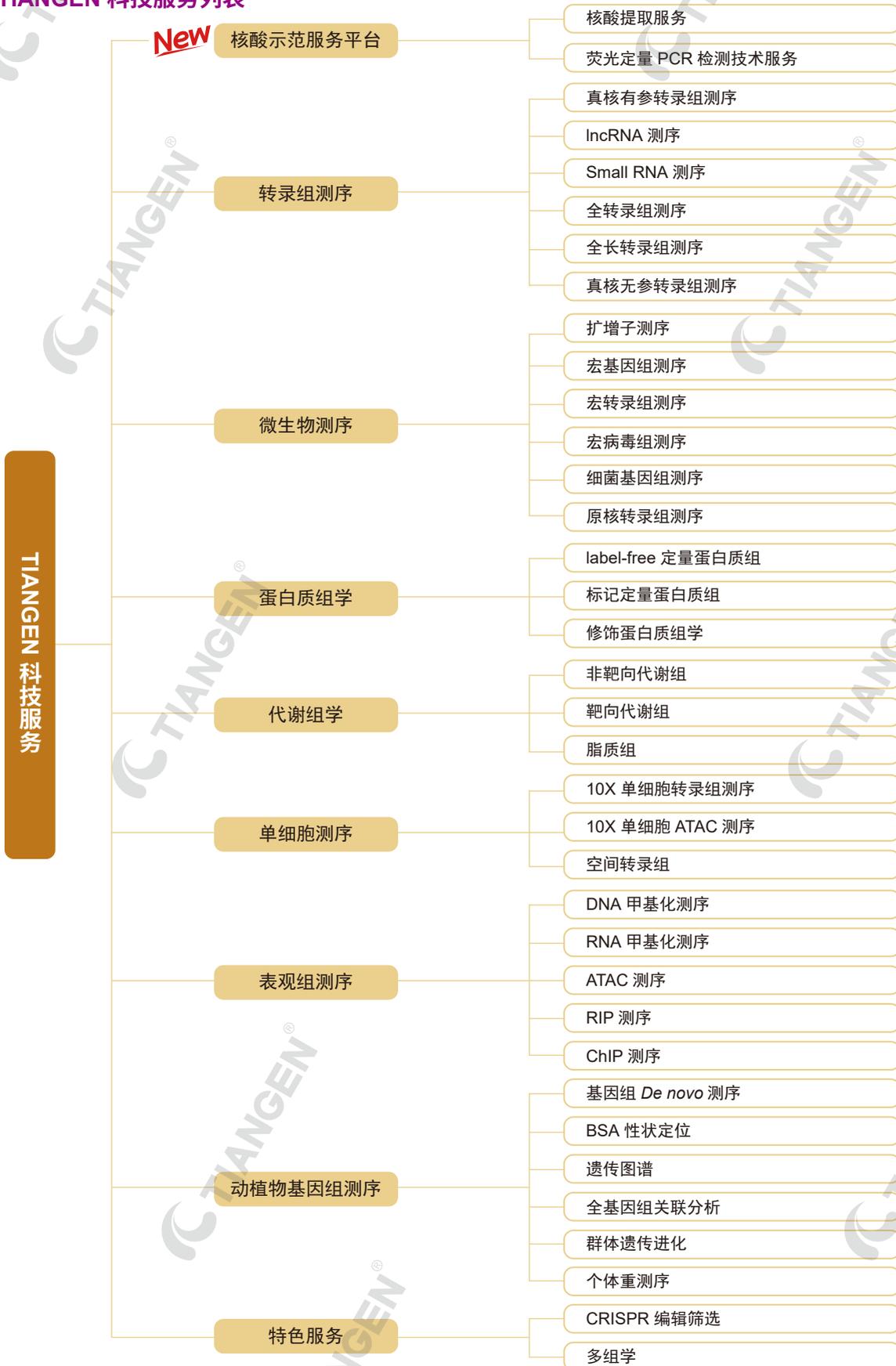


TIANGEN 科技服务列表



TIANGEN 科技服务

十 技术服务

核酸示范服务平台

平台简介

- TIANGEN 依托自身核酸类产品的性能优势和近 20 年积累的丰富核酸提取及定量检测技术开发经验而建立本平台，旨在为科研工作者提供包括疑难样本在内各类样本的可靠核酸纯化和 qPCR 检测技术服务。

I 核酸提取服务

服务项目

- 科技服务：根据各类样本专项开发或优化提取方案，为您提供各种不同通量需求的可靠核酸纯化服务。
- 定制产品：根据特殊或疑难样本特点，优化提取方案，为您提供定制化生产的试剂盒。

质检方法

- Nanodrop/Qubit Fluorometer
- 琼脂糖凝胶电泳
- Agilent 2100/ Agilent 5400

优势

- 经验更丰富——常规样本轻松提，疑难样本优化提取方案，成功率高达 87%；
- 质量更优秀——核酸质量满足高通量测序、芯片分析等多种下游实验需求；
- 产出更迅速——节省核酸提取优化时间，加快科研产出速度。

服务流程



样本要求

常见组织类型	样本量
植物组织	≥ 1 g
动物组织	≥ 1 g
血液 (全血)	≥ 2 mL
细胞	≥ 5 × 10 ⁶

- 由于疑难样本存在多次提取方案调整和优化的可能，具体样本可以参考售前评估的送样建议。
- 若样本为微量 / 珍贵样本，请留存备份，平台默认可将全部组织样本用完。
- 若样本为人类组织样本，请遵守《人类遗传资源管理条例》完成科技部的网上备案或相应审批。

常见问题

Q 核酸纯化示范服务平台疑难样本提取周期为多长？

A 平台实验技术工程师会在收到样本的 3 个工作日内完成试提工作，并将试提结果反馈给客户。若试提结果满足预期，在样本通量不大的前提下，平台将于 3 个工作日内完成样本正式提取，提取结束后对核酸样本进行质检，质检周期为一周左右。若试提结果不佳，我们将会调整、优化方案，提取周期顺延。

II 荧光定量 PCR 检测技术服务

服务项目

- 定性分析
- 绝对定量
- 相对定量

检测方法

- SYBR Green I 染料法
- TaqMan 探针法

荧光定量 PCR 装置

- ABI 7500
- ABI 7500 Fast
- Step One/Step One Plus
- QuantStudio 3
- Bio-Rad CFX96
- SLAN-96P

优势

- 更贴心——核酸提取 - 测序分析 - qPCR 验证一站式服务
- 更专业——拥有 GMP-C 级的洁净实验区
- 更稳定——近 20 年荧光定量技术开发经验及 300 余场客户实验室现场培训班验证
- 更兼容——市场主流荧光定量仪器全覆盖

服务项目说明

■ 定性分析

PCR 反应结束后的 PCR 产物无需电泳检测，可以通过荧光定量 PCR 方法，简单快速地对目的基因进行高特异性、高灵敏度的检测，同时闭管操作的实时检测可以有效防止反应产物的污染。本技术可以广泛应用于病毒、病原菌等致病微生物的检测以及各种生物品种的鉴定等。

■ 绝对定量

绝对定量首先必须构建与检测样品目的基因具有相同序列的标准品。使用已知浓度的标准品制作标准曲线后，可以使用标准曲线对未知浓度的检测样品进行绝对量（起始拷贝数）分析。

■ 相对定量

基因表达的研究一般采用相对定量的方法。相对定量法必须对样品的目的基因和内参基因同时分别进行定量，然后得出对于内参基因的目的基因的相对量。通过比较样品中目的基因反转录之后的 DNA 量来研究不同样品间的基因表

服务流程

填写技术服务信息表

沟通确定实验方案

支付预付款

进行预实验

进行正式实验

支付尾款

发送结果报告

定量情况。内参基因通常选用表达充沛、均一的基因如 Actin、Tublin、GAPDH。通过同时对内参基因和目的基因的实时检测，可以对样品之间由于起始细胞数不同或 RNA 提取效率不同等造成的 RNA 量误差进行校正，达到在严格意义上对样品之间的基因表达量进行分析的目的。

相关注意事项

■ 客户提供的样品可以为组织、细胞、血液、DNA、RNA 或 cDNA 等。

样品量如下：RNA/DNA：20ng/μl 以上，至少 20 μl；

细胞：10⁶ 以上；

细菌：10⁷ 以上；

组织：50 mg 以上；

病毒：10⁷ 以上；

其它样品视具体情况商定。

■ 病毒、病原菌等致病微生物样品送样前必须灭活。

■ 采用目的基因构建标准品按照质粒构建项目收费。

■ 相对定量中，一个内参样品视为一个反应进行收费。

附一：不同样品中提取的核酸量与所需材料量的对应关系表

材料种类	样品要求	起始量	DNA 得率	RNA 得率
血液	经抗凝剂处理的新鲜血液	200 μl	4 μg 左右	1 μg
培养细胞	细胞悬液或离心收集的细胞	1 × 10 ⁶	10 μg 左右	1-10 μg
细菌	OD ₆₀₀ = 1.5 的大肠杆菌培养液	1 ml	6 μg 左右	1-10 μg
动物组织	新鲜的常规组织样品	30 mg	5-20 μg	5-50 μg
植物	新鲜叶片	100 mg	1-20 μg	10-60 μg

附二：细胞样品送样注意事项

■ 考虑到运输问题，样品首选反转录好的 cDNA；其次是新培养的活细胞；冻存细胞需复苏培养后方可送样。

细胞一定要刚传代培养、状态良好；每一个样品至少需要 10⁶ 个细胞才能满足实验需要。

■ 长途运输：细胞培养后直接用 TRNzol (1ml/cm²) 试剂洗脱、收集；用 TRNzol 保存后干冰运输，我方接样后尽快进行后续试验。

*TIANGEN 公司的 TRNzol 试剂处理后的细胞样品保存时间：4℃保存 5 小时，-20℃保存 3 个月，-80℃可长期保存。

■ 短途运输：细胞置于新鲜培养液的培养瓶或培养板中，保持在 25-37℃之间进行运输。

转录调控组学

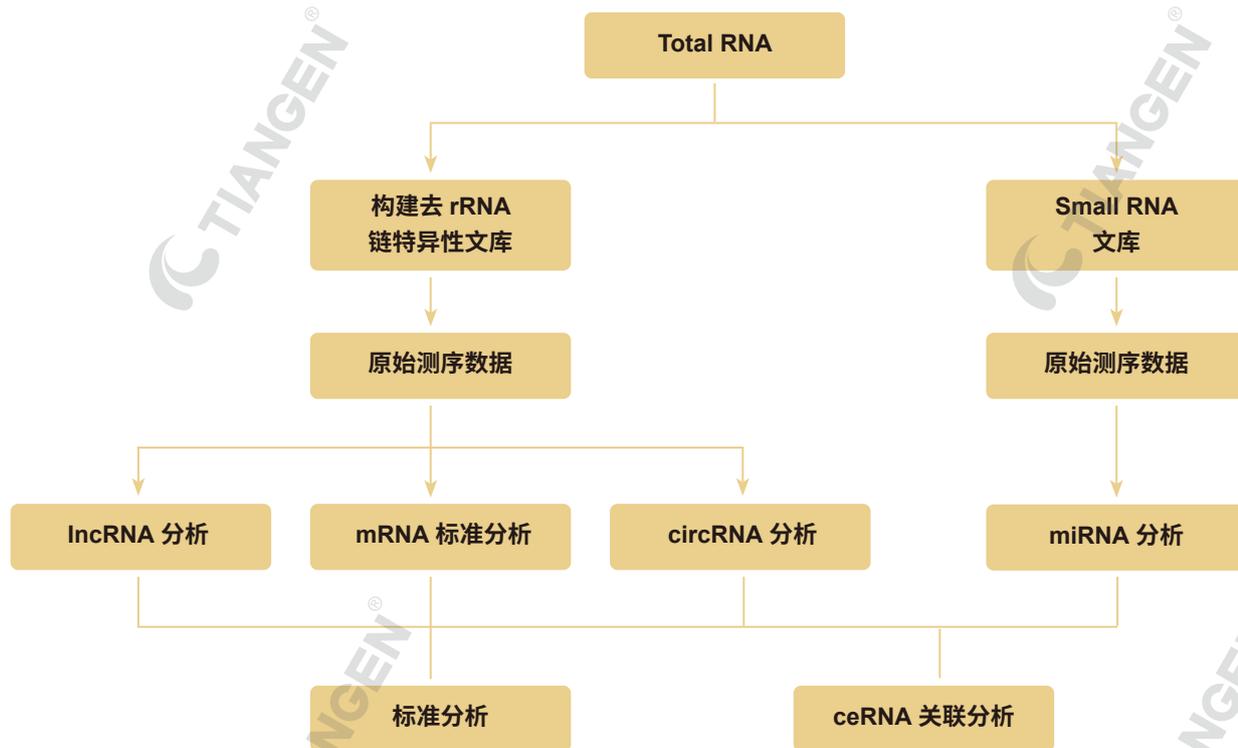
产品简介

- 转录组测序技术可以更高效快捷的研究生物体的基因功能、基因通路以及发现新的基因，我们能够全面快速地获得某一物种特定组织或器官在某一状态下的多数转录本序列信息，这不仅包括 mRNA，还包含各类具有调节功能的非编码 RNA：lncRNA、Small RNA、circRNA，能为研究者揭示生命发育奥秘提供必不可少的助力。
- TIANGEN 转录测序服务有：真核转录组测序、小 RNA/lncRNA/circRNA 测序、全转录组测序、单细胞转录组测序等。

服务流程



技术流程

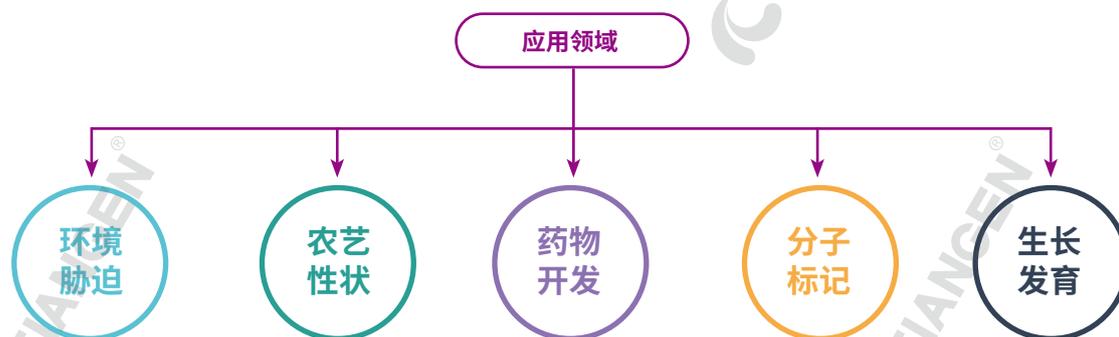


该流程适用于全转录组

优势

- 作为全球优质的 NGS 原料供应商，从源头保障项目质量，包括高质量提取、建库等；
- 资深的技术团队，十年以上的信息分析经验，提供多样的个性化分析；
- 一次提取可获得 4 种 RNA 的信息；
- 无忧的售后服务，再也不用担心结果看不懂。

应用领域



■ 环境胁迫、农艺性状、药物开发、分子标记、生长发育等

样本要求

产品名称	核酸	总量	浓度	纯度	保存	运输
真核转录组	Total RNA	≥ 1 µg	≥ 50 ng/µl	OD260/280=1.9-2.1	-80°C冰箱	干冰
lncRNA 测序	Total RNA	≥ 2 µg	≥ 50 ng/µl	OD260/280=1.9-2.1	-80°C冰箱	干冰
small RNA 测序	Total RNA	≥ 2 µg	≥ 50 ng/µl	OD260/280=1.9-2.1	-80°C冰箱	干冰
circRNA 测序	Total RNA	≥ 3 µg	≥ 50 ng/µl	OD260/280=1.9-2.1	-80°C冰箱	干冰
全转录组	Total RNA	≥ 5 µg	≥ 50 ng/µl	OD260/280=1.9-2.1	-80°C冰箱	干冰

2µg total RNA 对应组织样本量参考如下：

常见组织类型	样本量
植物叶片	1 g
动物组织	1 g
血液（全血）	1-2 ml
细胞	≥ 5 × 10 ⁶

Q&A 常见问题

Q 我们的材料没有参考基因组，想得到全长转录本序列，做转录组可以吗？

A 普通无参转录组是利用二代测序数据进行拼接组装得到转录本信息的，但不是全长序列。无论有没有参考基因组，要想得到全长转录本信息可以利用三代测序平台，进行三代全长转录组测序。

Q 小 RNA 分析需要参考基因组信息吗？

A 需要参考基因组，如果没有的话，有 mRNA 信息也可以分析。

微生物组学

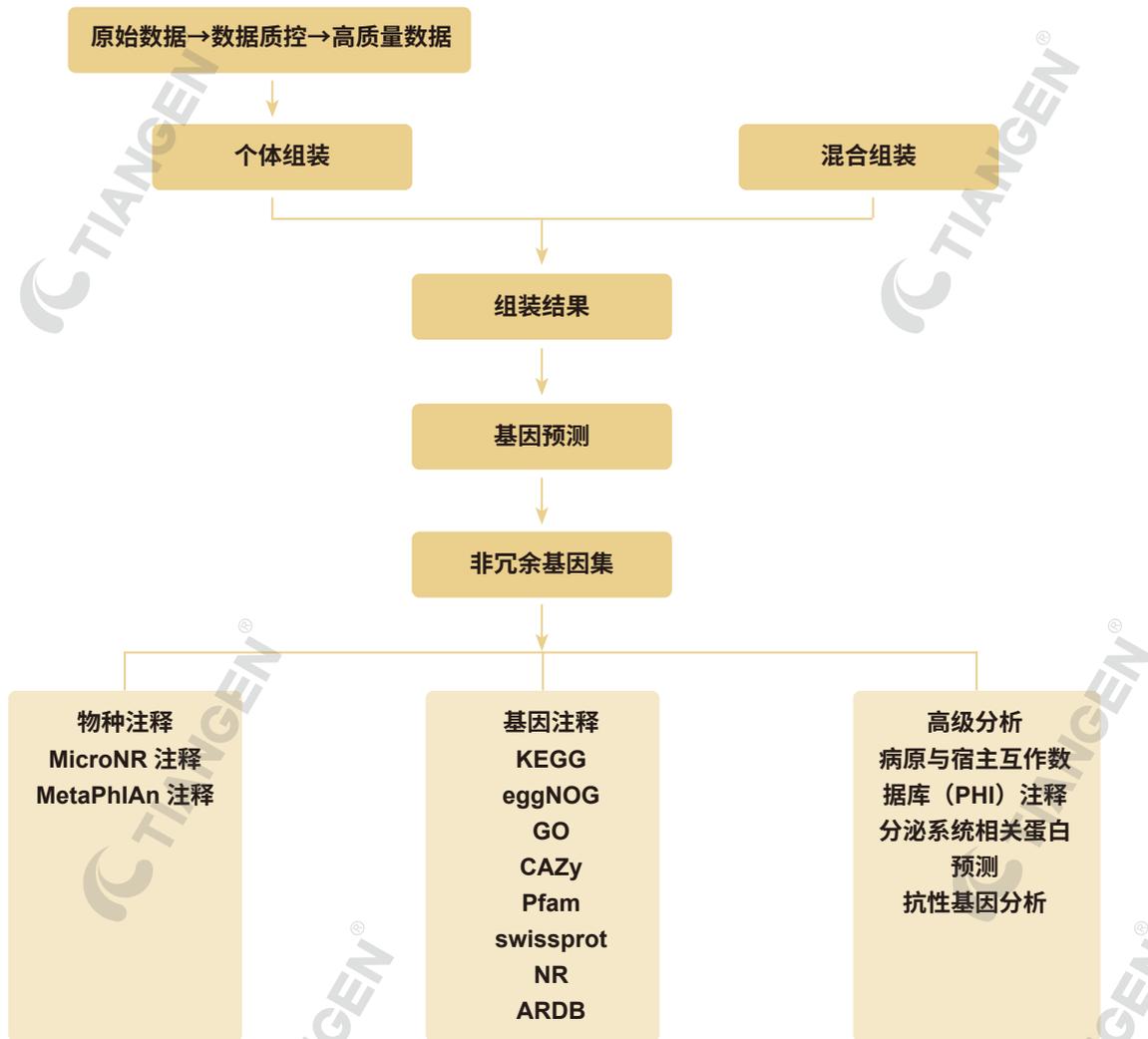
产品简介

- 微生物组学测序以特定环境中的整个微生物群落作为研究对象，无需分离培养，直接提取环境样本核酸进行测序，研究环境微生物的群落结构、物种分类、系统进化、基因功能、转录调控、代谢网络等，已经成为微生物领域不可或缺的重要研究手段。
- TIANGEN 微生物组学测序主要包含宏基因组、宏转录组、单菌基因组完成图、单菌原核转录组、16S/18S/ITS 扩增子产品。

服务流程



技术流程



该流程适用于宏基因组

产品参数

产品名称	测序策略	测序平台	数据量	周期	文库类型
宏基因组	PE150	Illumina/MGI	6/10 Gb	45 天	meta 文库 (350 bp)
16S/18S/ITS 扩增子	PE250	Illumina/MGI	4W reads	40 天	PCR free 文库
单菌基因组完成图		PacBio/Nanopore	1 Gb	45 天	10 kb 文库
宏转录组	PE150	Illumina/MGI	4-10 Gb	45 天	去核糖体链特异性文库
原核转录组	PE150	Illumina/MGI	1-2 Gb	45 天	原核链特异性文库 250-300 bp

优势

- 无需分离培养，可检出有活性 / 无活性的微生物组成；
- 针对各类环境样本有成熟的提取方案；
- 全面的样本信息，细菌、真菌、病毒一次性检出；
- 多种个性化高级分析，更全面的阐释生物学问题。

应用领域

- 工业领域、人体微生物、环境微生物、农业领域

样本要求

产品名称	核酸	总量	浓度	保存	运输
16S/18S/ITS 扩增子	DNA	≥ 200 ng	≥ 20 ng/μl	-80°C 冰箱	干冰
宏基因组	DNA	≥ 1 μg	≥ 50 ng/μl	-80°C 冰箱	干冰
单菌基因组完成图	DNA	≥ 1 μg	≥ 50 ng/μl	-80°C 冰箱	干冰
宏转录组	RNA	≥ 2 μg	≥ 50 ng/μl	-80°C 冰箱	干冰
原核转录组	RNA	≥ 2 μg	≥ 50 ng/μl	-80°C 冰箱	干冰

Q&A 常见问题

Q 做 Meta 分析需要有生物学重复吗？

A 最好有 5 个或 5 个以上的生物学重复，人和动物样本因个体特异性较大，建议 10 个以上生物学重复。

Q 为什么宏基因组项目进行混合组装？

A 首先，单样品进行组装，选取适合的 Scaffolds，将质控后的 Clean data 比对至各样品 Scaffolds，获取各样品未被利用的 PE reads 混合后组装。这样既充分利用数据，又能挖掘低丰度物种信息。

Q 扩增子与宏基因组有何区别？

A 扩增子主要分为 16S、18S、ITS 测序，关注环境样本中的物种组成，该技术物美价廉，实用性高。宏基因组关注环境样本中的物种组成、功能组成及代谢通路等信息，该技术深入挖掘环境样本功能层面的信息。

蛋白质组学

产品简介

- 蛋白质组是指某一特定时间、特定条件下，一个细胞或组织中由基因组表达的全部蛋白质。蛋白质组学 (proteomics)，是以蛋白质组为研究对象，研究细胞、组织或生物体蛋白质组成及变化规律的科学，包括了蛋白质的表达量、蛋白质活性、被修饰的状况以及和其他蛋白质或分子的相互作用情况等。
- TIANGEN 蛋白质组学主要包括 Label-free 定量蛋白质组、TMT 标记定量蛋白质组、磷酸化修饰、乳酸化修饰、PRM 等。

产品优势

- 高性价比的选择，没有样本数量限制，可用于差异较大样本之间的检测；
- 丰富的项目经验，多种类型样本处理经验，专业的蛋白提取流程保证项目结果的准确性；
- 多元化的服务，可提供蛋白质组 + 其他组学的联合分析，为生物学问题的阐释提供多元化研究思路和个性化分析服务。

应用领域

- 抗逆性及生长发育相关研究、作物育种、食品科学、疾病发生机制、药物作用靶点、疾病标志物相关研究

技术流程



该流程适用于 label-free 定量蛋白质组

服务流程



产品参数

产品名称	检测平台	周期（自然日）	产品包含
label-free 定量蛋白质组	LC-MS/MS	35 天	提取、上机、搜库、报告
TMT 标记定量蛋白质组	LC-MS/MS	35 天	提取、标记、上机、搜库、报告

样本要求

样本类型	蛋白溶液	组织	细胞
label-free 定量蛋白质组	≥ 20 μg	常见动物组织 ≥ 20 mg	≥ 5 × 10 ⁶
		常见植物组织 ≥ 200 mg	
TMT 标记定量蛋白质组	≥ 50 μg	常见动物组织 ≥ 30 mg	≥ 1 × 10 ⁷
		常见植物组织 ≥ 300 mg	

常见问题

Q Lable-free 定量蛋白的优势及适用范围？

A Lable-free 定量蛋白因为无需同位素标记，因此样本数量不受限制，通量较标记定量蛋白要高，且价格相对较低。适用于高丰度蛋白样本，也可用于差异较大的样本，包括样本间“有无”蛋白的比较，应用范围较广。

Q TMT 实验筛选到的差异蛋白，如何进行进一步验证？

A 验证方法很多，如 Western blot、ELISA、PRM（平行反应监测）。PRM 是基于靶向的蛋白质组学，研究特定蛋白的表达变化。也可以用代谢组学，基因组学等多组学相互验证。

代谢组学

产品简介

- 代谢组学是考察生物系（细胞、组织或生物体）受刺激或扰动后（如将某个特定基因变异或环境变化后），其代谢产物的变化或其随时间的变化，来研究生物体系的一门科学。
- TIANGEN 代谢组主要包括非靶向代谢组学、脂质组学、短链脂肪酸靶向代谢组、胆汁酸靶向代谢组、花青素靶向代谢组、能量代谢靶向代谢组等。

产品优势

- 先进的质谱平台：天根采用超高分辨率、超高灵敏度的质谱平台，更加高效准确地鉴定化合物信息；
- 信息全面：可得到最全面的代谢物信息，一目了然地发现差异代谢物。

应用领域

- 疾病发生发展机制、动植物生长发育、农业相关优良性状探索、抗逆性机制研究、药物反应机制、食品与营养学研究

技术流程



该流程适用于非靶向代谢组

服务流程



产品参数

产品名称	检测平台	周期 (自然日)	产品包含
非靶代谢组	LC-MS/MS、GC-MS/MS	30 天	提取、上机、搜库、报告
脂质组	LC-MS/MS	30 天	提取、上机、搜库、报告
靶向代谢 [®]	LC-MS/MS、GC-MS/MS	30-45 天	提取、上机、搜库、报告

样本要求

样本类型	组织量
动物组织	≥ 250 mg
植物组织	≥ 250 mg
血清 / 血浆	≥ 200 μl
尿液	≥ 500 μl

常见问题

Q 非靶向代谢组项目如何设计生物学重复？

A 通常情况下细胞 / 微生物样本每组至少 6 个生物学重复，模式动物 / 植物样本每组至少 10 个生物学重复，临床样本每组至少 30 个生物学重复。样本重复数量强烈建议大于 6 个，样本数量过少，后续多元统计分析模型容易过拟合，统计结果不可靠。

Q 同一个实验样本是否可以分两批检测？

A 建议不要分成两批检测，因为这两个时间点仪器的响应是会发生变化，这样可能导致的问题是一些含量低的物质可能只在一个批次里被检出，这样导致最终的结果不可靠，我们应当尽可能的减少人为因素以及仪器对实验结果的影响。

单细胞测序

产品简介

- 单细胞测序技术是指对单细胞基因组或转录组进行测序，以获得基因组、转录组或其他多组学信息，从而揭示细胞群体差异和细胞发育谱系关系。单细胞研究能够从更高分辨率和时空结构上解码生命。2013-2022 年单细胞测序技术多次被 Science、Nature 等学术期刊评价为年度重点技术，正引领新一轮生物医学领域的技术革命。
- TIANGEN 单细胞测序主要包括 10× 单细胞转录组、10× 单细胞 ATAC 和空间转录组等产品。

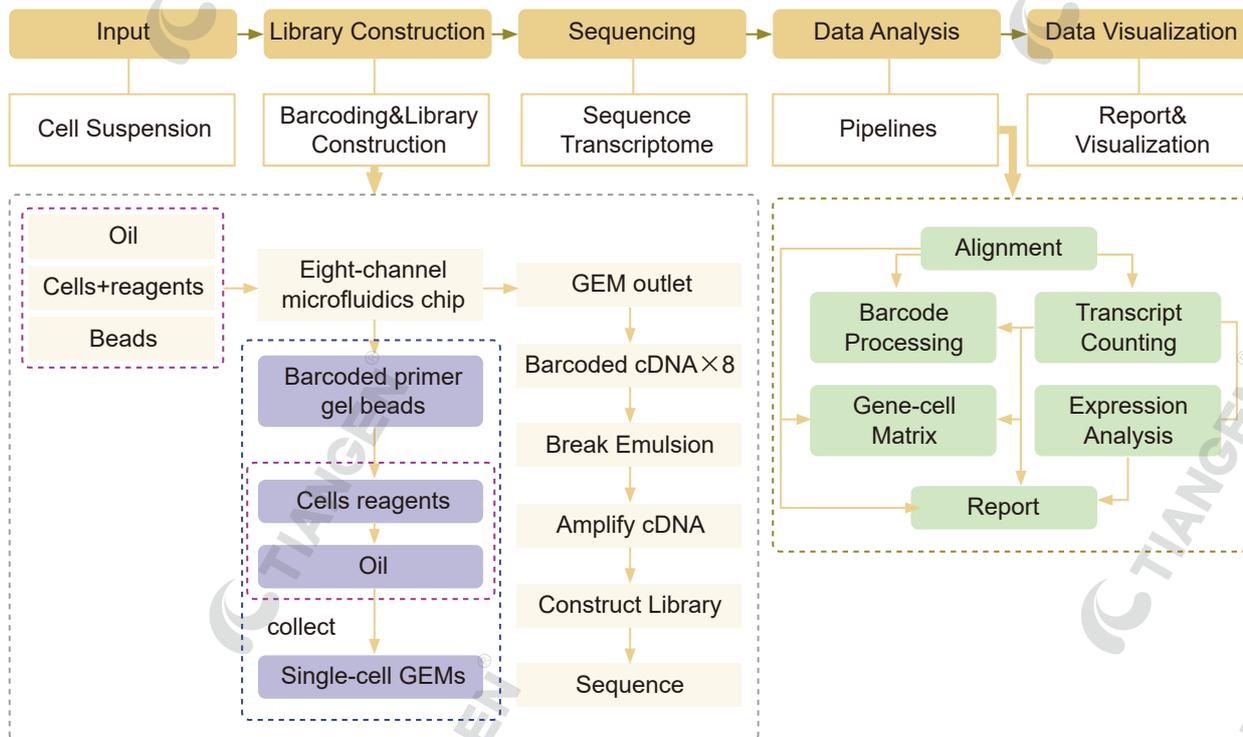
应用领域

- 大规模细胞图谱构建、肿瘤研究、干细胞发育分化、免疫研究、神经科学研究、生物标志物、疾病分型等

服务流程



技术流程



该流程适用于单细胞转录组

标准内容	高级分析	个性化分析
数据质控、数据统计、定量分析、Cluster 占比分析、线粒体基因统计、t-SNE 分型、差异基因分析。	多样本整合、基因富集分析、功能注释、Marker 基因展示、蛋白互作网络。	细胞分类与定义、多样本拟时分析、数据可视化。

单细胞转录组分析内容

产品参数

产品名称	检测平台	周期（自然日）	服务内容
单细胞转录组	10X Genomics	45 天	组织解离、单细胞悬液制备、文库制备、上机测序、数据分析
单细胞 ATAC			
空间转录组			组织切片的制备和检测、空间转录组文库制备、上机测序、数据分析

样本要求

服务类型	样本类型	送样标准
单细胞转录组	新鲜组织、血液、培养细胞	细胞活性：大于 90%，无明显碎片（70%-80% 可让步上机） 细胞总量： 10^6 ，最低 1×10^5 细胞大小：不大于 $40 \mu\text{m}$ 细胞密度：700-1200 cell/ μl
单细胞 ATAC	新鲜组织、血液、培养细胞	细胞活性：大于 90%，无明显碎片（70%-80% 可让步上机） 细胞总量： 1×10^6 ，最低 1×10^5 细胞大小：不大于 $40 \mu\text{m}$ 细胞密度：700-1200 cell/ μl
空间转录组	新鲜冷冻或包埋样本 FFPE 样本	每块组织样本不宜过大（长宽不宜超过 $6.5 \times 6.5 \text{ mm}$ ；用 $7 \times 7 \times 5 \text{ mm}$ 包埋盒包埋），同时制作多个备份（至少 2 份，建议 4 份）。

常见问题

Q 单细胞测序是否需要生物学重复？

A 由于存在遗传和环境因素的影响，个体间会存在差异，因此实验设计需要引入生物学重复消除该差异。近年来，单细胞测序文章对生物学重复的要求也越来越高，例如人的样本，其异质性很高，建议每组尽量保证 5 个样本的生物学重复。而动物模型的样本也尽量保证每组 3 个生物学重复。

Q 每个样本需要多少个细胞？

A 目前，对单细胞悬液需要先进行质检和计数，一般要求细胞数目 ≥ 5 万，细胞存活率 $\geq 80\%$ ，将检测合格的细胞经洗涤、重悬制备成合适的细胞浓度 700-1200 cell/ μl ，以备进行 10X Genomics Chromium X 系统上机操作。

表观组学

产品简介

- 表观遗传学是研究不改变基因序列的情况下，基因表达的可遗传变化的学科，它包括 DNA 甲基化、染色质重塑、非编码 RNA 等机制，对于解释基因表达的复杂多样性具有重要意义。
- TIANGEN 表观组学主要包括 DNA 甲基化、RNA 甲基化、ATAC-seq、ChIP-seq、RIP-seq 等产品。

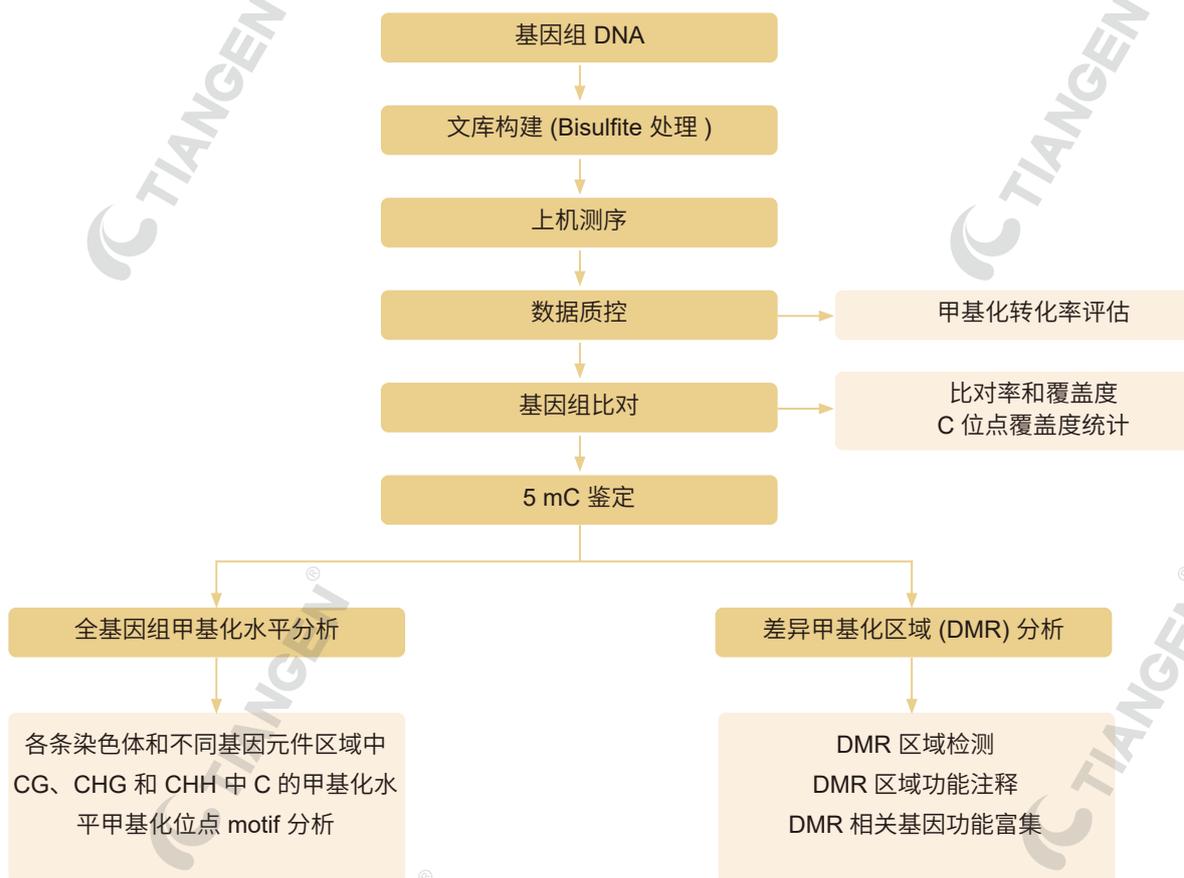
产品优势

- 高通量，高分辨率，高覆盖度；
- 丰富的项目经验，多组学结合深入解析生物学问题；
- 十年以上生信分析经验的技术人员，高效快速的项目沟通。

应用领域

- 生物学过程机制研究、癌症疾病、生物发育等

技术流程



该流程适用于全基因组甲基化 (WGBS)

产品参数

产品名称	测序平台	数据量	周期（自然日）
全基因甲基化	Illumina/MGI	30X	45 天
MeRIP	Illumina/MGI	MeRIP library 6 Gb, Input library 6 Gb	45 天
ATAC-seq	Illumina/MGI	15 Gb	40 天
ChIP-seq	Illumina/MGI	6 Gb	30 天
RIP-seq	Illumina/MGI	6 Gb	30 天

样本要求

产品名称	样本要求
全基因甲基化	总量≥ 5 μg, 浓度≥ 50 ng/μl
MeRIP	IP 产物≥ 50 ng
ATAC-seq	动物组织≥ 50 mg, 植物组织≥ 200 mg
ChIP-seq	IP 产物≥ 50 ng
RIP-seq	IP 产物≥ 50 ng

常见问题

Q 全基因组甲基化（WGBS）需要生物学重复吗？

A NIH Roadmap Epigenomics Project 建议在甲基化实验设计时采用两个或两个以上的生物学重复，我们建议 3 个及以上。生物学重复主要有两个用途：一个是证明所涉及的生物学实验操作是可以重复的且变异不大，另一个是为了确保后续的差异分析得到更可靠的结果。

Q WGBS 的技术优势？

A 单碱基分辨率：精确分析每一个 C 碱基的甲基化状态；覆盖全基因组：彻底检测基因组所有 C 碱基，获取全面信息；应用范围广：适用于所有具有参考基因组的物种，适合进行开创性工作。

Q ATAC-seq 研究转录因子结合位点的方法与 ChIP-seq 有何异同？

A 不同于 ChIP-seq 直接用实验来获取结合位点的方法，ATAC-seq 主要是基于开放区域的模体基序来预测可能结合的转录因子，适用于一些缺少 ChIP 级抗体或难于做 ChIP 富集的转录因子研究。

基因组测序服务

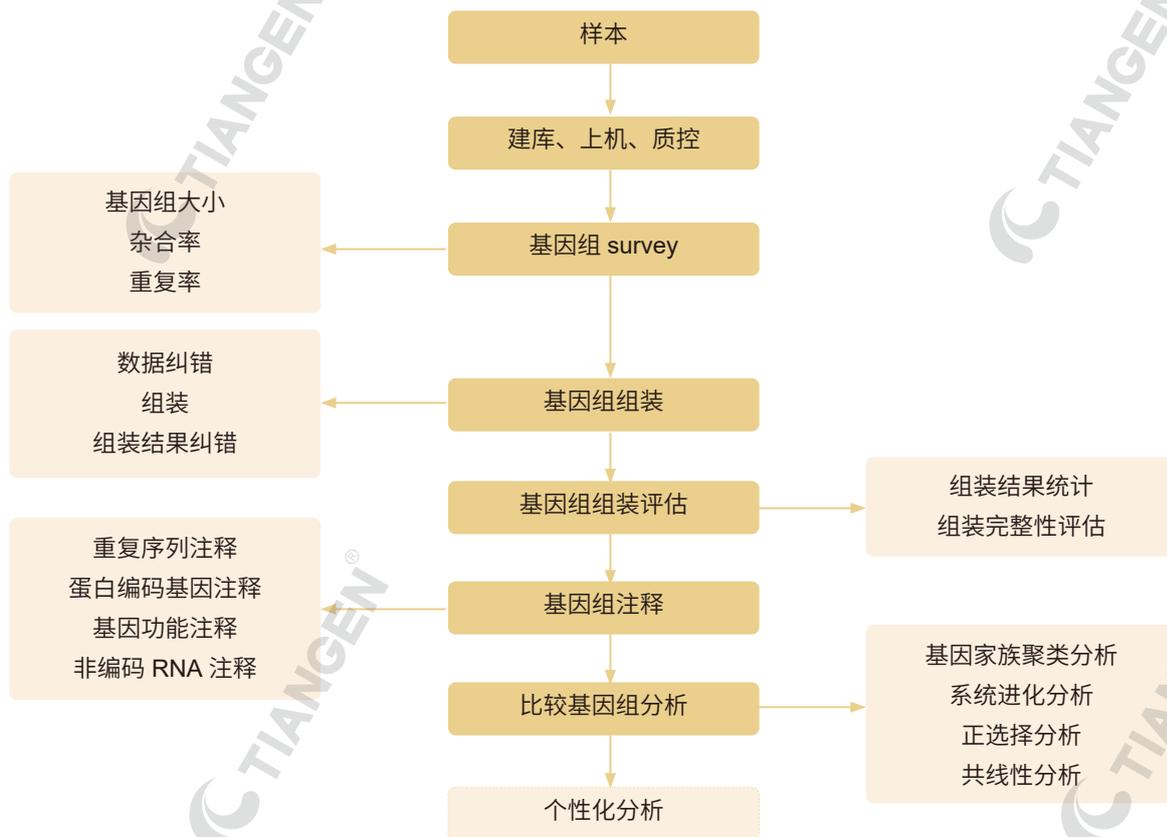
产品简介

■ 基因组的组装完成是一个物种组学研究的开端。*De novo* 测序即在不依赖参考基因组的情况下对某物种基因组进行从头测序、拼接和组装，从而获得全基因组单碱基精度序列图谱。全基因组序列图谱完成后，可以构建该物种的基因组数据库，为该物种的后基因组学研究搭建一个高效的平台，为后续的基因挖掘、功能验证提供 DNA 序列信息。

服务流程



技术流程



该流程适用于基因组 *De novo*

优势

- 私人定制方案：二代、三代、Hic 等多种技术结合助力基因组组装；
- 资深的技术团队，十年以上的信息分析经验；
- 丰富的项目经验，多组学结合深入解析生物学问题；
- 高效地项目沟通，实时反馈项目进展。

应用领域

- 基因组 *de novo*、比较基因组、泛基因组

样本要求

二代测序技术	样本类型：基因组 DNA 样本； 样本需求量：小片段文库 $\geq 1 \mu\text{g}$ ，浓度 $\geq 30 \text{ ng}/\mu\text{l}$ ； 常规 DNA 评估标准在 1.7-1.9；
PacBio	总量：20 kb 插入片段文库 $\geq 8 \mu\text{g}$ ； 浓度 $\geq 100 \text{ ng}/\mu\text{l}$ ； DNA 主带应在 30 kb 以上；
Hi-C 技术	新鲜组织进行甲醛固定； 1 个 Hi-C 文库需要组织量约 2-3 g，对应 DNA 量为 $15 \mu\text{g}$ ；
Nanopore	DNA 总量 $\geq 10 \text{ ng}$ ； 浓度 $\geq 60 \text{ ng}/\mu\text{l}$ ； 纯度 $\text{OD}_{260}/\text{OD}_{280}=1.7-1.9$ ； DNA 主带应在 30 kb 以上；

Q&A 常见问题

Q 为什么要做 Survey？

- A** 通过 Survey 分析可以知道基因组大小、GC 含量及重复序列等情况，为后续测序、组装研究提供指导。Survey 一般建 350 bp 小片段文库，测 100 X，数据除了用于基因组调研，还可用于基因组组装结果评估。

Q 植物基因组测序对样品取样有什么特殊要求？

- A** 对黑暗无菌条件下培养的黄化苗或组培样品取样，建议采用纯合体或单倍体材料，如为野生样本，建议采集幼嫩叶片进行建库测序。

多组学

产品简介

- 多组学是通过对各组学进行高通量测序并对数据整合研究，探究生物体系中多种物质之间相互作用的方法，包括基因组学、转录组学、蛋白质组学、代谢组学、微生物组学、表观基因组学等。多组学通过构建多层次、多水平的调控网络，促进我们对生物过程和分子机制的深刻理解，为基础生物学以及疾病研究提供新思路。
- TIANGEN 多组学主要包括转录组与蛋白质组联合分析、转录组与代谢组联合分析、蛋白质组与代谢组联合分析、代谢组与微生物组联合分析等产品。

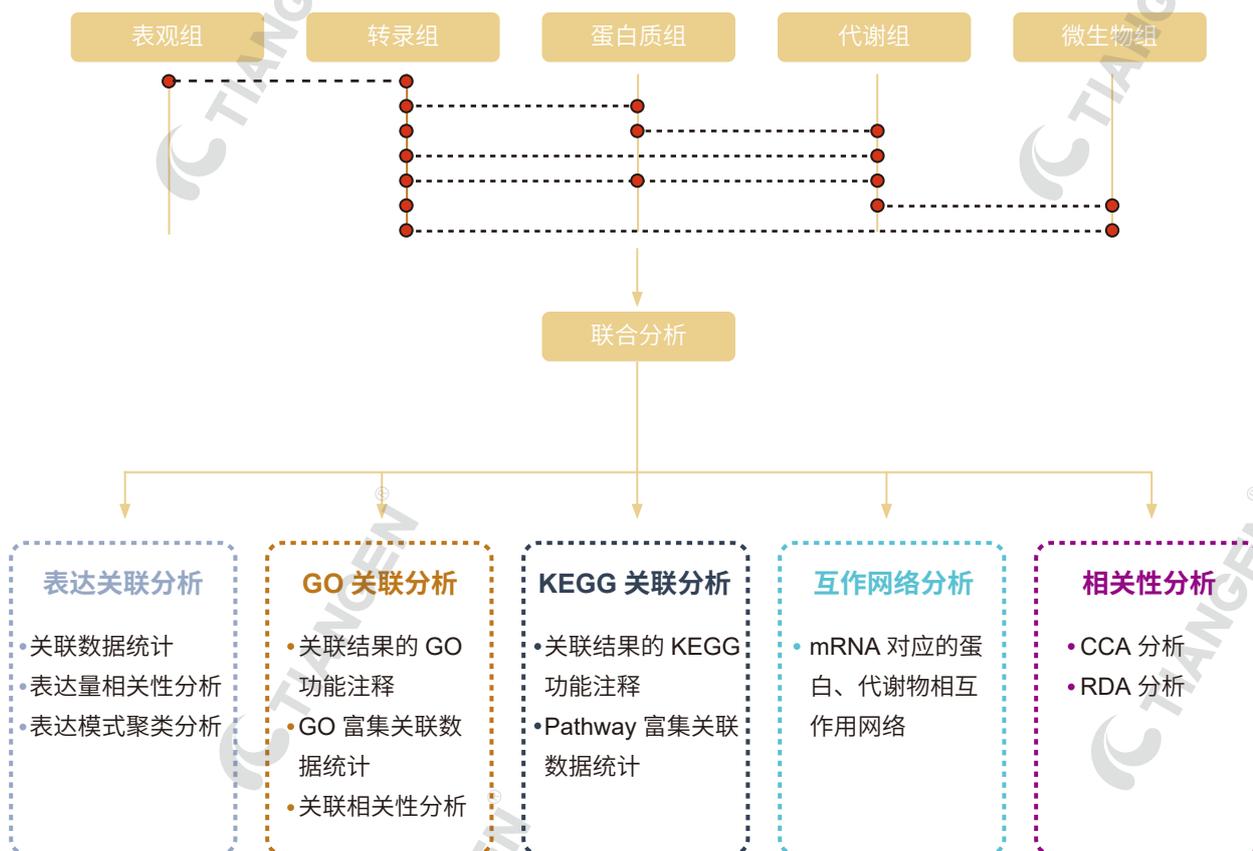
产品优势

- 整合多个组学的信息，为生物机制提供了更多证据，从深层次挖掘候选关键因子；
- 构建基因调控网络，深层次理解各个分子之间的调控及因果关系。

应用领域

- 生长发育研究、胁迫和非胁迫机制、生物进化、微生物、环境科学、疾病机理机制、药物靶标、疾病分型、个性化治疗等

技术流程



产品参数

产品	产品类型
多组学联合分析	转录组与蛋白质组联合分析 转录组与代谢组联合分析 蛋白质组与代谢组联合分析 代谢组与微生物组联合分析 转录组与 ATAC 联合分析

常见问题

Q 为何进行转录组与代谢组关联分析？

A 代谢组是系统生物学的重要组成部分，相比于其他组学，其受环境影响最大，环境对生物体的影响也是最终体现为代谢物的变化。在做完基因组、转录组、蛋白质组后，利用代谢组可以更完整的解释关心的生物学问题。

以相同生物学意义为基础，先分别通过转录组和代谢组数据获得重要的差异表达基因和差异代谢物、重要代谢通路；两者进行联合分析时，基于功能通路和表达量进行关联性分析，分析参与同一生物过程中具有相同或相似的变化规律的基因或代谢物。