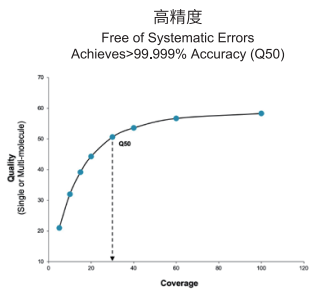


细菌完成图解决方案

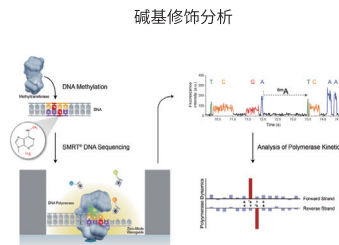
技术参数

产品	测序平台	测序策略	组装指标	送样要求	项目周期
细菌完成图	PacBio Sequel II	10 Kb 文库 ≥300 X	1 contig 0 Gap	DNA浓度 ≥50ng/μL 总量 ≥8μg	45个自然日

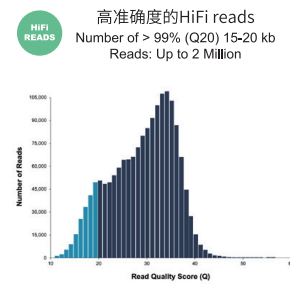
PacBio 优势



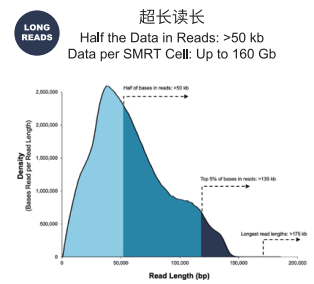
通过 reads 的自我矫正, 30X 以上准确率能够达到 99.999% (Q50)



PacBio 测序技术可以在进行基因组测序的同时获取 6mA 和 4mC 碱基修饰信息

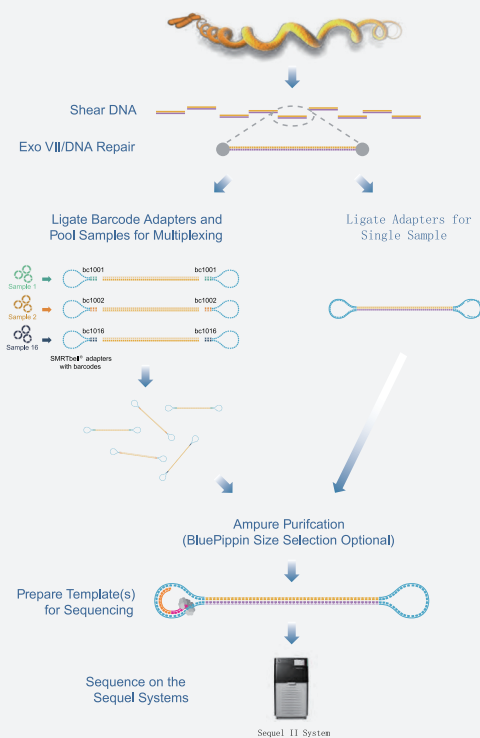


20Kb 文库数据质量分布

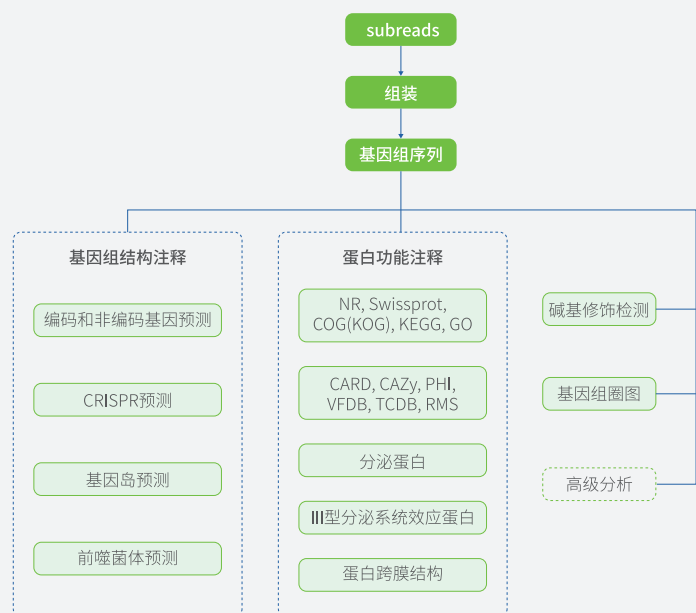


平均读长可达到 20~30Kb

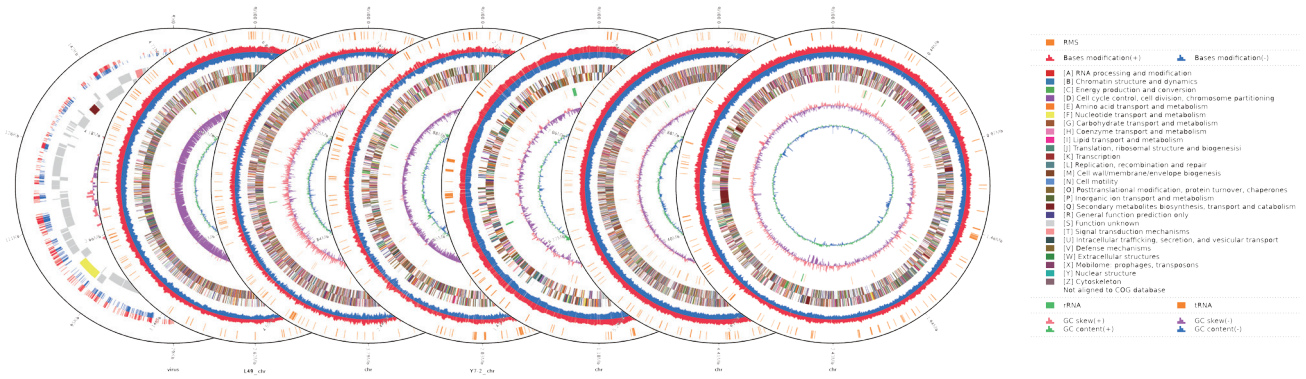
PacBio建库测序流程



分析流程图



菲沙经验

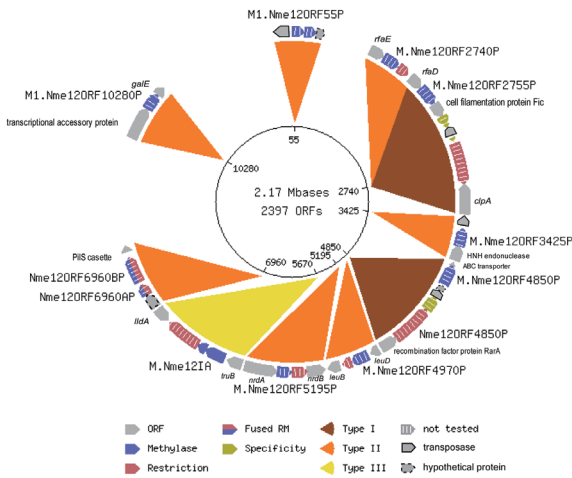


Human herpesvirus, *Bacillus anthracis*, *Streptomyces globisporus*, *Halomonas campaniensis*, *Bifidobacterium breve*, *Rhizobium*, *Rhodococcus sp.*

应用方向

医学

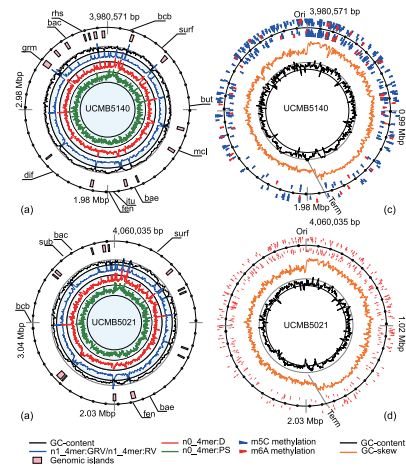
脑膜炎奈瑟菌是一种常见的共生菌，是导致流行性脑膜炎和败血症的主要原因。研究者通过运用PacBio测序获得的高质量基因组，鉴定出亚系1(瑞典的Y群增加)和亚系2之间的所有遗传变异和甲基化差异，进而对侵袭性脑膜炎奈瑟菌爆发原因提供新见解^[1]。



脑膜炎奈瑟菌亚系1基因组中预测的限制性修饰(RM)系统

农业

贝莱斯芽孢杆菌(*Bacillus velezensis*)和枯草芽孢杆菌是能够促进植物生长的根际细菌，研究证明菌株UCMB5140具有很高的生物防治潜力，运用PacBio测序获得了菌株UCMB5140所特有的I类SAM依赖甲基转移酶，揭示了UCMB5140菌株的特异性甲基化模式，确定了甲基转移酶和表观遗传机制在细菌进化中的作用^[2]。



贝莱斯芽孢杆菌UCMB5140和枯草芽孢杆菌UCMB5021的染色体图

参考文献:

- [1] Stenmark B, Harrison O B, Eriksson L, et al. Complete genome and methylome analysis of *Neisseria meningitidis* associated with increased serogroup Y disease[J]. *Scientific reports*, 2020, 10(1): 1-11.
- [2] Reva O N, Larisa S A, Mwakilili A D, et al. Complete genome sequence and epigenetic profile of *Bacillus velezensis* UCMB5140 used for plant and crop protection in comparison with other plant-associated *Bacillus* strains[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2020, 104(17): 7643-7656.

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

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

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

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