



地址:

天津经济技术开发区滨海-中
关村科技园华塘睿城五区5号
楼



业务电话
Phone: 022-68512878



网络联系
www.uniteomics.com
market@uniteomics.com

公众号



思微观于大道 | 拓科学之疆界
Explore Scientific Boundaries with Macro Insight

本手册及其内容受中国版权法保护, 未经允许思拓(天津)生物科技有限公司书面许可, 任何单位或个人不得以任何形式复制、传播、修改或用于商业用途。手册涉及的产品目前仅供研究使用, 不得用于临床诊断、治疗或其他未经授权的使用。允思拓(天津)生物科技有限公司保留对所有产品的最终解释权。本手册中提到的Illumina是Illumina公司的注册商标, PacBio、Revio、Onso是PacBio公司的注册商标, Nanopore、PromethION是Oxford Nanopore公司的注册商标。这些商标的所有权归各自公司所有, 允思拓(天津)生物科技有限公司与这些公司无任何隶属关系或合作关系, 仅为说明产品兼容性或技术参考而提及。允思拓(天津)生物科技有限公司致力于科研领域提供高质量的生物技术产品和服务。我们始终坚持以创新为驱动, 以客户需求为导向, 严格遵守相关法律法规, 确保产品的安全性和可靠性。如果您对本手册内容有任何疑问或需要进一步的技术支持, 请联系我们的客户服务团队。本手册中的信息可能会因技术更新或产品改进而发生变化, 恕不另行通知。

© 2025 允思拓(天津)生物科技有限公司版权所有。

思大道于微观
拓科学之疆界

Explore Scientific Boundaries
With Macro Insight

基因组测序产品

产品手册

允思拓

是一家在生命科学研究领域
致力于 **探索基因组测序技术**
于**高性能计算应用**的先锋企
业



— 关于我们 //

允思拓 (天津) 生物科技公司成立于2023年, 公司核心团队在生物信息学相关领域平均工作年限超过十年, 积累了丰富的数据分析和技术开发经验。允思拓生物的生信团队与合作伙伴凭借卓越的科研实力, 已在生命科学领域取得丰硕的成果, 相关研究论文相继发表于 Nature、Nature Communications、PNAS、GigaScience、PLOS Biology、Microbiology Spectrum、mLife 等国际顶级学术期刊。截至目前, 累计发表SCI论文200余篇。我们始终坚持不断学习, 致力于为科研工作者提供最具影响力的科学成果, 分享前沿的技术洞察。凭借专业的知识和深入的研究, 为推动生命科学领域的进步和发展做出了卓越的贡献。未来, 我们将继续深耕生物技术领域, 推动科研成果转化, 为生命科学的发展贡献力量。



www.uniteomics.com/about



病原微生物检测溯源

核心团队建立的基于高通量测序的病原微生物检测溯源的算法和流程, 连续三年在“联合国秘书长调查机制”能力评测中表现优异, 获得相关部委表彰。疫情期间新冠监测报告多次被中央办公厅采用, 并获中央领导批示。



基因组测序分析服务

公司核心团队构建超大复杂基因组组装算法和策略。与中国科学院海洋研究所、中国林业科学研究院、河南省农科院等单位合作完成了包括对虾、海参、扇贝、藏野驴、芝麻和杨树等多种复杂大基因组的测序工作。



生物信息学开发

公司核心团队平均具有12.5年行业从业经验。长期从事基因组学及生物信息学研究, 专注于群体基因组进化和变异监测领域。累计开发了包括致病菌溯源平台、高复杂度海洋生物组技术、A2基因型奶牛筛选技术、病原微生物检测溯源等算法和流程。



基因组测序



转录组测序



扩增子测序



T2T测序

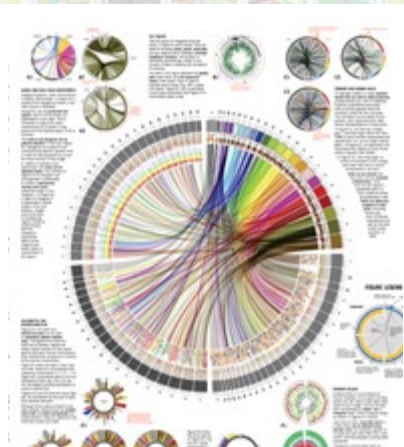


核心价值观

「成人达己, 同进共赢」是允思拓的核心价值观。我们坚信与合作伙伴建立公正和互惠的合作关系是最重要的。同时, 我们也高度重视自身的社会责任和可持续发展, 为创造更美好的世界而努力。

允思拓

科技服务产品概览



微生物基因组测序

- 16S/18S/ITS 等扩增子测序
- 宏基因组测序 (二代 / 三代)
- 细菌 / 真菌基因组从头测序
- 细菌 / 真菌框架图
- 细菌完成图 (ONT/PB)
- 真菌精细图
- 病毒基因组从头测序
- 宏病毒组
- 微生物重测序
- 宏基因组分箱Binning



动植物基因组测序

- 全基因组Survey
- 全基因组从头测序
- 动植物T2T基因组
- 图形泛基因组测序
- 全基因组重测序
- 基因组变异检测
- 遗传图谱构建
- 比较基因组分析
- 全基因组甲基化分析
- 全基因组GWAS分析
- SLAF简化基因组测序
- BSA性状定位
- HiC辅助染色体挂载



转录调控/靶向基因

- 原核 / 真核转录组
- Pacbio全长转录组
- 宏转录组
- 全基因组甲基化测序
- smallRNA / lncRNA测序
- 真核有参 / 无参转录组
- 微生物重测序
- 人全外显子测序
- 人HLA分型分析
- 靶向基因测序



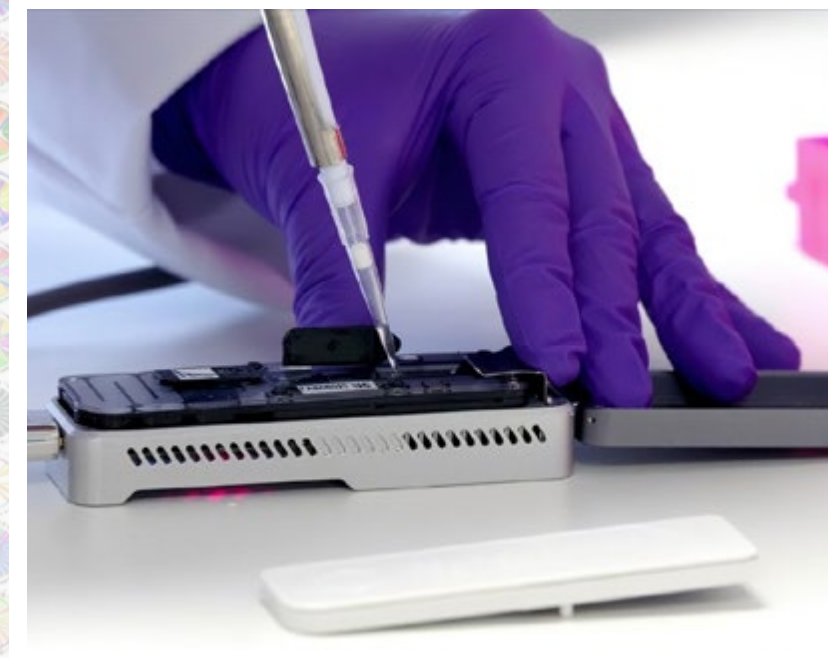
技术开发与人工智能

- 基因组浏览器开发
- 生物信息数据库研发
- 分析流程开发与部署
- 传染病溯源预警平台开发
- 传染病智能决策平台开发
- 人工智能模型 / 智能体开发
- 数据可视化与科研绘图
- 实验室/团队网站开发
- 生信云平台开发



测序平台

1. **Illumina 高通量测序平台** 为客户提供 Illumina NovaSeq X Plus 高通量测序平台服务, 助力升级基因组、宏基因组、外显子组、转录组的测序。
2. **PacBio三代测序平台** Revio 系统采用了高密度的 SMRT Cell 芯片, 碱基准确度达到 Q30 以上, 使得高质量的长读长测序技术更加普及和经济。
3. **ONT PromethION三代测序平台** 该平台能够产生超长读长的数据, 平均读长 N50 约 25 kb, 有助于解析基因组中的复杂区域和结构变异。
- 4.



细菌基因组 Bacteria Genome 框架图/完成图

细菌基因组完整图谱的构建是当代微生物研究的关键技术之一。通过获得高精度的细菌全基因组序列, 研究人员能够深入解析关键基因的功能机制, 发掘新型功能基因, 并开展跨物种的进化分析。这项技术在传染病防控、环境微生物研究、新型疫苗开发及抗生素研发等领域具有重要应用价值, 为微生物相关疾病的诊断治疗和生物制品的创新提供了重要的理论依据和技术支撑。

细菌从头测序, 是基于高通量测序数据, 对单菌基因组进行从头组装的方法。基于组装结果, 可以预测单菌基因组中所包含的基因, 并通过功能数据库比对获得基因的功能信息。

细菌重测序, 是基于高通量测序数据与近缘参考基因组进行比对, 进行变异检测的方法。重测序可以获得目标基因组对于参考基因组的变异信息, 进行基因组间差异解析或作为标记进行进化分析。



基因组组分、功能分析

物种鉴定、毒力因子挖掘、宿主互作与耐药机制



比较基因组、群体进化

病原基因获得、病原菌群进化关系、质粒进化等



物种分型、菌株溯源

菌株分型、进化研究、流行病学溯源调查



全基因组关联分析

关键基因挖掘、全基因组关联分析

产品优势

- 采用自主研发的高效组装算法, 可对细菌、真菌等微生物基因组进行快速、精准组装分析, 完整获取包括小质粒在内的全基因组信息, 确保数据全面可靠。
- 核心分析团队拥有10年以上微生物生信分析经验, 技术实力深厚。累计完成5000+微生物单菌基因组项目, 助力客户在Nature、Science等高水平期刊发表多篇研究成果。
- 提供高效、专业的客户支持, 快速响应需求, 确保项目顺利推进。

标准分析内容

基因组组分分析: 全面解析基因组结构特征

物种鉴定: 精准识别微生物种类

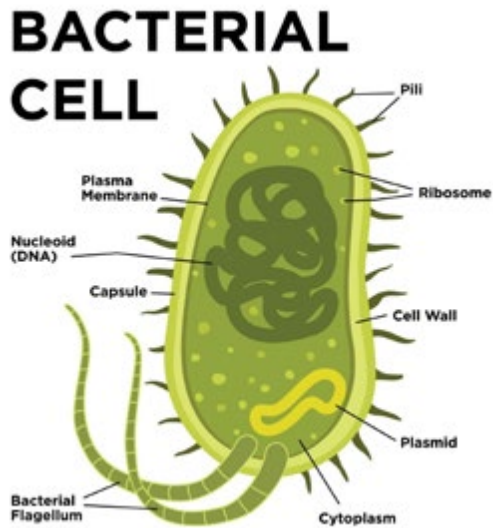
基因功能注释: 深入挖掘基因功能信息

耐药基因检测: 快速定位耐药性相关基因

质粒检测: 准确判断质粒存在与否

| 文件名 | 文件描述 |
|-----------------------|------------------------|
| 00_Report/ | 报告文件夹 |
| 01_QC/ | 数据质控文件夹 |
| 02_Assembly/ | 组装和基因预测结果 |
| *fasta | 基因组完整图的组装结果 |
| *stats.xls | 基因组完整图的组装结果统计表 |
| *checkm.txt | 基因组CheckM质控统计表 |
| *gbk | 基因组预测结果GBK格式 |
| *sqn | 基因组预测结果SQN格式 |
| *gff | 基因组预测结果GFF格式 |
| *fea | 基因组预测结果蛋白序列 |
| *cds_from_genomic.fna | 基因组预测结果核酸序列 |
| *translated_cds.faa | 核酸序列翻译成的蛋白序列 |
| *pseudogene.fa | 假基因序列 |
| *type.xls | 基因组预测各序列类型表 |
| *type.stats.xls | 基因组预测各序列类型统计表 |
| *gc_plots.pdf | 基因组GC含量图pdf格式 |
| *gc_plots.png | 基因组GC含量图png格式 |
| *len_hist.pdf | 基因长度分布图pdf格式 |
| *len_hist.png | 基因长度分布图png格式 |
| *long_gc_depth.pdf | 三代数据GC-depth图pdf格式 |
| *long_gc_depth.png | 三代数据GC-depth图png格式 |
| *short_gc_depth.pdf | 二代数据GC-depth图pdf格式 |
| *short_gc_depth.png | 二代数据GC-depth图png格式 |
| *MLST.tsv | MLST分型结果 |
| *Plasmid.tsv | 质粒复制子结果 |
| circos | 基因组圈图 |
| RNA | RNA |
| 03_Element/ | 结构注释目录 |
| antismash | antismash(次级代谢物)预测结果目录 |
| CRISPRs | CRISPR预测结果目录 |
| ISfinder | 插入序列预测结果目录 |
| island | 基因组预测结果目录 |
| prophage | 噬菌体序列预测结果目录 |
| repeat | 重复序列注释结果目录 |
| 04_Annotation/ | 通用数据库注释结果目录 |
| venn.svg | 注释基因数量统计图svg格式 |
| venn.pdf | 注释基因数量统计图pdf格式 |
| venn.png | 注释基因数量统计图png格式 |
| nr | NR数据库注释结果目录 |
| uniprot | uniprot数据库注释结果目录 |
| GO | GO数据库注释结果目录 |
| KEGG | KEGG数据库注释结果目录 |
| Pfam | Pfam数据库注释结果目录 |
| TIGRfam | TIGRfam数据库注释结果目录 |
| 05_SpecialDB/ | 特殊数据库注释结果目录 |
| card | CARD数据库注释结果目录 |
| cazy | CAZy数据库注释结果目录 |
| cypd | CYP数据库注释结果目录 |
| phi | PHI数据库注释结果目录 |
| signalp | signalp数据库注释结果目录 |
| T3SS | T3SS数据库注释结果目录 |
| tcdB | TCD6数据库注释结果目录 |
| trnhmm | 跨膜蛋白分析结果目录 |
| vfdb | VFDB数据库注释结果目录 |

细菌框架图 vs 细菌完成图



根据基因组拼接的完整性， 细菌基因组可分为草图、精 细图和完成图三个层次



草图 (Draft Genome)：又称框架图，通常采用小片段文库构建，通过二代测序和初步基因组组装策略获得。该方法具有较高的性价比，能够满足细菌基因组研究的基本需求。其质量标准要求基因组覆盖度达到95%以上，基因区覆盖度达到98%以上，单碱基错误率控制在十万分之一以内。



精细图 (Fine Genome)：通常采用二代平台构建多个文库，包括一个小片段文库和一个大片段文库。这种方法能够连接出更多的scaffold，相较于草图，基因组完整性更高，但仍未达到完全基因组水平。其质量标准要求基因组覆盖度达到98%以上，基因区覆盖度达到99%以上，单碱基错误率同样控制在十万分之一以内。

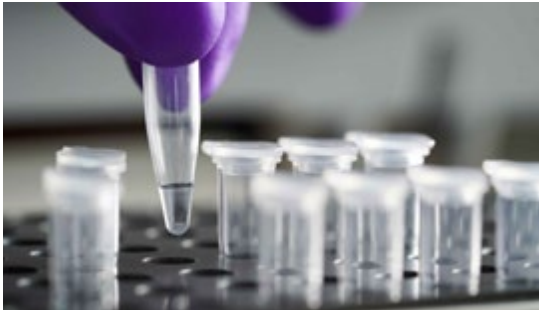


完成图 (Complete Genome)：又称完美图谱 (Perfect Map)，是指获得包含完整染色体和质粒的基因组序列，且不含任何gap区域。完成图包含了物种的全部遗传信息，是基因组拼接的最终目标。

★ 框架图

★★★ 完成图

| | | |
|---------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 定义 | 基因组由多个大片段 (scaffold) 拼接, 含未知Gap | 基因组完整闭合, 无缺口, 达到染色体级别连续 |
| 测序技术 | 短读长测序 (如Illumina) 为主 | 三代长读长测序 (如PacBio/Nanopore) + 二代短读长校正 |
| 组装连续性 | N50值较低, 存在断裂区域 | N50值高, 连续性极佳 (通常>1 Mb) |
| 准确性 | 局部区域可能存在错误拼接 | 通过多平台校正, 错误率低 (<0.01%) |
| 成本与时间周期 | 成本低 (约300-500) | 测序成本高 |
| | 周期15+天左右 | 周期30+天左右 |
| 优势对比 | <div>1. 测序成本低: 仅需二代illumina数据即可, 框架图测序时不需要达到完成图那样高的覆盖度和精度, 对测序深度要求相对较低, 减少了测序数据量, 从而降低了测序成本。</div> <div>2. 测序周期短: 由于工作量和数据处理难度相对较小, 从样本制备到获得框架图的时间更短, 能快速得到细菌基因组的大致信息。</div> <div>3. 初步研究适用: 对于一些只需了解细菌基因组大致结构、基因分布和基本功能的研究, 框架图能够提供足够的基础信息。</div> | <div>1. 序列完整性高: 完成图实现了对细菌基因组的全面、无间隙测序, 完整呈现了所有基因及其调控元件的排列顺序, 避免了因序列缺失而导致的信息遗漏。</div> <div>2. 基因注释准确: 完整的序列使得基因边界和结构能够被精确界定, 有助于准确识别基因功能、调控区域和基因间的相互作用关系。</div> <div>3. 利于深入研究: 在进行比较基因组学、进化分析、致病机制研究等对基因组信息准确性和完整性要求较高的研究时, 完成图提供了更可靠的数据基础。</div> |
| 劣势对比 | <div>1. 序列不完整: 存在大量的序列间隙和未知区域, 可能会遗漏一些重要的基因或调控元件, 影响对细菌基因组功能和进化的全面理解。</div> <div>2. 基因注释不准确: 由于序列的不完整性, 基因的边界和结构可能无法准确界定, 导致基因功能注释的误差和不确定性增加。</div> <div>3. 后续研究受限: 在进行深入的基因功能研究、代谢途径分析和比较基因组学研究时, 框架图提供的信息可能不足以满足研究需求。</div> | <div>1. 测序成本高: 需要长读长测序策略+二代illumina测序数据, 为了达到高覆盖度和高精度, 需要进行大量的测序和数据处理工作, 增加了测序成本和时间投入。</div> <div>2. 测序周期长: 完成图的测序和组装过程更为复杂, 需要进行多次测序和验证, 导致整个项目的周期较长。</div> <div>3. 技术要求高: 对测序技术和生物信息学分析方法的要求较高, 需要具备专业的技术人员和先进的设备。</div> |
| 应用范围 | <div>1. 物种快速鉴定: 在短时间内确定细菌的种类和基本特征, 适用于临床诊断、环境监测等领域的快速筛查。</div> <div>2. 初步基因筛查: 快速识别细菌中可能存在的耐药基因、致病基因等, 为后续的深入研究提供线索。</div> <div>3. 大量样本的初步分析: 当需要对大量细菌样本进行初步分析时, 框架图可以在较短时间和较低成本内完成, 为进一步筛选有研究价值的样本提供依据。</div> | <div>1. 新物种基因组解析: 全面了解新发现细菌的基因组结构和功能, 为其分类地位的确定和生物学特性的研究提供基础。</div> <div>2. 致病机制研究: 准确分析细菌的致病基因、毒力因子及其调控网络, 深入了解细菌的致病机制, 为开发新的诊断方法和治疗策略提供依据。</div> <div>3. 进化研究: 通过比较不同细菌的完成图, 研究细菌的进化历程、基因水平转移和适应性进化等问题。</div> |



— 送样标准

— DNA送样

常规文库(二代测序)浓度>=25 ng/l, 总量1~2 µg;

Pacbio文库/Nanopore文库(三代测序)浓度>=50ng/µl, 总量>=5 µg;OD260/280应在1.8~2.0, 以Qubit检测结果为准;

基因组完整、无降解, 用封口膜密封样品, 4℃冷藏运输

— 菌体送样

菌体>=500mg, 建议用1.5mL/2 mL/50mL灭菌离心管收集足够菌体, 离心去上清, 送3-5管菌体备用;; 我们拒绝接收条件致病菌/人间传染致病菌菌体, 如果样品为上述菌株, 我们仅接收DNA。

提取风险提示和注意事项

核酸提取质量与物种及组织部位、采集方法及保存状态、提取方法及操作、实验器材及环境等因素均有密不可分的联系, 尤其是三代超长提取对样本的要求更高。组织提取时可能受到上下游处理操作的影响, 因此较难保证单次提取满足质量要求, 客户应在寄送组织样品前进行备份。为了保障获得高质量的核酸, 请务必按照送样手册所规定的准备样本。对珍贵样本或者微量样本, 建议自行提取。取样过程中, 需要全程佩戴手套, 并且使用预冷乙醇对取样器材进行擦拭消毒, 以免样本污染。

送样标准及送样单下载:
<https://uniteomics.com/sample-prepare>

扩增子测序 16S/18S/ITS

环境微生物多样性检测

扩增子测序是一种高通量测序技术，主要用于分析特定基因区域的序列变异，从而研究微生物群落的组成和多样性。在微生物生态学研究，16S rRNA基因、18S rRNA基因和ITS (内转录间隔区) 是最常用的标记基因。其中，16S rRNA主要用于环境微生物群落分析、人体微生物组研究、工业微生物监测等。18S rRNA主要用于真核生物 (如真菌、藻类、原生动物) 的分类和鉴定。ITS鉴定主要应用于真菌多样性研究、植物病原真菌检测、食品和药品中真菌污染监测等。



标准分析

分析内容

- ASV分析
- 物种相对丰度
- 物种丰度聚类 (Heatmap)
- Venn图和花瓣图
- 三元相图
- 物种多样性曲线
- 稀释曲线
- Alpha多样性指数差异分析
- Beta多样性指数差异分析

一 样本采集与DNA提取

样本采集是扩增子测序的第一步，需根据研究目标选择合适的样本类型 (如土壤、水、粪便等)。采集时需注意避免交叉污染，使用无菌工具，并尽快将样本保存在低温条件下 (如-80°C) 以防止DNA降解。

一 PCR扩增

PCR扩增是扩增子测序的核心步骤，需根据目标基因区域的特异性引物进行特异性扩增 (如16S V3-V4区、18S V4区、ITS1或ITS2区)，对于自己进行PCR扩增的用户，可联系允思拓技术人员获取引物序列。

一 文库构建

纯化后的产物需进行片段筛选，选择合适大小的片段 (如16S V3-V4区约450bp)。随后，通过连接反应将测序接头和索引序列 (barcode) 添加到片段两端，形成完整的测序文库。



微生物

DNA提取方法

1. 样品裂解 取1000 μ L CTAB裂解液加入2.0 mL EP管，加入适量溶菌酶和样品，65°C水浴30-60分钟，期间颠倒混匀数次，确保样品充分裂解。
2. 第一次有机溶剂抽提 裂解后12,000 rpm离心10分钟，取上清，加入等体积酚:氯仿:异戊醇 (25:24:1)，颠倒混匀，12,000 rpm离心10分钟，吸取上层水相至新管。
3. 第二次有机溶剂抽提 向上清中加入等体积氯仿:异戊醇 (24:1)，颠倒混匀，12,000 rpm离心10分钟，吸取上层水相至1.5 mL EP管。
4. DNA沉淀 加入0.6-0.7倍体积异丙醇，轻轻混匀，-20°C静置30分钟至1小时，使DNA沉淀。
5. DNA洗涤 12,000 rpm离心10分钟，弃上清，加入1 mL 75%乙醇洗涤沉淀，12,000 rpm离心5分钟，重复洗涤一次，倒置吸干残留液体。
6. DNA干燥 超净工作台吹干或室温晾干，避免DNA过度干燥。
7. DNA溶解 加入50-100 μ L ddH₂O溶解DNA，必要时55-60°C水浴10分钟助溶。
8. RNA消化 加入1 μ L RNase A，37°C孵育15分钟，去除残留RNA。

一 高通量测序

通常使用Illumina MiSeq平台进行。测序前需对文库进行稀释和混合，确保每个样本的测序深度均匀。高质量的测序数据是后续分析的基础，允思拓的技术经验能够确保数据量足够且质量可靠。

一 数据分析

物种注释通过比对参考数据库 (如Greengenes、SILVA、UNITE) 进行。常用的工具包括QIIME和MOTHUR。最后，进行多样性分析 (如Alpha多样性和Beta多样性) 和统计学分析，以揭示微生物群落的组成、结构和动态变化。

- 距离矩阵热图
- 主坐标分析(PCoA分析)
- 主成分分析(PCA分析)
- 非度量多维尺度分析(NMDS分析)
- 组间群落结构差异显著性检验
- Adonis分析
- Anosim分析
- T-test组间物种差异分析
- 组间物种差异显著性分析(Metastat分析)
- 组间差异的Biomarker分析 (Iefse分析)
- 随机森林(RandomForest)分析
- 功能预测
- PICRUSt2
- 功能注释相对丰度聚类分析
- 功能注释Venn图和花瓣图
- 功能注释T-test
- 功能注释相对丰度展示
- 功能注释PCA分析
- Network分析
- 环境因子关联分析

宏基因组测序

Metagenomics

更真实的反应样本中微生物组成

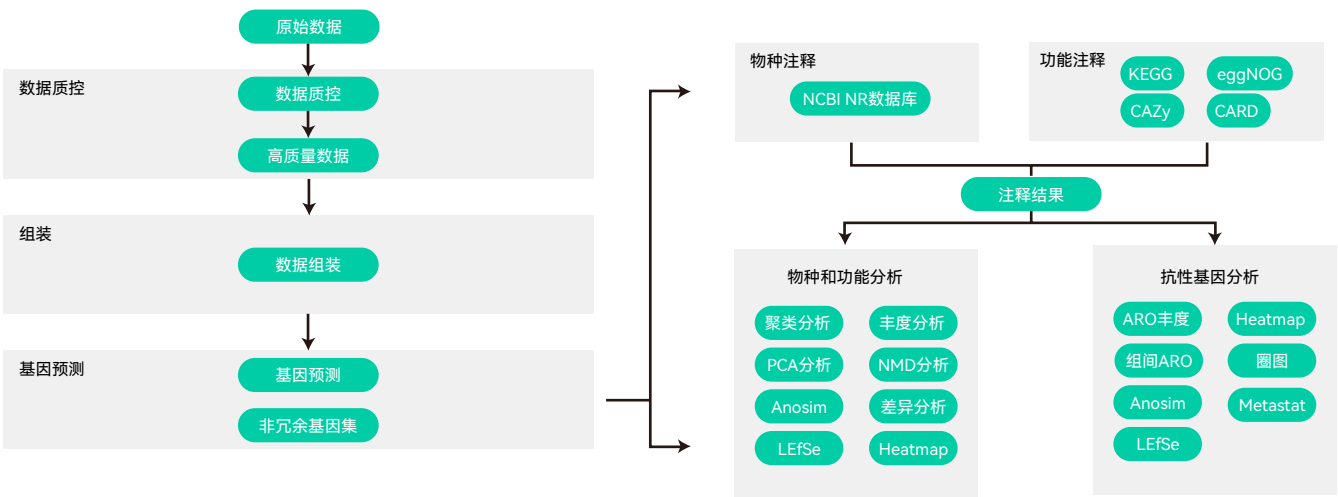
— 微生物作为地球上极为丰富和多样化的生物群体, 在各种生态系统中占据着不可或缺的地位。从个体体内的共生微生物到极端环境中的独特物种, 微生物都在维持生态平衡、促进物质循环和能量流动等方面发挥着关键作用。然而, 传统的微生物研究方法主要依赖于纯培养技术, 这大大限制了我们对微生物多样性及其功能的深入了解。

宏基因组学 (Metagenomics) 又叫微生物环境基因组学、元基因组学, 它直接以环境样品中的微生物群体基因组为研究对象, 规避了对样品中的微生物进行分离培养, 提供了一种对不可分离培养的微生物进行研究的途径, 更真实的反应样本中微生物组成、互作情况, 同时在分子水平对其代谢通路、基因功能进行研究。

宏基因组

扩增子测序

分析流程



应用方向

农业、畜牧业

不同条件下微生物物种和功能差异 (土壤、根系、肠道)

医学与健康

病人菌群与疾病的关系 (肥胖、高血压、糖尿病)

工业与环境治理

发酵工程、环境治理过程中微生物变化情况

疫病领域

病原检测、疫病流行病学调查和病原的溯源

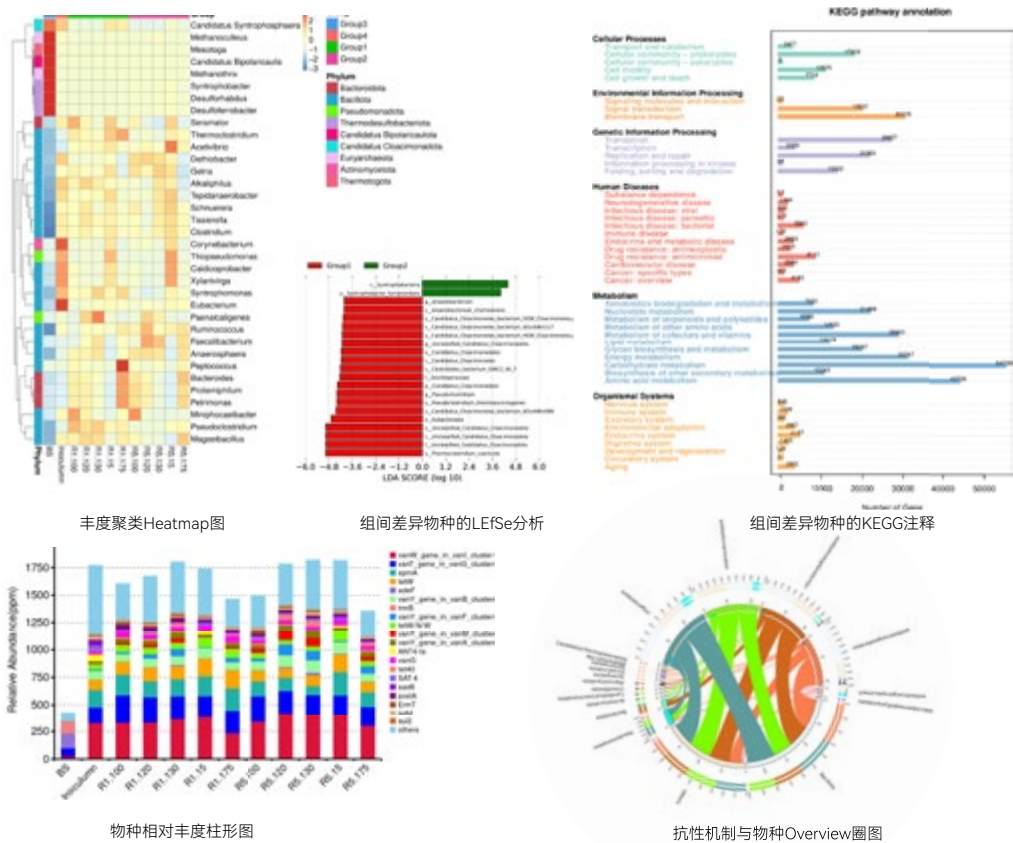
产品优势

通过高通量测序和智能化算法分析, 可以获得样本中微生物的种属信息, 无偏向性鉴定细菌、真菌、病毒和寄生虫等多种病原微生物。

分辨率高, 可检测环境样品中极低丰度物种。可获得环境样品中全面的功能基因信息, 涵盖碳氮磷硫代谢、抗性基因等。

提供全面的宏基因组研究的方案设计和售后服务, 丰富的标准分析以及个性化分析多角度阐明环境微生物潜在的功能和作用机制。

专注于微生物测序多年, 可以对客户问题快速响应。



Plant / Animal T2T 动植物T2T基因组

every species needs a perfect genome sequencing

60X 高精度HiFi +
40X 超长ONT +
80X 二代 +
100X Hic

1. 60X HiFi数据使用Hifiasm进行组装, 得到HiFi contig, 较常规组装 (30X) 深度更高, 可得到完整性、连续性更高的contig骨架基因组。
2. 40X Ultra-long ONT数据进行组装, 并使用80X二代数据进行纠错, 得到ONT contig, 使用Ultra-long ONT组装目的是得到片段超长的contig基因
3. 100X Hic数据经Hicup质控, 对Hifi contig及ONT contig两版基因组进行Allhic挂载得到基因组染色体版本
4. 以HiFi染色体级别基因组作为Reference, 将Ultra-long ONT染色体级别基因组与其进行相互Merge, 最终得到T2T级别基因组

完整精确

通过突破传统测序技术的局限, 能够覆盖传统方法难以解析的复杂区域, 为基因组研究提供前所未有的高质量数据。

图破局限

实现了对着丝粒和高重复区域区域的完整组装, 为研究基因组结构和功能提供了全新视角。

深入洞察

能够揭示染色体的起源和进化历史, 鉴定性别决定关键基因, 还能深入解析物种驯化过程中的基因组变化。

完美基因组

基因组组装新时代

— T2T基因组(Telomere-to-Telomere), 即端粒至端粒的完整基因组组装的简称, 是更完整基因组的代表。T2T基因组主要是通过多种测序平台、高深度测序, 结合多种软件方式来获得具有端粒与着丝粒的Gap-free或Gap-less的高质量基因组。端粒为真核生物染色体末端的一种特殊结构, 由DNA重复序列和特异结合蛋白组成的复合体。高等生物的着丝粒由数千个高度重复单元串联形成。而这些重复区域高度复杂, 是三代测序与组装中的难点, 也是T2T基因组重点攻克对象。T2T基因组的构建将进一步助力物种基因组中复杂区域的解析, 尤其是早期难以被破解的“黑色领域”, 可为物种的深度研究提供重要的基础信息。



人类完整基因组

T2T联盟

以6篇研究论文连发的形式, 在Science期刊汇报人类T2T基因组的研究成果, 基于T2T-CHM13进行了后续深入研究, 标志着基因组研究4.0时代正式到来。



猕猴桃T2T基因组

何航-邓兴旺团队

阔叶猕猴桃与中华猕猴桃T2T基因组图谱, 整合基因组、转录组、代谢组多组学分析深入挖掘猕猴桃果实品质调控基因, 为分子育种研究提供了重要资源。



菠萝参考基因组

品资所菠萝团队

完成了首个菠萝的端粒到端粒基因组测序, 并提供了高质量的基因结构注释, 为后续的菠萝研究和育种工作提供了完整的基因组资源。



杂合马铃薯基因组

黄三文团队

该研究提供了迄今最完整的杂合马铃薯基因组, 最全面的单体型比较分析, 为马铃薯自交衰退等生物学研究和自交系的设计育种奠定了基础。

T2T基因组的组装评估

对于一个真正的T2T基因组组装, 它必须覆盖整个染色体且没有间隙, 并且没有大规模的组装错误。因此, 在确定组装结果是“T2T”时, 必须经过严格的组装评估。T2T基因组组装评估通常包括基本指标、BUSCO评估、K-mer评估、比对评估。

转录组

直接与基因对话， 了解背后的故事

NGS Laboratory workflow



样本收集



样本质控



NGS建库
库检
测序上机



数据质控 DataQC
数据分析报告



售后服务

一 允思拓

转录组学 (Transcriptomics) 是使用高通量测序技术, 全面快速获取某一物种特定组织或器官在某一状态下RNA序列信息, 并对其结构和表达信息进行分析。可用于预测基因结构、可变剪切和其他转录修饰, 并可定量测定每个转录本在生长过程中和不同条件下表达水平的变化。转录组测序能够有效地分析全局基因表达水平并深度分析转录组。相较于传统方法, 转录组测序可精确检测低丰度基因, 发现新型转录本和异构体, 以及组装之前未被研究过的转录组。

转录组测序

标准分析内容¹

数据质控:

使用FastQC评估原始数据 (Rawdata) 质量, Trimmomatic去除接头和低质量序列。

比对与定量:

有参分析: HISAT2/STAR比对至参考基因组, HTSeq或RSEM计算基因/转录本表达量。

无参分析: Trinity组装转录本, Salmon直接定量表达水平。

差异表达分析:

DESeq2或edgeR筛选差异基因 (DEGs), 结合热图、火山图可视化结果。

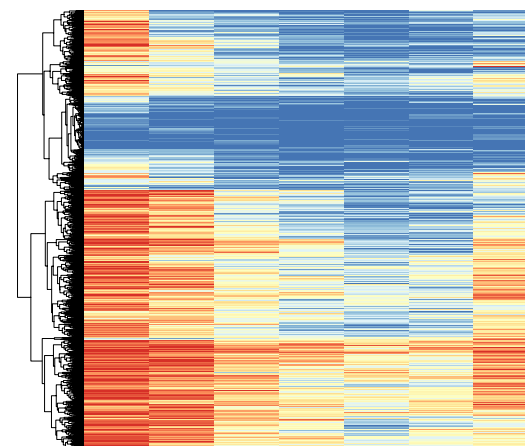
功能注释与富集:

GO/KEGG富集分析: 鉴定差异基因的生物学术功能或通路。
GSEA分析: 探索基因集在表型中的整体变化趋势。

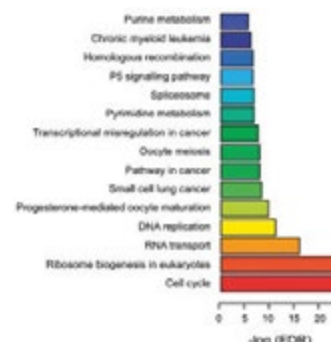
转录本结构分析:

可变剪切和RNA编辑事件检测。
融合基因鉴定 (STAR-Fusion) 及circRNA分析。
共表达网络: WGCNA构建基因模块, 关联表型或环境因子。

¹ 标准分析内容可能因项目数据不同而异



差异表达热图Heatmap



差异基因通Pathway分析

— Research

Untotat qui officil igentur, adit earum voleces sitem nobis et poresecus endusa dolupta tiberoEm aut officillores nobitem. Ratas vercid eveliquas idempor magnam utecum et quam volesciet la sedias andipsam quatem.

转录组提供的生物学的见解

- 从头de novo转录组组装
- 发现新转录本和变体
- 基因、转录变体和外显子的差异表达分析 (选择性剪接)
- 基因融合和反式剪接事件的发现与分析
- 基因调控网络, 信号通路和网络, 以及基因富集
- 宿主/病原体或异种移植后相互作用

Biological insights

一 可提供的转录组测序服务

1) 真核有参转录组测序

真核有参转录组测序, 指对已有参考基因组的真核生物或其组织、细胞等进行转录组测序。通过与参考基因组比对, 可验证转录组测序的测序饱和度和基因覆盖度, 同时可获得基因结构、基因表达差异, 和可变剪接等信息。

2) 真核无参转录组测序

真核无参转录组测序, 指在无参考基因组的情况下, 对真核生物转录组进行测序。真核无参转录组测序在获得原始数据后, 首先要进行质控拼接为unigene, 再以unigene为参考序列进行后续分析, 包括功能注释、SNP、SSR标记开发等。也可以对多个样本进行差异基因表达分析和差异基因功能富集分析等, 用于发现功能基因, 为下一步研究提供方向。

3) 原核转录组测序

原核转录组测序可以从基因表达量、基因结构和sRNA调控功能三维度揭示不同生物性状的分子调控机制。如通过计算各组间的差异基因并对差异基因进行富集分析, 获得对生物性状影响较大的通路信息; 通过预测基因的反义转录本, 丰富基因组注释内容; 研究sRNA对mRNA的相互作用, 从分子调控角度解释生物性状之间的差异。

4) 三代全长转录组测序

基于三代测序平台的全长转录组测序, 可直接获取mRNA全长序列, 更为准确地解读mRNA结构信息, 重点关注基因的可变剪切、融合基因等。应用领域: 获得基因组未知物种的基因集, 用于基因功能研究; 基因结构差异分析; 发现新转录本; 分子机制研究; 基因表达调控研究等。

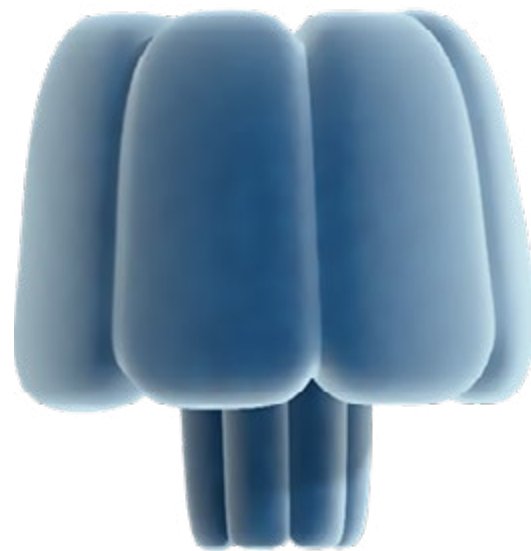
长度长测序 Long Read Sequencing

// Nanopore

使用纳米孔长读长测序, 可完成模式生物和非模式生物的完整基因组组装。全面了解物种的遗传变异和进化, 从而促进疾病研究, 并对动物育种产生积极影响。使用纳米孔长读长和超长读长, 可充分鉴定宿主和病原体的基因组, 包括对结构变体、重复区域和转座因子的解析。对于目前流行的T2T基因组测序, 更是离不开纳米孔测序的能力

允思拓提供采用纳米孔技术的全基因组测序

1. 通过实时碱基识别和分析, 在获得足够深度时即可以停止测序
2. 精简的快速文库制备工作流程, 起始量需求低
3. 使用长读长简化从头组装并校正参考基因组



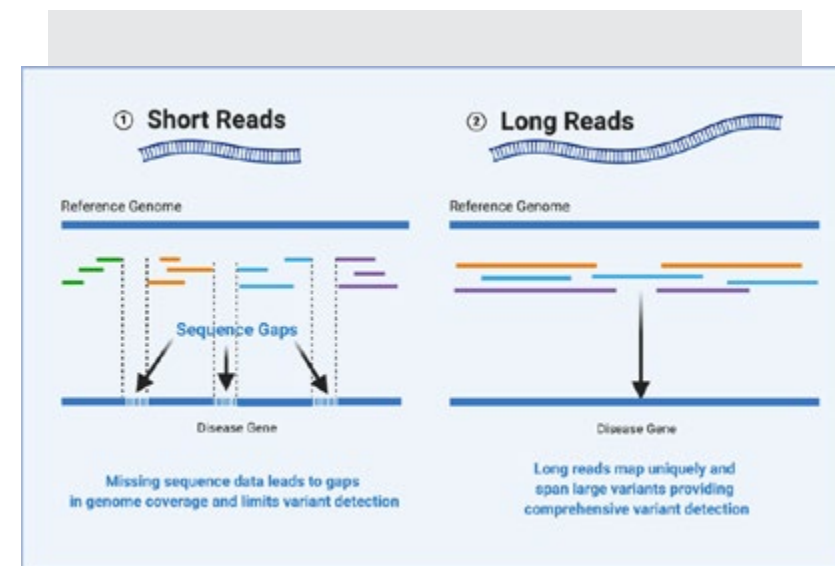
// Pacbio

Revio系统搭载SPRQ化学试剂, 仅需500 ng天然DNA即可完成测序, 结合高密度SMRTCell芯片, 每日可产出高达480Gb的HiFi读长数据。HiFi测序数据90%以上的碱基质量值达到Q30以上, 可最大化获取遗传信息并检测更多变异类型, 集成5mC与6mA甲基化检测可稳定检测5mC与6mA甲基化修饰。通过Pacbio的测序可获取更深入的生物学洞见。

//对比

| | PacBio Revio | 纳米孔测序 |
|----------|---------------------------|---------------------------|
| 读长 | 15-20 kb ¹ | 10-100 kb |
| Read 准确度 | 99.95% (Q33) ² | 99.26% (Q21) ³ |
| 数据产出 | 120-480 Gb | 50-110 Gb |
| Run时间 | 24 小时 | 72 小时 |

1 Shafin Nat Methods 2021 (<https://doi.org/10.1038/s41592-021-01299-w>)
2 Read accuracy PacBio HiFi: precisionFDA Truth Challenge V2
3 ONT: Q20+ chemistry (R10.4, Kit 12), Oct 2021 GM24385 Q20+ Simplex dataset release



基因组学's

未来需要长读长测序

与仅能测序几百个碱基的短读长NGS (下一代测序) 解决方案相比, 长读长测序技术通常能够生成高度准确的长读长 (中位共识准确率>99.9%), 长度可达30kb。除了读长优势外, 长读长测序还省去了短读长平台所使用的PCR扩增步骤。与捕获短序列的大量平行反应不同, 长读长测序技术采用固定在表面上的单分子环状模板。随后, 实时检测核苷酸的掺入, 以生成长读长。

长读长测序正迅速成为研究基因组复杂和重复区域、结构变异以及表观遗传异质性的热门工具。它特别适用于从头基因组组装、识别复杂转录本以及研究表观遗传修饰在某些疾病状态中的作用。对于那些研究较少表征生物的研究人员来说, 长读长测序尤其有益。

长读长测序应用

长读长测序技术在特定的研究或学科中可以带来许多好处, 其能够产生长而准确的读取数据的能力, 使基因组学研究者无论在何种研究应用中都可以获得重要的优势。

基因组组装

数据的长度和准确性确保了单个序列之间足够的重叠, 即使在高同源性区域, 也能使组装软件 (如hifiasm) 重建基因组, 减少错误和不确定区域的数量。

变异检测

跨越基因组大区域的能力使其能够在基因组范围内检测变异。NGS测序对于大的插入/缺失事件的发生通常难以检测, 而这是长读长测序的专业领域之一

表观遗传学研究

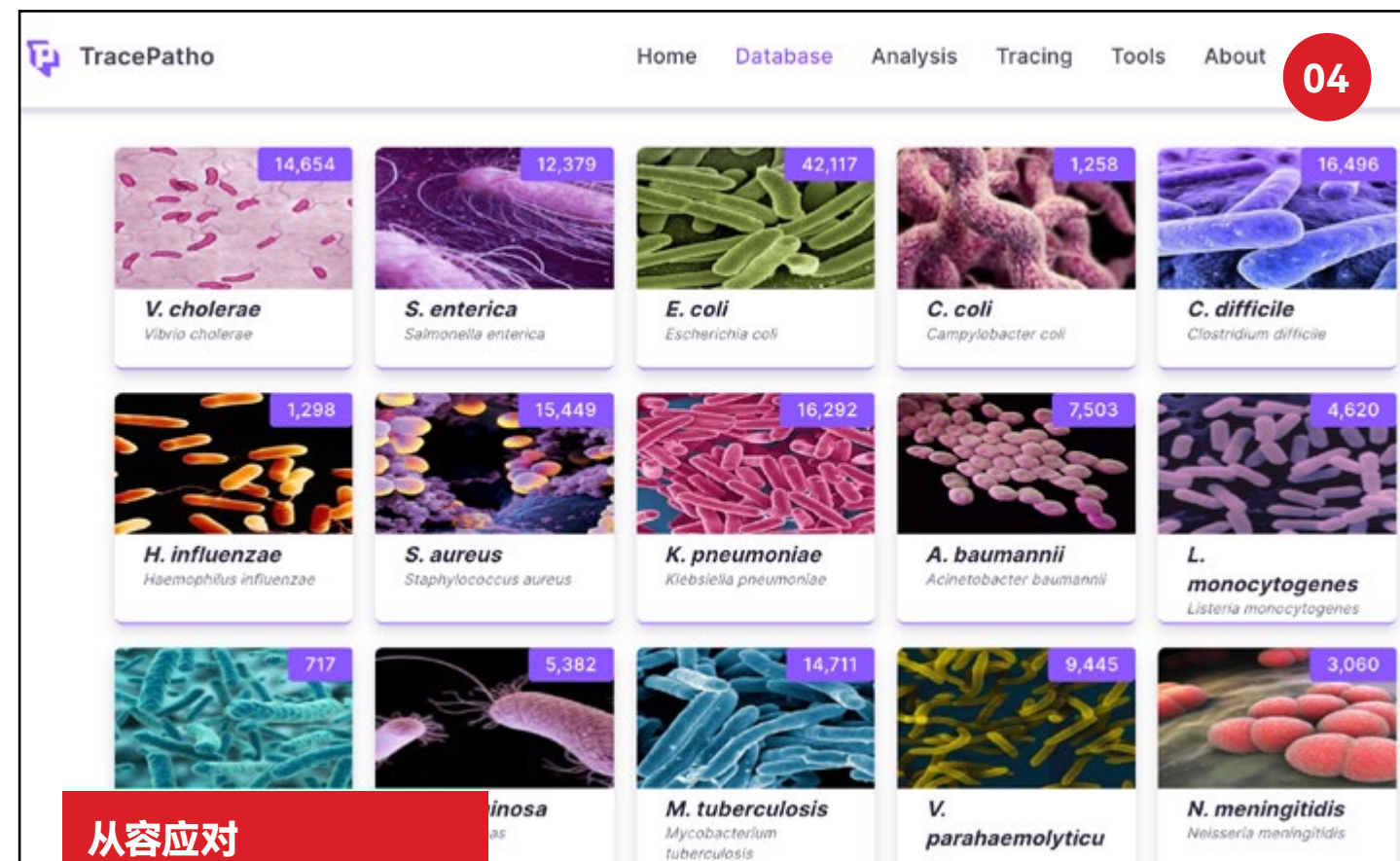
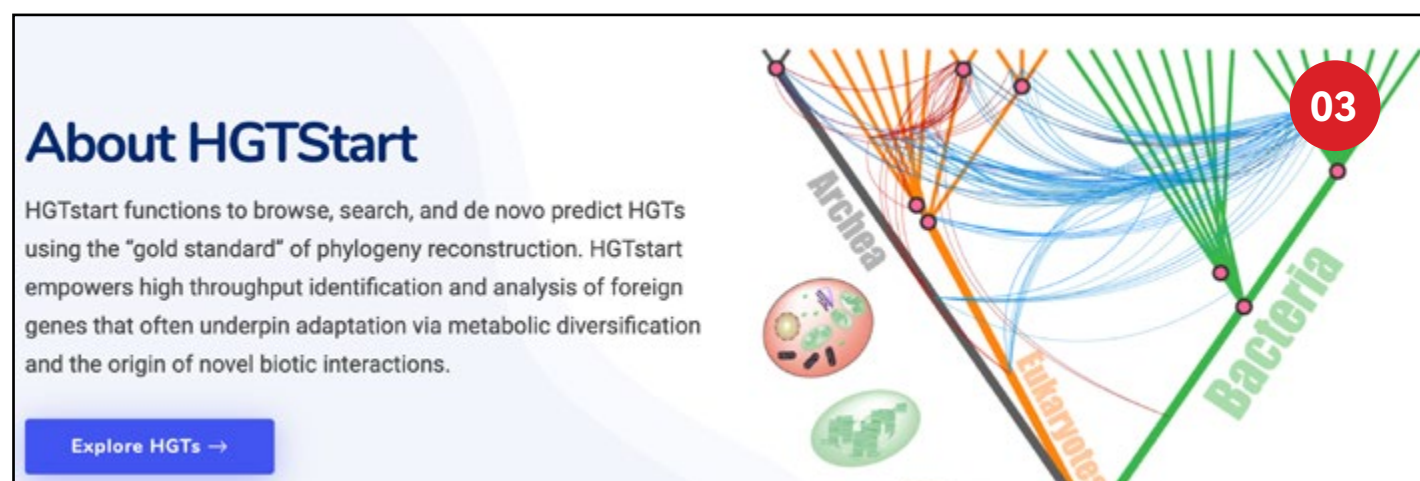
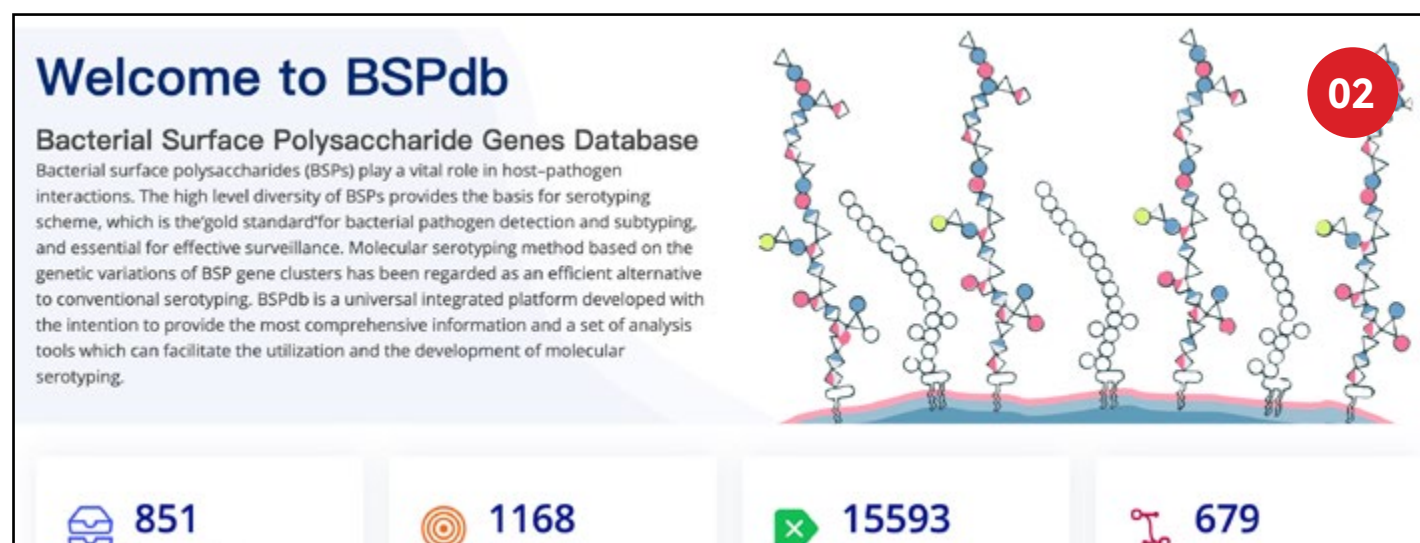
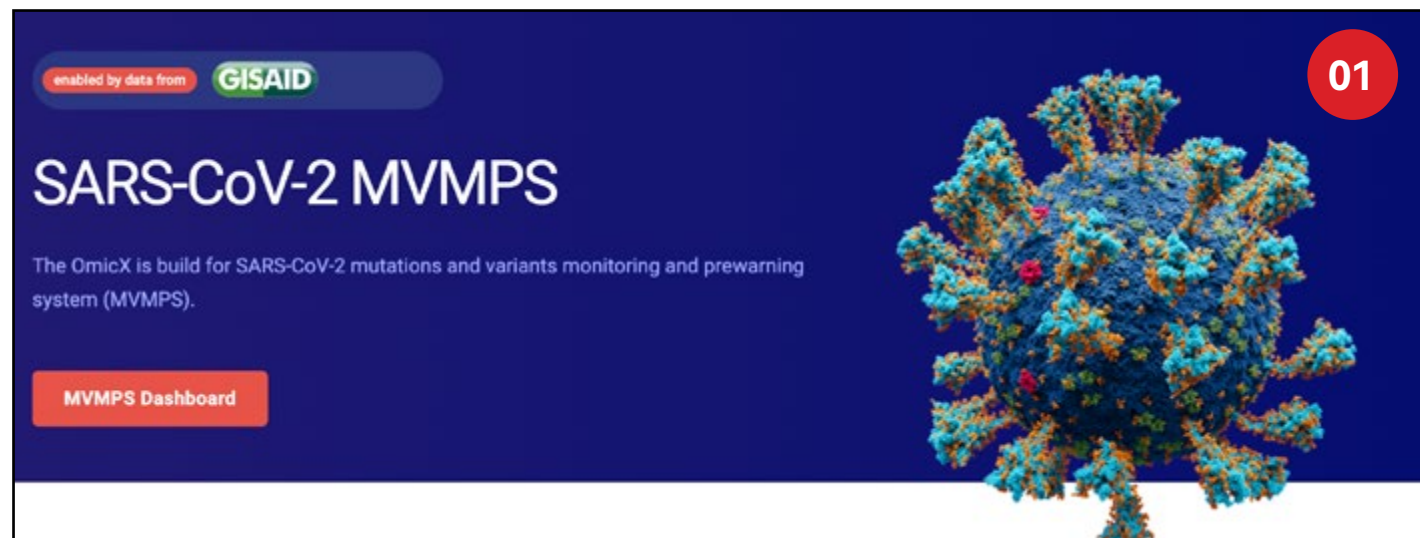
能够直接分析样品分子而无需扩增步骤, 这使得研究人员可以获取碱基修饰信息 (如甲基化) 以及传统的碱基识别数据。这为研究人员在人类和其他生物的基因表达遗传性变化方面提供了一系列新的可能性。

允思拓 (Uniteomics) 的科学家在三代测序技术领域拥有丰富的经验, 并且是首批提供长读长测序服务的公司之一, 服务内容包括从头组装、结构变异检测、靶向测序、(长) 扩增子测序或RNA测序。我们的科学家随时准备帮助您确定长读长测序项目的参数, 确保使用正确的应用来解答您的研究问题。

随着科学家们不断寻找涉及从生态系统功能到人类健康的各种生物学问题的答案, 需要越来越强大和复杂的基因组学工具变得越来越重要。对于以发现为导向的研究应用而言, 长读长测序和特别是HiFi测序在基因组分析的几乎每个方面都具有巨大的潜力。因此, 这些最先进的长读长测序技术引领基因组学探索新纪元的潜力, 已经不再只是一步之遥, 它已经到来。

数据库与网站开发

DATABASE/WEBSITE



从容应对

帮助客户开发了一系列基于Web浏览器的交互式便捷分析流程,帮助实验人员进行生信数据分析、样本数据管理与业务流程管理。让普通研究者可以通过一键式流程进行复杂的数据分析。

系统开发通过调研与评估、能力提升建议、系统实施三个阶段逐步推进。允思拓为您的科研数据提供足够安全的管理策略,保障私有数据安全。

01

SARS-COV2 MVMPS 新冠突变位点黑名单数据库

开发了新冠病毒自动化监测和预警系统 (MVMPS), 该系统生成的监测报告, 有13篇监测报告被中央办公厅单篇采用。

02

BSPDB细菌表面多糖基因数据库

BSPdb 是一个通用集成平台, 旨在提供最全面的信息和一系列分析工具, 以促进分子血清分型的利用和发展。

03

HGTSTART 横向转移基因数据库

一款基于系统发育重建的工具, 支持浏览、搜索和预测水平基因转移, 帮助研究基因转移在代谢多样化和生物相互作用中的适应性作用。

04

TRACEPATHO 致病菌溯源网

TracePatho平台是一个面向流行病学、临床和公共卫生研究的细菌全基因组分析工具, 是实现致病菌基因组的高效溯源、精确分型和规范化数据处理一体化解决方案。

「思大道于微观, 拓科学之疆界」不仅是我们的企业口号, 也是企业理念和愿景的精准概括深入微观世界, 探寻大道之源, 拓展科学边界, 创新无界可能。这不仅是我们企业的灵魂之音, 更是企业坚定前行的座右铭。我们坚信, 只有深入微观的细节, 才能更好地理解宏观的世界。只有拓展科学的疆界, 才能更好地服务人类的未来。

Explore Scientific Boundaries With Macro Insight



企业价值观

UO Values

— 「成人达己, 同进共赢」是允思拓的核心价值观。我们坚信与合作伙伴建立公正和互惠的合作关系是最重要的。同时, 我们也高度重视自身的社会责任和可持续发展, 为创造更美好的世界而努力。

— 科研服务

—允思拓肩负着推动科学进步和技术创新的重要使命。为了在激烈的竞争中脱颖而出, 我们以快速响应和目标驱动为核心精神, 为客户提供高效、精准的服务, 助力科研突破。

快速响应

无论是实验设计、数据分析还是技术咨询, 高效的沟通和执行力是允思拓赢得客户信任的关键

目标驱动

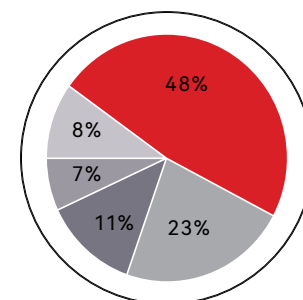
通过优化流程、引入先进技术和自动化工具, 允思拓帮助客户缩短实验周期, 加速科研成果的产出, 抢占科研先机



01 // 将人工智能 (AI) 技术与生物技术 (BT) 深度融合

02 // 为生命科学研究和精准医疗领域带来创新解决方案

03 // 持续为客户创造价值, 实现共同成长



技术驱动

允思拓是一家以技术驱动的生物科技公司, 拥有高素质的专业团队。其中, 48%的员工具有硕士及以上学历, 并具有生物信息专业背景。我们将持续探索、创新和优化, 不断拓展技术应用边界, 为生物技术和医学领域带来更广阔的可能性。

AI赋能

公司正积极探索AI赋能在致病菌智能预警和数据分析等新技术的发展机会, 目前已在内部系统接入DeepSeek, 待数据库信息完善后, 会逐步向客户提供智能化服务。我们坚信通过将AI技术与生物科技深度融合, 我们可以在医学诊断和生命科学领域创造更广阔的未来。为此, 我们致力于为全球科研机构、医学界和制药公司等提供高质量的技术支持和解决方案, 共同推动生物医学科学的进步和发展。

Partner

合作伙伴

YOU
YOU
YOU