

微生物组测序

利用基因组测序和分析技术深入了解微生物组

微生物组测序技术是药物发现中颇有价值的工具，可洞悉复杂的微生物群落情况。选择我们的微生物组测序服务，您可享受以下优势：

- **多种服务选项：** 我们提供多种综合的微生物组测序分析方法。
- **出色的数据质量和先进的技术平台：** 我们的服务利用Illumina NovaSeq和PacBio平台，确保准确、高质量测序，为微生物组综合分析提供支持。
- **专家数据分析：** 我们拥有经验丰富的生物信息学团队，可深入解读和分析数据。
- **体内分析服务整合：** 利用我们提供的体内分析服务，洞悉宿主微生物组相互作用，从而提供宝贵信息。

可接受样本类型：

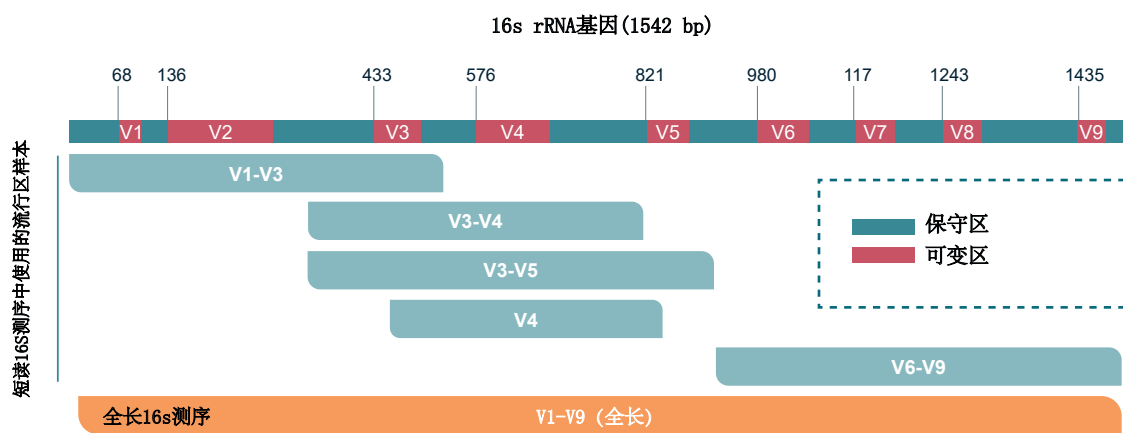
- 粪便
- 肠内溶液
- DNA
- 组织（快速冷冻或新鲜制备）

全长16S rRNA测序

冠科生物凭借PacBio的长读第三代测序平台在使用具有高性价比的全长16S rRNA综合分析技术方面遥遥领先。与短读长测序技术相比，我们的方法具有明显优势。通过捕获整个16S rRNA基因，我们对细菌多样性拥有独特见解，并确保精确的系统分类。我们的全长测序技术在克服短读方法局限性（如引物偏倚和分类学分辨率降低）的同时可全面客观分析微生物群落。凭借该技术，可识别潜在药物靶点，并深入理解这些靶点所发挥的作用。

	传统16S测序	全长16S测序
测序平台	短读长测序	长读长测序
目标区域	短超变区	整个16S rRNA基因
分类学分辨率	中度	偏高
引物偏倚	是	减少
二级结构	不可体现	可体现

图 短读和长读16S rRNA测序中常用的DNA区域



全长16S rRNA测序



PacBio Sequel II平台
高精度长读长测序

引物	序列	产品尺寸	参考
PB_F	AGRGTTYGATYMTGGCTCAG	1510bp	PacBio
PB_R	RGYTACCTGTTACGACTT	1510bp	PacBio



鸟枪法宏基因组测序技术

宏基因组测序通过捕获全面的基因组信息，相比16S rRNA测序具有更为显著的优势。该技术具有较高的分类分辨率，可直接进行功能分析，并鉴别新型或稀有物种。尽管该技术使用成本高，需要具备生物信息学的专业知识，但是鸟枪法测序相比扩增子测序技术只需少量样本即可进行深入分析，因此是研究人员的理想选择。充分发挥宏基因组测序技术优势，可深入洞悉微生物群落及其潜在功能，从而获取大量宝贵信息。

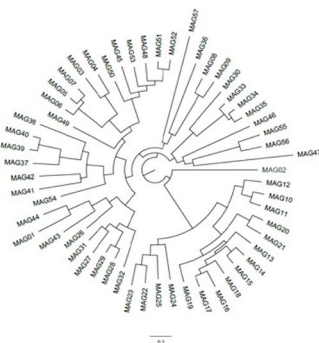
宏转录组测序技术

利用宏转录组测序技术可研究微生物群落的基因表达谱，从而洞悉微生物群落的功能活动及其对环境的反应。通过分析RNA分子，研究人员可以鉴定出活跃表达的基因，揭示微生物组内的代谢途径和生物学过程。该方法不仅有利于深入了解微生物如何与周围环境相互作用，同时可进一步洞悉微生物群落的生态系统功能和宿主相关过程。

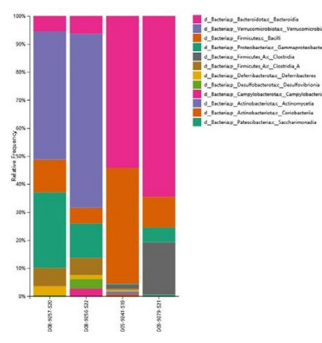
方法	应用	优势	局限性
全长16S rRNA测序	鉴别、分类和量化复杂生物混合物中微生物（细菌） 检测微生物污染	高性价比 具有已建立的数据分析管道 具有完善的数据库	潜在PCR扩增偏倚 分类分辨率相对较低（属-种） 仅侧重于细菌微生物
鸟枪法宏基因组测序技术	可对给定复杂样本中存在的所有生物体（细菌、真菌等）的所有基因进行综合测序	高分类分辨率（种-菌株） 提高测序深度和准确性 增加微生物多样性检测 功能分析	成本相对较高 测序周期较长 数据库完整性和参考可用性存在挑战
宏转录组测序技术	在特定时间和环境条件下捕获和研究微生物组内表达的转录本	全基因表达谱分析 功能富集分析 洞悉微生物组的活跃成员 研究微生物-宿主和微生物-环境的相互作用	成本相对较高 测序周期较长 参考基因组的有限可用性

鸟枪法宏基因组测序技术

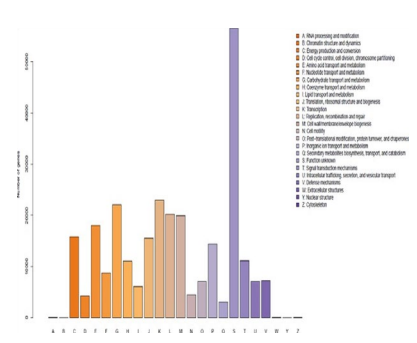
宏基因组组装基因组



分类学丰度



单基因功能描述



联络方式



销售

中国: 0512-53879999



科学

consultation@crowbio.com

BDChina@crowbio.com

www.crowbio.cn

