

应用方向

构建物种参考转录本

发现新基因、新isoform, 准确鉴定可变剪接、融合基因等转录本序列结构变异信息, 完善基因组、转录本注释信息, 提升基因注释准确性

生长发育调控机制研究

比较不同发育阶段或不同部位的转录本差异, 揭示生长发育的关键调控机制

胁迫/抗逆调控机制研究

比较不同处理组的全长转录本差异, 探究动植物的适应和抗逆机制



疾病发生发展机制研究

研究isoforms、融合基因, 从转录本结构水平揭示疾病发生发展的调控机制

比较转录组研究

- 研究近缘物种间的进化关系, 挖掘受到正向选择/负向选择的基因
- 异源多倍体不同亚基因组转录本序列比较, 研究不同亚基因型的进化差异

多顺反子研究

部分真菌具有多顺反子结构, 通过全长转录本测序可以直接读取二代难以检测的真菌多顺反子

菲沙优势



先进的实验平台

运行稳定、数据质量高



科学的建库方案

个性化、符合mRNA长度分布



更快的项目周期

仅需35个工作日



专业的数据分析

全面、专业、个性化



细致的结果展示

内容详实、直观多样



丰富的项目经验

专注三代测序9年, 发表国内最早Iso-Seq文章

武汉菲沙基因信息有限公司

Wuhan Frasergen Bioinformatics Co., Ltd.

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

武汉菲沙基因组医学有限公司

Wuhan Frasergen Genomic Medicine Co., Ltd.

武汉市东湖高新技术开发区高新大道666号B8栋 邮编:430075

Building B8, 666 Gaoxin Road, East Lake High-tech Zone, Wuhan, China 430075

嘉兴菲沙基因信息有限公司

Jiaxing Frasergen Bioinformatics Co., Ltd.

嘉兴市嘉善县大云镇创业路555号C2栋 邮编:314100

Building C2, 555 Chuangye Road, Dayun Town, Jiashan County, Jiaxin, China 314100

北京研发中心

Beijing Research Center

北京市海淀区中关村南大街12号科技综合楼 邮编:100081

12 Zhongguancun South St., Haidian District, Beijing, China 100081



扫码关注更多信息

全长转录组测序

Isoform Sequencing



PacBio® Sequel II

三代联合二代测序

深度挖掘全长转录本结构及表达量

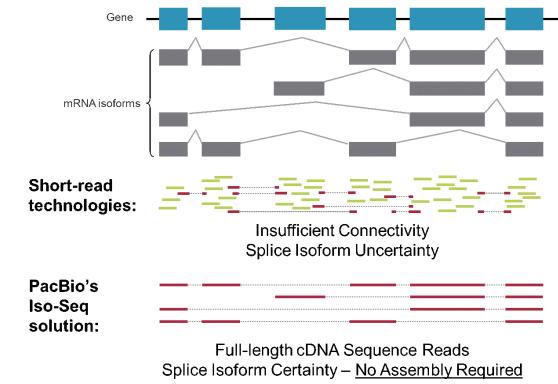
更长·更全·更准

Frasergen 菲沙基因

三代全长转录组测序

三代全长转录组测序 (Iso-Seq)，基于 PacBio 平台的长片段测序可以直接获得从 5' 端到 3' 端的高质量全长转录本信息，准确辨别二代测序无法准确识别的同源异构体 (Isoform)、融合基因、可变剪接等，获得更加全面的注释信息。

技术优势



更长

Sequel II 超强来袭，平均酶读长超过 70kb, N50 可达 100Kb

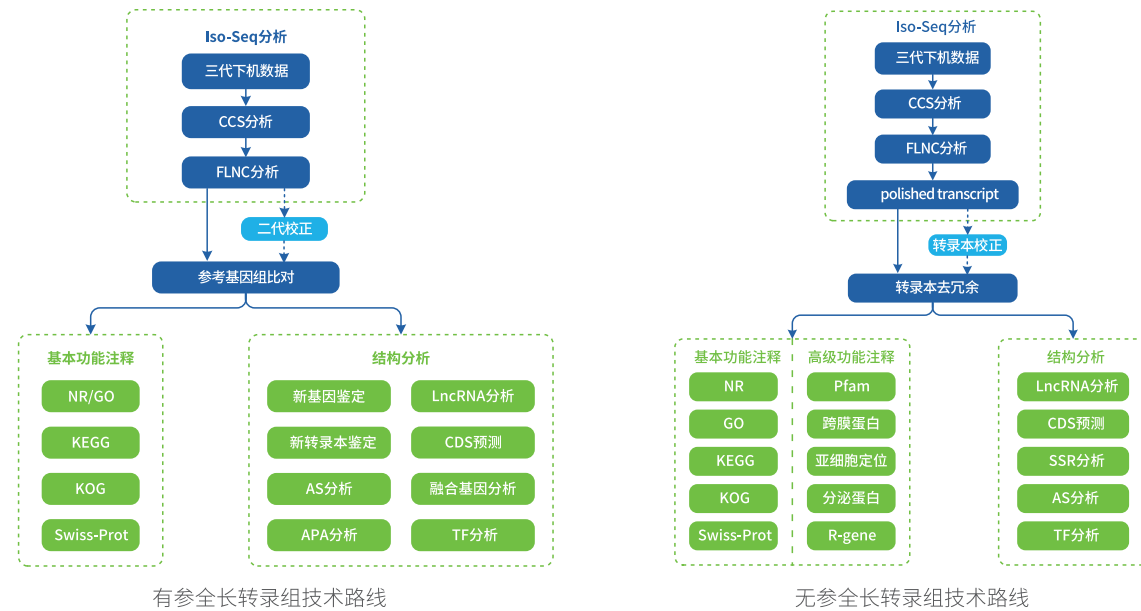
更全

直接获取更完整的全长转录本序列及结构信息，挖掘更多的剪切位点、AS及新功能基因

更准

不需要二代数据纠错直接获取高精度碱基信息，无需打断和拼接，避免组装错误

技术流程



Frasergen最新合作案例

案例一

PacBio SMRT技术助力亚麻耐旱性机制研究

Wang W, et al. Transcriptome analysis and molecular mechanism of linseed (*Linum usitatissimum* L.) drought tolerance under repeated drought using single-molecule long-read sequencing[J]. *BMC Genomics*, 2021

样本选取

抗旱品种 (Z141)、干旱敏感品种 (NY-17) 幼苗叶片

测序策略

PacBio RS II平台测序, 文库: 1-3k、> 3 kb

研究结果

中国农业科学院油料作物研究所研究人员使用 PacBio SMRT 和 RNA-seq 技术对干旱 (DS) 和复旱 (RD) 胁迫下的抗旱亚麻品种和干旱敏感品种幼苗转录组进行了全序列分析。SMRT 测序最终获得 1093282 条高质量 FLNC 序列，覆盖 108579 个 isoforms 和 28686 个基因位点。Z141 上调的基因比 NY-17 富集更多与植物抗旱性相关的功能通路。脯氨酸生物合成途径通过以 RAD50 相互作用蛋白 1 为中心的调控网络响应干旱胁迫。本研究是首次利用单分子长读长序列在全基因组范围内比较和分析不同抗旱性亚麻品种在不同干旱处理下的基因表达谱，为了解亚麻的干旱适应性提供一个新的视角。

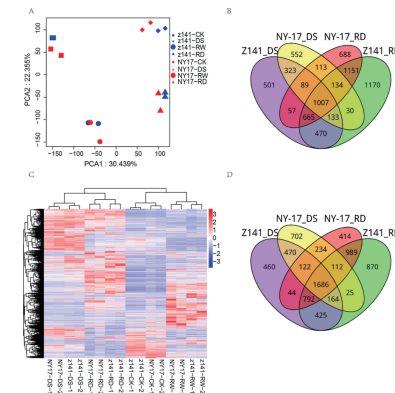


图 1 DS 和 RD 下亚麻幼苗转录组图谱比较

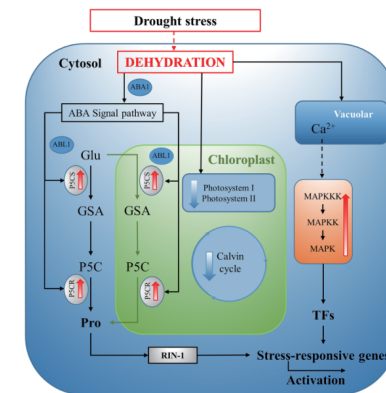


图 2 亚麻叶片响应干旱胁迫的基因调控网络

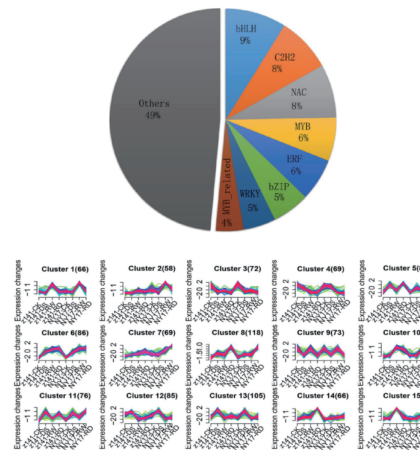


图 3 DS、RD 条件下的应答 TFs

案例二

PacBio SMRT技术鉴定棉花中糖代谢解毒酶的可变剪切体, 解密棉酚骨架芳香化背后的秘密

Jin Quan Huang, et al. Aromatization of natural products by a specialized detoxification enzyme[J]. *Nature Chemical biology*, 2020

样本选取

陆地棉品种 *G. hirsutum* cv 叶片

测序策略

PacBio Sequel平台测序, 文库: 0.5-2k、2-6 k

研究结果:

中国科学院分子植物科学卓越创新中心研究人员采用全长转录组技术鉴定到异源四倍体棉花 *G. hirsutum* 中的传统 GLXI 含有 2 个可变剪切体, 特化 GLXI (SPG) 具有 6 个可变剪切体。传统 GLXI 的 2 个可变剪切体 (Gh_A13G2029 和 Gh_D13G2432) 位于每个亚基因组的 13 号染色体上, 对真实的 GLXI 进行编码; 而 SPG 丢失了 GSH 结合位点和 N 端的细胞器定位信号肽, 不再有转化甲基乙二醛的活性, 但能够高效催化棉酚生物合成中间体的芳香化, 且不需要有辅因子参与。

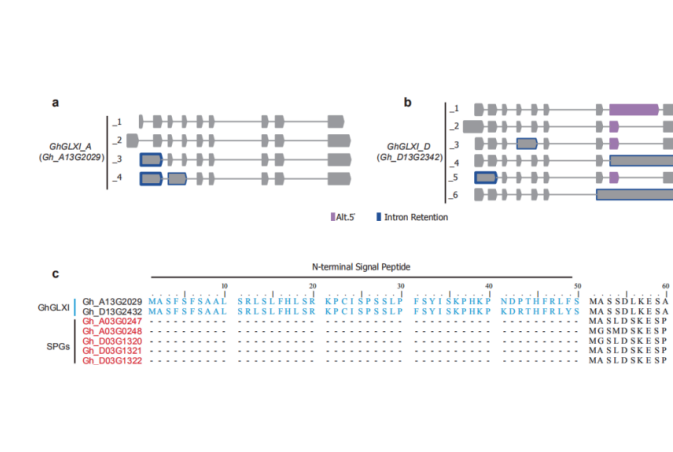


图 1 GhGLXI 的选择性剪接和棉花 SPG 的亚细胞定位

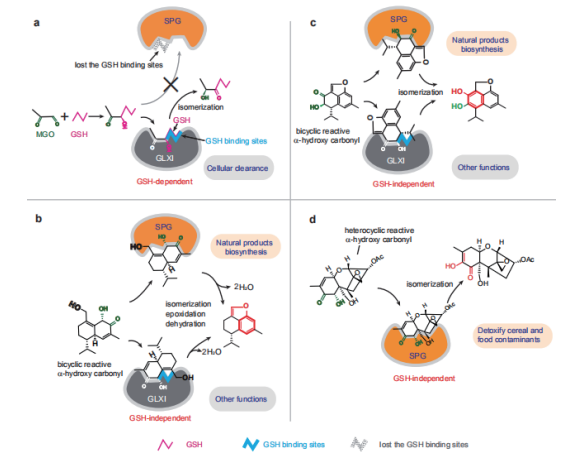


图 2 GLXIs 和 SPG 在棉花解毒和生物合成中的混合活性

项目文章

物种	年份	期刊	研究内容
小麦	2015	BMC Genomics	鉴定出72个新的小麦面粉蛋白基因的全长转录本, 提升小麦基因组注释
猪	2018	DNA Research	从lncRNA、融合基因、AS等结构层面揭示猪转录组复杂性, 完善基因组注释
小麦	2019	The Plant Journal	小麦热应答的基因转录调控和可变剪切调控模式的差异、三个亚基因组在热响应不同的应答差异和功能分区
葡萄	2019	BMC Plant Biology	葡萄抗白腐病机制
菊花	2019	Plant Physiology and Biochemistry	菊花花青素合成与光周期的内在联系
大白菜	2019	BMC Plant Biology	花药可变剪切转录本
棉花 (异源四倍体)	2020	Nature Chemical Biology	棉花解毒系统(针对糖代谢副产物)中特化乙二醛酶I的可变剪切isoform
裸鲤	2020	Scientific Reports	PacBio Iso-seq技术构建青藏高原裸鲤的全长转录本集
亚麻	2021	BMC Genomics	油料作物亚麻响应单次干旱 (DS)、反复干旱 (RD) 的分子机制差异