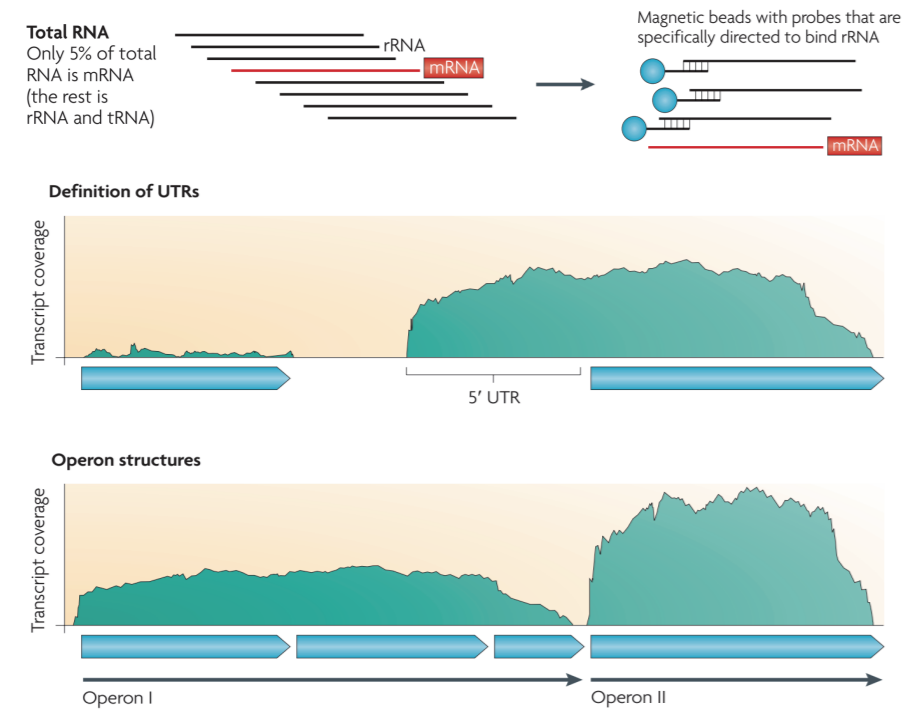


类别	微生物	建库测序	送样要求	项目周期
宏基因组Hi-C	微生物群落	肠道等一般复杂样本, 40G/样; 土壤淤泥等复杂样本, 60G/样。	20-30g去除可见杂质后的土壤, 每个样5-8管备用; 1-5g肠道内容物或人粪便, 小鼠粪便5粒, 每个样3-5管备用	建库测序45个自然日, 分析25个自然日
宏基因组3C	微生物群落	构建3个3C文库, 酶分别为HapII, Sau3AI和MluCI, 每个文库20G。		建库测序45个自然日, 分析25个自然日

原核转录组

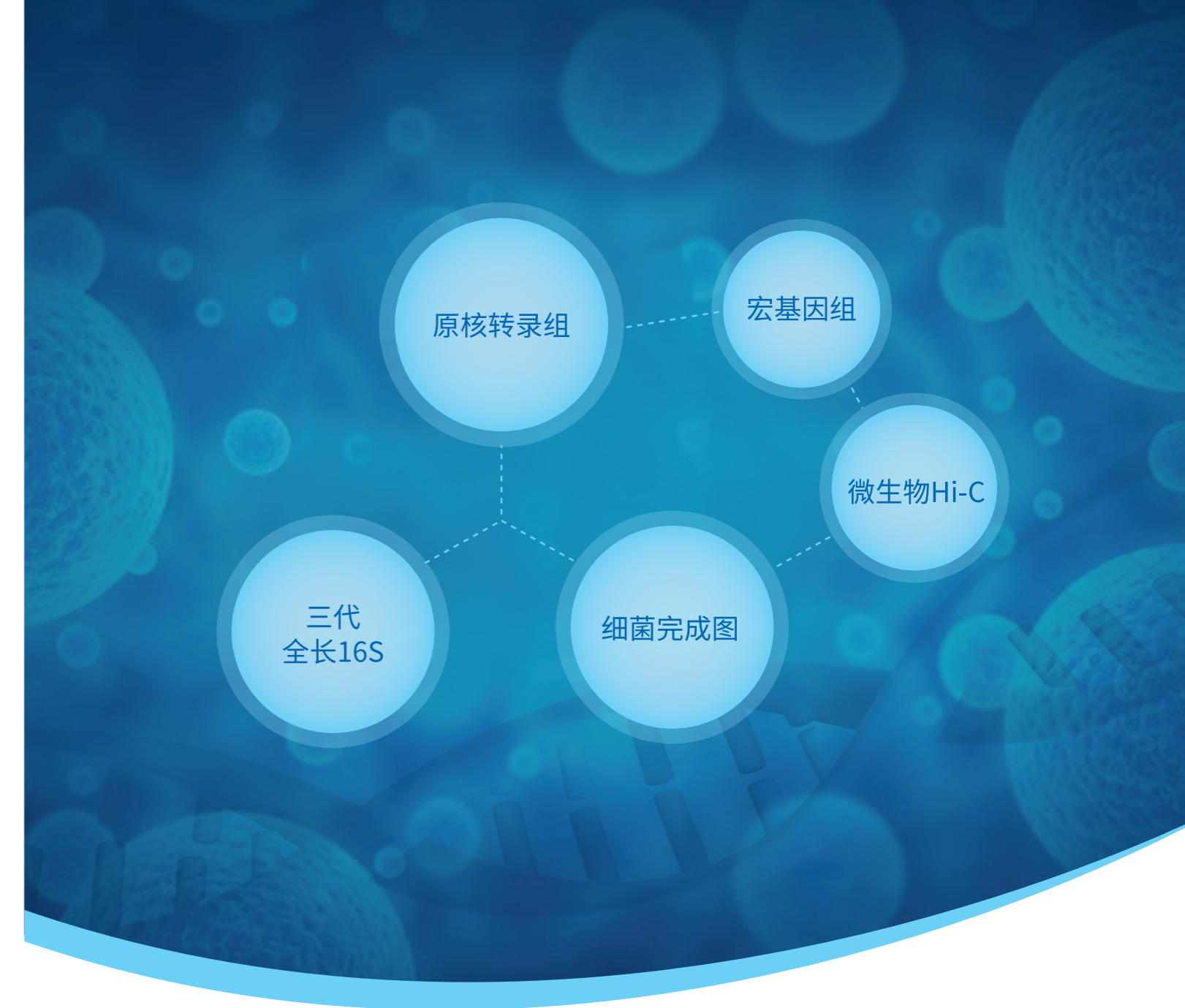
基于Illumina测序平台, 构建去rRNA的链特异性文库, 研究原核生物在某个时期或者某种环境条件下转录出来的所有mRNA。与真核生物不同, 原核生物的转录本有2种独特的序列结构, 一是没有内含子, 不能进行可变剪切, 但具有多顺反子结构; 二是mRNA的3端没有poly (A) 尾, 不能用oligo (dT) 磁珠进行富集, 因此只能采取去rRNA的方式进行建库。原核转录组除了能辅助细菌基因组获得基因真实的序列结构, 还能通过5端UTR的分析关联研究核糖开关 (Riboswitch), 筛选鉴定操纵子 (Operon), 解析细菌体内不同代谢产物的生物合成途径, 关注基因表达阐明细菌对重金属污染、宿主感染等不同环境条件的响应机制。



样本要求	测序策略	交付周期
RNA量: ≥4ug 组织量: ≥5 x 10 ⁶ 个或0.5g RIN完整度: RIN值≥6.5	测序平台: Illumina 数据量: 2G/样	45个自然日 (标准分析+高级分析)



和你一起发现 **菲沙基因**



微生物 产品指南

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

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

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



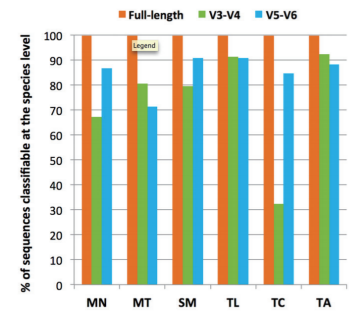
www.frasergen.com

Frasergen 菲沙基因 | 三代测序和三维基因组学研究领跑者

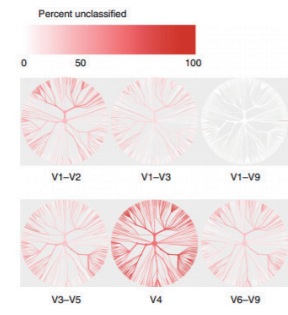
三代全长16S

微生物全长16S测序是利用三代测序平台,对16S rDNA 全长序列进行高通量测序。HiFi reads (High fidelity reads) 是PacBio公司基于Sequel II平台推出的CCS (Circular Consensus Sequencing) 测序模式产生的兼具长读长和高准确度的测序序列, 又称CCS reads。通过SMRT单分子实时测序技术, 可获得16S rDNA全长序列。PacBio独有的CCS测序模式可极大提升单碱基的准确率, 从而能够获得高精度的16S rDNA序列, 进而可以在种甚至菌株水平精确解析微生物群落物种组成。

全长扩增子优势



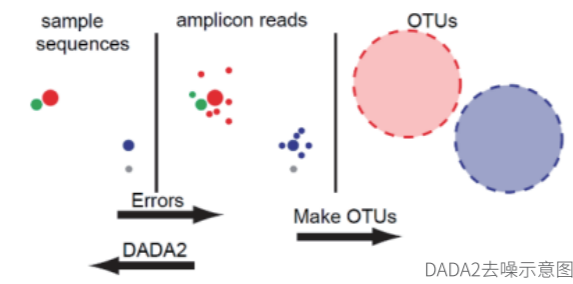
全长16S rDNA序列能精确分析和鉴定菌群



全长16S rDNA序列能够提高物种分辨率

DADA2 优势

- 准确性更高, 与常规方法相比, 能够检测微小变异, 输出更少的错误序列。
- 分辨率更高, 能够对扩增子测序数据进行菌株水平变异的研究。



产品	测序平台	测序数据量	送样要求	项目周期
全长扩增子测序	PacBio Sequel II	>5000CCS/样	DNA浓度≥10ng/μL 总量≥200μg	45个自然日 (最低送样量>12个)

宏基因组

宏基因组(Metagenome)即环境中全部微小生物遗传物质的总和, 它包含了可培养的和不可培养的微生物的基因。宏基因组测序 (Metagenomics Sequencing) 研究通过二代或者三代测序技术对环境样本中的微生物群落的基因组进行测序, 能够全面准确获得样本中物种组成、功能组成、微生物与环境的相互作用关系等, 其优势为不依赖于分离培养, 为环境微生物研究提供了有力工具。

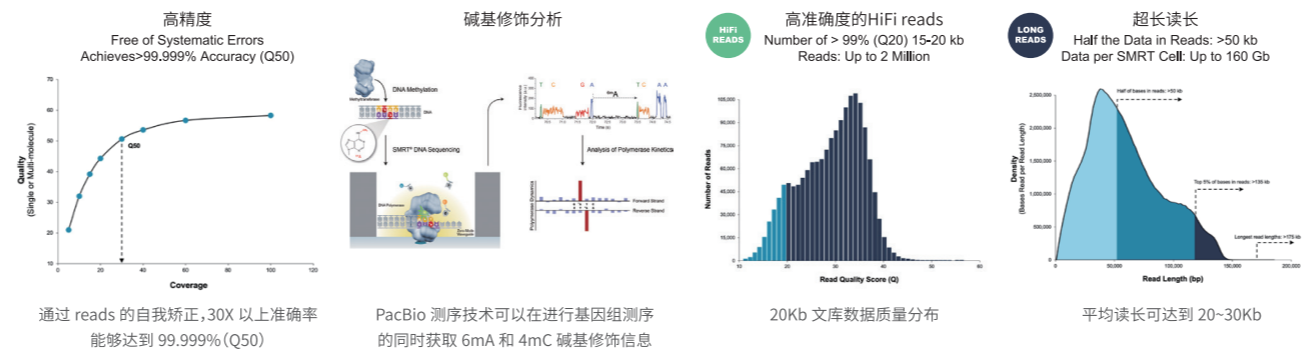
Meta-omics		Molecule	Knowledge	Limits	Clinical implications
Phylogeny		16S rDNA	► Bacterial composition & diversity	► No information on bacterial functions ► Except archaea	► Composition dysbiosis ► Healthy or disease specific species
Metagenomics		Chromosomal genomic DNA	► High resolution Microbiota profiling ► Genes contents from uncultivated microbes	► No information on microbial expressed functions	► Functional dysbiosis ► Healthy or disease specific microbial genes ► Toward diagnostics functional based studies

产品	测序平台	测序数据量	送样要求	项目周期
二代宏基因组测序	Illumina/BGI	10G/样	DNA浓度≥20ng/μL 总量≥2μg	40个自然日
三代宏基因组测序	PacBio Sequel II	>20G/样	DNA浓度≥50ng/μL 总量≥8μg	50个自然日

细菌完成图

细菌完成图即通过三代测序技术或者二代加三代测序技术对分离培养的单菌进行测序组装, 最终得到1 contig, 0 Gap的完整基因组, PacBio SMRT测序以其超长读长和无GC偏好性的特点, 在微生物基因组研究中具有巨大优势。

PacBio 优势

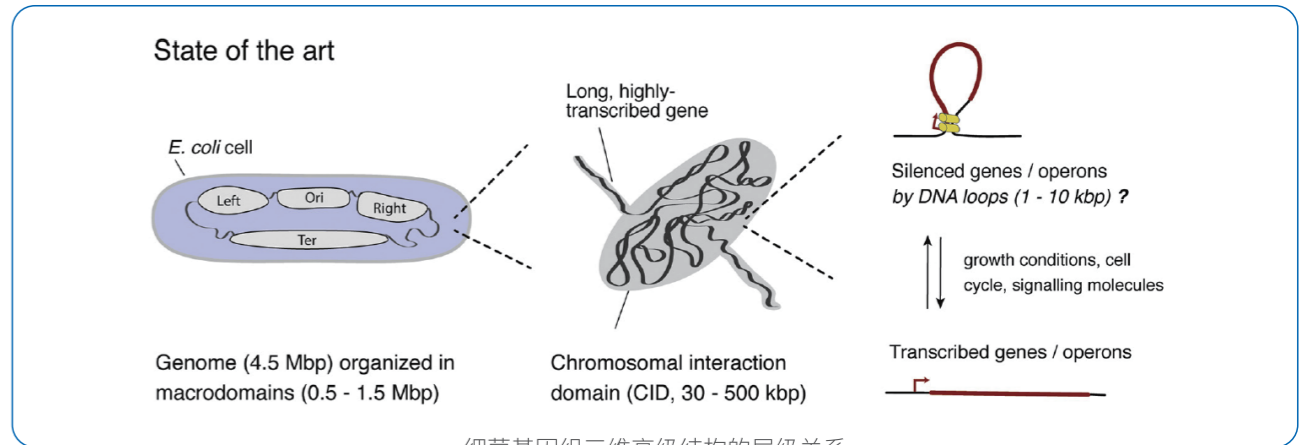


产品	测序平台	测序策略	组装指标	送样要求	项目周期
细菌完成图	PacBio Sequel II	10 Kb 文库 ≥300 X	1 contig 0 Gap	DNA浓度≥50ng/μL 总量≥8μg	45个自然日

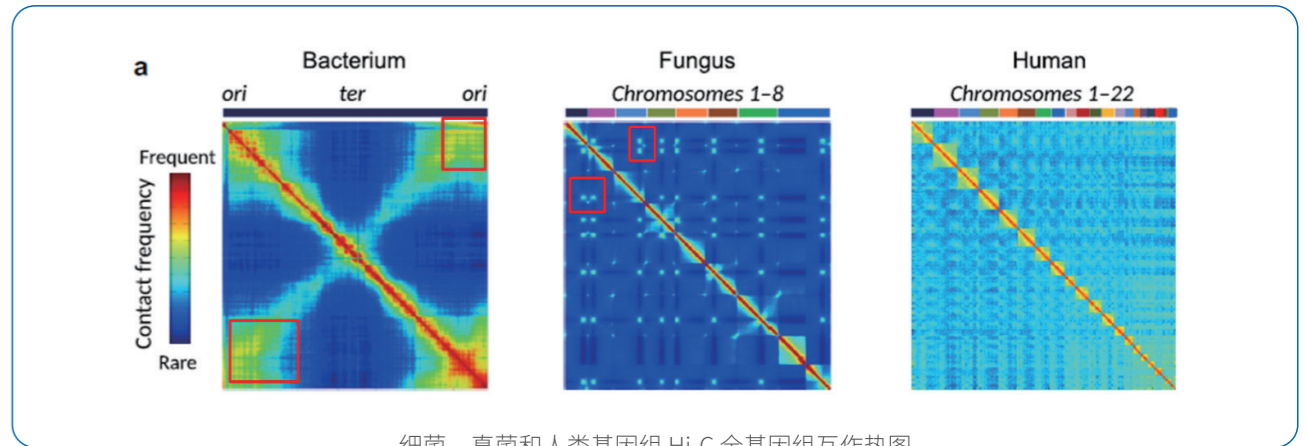
微生物Hi-C

微生物尤其是细菌较之动植物而言, 其基因组虽然相对简单, 但也自有一套独特的基因组三维结构特征。Hi-C是一种用于研究基因组三维结构的创新技术, 不仅可以解析特定时空或处理条件下的全基因组染色质序列的三维空间结构, 还可以提供用于检测远距离的调控元件与关键基因启动子互作关系的高分辨率互作信息, 配合转录组数据和细菌完成图/真菌近完成图可以共同揭示差异基因表达机制, 促进解析微生物特有的生命性状如致病性、易传播性、抗药性、抗逆性、代谢产物的积累等与其基因组三维结构之间的联系。

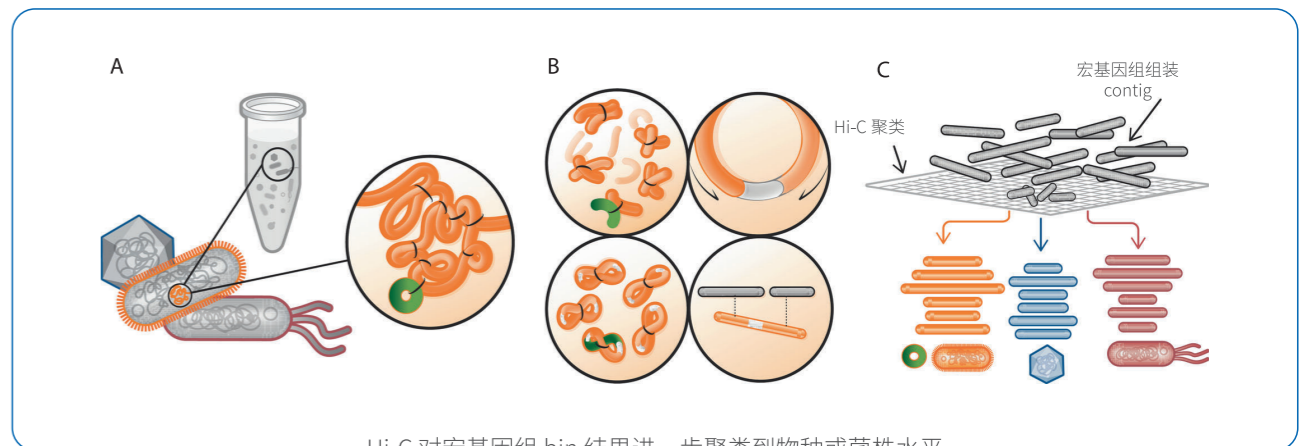
微生物基因组三维空间构象研究风生水起的同时, 微生物组/宏基因组更是当今世界科研领域的一大研究热门。Hi-C技术基于“邻近连接”类似的原理可将来自于同一种微生物的contigs序列聚类到同一个groups中, 并对group进行物种鉴定。这不仅可以运用到宏基因组的组装, 提升宏基因组组装结果, 将宏基因组组装contigs聚类到物种和菌株水平, 还可以将微生物群落中质粒、噬菌体与宿主细菌进行关联。



细菌基因组三维高级结构的层级关系



细菌、真菌和人类基因组 Hi-C 全基因组互作热图



Hi-C 对宏基因组 bin 结果进一步聚类到物种或菌株水平

类别	微生物	建库测序	送样要求	项目周期
单菌Hi-C	细菌	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个自然日
	真菌	30Mb内, 构建1个Hi-C文库/样, Hi-C文库测序60G/样, 分辨率达到1kb。		建库测序分析 75个自然日