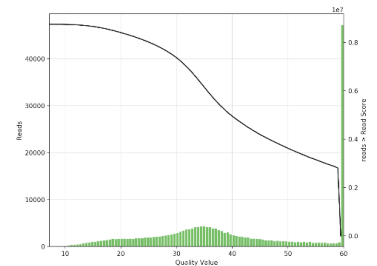
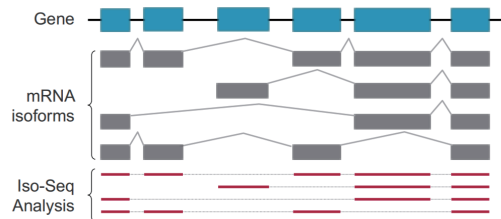
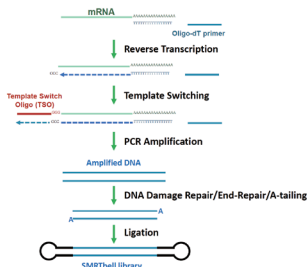


全长转录组

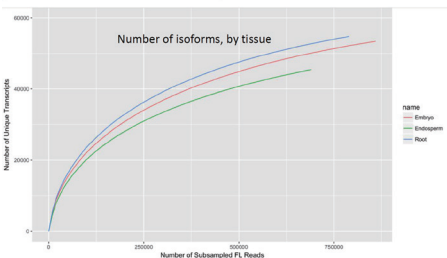
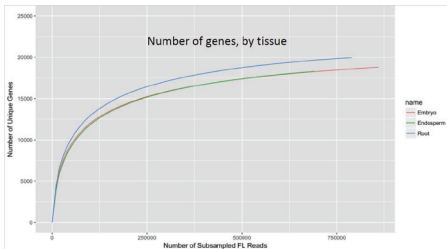
获得基因和转录本的定性和定量信息是研究细胞生理分子机制的关键。由于二代测序读长的限制，得到的转录本可能会产生拼接错误和较多的嵌合体，从而不能得到完整的转录本。以PacBio为代表的第三代测序技术基于单分子实时测序 (SMRT, Single Molecule Real-Time) 原理，利用超长读长优势，无需组装就可以轻松跨越从5'末端到3'-Poly A tail的完整转录本，更真实的反映测序物种的转录组信息，准确鉴定异构体，并对可变剪接、融合基因、同源基因、超家族基因或等位基因表达等进行精确分析。



建库灵活 单样本测序
多样本混合测序
样本整体建库，不分大小

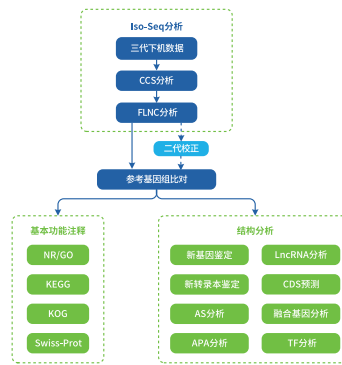
完整转录组 不打断
不拼接
直接获取全长序列

高质量 95% 序列 > Q30
85% 序列 > Q60

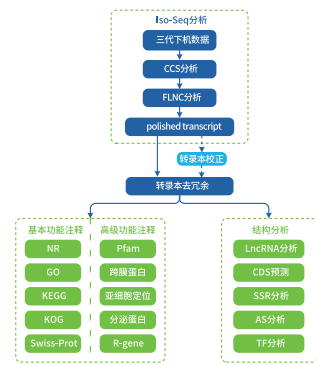


菲沙测序经验		
测量量	40G	50G
FLNC数	20-24万	24-35万

基因检测数可达到饱和；
isoform 检测数持续上升¹，
具体视实际物种而定。



有参全长转录组技术路线

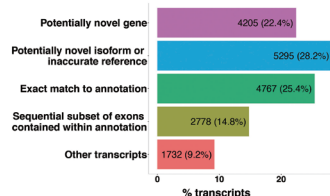
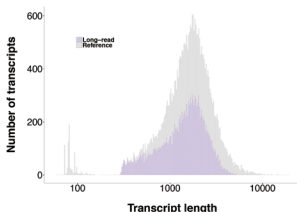


无参全长转录组技术路线

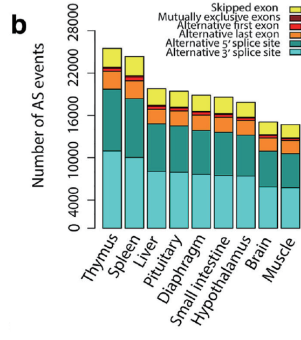
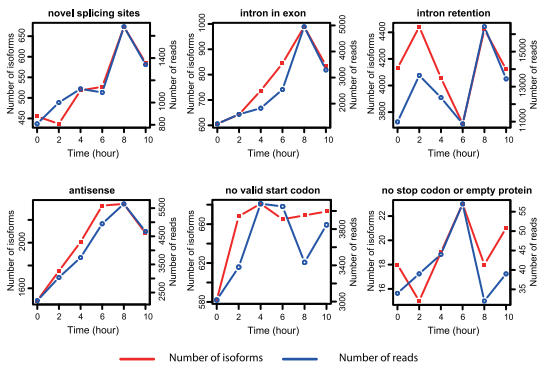
应用方向

01 构建参考转录本集，提升基因组注释

获取大量新基因、新转录本、新可变剪切、新同源异构体，提升基因组注释，是基因组研究必备神器^{1,2}

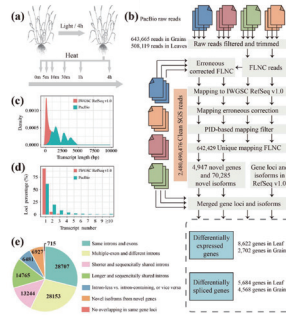
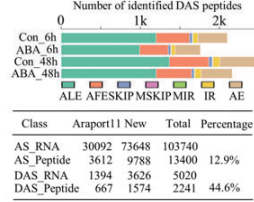
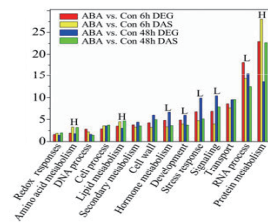


Tissue	Number of detected genes	Number of detected transcripts ¹	Average Number of exons per transcript	Number of transcripts produced by multi-transcript genes	Number of transcripts produced by single-transcript genes
Brain	12,064	19,973 (1.65)	5.20	14,994	4,979
Diaphragm	11,417	21,468 (1.88)	6.22	17,453	4,015
Hypothalamus	13,041	22,528 (1.72)	6.12	17,039	5,489
Liver	11,118	22,008 (1.97)	6.33	18,028	3,980
Muscle	9,930	22,528 (2.26)	6.12	14,175	3,334
Pituitary	12,662	23,240 (1.83)	6.26	18,098	5,142
Small intestine	11,906	22,268 (1.87)	6.38	17,798	4,470
Spleen	13,604	28,269 (2.07)	6.40	22,789	5,480
Thymus	12,895	26,721 (2.07)	6.44	21,522	5,199



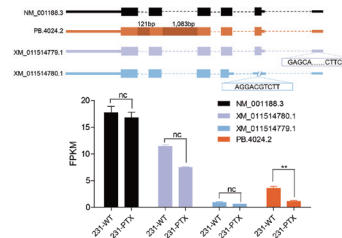
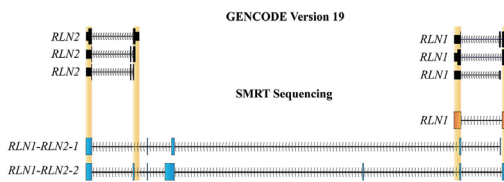
02 生长发育调控机制研究

比较不同发育阶段或不同组织部位转录本或可变剪切事件,聚焦不同转录本的功能差异^{1,3}



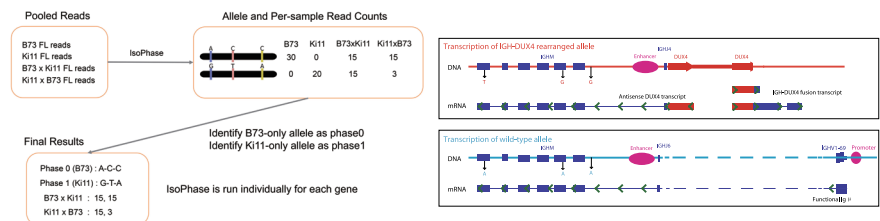
03 胁迫/抗逆机制研究

比较高温、高盐环境或胁迫处理条件下转录组差异,探究动植物的抗逆机制^{4,5}



04 疾病发生发展机制研究

研究Isoforms、融合基因、APA等,从转录本结构水平揭示疾病发生发展的调控机制,助力癌症和医学研究^{6,7}



05 父母本/多倍体转录本分型

全长序列跨越多个SNP位点,区分父母本转录本及等位基因的不平衡表达,有效关联等位转录本和表型^{8,9}

参考文献

1. Beiki et al, BMC Genomics 2019
2. German et al, Genome Research 2018
3. Kuang et al, Genome Research 2016
4. Zhu et al, The Plant Journal 2017
5. Wang et al, The Plant Journal 2019
6. Gregor et al, Molecular and Cellular Endocrinology 2016
7. Bi et al, Scientific Reports 2019
8. Wang et al, bioRxiv 2019
9. Tian et al, Nat Commun 2019

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

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

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

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



www.frasergen.com