

百迈客科技服务 选品单

■ 全基因组研究

○ 调研图Survey (动物/植物/细菌/真菌)

通过二代平台低深度测序分析,快速获得基因组大小/杂合度/重复序列比例等基本信息。为全基因组*de novo*测序策略提供依据。

○ 全基因组*Denovo* (动物/植物/细菌/真菌)

不依赖参考序列的情况下,基于三代平台进行基因组测序及拼接,绘制该物种的全基因组序列图谱并获得其基因结构与功能信息以及临床样本关键疾病靶点定位。

○ Hi-C辅助染色体挂载 (动物/植物/真菌)

基于染色质构象捕获技术,实现基因组染色体定位,构建染色体级别基因组。

○ 泛基因组 (动物/植物/细菌/真菌)

通过对某种物种中多个品种/品系/变种的基因组进行*denovo*,并进行非冗余基因集分析构建泛基因组,助于解析表型和性状的多样性。

○ T2T基因组 (动物/植物)

针对低杂物种,基于PacBio与Nanopore三代平台,构建端粒至端粒的无间隙完整基因组图谱。

○ 单倍型基因组 (动物/植物)

针对高杂物种,基于PacBio三代平台,构建二倍体两套同源染色体对的全面基因组图谱。

○ 全基因组甲基化 (动物/植物)

构建基因组图谱后,使用HiFi数据中的动力学信号进行5mC甲基化分析,了解全基因组水平的甲基化分布情况。

○ 比较基因组分析 (动物/植物/细菌/真菌)

通过对系统发育中的代表性物种之间的基因和基因家族的比较分析,构建系统发育图谱,揭示物种的进化和多样化的机制。

■ 群体功能定位

○ 全基因组重测序

通过二代或三代测序,与参考基因组比对获得大量的变异信息(SNP、InDel、SV、CNV等),快速获得大量分子标记用于动植物群体遗传研究,以及临床样本关键疾病靶点定位。

○ SLAF简化基因组测序

利用生物信息学寻找最合适的酶对基因组进行酶切,经高通量测序快速鉴定SNP变异信息,进行群体遗传研究,为百迈客专利技术。

○ BSA性状定位

针对目标性状,选择表型极端差异的亲本构建家系,通过对亲本和极端表型混池测序,快速对单一性状进行定位。

○ 遗传图谱

以染色体上多态性分子标记为基础,通过计算分子标记间重组率将分子标记相对位置和遗传距离表示出来的图谱,助力农艺性状基因定位。

○ GWAS (SNP/SV)

将全基因组的基因型与表型进行关联分析,定位与性状相关的SNP等标记与基因,用于分子标记辅助育种。

○ 遗传进化

基于群体变异位点信息,研究群体的遗传及其变化规律,解析群体的遗传结构、遗传多样性、基因交流情况、物种形成机制以及群体进化动态等生物学问题。

○ 核心种质

从种质资源中抽取一个核心子集,以最少数量的遗传资源代表整个群体的遗传多样性,提高种质库的管理和利用水平。

○ 指纹图谱

通过筛选物种核心SNP标记,构建DNA指纹图谱,有助于品种特异性和真实性鉴别。

○ 外显子组测序

靶向捕获全基因组外显子区域并检测外显子(多指编码蛋白基因)DNA序列变异,广泛用于与群体遗传学、遗传病和癌症研究等领域。

■ 转录调控挖掘

○ 二代真核转录组 (动物/植物/真菌)

基于Illumina/MGI/SURFSeq测序获得某物种特定状态下的转录本序列信息,对于有参考基因组物种既可对基因进行定量分析,又可对基因结构和产生的新转录本进行分析;无参对照组装拼接成的Unigene进行定量分析,并进行差异基因分析和功能注释等。

○ LncRNA测序 (动物/植物/真菌)

通过Illumina/MGI/SURFSeq测序平台并采用去rRNA链特异性建库方式获得LncRNA、mRNA和circRNA序列,结合mRNA测序数据,还可以同时对LncRNA及其靶基因进行分析。

○ Small RNA测序 (动物/植物)

通过Illumina测序获得miRNA序列,结合转录组测序数据进行联合分析,可以同时分析miRNA及其靶基因。

○ ONT全长转录组 (动物/植物/真菌)

基于Nanopore三代测序获得某物种特定状态下的全长转录本序列,即可同时对基因和转录本精准定量和分析,又可进行结构变异研究。

○ PB串联文库全长转录组 (动物/植物/真菌)

基于Pacbio Kinnex建库试剂盒进行串联文库构建,并基于Pacbio Revio测序平台测序,测序饱和度更高,可结合二代数据进行定量分析。

○ 全转录组 (动物/植物)

针对有参考基因组物种,基于Illumina测序同时获得mRNA、LncRNA、circRNA、miRNA序列信息。通过ceRNA整合分析,探究其潜在的调控网络机制。

○ Hi-C互作 (动物/植物/真菌)

基于染色质构象捕获技术,揭示染色体片段间的交互作用,阐述染色体三维构象。

○ ATAC (动物/植物/真菌)

针对有参考基因组物种,利用DNA转座酶研究识别出开放染色质区域,并测序捕获调控序列的信息。

○ 全基因组甲基化测序(WGBS)

将重亚硫酸盐(Bisulfite)处理和高通量测序技术相结合,对有参考基因组的物种进行全基因组范围、单碱基分辨率的甲基化测序技术。

微生物群落

二代微生物多样性 (16S/ITS/18S/功能基因)

通过PE250测序及双端拼接,快速获得环境样本的菌群结构,分辨率达“属水平”。

全长微生物多样性 (16S/ITS/18S 全长)

通过三代PacBio HiFi全长测序,单碱基准确性达99%,无需拼接,分辨率可达“种水平”,更真实还原菌群结构。

理化指标检测

可以对土壤、水体、动植物相关指标进行检测,并可以和测序数据进行联合分析。

微生物绝对定量 (二代/全长)

基于二代/三代测序,在还原菌群结构的同时,得到样本真实的微生物载量。解析微生物含量与环境变化内在联系。

二代宏基因组

通过二代测序,同时得到细菌、真菌种群结构与功能信息,分辨率超“种水平”。

ONT/PB宏基因组

通过二代和三代ONT/PB测序,跨越复杂基因结构,组装更高质量宏基因组,使得基因结构更完整,物种及功能基因预测精准度更高。

Binning分箱 (二代/三代宏基因组)

解析样品中不可分离培养微生物,获得单菌基因组草图;结合ONT/PB宏基因组可获得近完成图水平基因组,进一步定位样品中有重要作用的功能菌。

荧光定量qPCR

通过绝对定量或者相对定量的方法对待测样品中的特定DNA序列进行定量分析。

宏转录组

是特定时期,环境样本、组织样本中所有微生物的RNA(转录本)的集合。

原核转录组

在原核有机体中,获取转录产物的测序,是在细胞中测定所有正在发生转录的RNA的一种技术。

百迈客云平台

项目分析+个性化调整

25+分析平台、100+款工具,覆盖各种组学分析,一键式操作获得报告。可自定义调整参数,界面式数据挖掘,结果图片随心调整,百分百私人订制。

私有云

把百迈客云的功能搬进自己的实验室,部署在自己的服务器上,让团队里的人快速变身生信达人。

物种数据库

量身定制的针对物种基因组学数据的存储、管理、查询、分析的平台,共享研究成果,树立科研标杆。

生信课堂

生信入门、高阶分析、文章思路、技术原理等百余课程在线学习,随时随地为知识充电。

代谢蛋白组学

定性蛋白质组学

基于LC-MS/MS蛋白鉴定技术对胶条样本(即SDS-PAGE样本)、IP、co-IP、pull down等复杂样本进行蛋白鉴定。

定量蛋白质组学

基于LC-MS/MS对生物样本的蛋白进行定性和定量分析, label-free、TMT、DIA、direct DIA、PRM、4D-label free、4D-DIA、Astral等蛋白组学方法。

修饰蛋白质组学

基于LC-MS对翻译后修饰的蛋白质进行检测分析,包括泛素化、糖基化、磷酸化、乙酰化等。

非靶向代谢组学

基于LC-MS/GC-MS,无偏向、尽可能多地检测细胞、组织、器官或体液等生物样本内所有小分子代谢物,对代谢物进行差异分析。

靶向代谢组学

针对几种目标化合物或某条通路上涉及的全部或部分代谢物,利用标准品,构建特异性强、灵敏度高、重复性好的检测方法,对目标化合物进行定量与分析。

广泛靶向代谢组学

整合了非靶向和靶向检测技术优点的新型代谢组检测技术,具有高通量、高灵敏、广覆盖、相对定量检测代谢物的技术优势。

脂质组学

基于液质联用技术(LC-MS),无偏向性、尽可能多的检测细胞、组织、器官或体液等生物样本内所有脂质分子,并进行统计分析筛选差异脂质。

空间代谢组

Bruker tims-TOF FLEX MALDI 2平台将质谱平台与成像软件相结合,开展生物组织中代谢物成像与原位分析,最高可实现5um亚细胞级空间分辨率。

建库测序

二代建库测序(Illumina/MGI/SURF)

二代纯测序(Illumina/MGI/SURF)

PacBio三代测序

Nanopore测序 (8k/20k文库/cDNA文库)

Nanopore超长测序 (50k/100k/150k文库)

单细胞空间多组学

百创DG1000单细胞(核)转录组

基于百创DG1000平台实现高通量的细胞(核)捕获,从而获得单个细胞(核)的3'端转录组信息。

10x单细胞(核)平台

基于10x Genomics平台实现高通量的细胞捕获,产品包括单细胞(核)转录组、单细胞免疫组库以及单细胞ATAC。其中,单细胞免疫组库可助深入研究T/B细胞免疫响应,单细胞ATAC可用于绘制细胞水平上的表现动态。

百创S空间系列

百创S空间系列结合了微孔和原位捕获技术,实现在亚细胞分辨率原位捕获异位测序。产品包括百创S系列空间转录组以及百创S3000-V(D)J,可精准获取3'端转录组、或3'端转录组&TCR/BCR全长转录本在空间原位表达的信息。芯片面积有三种规格6.8*6.8mm, 11*11mm, 15*20mm,并支持其他尺寸芯片定制。最高分辨率3.5um,支持原片荧光+原片H&E染色+原片表达测序,进行细胞分割。

百创空间ATAC

百创空间ATAC技术在百创S空间系列基础上开发而来,可在亚细胞分辨率获取切片原位3'端转录组及邻片染色质可及性信息。芯片面积6.8*6.8mm,最高分辨率3.5um,支持原片荧光+原片H&E染色+原片表达测序,进行细胞分割。

百创RNA原位荧光检测ISSeq

百创ISSeq技术基于锁式探针,荧光探针及滚环扩增技术,靶向捕获1~10目标基因的RNA,以滚环扩增产物为媒介,进而在组织或细胞原位对RNA实现原位荧光显色,可作为可靠的验证性实验技术手段。

多组学联合

代谢组学+微生物组学

采用二代微生物多样性/宏基因组手段对微生物进行研究,并结合代谢组检测,对微生物作用和功能进行系统的研究。

代谢组学+转录组学

结合转录组和代谢组技术,建立不同层次分子间数据关系;结合功能分析、代谢通路富集、分子互作等生物功能分析,系统全面地解析生物分子功能和调控机制。

代谢组学+蛋白质组学

基于代谢组学和蛋白质组学技术对生物样本进行研究,系统全面地解析生物分子功能和调控机制,筛选重点生物通路或者基因、代谢产物及蛋白酶等进行后续深入研究与应用。

多组学(代谢组学+转录组学+微生物组学+蛋白质组学)

不同组学水平的数据整合进行关联分析,不同纬度阐明生物体细胞生命过程,获取从细胞到个体的动态变化情况,助力研究物种复杂性状的调控与遗传机制。

CONTACT
US

☎ 400-600-3186
🌐 www.biomarker.com.cn

✉ tech@biomarker.com.cn
📍 北京市顺义区南法信府前街12号顺捷大厦A座6层



扫码关注
百迈客