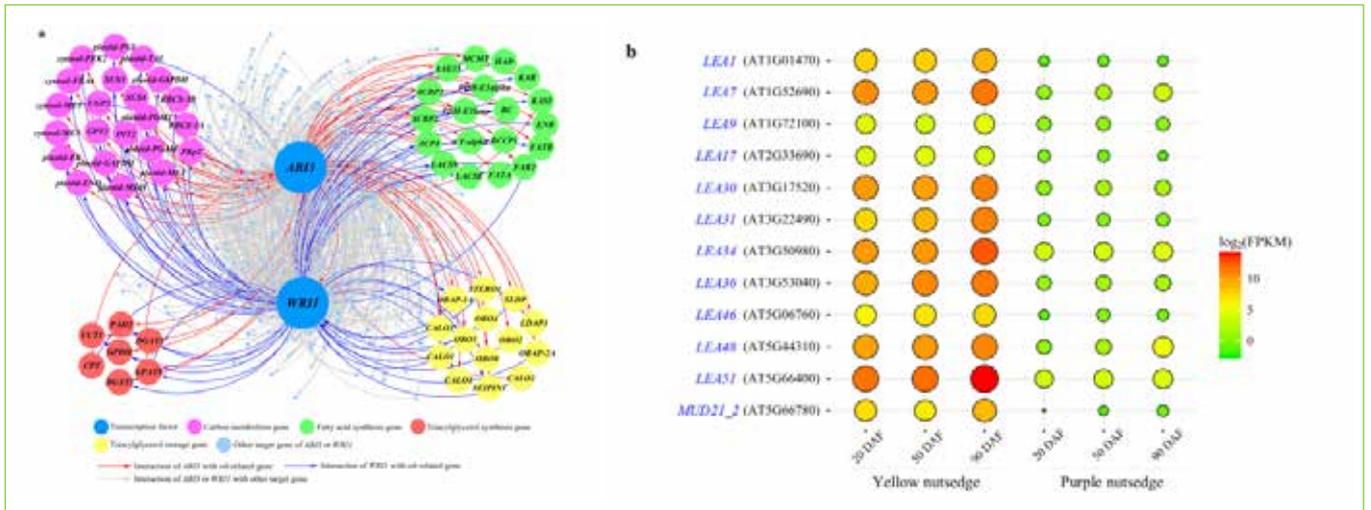
## 案例解析

### 研究背景

黄油莎草被认为是一种研究地下储存组织碳合成的新模型系统。目前，这种作物的分子资源和基因组信息的匮乏阻碍了我们对控制油脂生产的潜在分子机制的理解。本研究比较分析了黄油莎草鱼紫油莎草块茎发育过程中油脂积累相关基因的整体表达。

### 研究结论

本研究发现莎草块茎中高的油脂积累与更丰富的脂肪酸合成和三酰基甘油储存转录本密切相关。



(具体细节请咨询我司技术人员)

## □ LncRNA测序

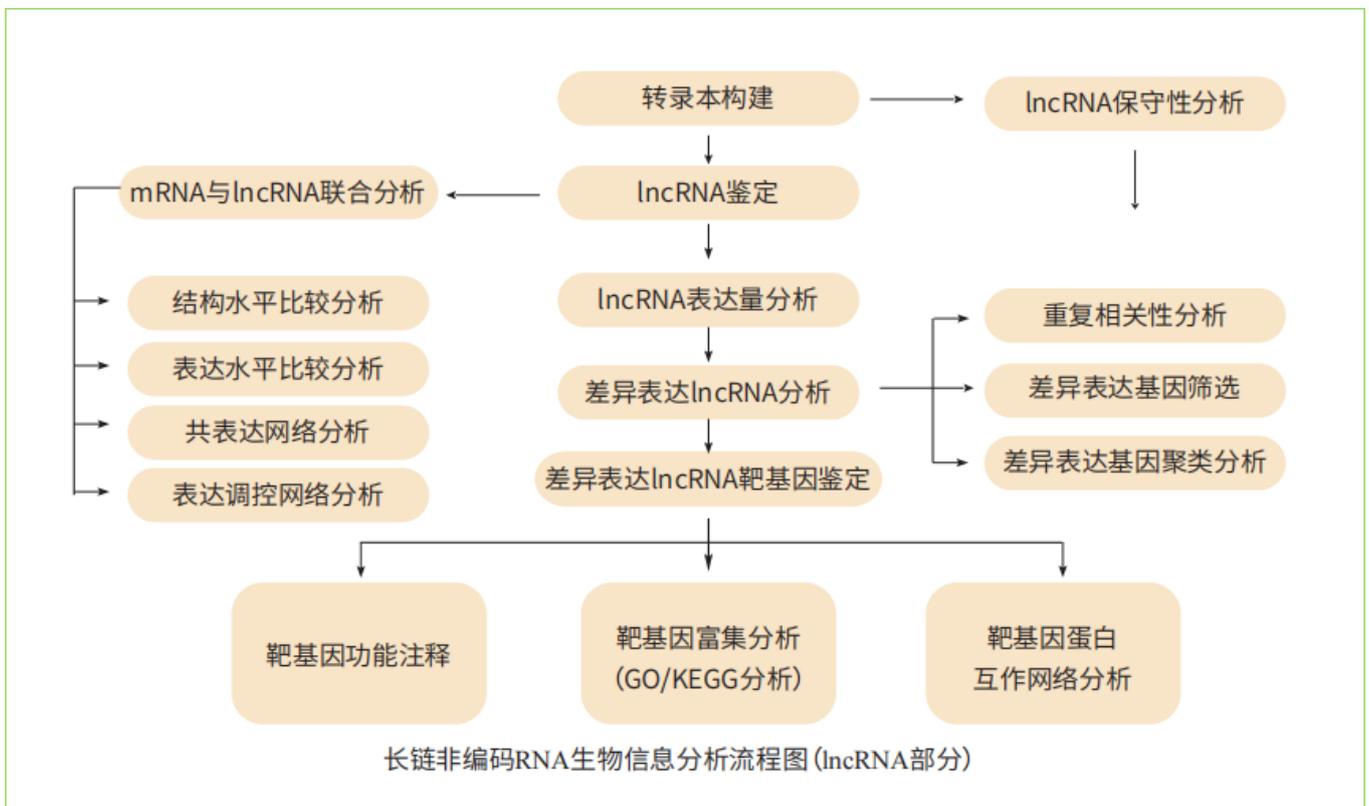
长链非编码RNA(long non-coding RNA, lncRNA)是一类长度大于200nt, 位于细胞核或胞浆中, 表达量和保守性略低于mRNA且具有细胞或组织类型特异性的低编码功能性RNA分子。近年来, 随着测序以及其他分析技术的发展, 大量lncRNA已经被鉴定, 并且越来越多的证据表明lncRNA在转录调控、转录后调控及表观调控等多个层面调控基因表达, 在生物体生命活动中有重要作用。

lncRNA测序采用去核糖体的链特异性建库方式进行建库, 并使用二代illumina测序平台进行测序, lncRNA建库属于mRNA+lncRNA, 只需要一次建库, 就能同时获得mRNA的数据以及lncRNA的数据, lncRNA结合转录组或小RNA测序可全面解析物种个体发育、环境适应、免疫互作及表型变异机制。

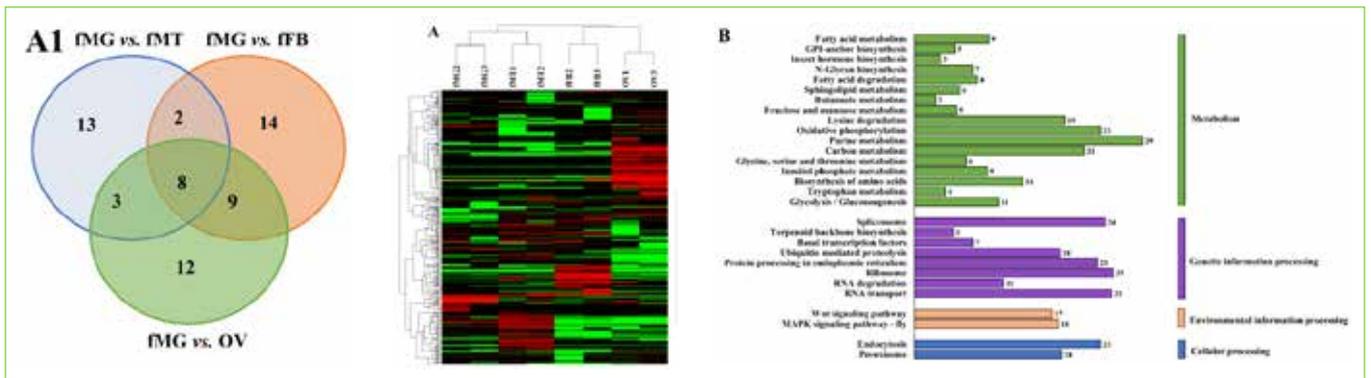
## 作用机制

- ◇ lncRNA通过参与调控蛋白质码基因, 影响细胞内信号转导途径以及发育过程中的基因调控机制
- ◇ 动植物受到病原物侵染过程中lncRNA表达会发生变化, 具体表现为长链非编码RNA在序列和空间结构上的异常、表达水平的异常、与结合蛋白相互作用的异常等。
- ◇ 植物中很多功能的调控都离不开lncRNA参与, 例如响应外部环境(温度、盐碱等)胁迫, lncRNA表达量变化调控转录本表达发生变化。
- ◇ 可以与其他组学进行多组学联合分析, 包括lncRNA+mRNA、lncRNA+miRNA、lncRNA+甲基化等。

## 技术路线



## 分析内容展示



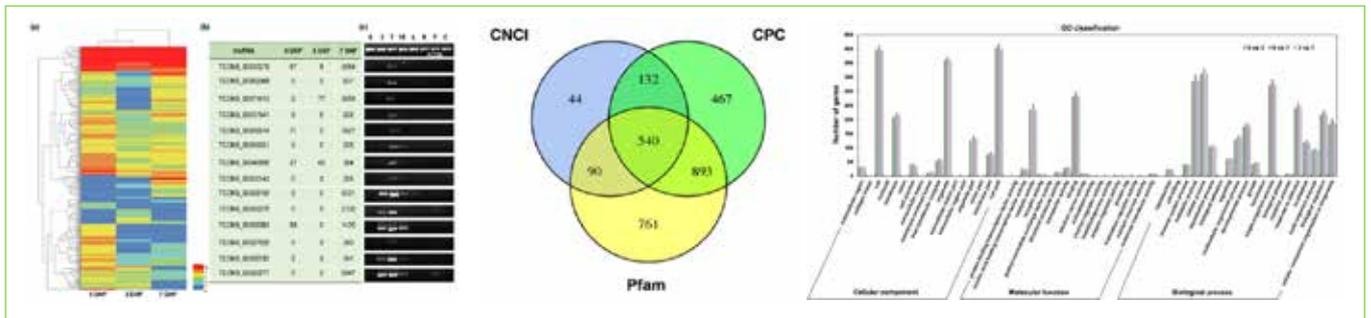
## 案例解析

### 研究背景

在植物中，大量的lncRNA被鉴定，并证实在基因沉默、生殖发育、开花时间调节、胁迫反应等重要发育途径中发挥重要作用。水稻种子是水稻重要的生殖器官，直接决定产量和品质，然而lncRNAs在水稻种子发育中的作用尚不清楚。

### 研究结论

差异lncRNA的靶基因GO富集分析显示，主要在细胞成分、分子功能和生物过程进行富集。主要涉及细胞过程、代谢过程、催化活性、细胞器和细胞组分，这些结果表面，这些差异表达的lncRNA可能通过影响各种途径参与种子发育。这些结果扩展了水稻中lncRNAd 数据集，增强了我们对lncRNA在水稻种子发育中的生物学功能的理解。



## □ miRNA测序

miRNA测序是通过检测已知和未知miRNA的表达水平及其表达差异，结合同一样本的转录组测序数据进行联合分析，可以同时分析miRNA及其靶基因的表达情况，为研究RNA的功能及调控机制提供有力的工具。

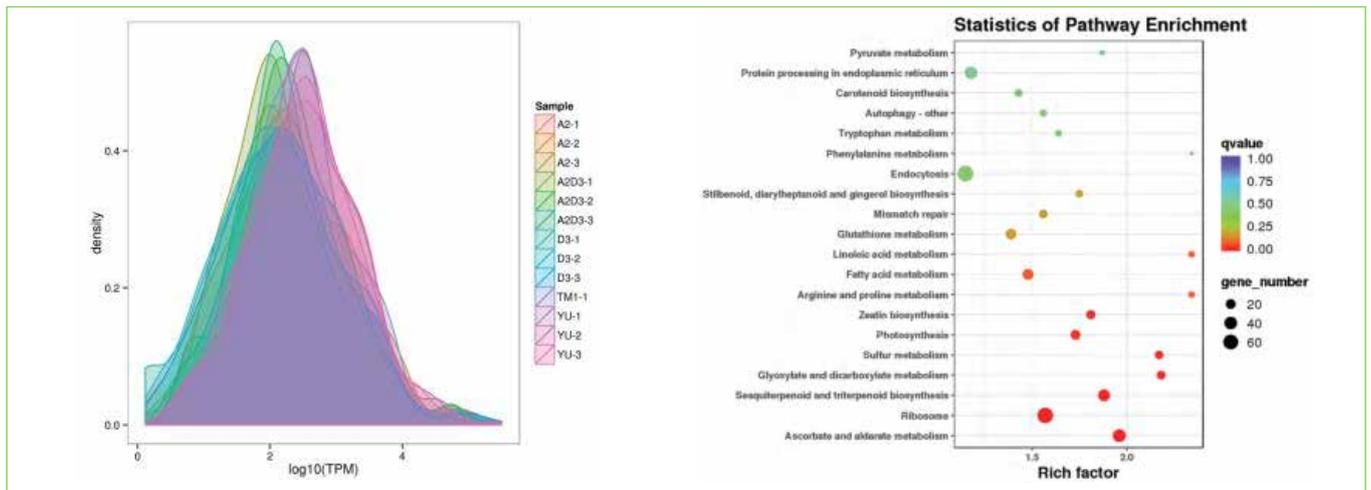
### 作用机制

- ◇ 翻译抑制: miRNA与靶mRNA通过6-7个碱基互补结合(部分互补), 可导致miRNA在蛋白质翻译水平上抑制靶基因表达(哺乳动物中比较普遍)
- ◇ mRNA的降解: miRNA也有可能影响mRNA的稳定性。如果miRNA与靶位点完全互补(或者几乎完全互补), 那么这些miRNA的结合往往会引起靶mRNA的降解(在植物中比较常见)
- ◇ 转录调控: 表观遗传是指在核酸序列水平上不涉及基因组改变的遗传变化。miRNA影响基因启动子CpG岛甲基化作用, 在转录水平直接对靶基因进行调控作用
- ◇ 联合分析: 可以与多种产品进行联合分析。包括mRNA+miRNA、lncRNA+miRNA、circRNA+miRNA+lncRNA、甲基化+mRNA+miRNA等。

### 技术路线



## 分析内容展示



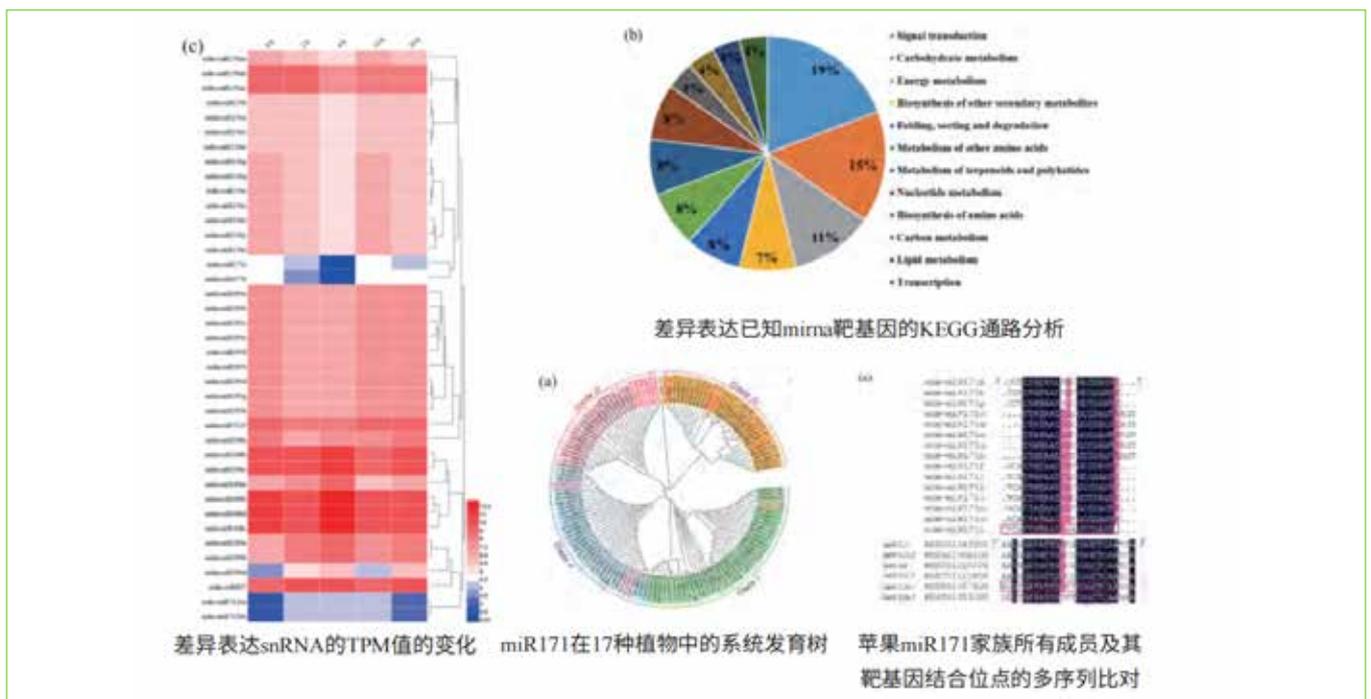
## 案例解析

### 研究背景

苹果是世界上最重要的经济果树之一，干旱胁迫抑制苹果生长，导致叶片过早脱落，果实产量和品质下降。SnRNA参与了植物的许多生物学过程，如生长和器官发育、激素信号通路、营养吸收和调控以及非生物和生物胁迫反应。最近的研究集中在揭示苹果miRNA在许多生物过程中的作用，如营养阶段转变，茎生长、形态发生和生物应激反应。然而对于干旱胁迫下苹果miRNA的响应模式和调控网络的研究还很少。

### 研究结论

在本研究中，通过小RNA测序分析来鉴定野生苹果中的snRNA及其靶标基因，鉴定得到210个已知miRNA和125个候选miRNAs。研究干旱胁迫下这些snRNA和靶基因的表达模式。基于功能注释和富集结果得出结论，miR171i-SCL26.1模块通过调节抗氧化基因表达和抗坏血酸代谢来提高抗旱性，snRNA在干旱胁迫的早期能够快速响应环境刺激并调节基因表达。



## □ circRNA测序

环状RNA(circular RNA, circRNA)是一类特殊的非编码RNA分析，测序采用Illumina测序平台进行测序，针对有参考基因组样本开展准确的circRNA鉴定以及来源基因的分析，环状RNA测序在医学、农学研究领域应用越来越广泛。

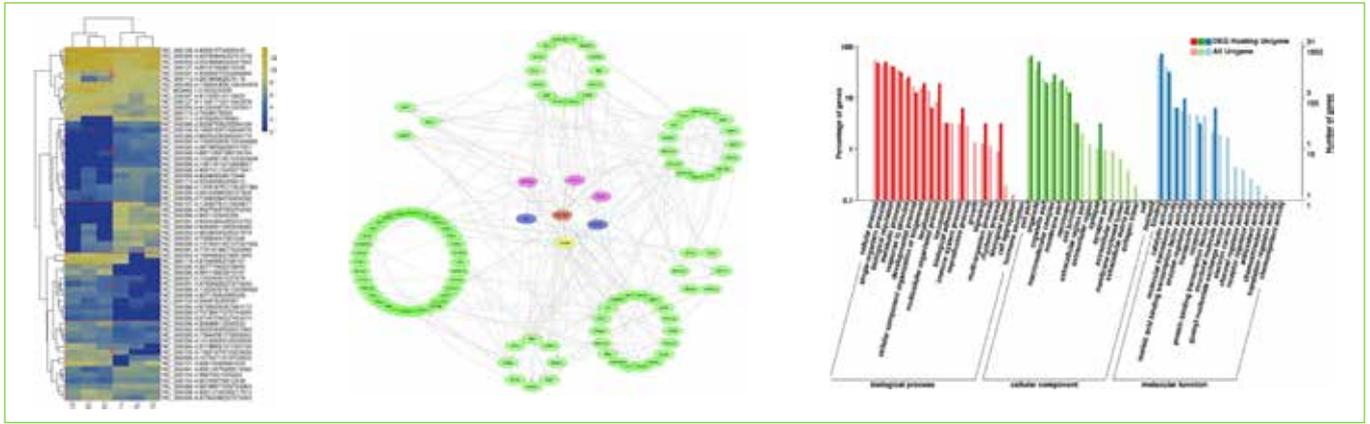
### 作用机制

- ◇ miRNA分子海绵作用 有些circRNA具有miRNA的应答元件(miRNA response element, MRE)，能够作为分子海绵而吸附miRNA，从而作为竞争性内源RNA(ceRNA)分子，在circRNA-miRNA-mRNA的调节体系中起作用，研究表明在不同物种中circRNA可以作为ceRNA与miRNA竞争靶基因的结合。
- ◇ 疾病标志物因为circRNA有很强的稳定性和组织表达特异性，所以医学上常常把circRNA作为疾病的生物标记物来使用。
- ◇ circRNA可以调节亲本基因的表达大量存在于细胞核的lcircRNA可参与基因的调控反应，能够通过顺式调控作用增强其亲本基因转录能力，或者ElcircRNA与转录因子结合，竞争性调控经典的RNA线性剪接。

### 技术路线



## 分析内容展示



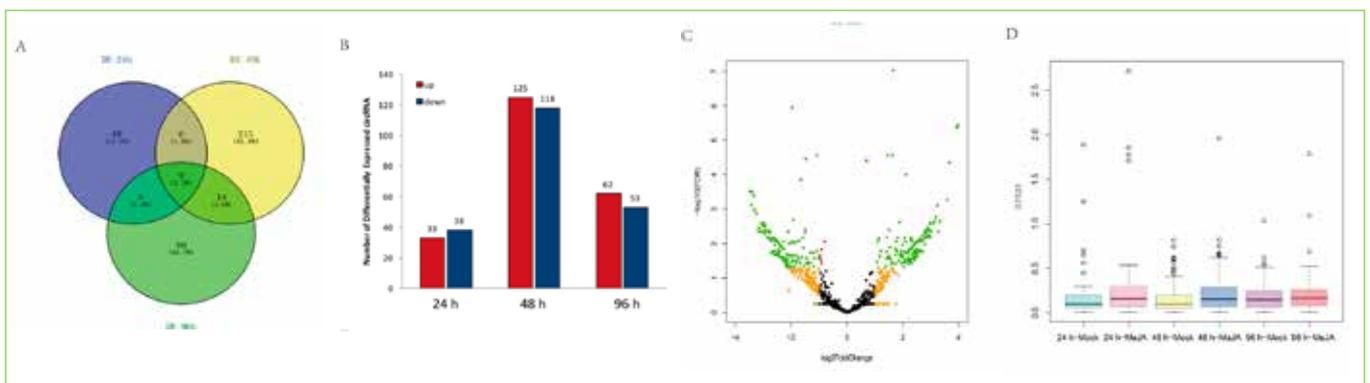
## 案例解析

### 研究背景

circRNA在调节动物的各种生物过程中发挥重要作用，在动物主要调节各种生物过程中的基因表达，植物中主要在发育过程和逆境响应中发挥着功能作用。植物激素茉莉酸(JA)可以诱导植物中JA响应基因的表达和各种次级代谢物的积累来调控植物的生长发育过程以及对生物胁迫的适应性。然而circRNA是否参与了植物对JA应答尚不清楚。

### 研究结论

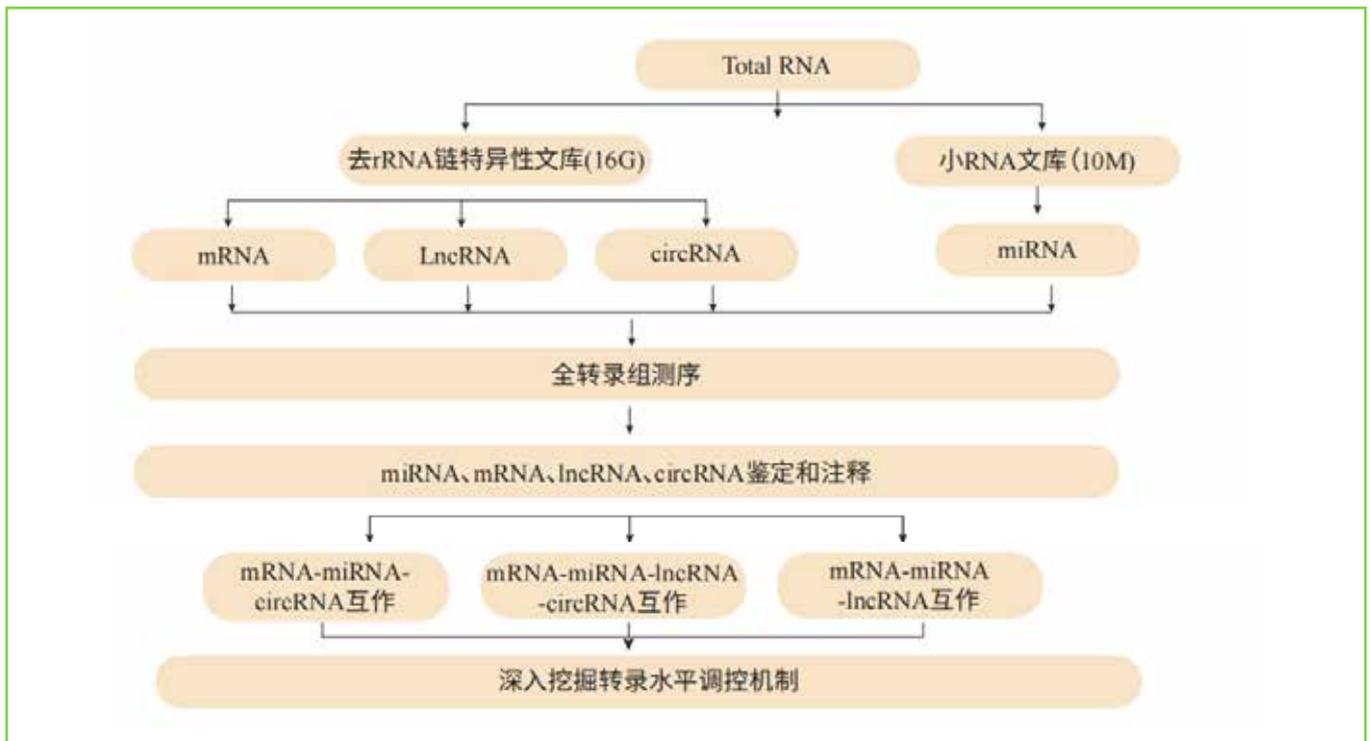
本研究对MeJA处理的不同时间梯度的拟南芥样本进行高通量测序。分析结构共鉴定到8588个circRNA，其中65.99%只产生一个circRNA。不同的时间点处理鉴定了385个共有差异表达circRNA，大多数差异circRNA的表达在MeJA处理后24h和48h显著增加。同时，对差异circRNA的来源基因进行了功能注释和富集分析，GO结果表明富集宿主基因的功能与植物对刺激的反应有关。这些结果表明circRNA可能在JA介导的信号通路中发挥作用。本研究揭示了circRNA在JA信号网络中的潜在功能。



## □ 全转录组测序

全转录组高通量测序，采用去核糖体链特异性建库方法和小片段富集筛选建库方法，可实现编码RNA和非编码RNA的建库、测序、信息分析及联合分析、ceRNA等，从而快速全面准确地获得与特定生物学过程(例如发育、疾病等)所有RNA转录本数据信息，通过数据分析将生物调控机制研究延伸到“网、多层面”结合的立体模式，有助于相对全面解读生物学现象。

### 技术路线



### 分析内容展示



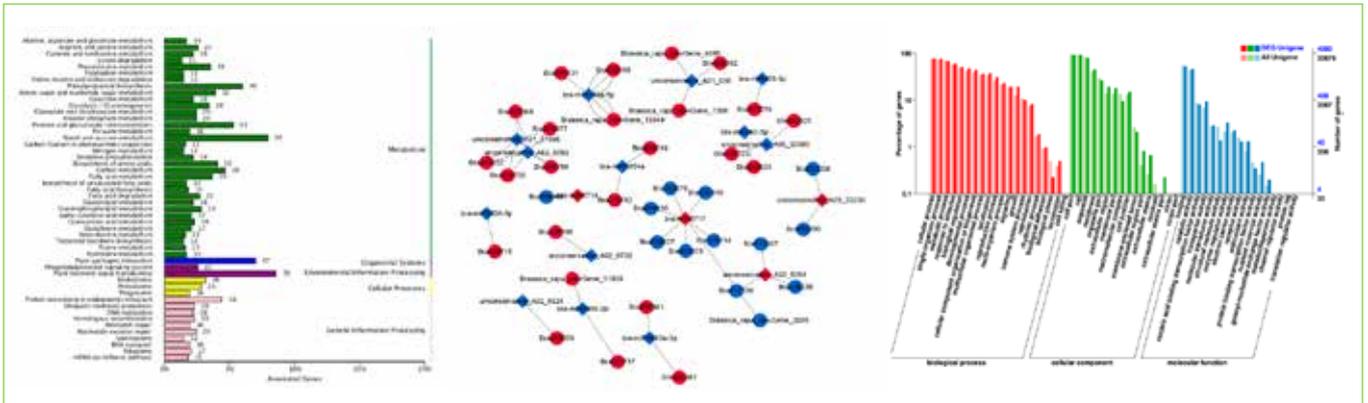
## 案例解析

### 研究背景

植物的雄性不育性包括基因雄性不育(GMS)和细胞质雄性不育(CMS)。在以往的研究中, CirRNA作为内源非编码RNA, 被认为具有miRNA海绵和竞争性内源RNA功能。关于CirRNA在雄性不育和花药发育中研究较少, 有研究表明环状RNA可能在调控花和花粉发育中发挥作用。但研究中未建立circRNA-miRNA-mRNA网络, 关于三者雄性生殖发育中的相互作用尚需进一步研究。

### 研究结论

通过全转录组测序, 揭示了油菜花药发育中新的circRNA-miRNA-mRNA调控网络, 加深了对花药发育及雄性不育的理解, 为进一步研究CirRNA和mRNA在花药发育中的功能提供了一定的基础。



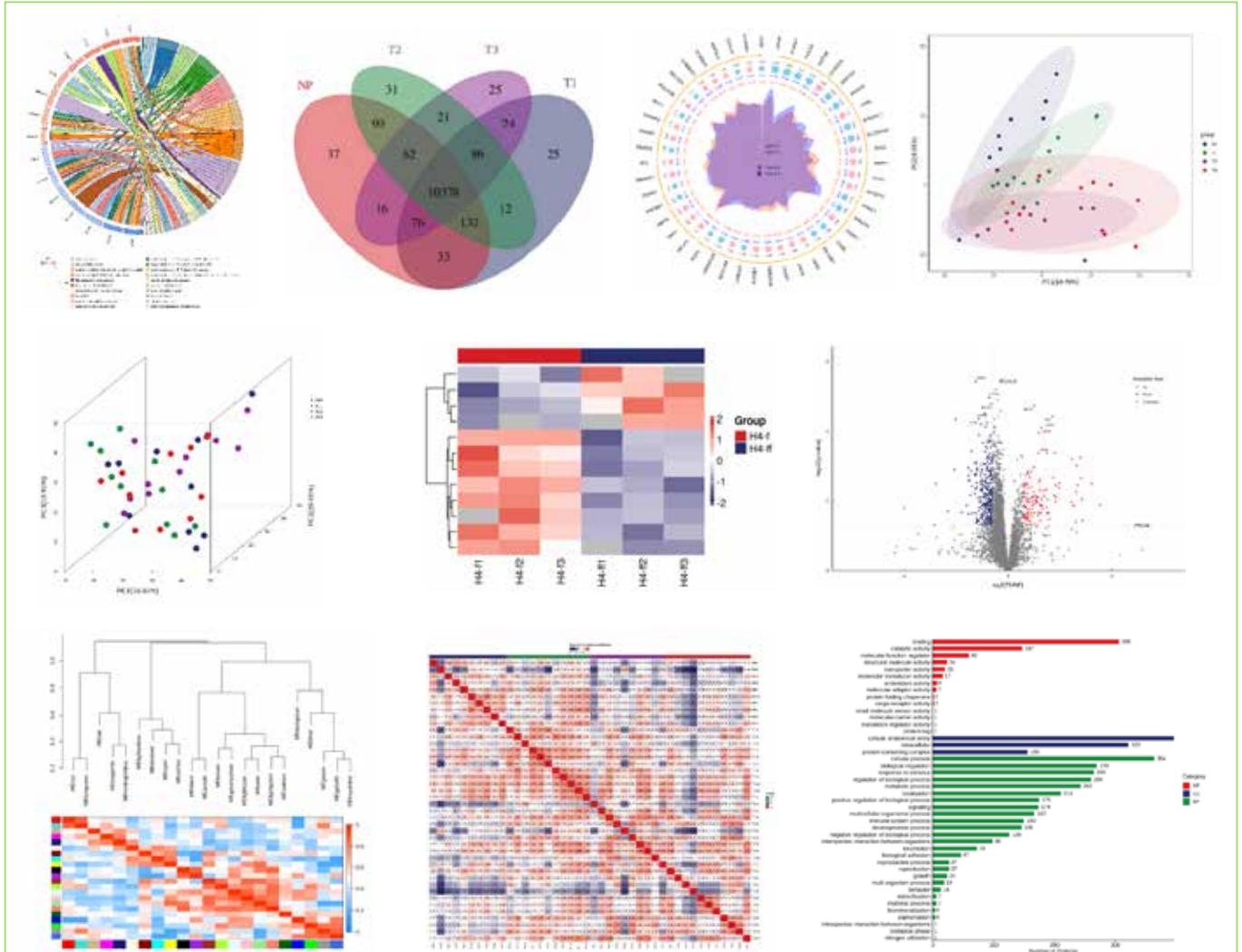
## 蛋白质组学

细胞内蛋白组丰度的动态变化对各种生命过程有重要影响。例如在许多疾病的发生和发展进程中, 常常伴随着某些蛋白质的表达异常。定量蛋白质组学就是把一个基因组表达的全部蛋白质或一个复杂的混合体系中所有的蛋白质进行精确的定量和鉴定。目前定量蛋白质组学技术主要分为标记(TMT)、非标记(Label Free)、DIA定量策略。

### 技术路线



## 分析内容展示



(具体细节请咨询我司技术人员)

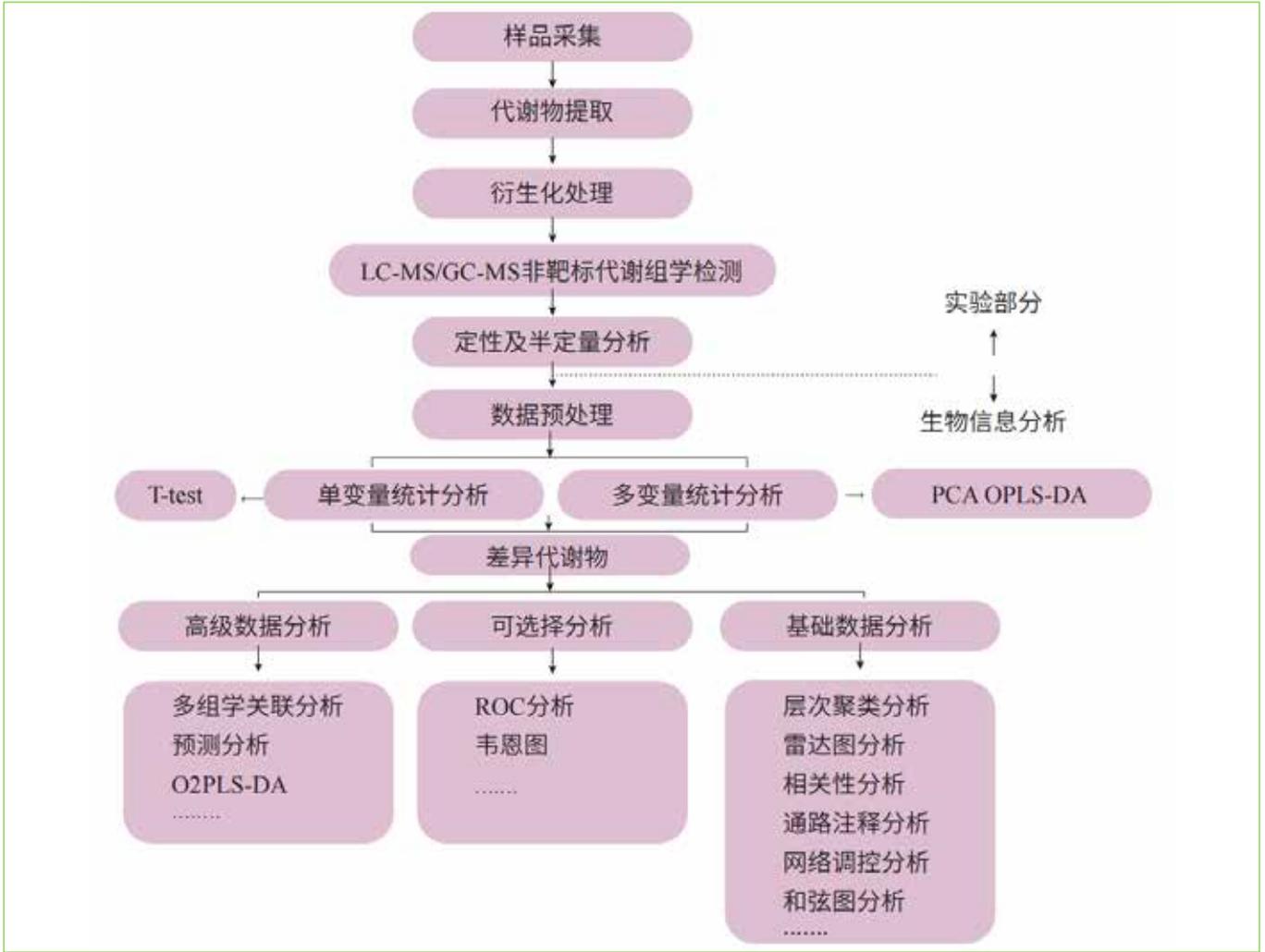
## 非靶向代谢组学

非靶向代谢组学(Untargeted metabolomics)是指采用LC-MS、GC-MS、NMR技术, 无偏向性的检测细胞、组织、器官或者生物体内受到刺激或扰动前后所有小分子代谢物的动态变化, 并通过生信分析筛选差异代谢物, 对差异代谢物进行通路分析, 揭示其变化的生理机制。

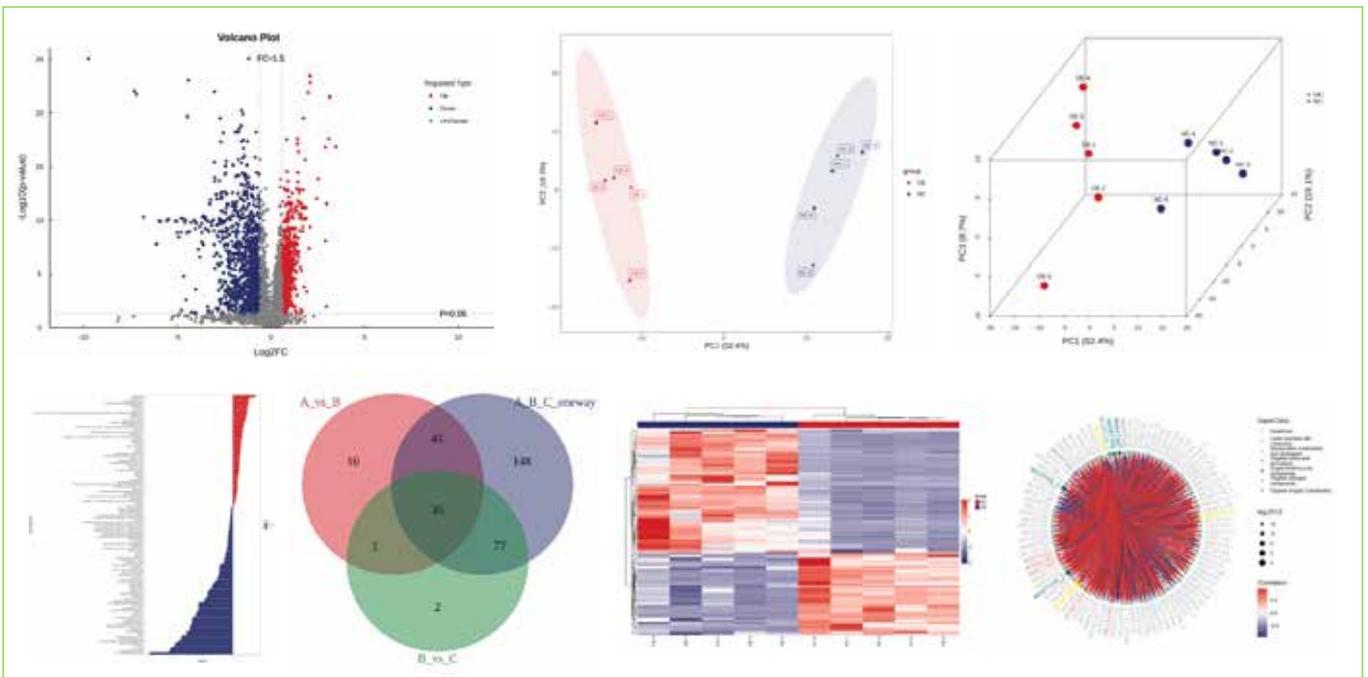
### 服务优势

- √ 完善的数据库: 为每一个物种建立自有的数据库, 专库专用
- √ 物质种类丰富: 专业的公共数据库以及自建库, 涵盖上万种物质
- √ 前处理稳定: 各种类型样品(植物组织、液体组织、动物、食品、中药制剂)提取经验丰富
- √ 检测稳定: 严格的质控指标
- √ 专业的数据分析: 专业的数据处理和分析软件

# 技术路线



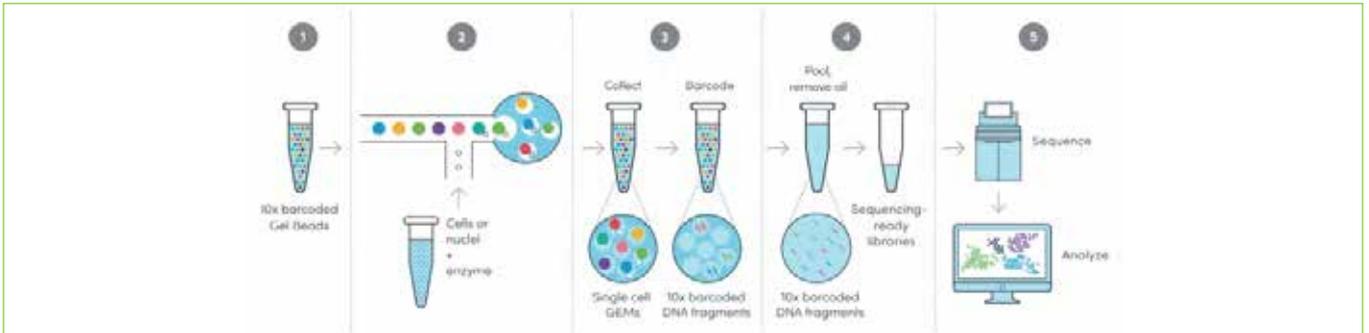
# 分析内容展示



(具体细节请咨询我司技术人员)

# 单细胞转录组测序

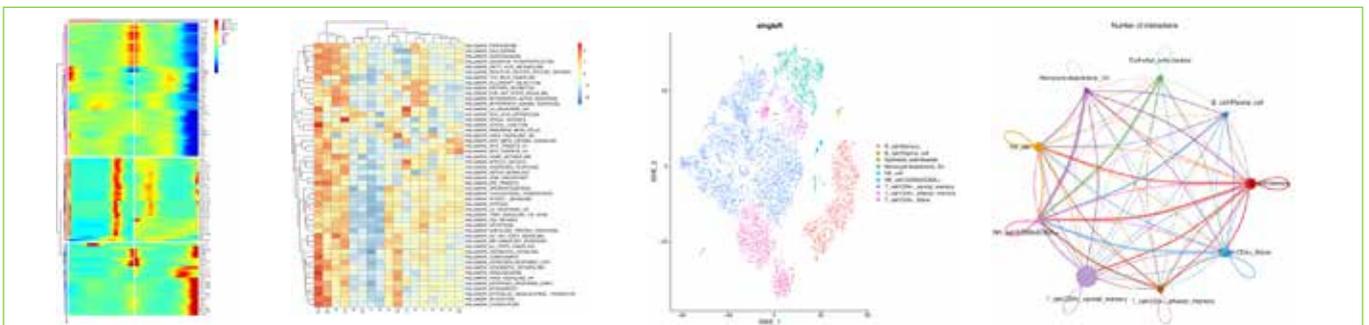
单细胞转录组测序(Single cell RNA sequencing, scRNA-seq)是在单细胞水平进行高通量基因表达谱检测，通过对大量的单细胞基因表达数据进行细胞表达特征聚类、亚群表达特征分析、标志物筛选等，能够对复杂细胞群深入分析，避免单个细胞的异质性生物学信息被大量喜欢的均质化覆盖，在生殖、免疫、干细胞分化、肿瘤异质性、神经系统发育及脑发育等研究领域中有广泛的应用。



## 分析路线



## 分析内容展示



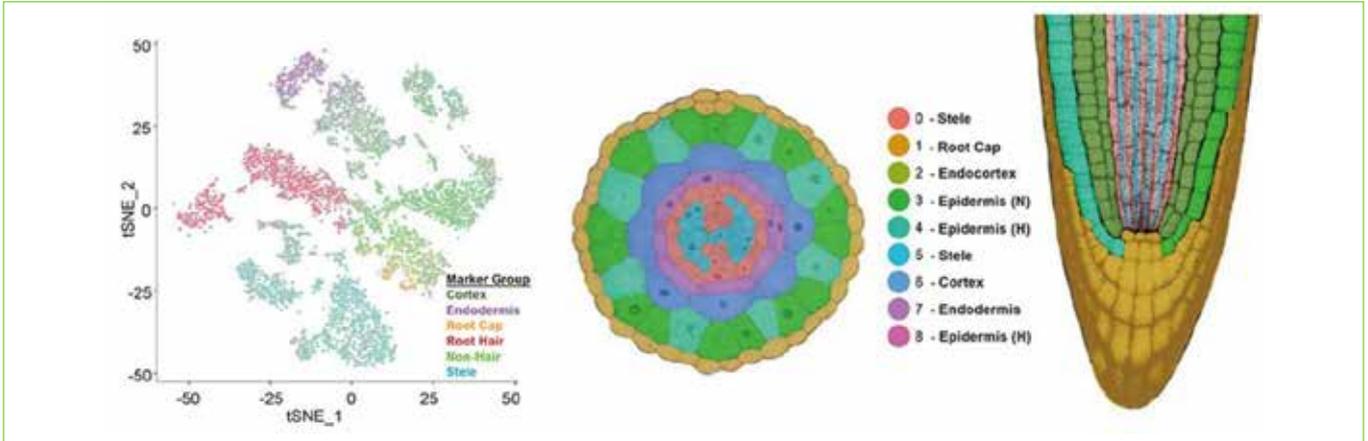
## 案例解析

### 研究背景

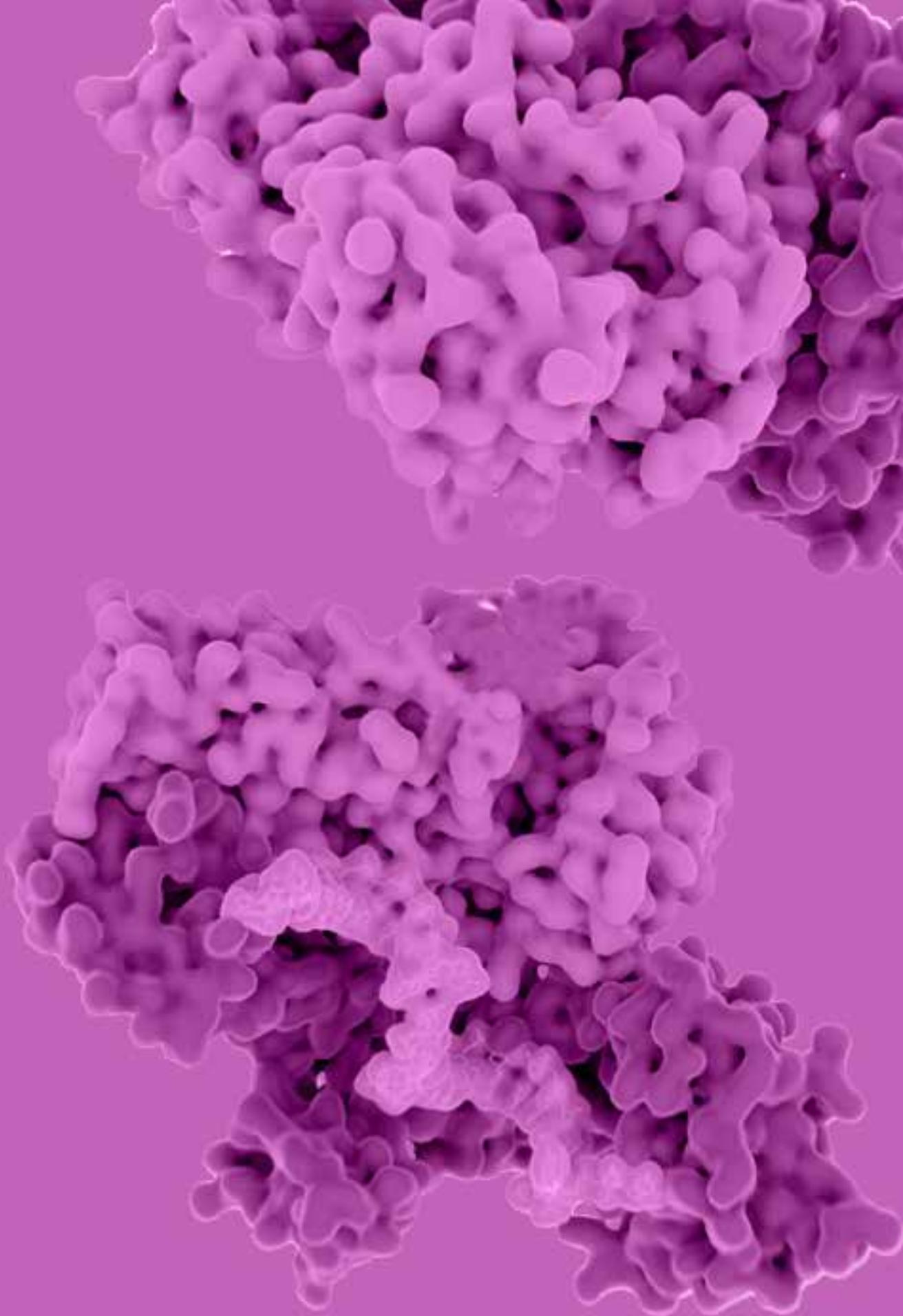
单细胞基因表达研究报道，到目前为止，植物的文章发表有限，尽管人们已经认识到植物中大规模单细胞转录组研究的潜在益处，本文基于10X Genomics chromium平台，分析了拟南芥根部约10,000个细胞(原生质体)的转录组数。

## 研究结论

基于10X Genomics chromium平台，分析了拟南芥根部约10,000个细胞(原生质体)的转录组数据，从中发现了主要的组织类型以及发育不同阶段的细胞，此外还鉴定出较为稀有的细胞亚群；在此基础上，该研究重点分析了根部表皮细胞，基于拟时分析展示了分生组织发育过程中hair细胞与non-hair细胞的分化轨迹。



(具体细节请咨询我司技术人员)

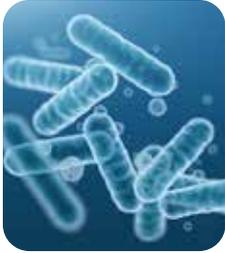


## □ 蛋白质/酶工程

- 蛋白表达(酶突变体的表达)
- 大规模重组抗体/蛋白生产(原核、真核系统)

## 蛋白表达(酶突变体的表达)

重组蛋白表达技术广泛应用于抗原制备、药物靶点开发、酶的表达、蛋白相互作用等研究。通用生物拥有完善的蛋白表达系统，包括哺乳动物表达系统，原核表达系统，酵母表达和昆虫表达系统，可为您提供从基因到蛋白表达纯化的一站式服务及解决方案。



大肠杆菌表达

- 蛋白不表达，“0”费用
- 超低折扣，888元起
- 分布套餐供选择，可提供定制服务
- 自主研发载体，高效促表达促可溶，pCreat系列



酵母表达

- 多种载体与菌株供选择
- 超低折扣，1500元起
- 分布套餐供选择，可提供定制服务



昆虫-杆状病毒表达

- 多种表达载体可供选择
- 成熟的设计方案及条件筛选体系
- 可同时进行50L体系的表达及纯化



哺乳动物细胞表达

- 超高表达HEK293/CHO系统
- 表达量提高4-10倍
- human IgG1瞬时转染最大可达3g/L
- 超低折扣，2500元起
- 分步套餐供选择，可提供定制服务

## □ 大规模重组抗体/蛋白生产(原核、真核系统)

通用生物重组蛋白创新研发平台涵盖了原核和真核表达系统，拥有重组蛋白高密度发酵技术、混合层析技术等。**NMPA GMP规范化**的大规模生产平台，百升级高密度发酵罐，万级标准洁净车间，保障了蛋白大规模、高效率的生产。通过不同规模反应器的逐级放大，可实现mg-kg级重组蛋白、抗体的生产。

- 提供大规模发酵的菌体，可达数百千克
- 提供可达500L发酵体积/可达克级的表达蛋白
- 可定制纯度提高、内毒素去除等服务
- 多种载体及表达菌株可供选择

大肠杆菌表达

- 提供大规模发酵的酵母细胞，可达数百千克
- 提供可达500L发酵体积/可达克级的表达蛋白
- 可定制纯度提高、内毒素去除等服务
- 多种载体及表达菌株可供选择

酵母表达

- 提供高浓度携带客户目的基因的杆状病毒材料
- 提供最高可达克级的表达蛋白
- 利用BIOSTAT RM系统，提供高达100L的大规模蛋白生产

昆虫-杆状病毒表达

- 超高表达GLeasy系统
- 抗体瞬时表达可达g/L
- 利用BIOSTAT RM系统，可进行100 L体积培养表达

哺乳动物细胞表达

## 服务优势

- ✓ GMP规范化生产，批次间质量稳定
- ✓ 根据客户需求，定制个性化项目方案

- ✓ 规格灵活定制，单批次产能可达百克级

GMP生产设施





□ **相关产品及服务**

- FastStain快速染色剂
- BioCleaner核酸清洁剂

## □ FastStain快速染色剂

您在使用SDS-PAGE检测蛋白吗？还在为蛋白胶染色而发愁吗？通用生物FastStain快速染色剂助您3~5分钟看到蛋白胶结果，加速您的实验进度！

### 产品优势

- ✓ 无特殊气味，环保安全
- ✓ 无需使用高额的仪器
- ✓ 灵敏度可达ng级，无需脱色，背景干净
- ✓ 快速看结果，3~5分钟即可，延长时条带更清晰

### 使用方法



注意事项:

- 本产品灵敏度允许在染色过夜时检测到每条带低至10ng的蛋白质水平(BSA)
- 3~5min染色即可获得明显条带，更清晰的效果可以延长染色时间
- 每块mini蛋白胶需要至少20ml染色液进行染色，染色液量过少影响染色效果
- 本产品长期静置底部有少量沉淀，使用前颠倒混匀即可，不影响产品效果
- 本产品仅限于专业人员的科学研究用，不得用于临床诊断或治疗，不得用于食品或药品。为了您的安全和健康，请穿实验服并戴一次性手套进行操作

### 产品信息

产品编号	产品名称	规格	单位
FS0500	FastStain快速染色剂	500ml	瓶
FS1000		1L	瓶

## □ BioCleaner核酸清洁剂

本品由两种无毒溶液组成，依次等量喷洒后即时起效，可在短时间内消除物品表面和空气中的DNA/RNA污染，同时对各类细菌及病毒有显著的灭活效果，并且能够高效灭活新冠病毒SARS-CoV2。A液与病毒共孵育，再与B液混合，2min处理对病毒噬斑的抑制率为99.83%。**本产品无挥发、无腐蚀、不损伤仪器设备，可应用于日常生活及办公区、分子实验室、微生物实验室及病毒实验室等。**

**本品已通过第一类消毒产品网络备案(消字号备案名: 通用生物®消毒液)**

消字号备案名: 通用生物®消毒液

国内权威检测机构检测: 冠状病毒灭活率 > 99.99%

## 产品功能

- ◇ 分子实验室/实验操作台/实验仪器/办公区/日常生活的消毒、杀菌
- ◇ 去除DNA/RNA残留污染
- ◇ 灭活噬菌体、细菌、真菌、病毒等

## 使用方法

- ◇ 在工作台、桌面、仪器、移液器、超净台等需要清洁的物品表面喷洒Solution A,完成后再喷洒Solution B,静置数分钟后,用干净的吸水纸擦干即可。
- ◇ 清除DNA/RNA污染只需静置5min,细菌及病毒灭活静置时间延长至15min。

## 产品信息

产品名称	产品组分	体积	储存条件
FS1000	Solution A	500ml	室温, 避免阳光直射 冷藏保存更佳
	Solution B	500ml	

# 食品加工用遗传修饰微生物安全性评价

随着底层赋能技术和应用科学平台的加速发展，合成生物学产业也获得了政策、资金等各方面的高度支持，推动学科应用迅速从实验室走向产业化。目前，合成生物学已广泛应用于如医疗、食品、化工能源、农业及消费品等众多细分领域。

**新食品领域是合成生物学增长最快速的领域之一。**通过细胞培养和精密发酵等技术，利用动植物、微生物细胞，生产多种替代蛋白、合成天然稀有产物、提供微生物油脂、生产食品添加剂和功能性食品原料，研发风味、质构、形态可控的食品产品，实现更安全、更营养和更可持续。

国家食品安全风险评估中心最新发布了《食品加工用遗传修饰微生物安全性评价申报材料要求(试行)》，对生产加工过程中涉及遗传修饰微生物的产品，其外源性DNA检测的方法以及质量要求都做出了明确的规定。

- 食品加工用遗传修饰微生物产品中生产菌株DNA检测
- 宿主残留外源性DNA检测试剂盒

## □ 食品加工用遗传修饰微生物产品中生产菌株DNA检测

通用生物可提供“核酸提取+PCR+电泳+Sanger测序+报告”全套服务，对生产菌株特定DNA片段（如目的基因、报告基因、标记基因等）进行检测，以满足申报材料要求。

## □ 宿主残留外源性DNA检测试剂盒

通用生物子公司环球基因亦提供生物制品质检的系列试剂盒产品，覆盖多个领域和检项。针对“三新食品”的外源性残留DNA质量控制，如下残留DNA检测试剂盒，双重qPCR-荧光探针法或荧光染料法可选，可满足食品安全性评价需求。

货 号	品 名	规 格
TRS0101-100	E.coli残留DNA检测试剂盒(双重qPCR-荧光探针法)	100T
TRS0110-100	毕赤酵母残留DNA检测试剂盒(双重qPCR-荧光探针法)	100T
TRS0111-100	汉逊酵母残留 DNA 检测试剂盒(双重qPCR-荧光探针法)	100T
TRS0112-100	酿酒酵母残留 DNA 检测试剂盒(双重qPCR-荧光探针法)	100T

货 号	品 名	规 格
TRS0707-100	1X dsDNA 高灵敏度 (HS)定量试剂盒	100T
TRS0707-500	1X dsDNA 高灵敏度 (HS)定量试剂盒	500T
TRS0708-500	0.5 ml EP管	500T

科技创新 为生命赋能

# 上游关键使能技术

为合成生物学领域提供有力工具和解决方案

## 通用生物（安徽）股份有限公司

地址：安徽省滁州经济技术开发区祈福寺西路69号

更多服务详情，欢迎致电来函我们：

### 基因合成

电话：0550-3121666转分机8118  
邮箱：gene@generalbiol.com

### 检测验证

电话：0550-3121666转分机8808  
邮箱：tech@generalbiol.com

### NGS项目

电话：0550-3121666转分机8866  
邮箱：ngs-service@generalbiol.com

### 引物合成

电话：0550-3121666转分机8116  
邮箱：oligo@generalbiol.com

### 蛋白表达

电话：0550-3121009  
邮箱：protein@universalbiol.com

### 产品部

电话：0550-3721555  
邮箱：product@generalbiol.com



公众号



视频号