

千种细菌

Hi-C

搭载Hi-C创新技术

开创细菌功能调控研究新方向

三维基因组计划

作为国内首个提供三维基因组学技术服务的公司，菲沙基因已完成数百类物种Hi-C样本，细菌样本包括条件致病菌、活性代谢产物生产菌、极端抗逆菌、发酵菌等多种原核细菌的Hi-C。已完成的三维基因组项目研究成果于Nature主刊和权威子刊，Cell research, GigaScience, BMC Genomics等期刊发表，影响因子累积149+。

Frasergen

PACBIO CERTIFIED SERVICE PROVIDER

武汉菲沙基因信息有限公司

武汉市东湖高新技术开发区高新大道666号 邮编:430075

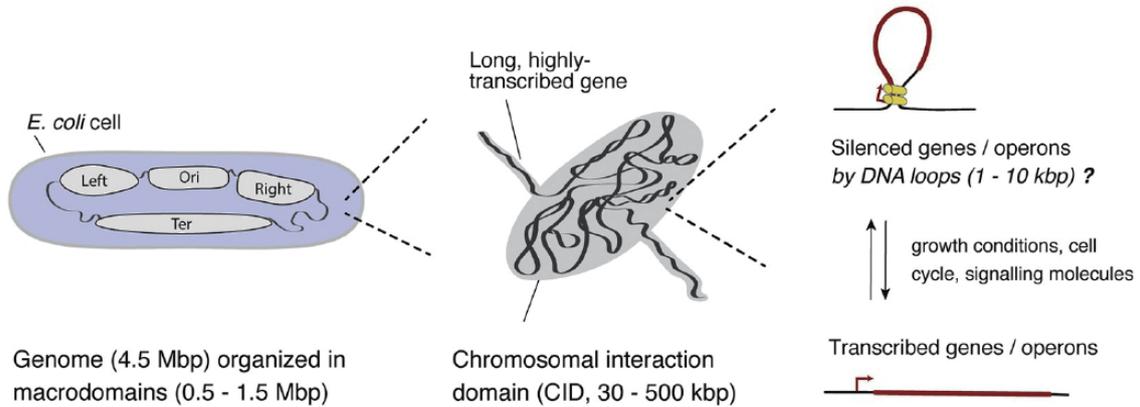
T:027-87224696 F:027-87224785 E:support@frasergen.com



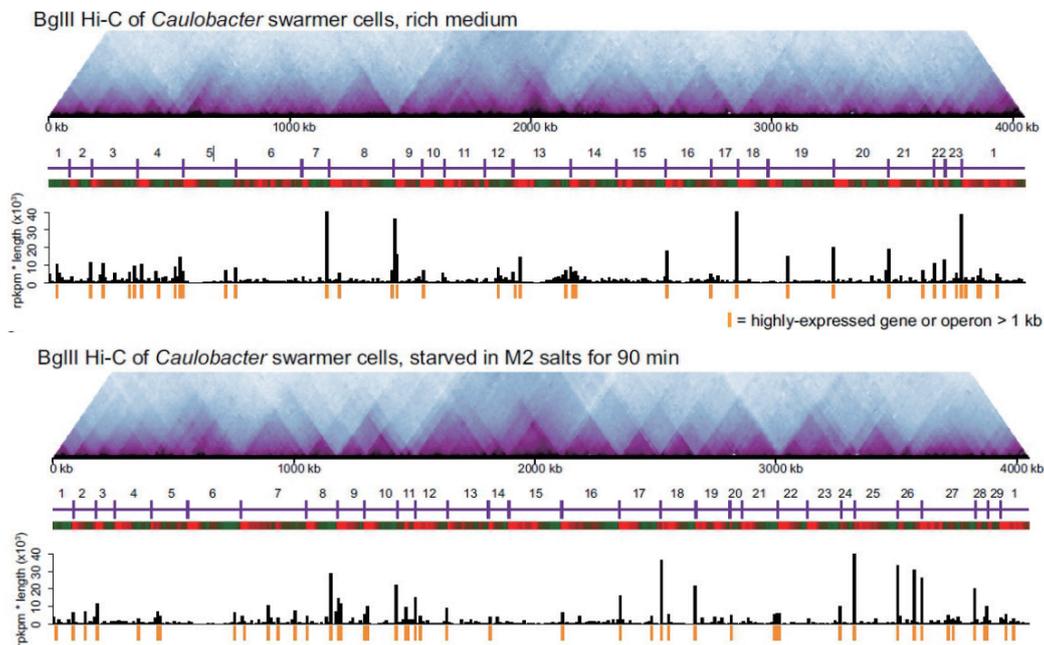
www.frasergen.com

DNA和染色体存在于细菌拟核三维空间中。虽然基因组在线性序列中存储了遗传信息，但是基因的正确表达、调控以及基因调控元件之间的相互作用都是在染色体折叠成的复杂三维结构中完成的，染色体三维空间结构对基因的表达和调控具有重要影响。目前染色体构象捕获技术（High-throughput chromosome conformation capture, Hi-C）已广泛应用到包括新月柄杆菌，枯草芽孢杆菌，大肠杆菌和肺炎支原体的细菌三维基因组结构研究。

细菌微生物内部三维结构通常呈现如下macrodomain，CID（chromosomal interaction domains）及DNA loops层级结构，在不同条件下菌内三维结构发生改变，对基因转录表达进行调控。



其中，CIDs及CIDs边界与基因表达相关，在对正常和饥饿处理下的新月柄杆菌进行Hi-C分析中发现，饥饿处理的新月柄杆菌Hi-C中检测出29个CIDs，正常情况下的新月柄杆菌Hi-C中检测出23个CIDs，两者间共有11个CIDs，经RNA-Seq分析了两个样本基因表达水平，发现基因表达差异与CIDs位置差异相一致，同时，发现仅存在于饥饿处理下的CIDs边界通常与饥饿诱导基因相关。



测序建议

	建库测序	送样要求	项目周期
细菌Hi-C	10Mb内，构建1个Hi-C文库/样，Hi-C文库测序30G/样，分辨率达到1kb。	对数生长期的菌体。单次建库要求≥5μg DNA所对应的菌体量，一般应该≥10 ⁹ 个细胞/管，各准备>2管/样(生物学重复另算)	建库测序分析 75 天