



百迈客微生物能做什么？

演讲人：郑莉

演讲时间：20240619

目录

目录
CONTENT



微生物组研究概述

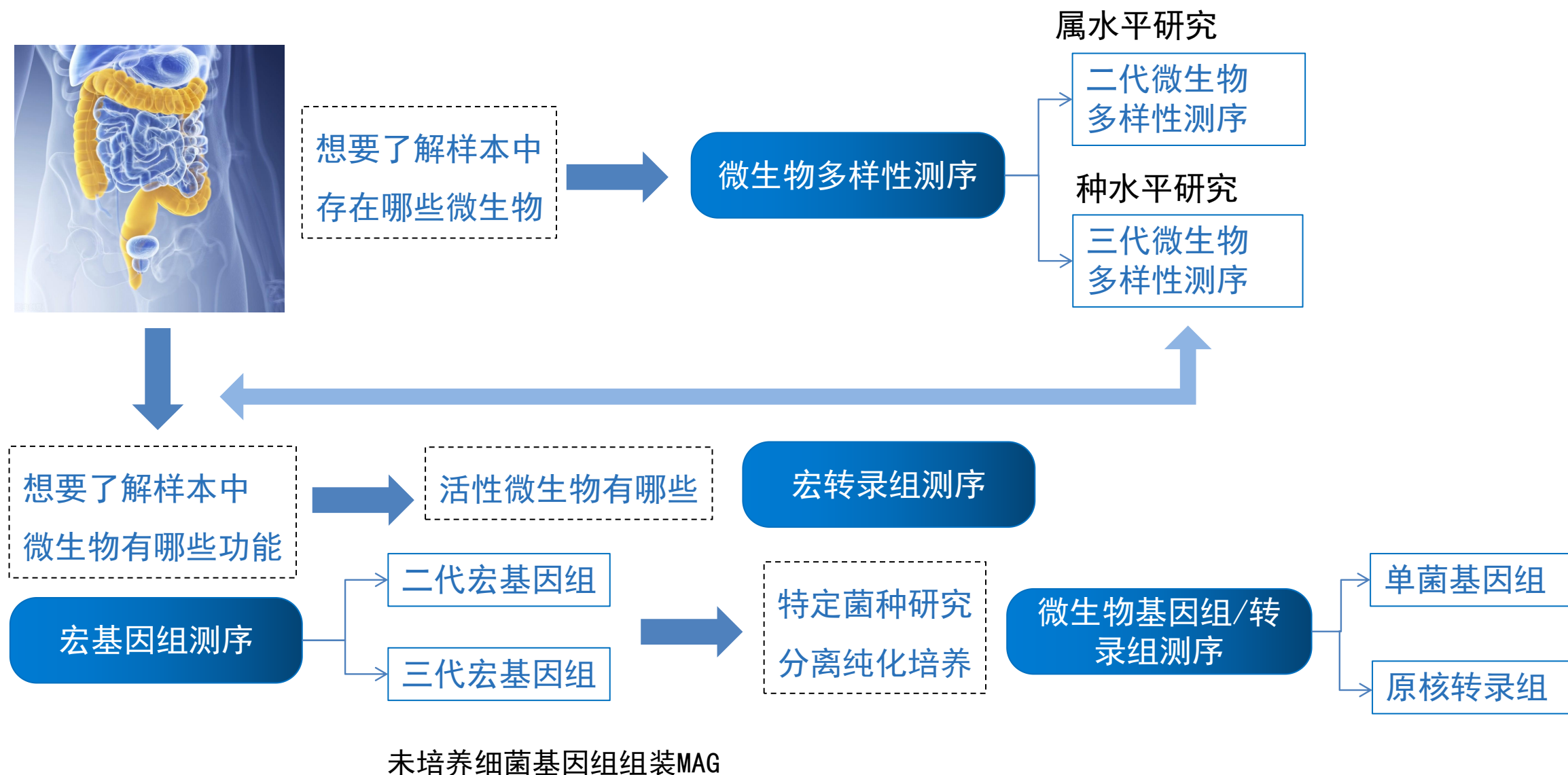


百迈客微生物产品介绍



注意事项

微生物组研究目的场景与对应技术方法



目录

目录
CONTENT



微生物组研究概述



百迈客微生物产品介绍



注意事项

百迈客微生物产品-DNA维度

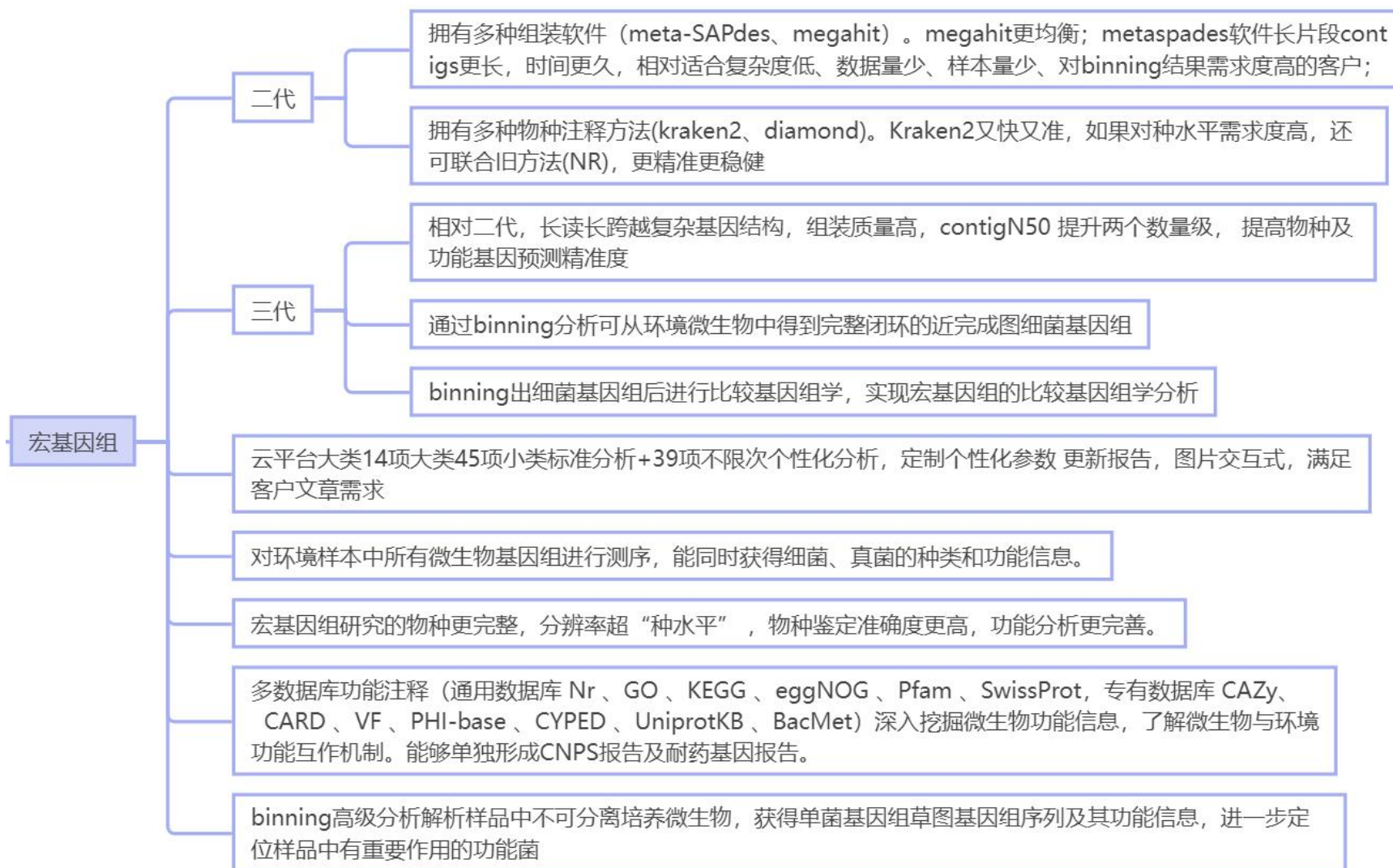
研究方向	名称	测序技术	规格	主要应用方向及指标
环境微生物研究 (水体, 土壤, 粪便等) 不可分离培养	微生物多样性	Novaseq PE250	5万/10万/30万tags	样本中微生物组成及丰度 (二代属水平, 三代种水平)
	全长微生物多样性	PacBio CCS测序模式	5千/1万/2万/5万 CCS	
	二代宏基因组	Novaseq PE150	6G/10G/20G	样本中微生物组成及丰度 功能组成和功能丰度
	ONT/PB宏基因组	Nanopore PromethION	6G/10G/20G	
微生物基因组研究 (酵母, 蘑菇, 菌体, 培养基) 可分离培养	细菌完成图	PacBio/Nanopore	PacBio HiFi 30X+Illumina 50X (可选) Illumina 50X(必选) + ONT 100X	新分离培养菌株, 参考基因组构建 细菌De novo, 组装出完整基因组 0 Gap
	细菌框架图	Novaseq PE150	Illumina 100x	扫描图/草图(draft genome) 承诺测序深度
	真菌框架图	Novaseq PE150	Illumina 100x	
	真菌精细图	Illumina+Pacbio/ Nanopore	Pacbio HiFi 30X+Illumina 50X ONT100X+Illumina 50X	contig N50 ≥1Mb (Pacbio 单核) contig N50 ≥2Mb (ONT 单核) contig N50 ≥500kb (多核)
	真菌近完成图	Illumina+Pacbio/Nanopore+Hic	Illumina 50X + ONT 100X (Pacbio HiFi 30X) + Hi-C100X	染色体挂载率90% 染色体水平基因组

研究方向	名称	测序技术	规格	主要应用方向及指标
环境微生物研究 (水体, 土壤, 粪便等) 不可分离培养	宏转录组	Novaseq PE150	6G/10G/20G	样本中有活性微生物组成及丰度
微生物转录组研究 (酵母, 蘑菇, 菌体, 培养基) 可分离培养	原核转录组	Novaseq PE150	2G	研究细菌转录表达 需有参考基因组
	互作转录组	Novaseq PE150	2G	研究原核-真核/原核-原核/真核-真核转录 互作
病毒相关 (DNA/RNA) (环境样本: 肠道内容物、粪便、土壤)	宏病毒组	Novaseq PE150	10G/20G	研究环境样本中的病毒组成

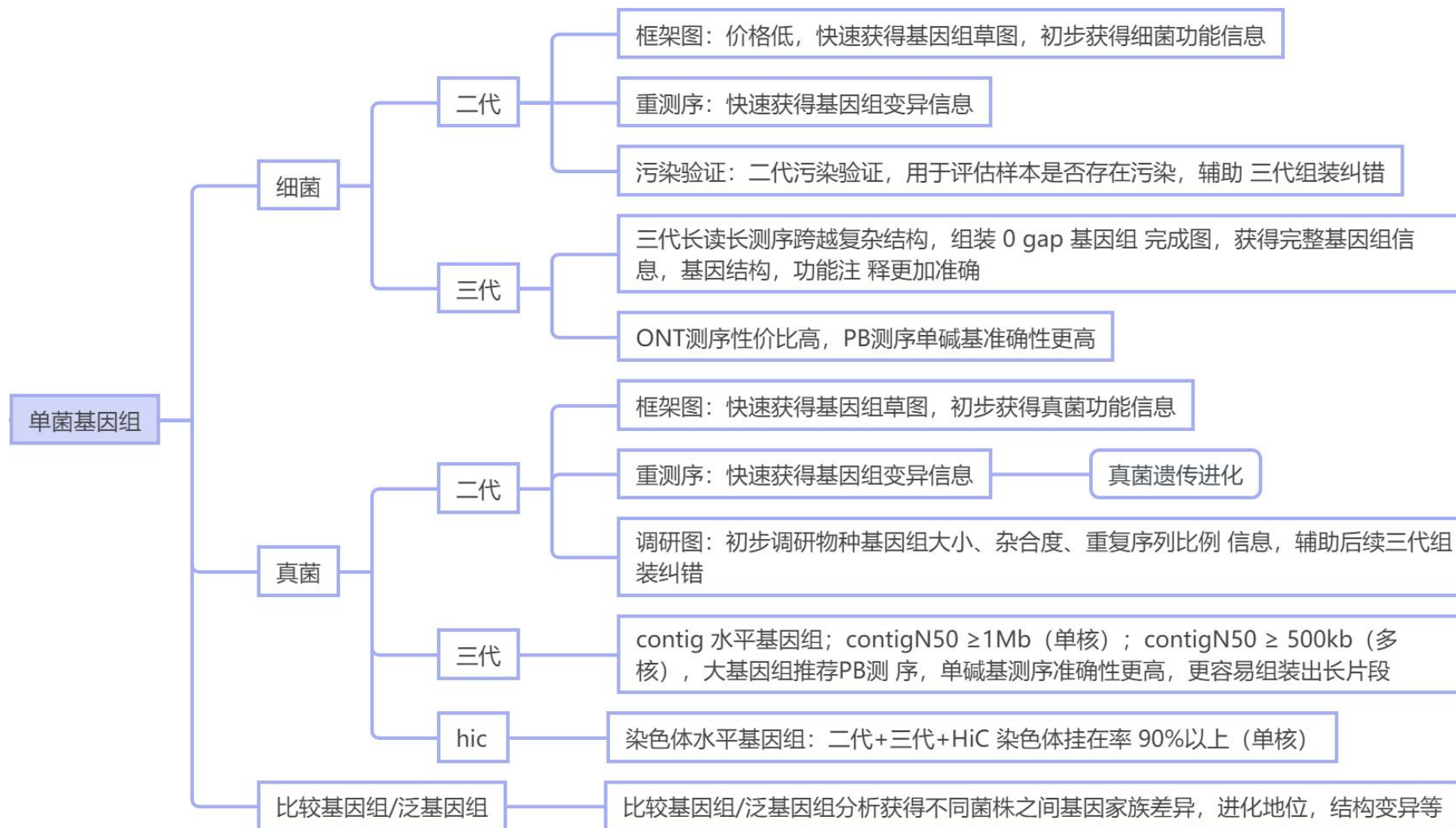
百迈客微生物产品-多样性



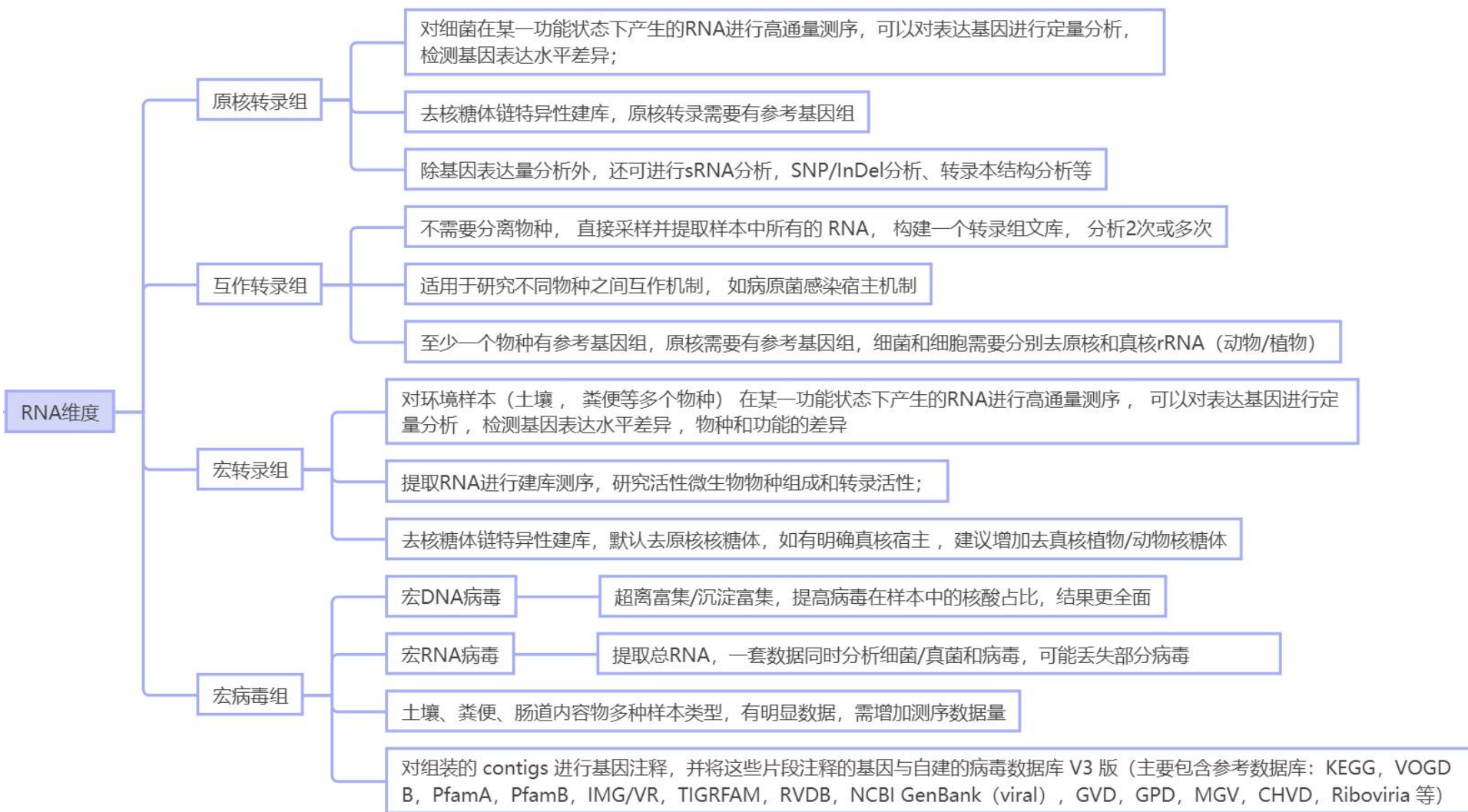
百迈客微生物产品-宏基因组



百迈客微生物产品-单菌基因组



百迈客微生物产品-RNA维度



目录

目录
CONTENT



微生物组研究概述



百迈客微生物产品介绍



注意事项

百迈客微生物产品-常见得FAQ-扩增子/宏基因组

1、内生菌可以做全长多样性吗？

- 1) 目前内生菌引物为规避线粒体和叶绿体，对引物序列进行了调整，但仅针对二代引物
- 2) 全长引物无法避免扩增到宿主序列

2、宏基因组可以和代谢联合分析吗？

可以

3、16s可以和宏基因组做联合分析吗？

- 1) 16s和宏基因组测序原理不一致，16s基因扩增子测序技术，宏基因组为DNA打断测序，两种技术得到的物种组成会有一定偏差，无法联合分析
- 2) 文章一般可通过micropita分析，运用16s测序的数据进行样本挑选，可选代表性样本，或者极端样本进行宏基因组测序。

4、宏基因组若带为明显宿主组织样本需沟通好风险再下单，如各类组织，唾液，肿瘤等，宿主占比最高可以达90%以上，如果需要使用去宿主试剂盒，需要额外收费

百迈客微生物产品-常见得FAQ-单菌基因组

1、细菌不做污染验证行不行？

细菌污染验证二代数据不仅仅用于判断细菌有没有污染和鉴定物种，还用于三代组装纠错，特别是针对ONT数据的组装纠错。如果客户不愿意做污染验证的话，如果样本存在污染，实验端无法定位准确原因：是客户样本还是实验引入，所以如果客户坚持不做污染验证的话，建议选择 PB测序，并且在送测之前做过一代鉴定，或者确信该样本是纯菌不存在杂菌污染，否则无法预估最终的结果准确性。

2、细菌污染验证和框架图的区别？

细菌污染验证和框架图，可以看做是同一套实验流程，不同的分析流程，它们实验阶段是完全一致的，只是下机后数据分析的流程不同，因此两个数据可以共用。

3、真菌污染验证是什么？能不能用来鉴定真菌种类？

真菌不是叫污染验证，真菌是叫调研图分析，真菌调研图和真菌框架图也是同一套实验流程，不同的分析流程，调研图主要作用是用来预估基因组大小、重复序列、杂合度，这些指标是影响后续三代基因组组装的重要因素，基因组越大、重复序列比例越高、杂合度越高，组装越困难，具体就体现在 组装contig更碎， contigN50等指标更低。

真菌二代调研图无法用来鉴定真菌种类，和细菌不同，由于NT库对于细菌的物种信息收录较为齐全，因此我们可以根据NT库比对结果来鉴定细菌种类，但是真菌不同，现在很多真菌信息是没有收录在数据库中的，因此不能直接将数据库比对结果作为物种鉴定结果，这里的污染评估 指的是有没有外源序列污染，比如较大比例比对到细菌、植物、动物等亲缘关系较远的物种。所以真菌是无法使用调研图或者三代测序来对其菌种进行具体鉴定的，鉴定菌种首选一代测序，如果老师确实还是想做，可以根据简单组装预测的ITS序列进行比对，但是二代测序的短读长特性，导致ITS序列是有可能组装预测不出来的，所以不推荐。

百迈客微生物产品-常见得FAQ-RNA维度

1、某个菌能不能做原核转录组，可能风险点有哪些？

- 1) 有没有可用的基因组（基因组序列fa和gtf注释文件齐全）
- 2) 菌有没有传染性，三类可以送菌体，二类传染性可以送提取好的RNA，
- 3) 特殊处理：目前铁处理的菌不好提取
- 4) 放线菌，古菌类（提取和去除核糖体效率较差）

2、宏转录组的应用方向

- 1) 做16S和宏基因组的都可以推荐宏转录组
- 2) 关注活性菌群/基因表达

3、什么时候需要加大测序数据量？

- 1) 肠道内容物样品、共生组织样品、植物内生菌样本做宏转录组，宿主污染，数据量需要加大；通常建议加大到20Gb-30Gb
- 2) 互作转录组：原核-原核互作：4-6G 原核-真核/真核-真核互作：10G以上

4、默认去细菌核糖体，如有明确真核宿主，建议增加去真核植物/动物核糖体，如动物粪便或肠道内容物：建议去原核+去动物核糖体，种植过植物的土壤：建议去原核+去植物核糖体，额外增加去核糖体试剂盒需要加收试剂盒费



谢谢观看

“ 北京百迈客生物
科技有限公司 ”

科技服务

群体遗传学
基因组学
单细胞组学
表观遗传学
转录组学
微生物组学
质谱检测
生物云平台

基因分析平台

公共数据库
文献数据库
工具集
文献解读
智能制造

智能制造

百创S1000
百创DG1000
PCR试剂盒
DNA提取试剂盒
RNA提取试剂盒



北京百迈客生物科技有限公司
地址：北京市顺义区南法信
府前街12号顺捷大厦A座6层
邮箱：tech@biomarker.com.cn
电话：400-600-3186