

安升达依托于二代及三代测序技术提供完整的转录组测序解决方案,针对不同长度、不同类型的RNA(mRNA、miRNA、lncRNA、circRNA等)进行分析,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。

产品类型

产品类型	服务介绍	推荐数据量
真核生物转录组测序	研究真核生物特定组织或细胞在某个时期转录出来的所有mRNA,可以对样品中的mRNA序列进行全面的定量和分析。根据参考基因组的有无,分为有参转录组测序和无参转录组测序	有参考物种:不低于6G PF data 无参考物种:不低于8G PF data
原核生物转录组测序	通过构建链特异性文库,研究原核生物在某个时期转录出来的所有mRNA,可完成有参转录组和无参转录组测序分析工作	有参物种:不低于2G PF data,推荐4G PF data 无参物种:不低于4G PF data,推荐6G PF data
LncRNA测序	LncRNA是一类长度大于200nt的非编码RNA,在表观修饰、转录调控以及转录后调控层面调控基因的表达方面具有重要作用。利用高通量测序技术,可鉴定已知lncRNA并预测新的 lncRNA及其靶标	不低于10G PF data,推荐 16-20G PF data
真核Small RNA测序	研究某一物种特定组织在特定状态下的所有已知小RNA,并发现新的、该物种特有的小RNA及其靶标,为小RNA功能研究及该物种的基因调控机制研究提供有力工具	不低于10 M reads,推荐20-40 M reads
全转录组测序	分析特定细胞在特定状态下所有转录产物的集合,包括mRNA和非编码RNA(主要是具有调控作用的small RNA, lncRNA和circRNA),深入探究生命现象背后的转录调控问题	推荐:LncRNA:12 Gb Small RNA:20M reads
全长转录组测序	利用PacBio Sequel三代测序平台进行全长转录组测序,由于其超长读长可获得mRNA全长序列及完整结构信息	推荐不低于8Gb data

安升达测序平台



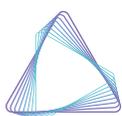
ILLUMINA® NOVASeq™/HiSeq®



PACBIO® SEQUEL®

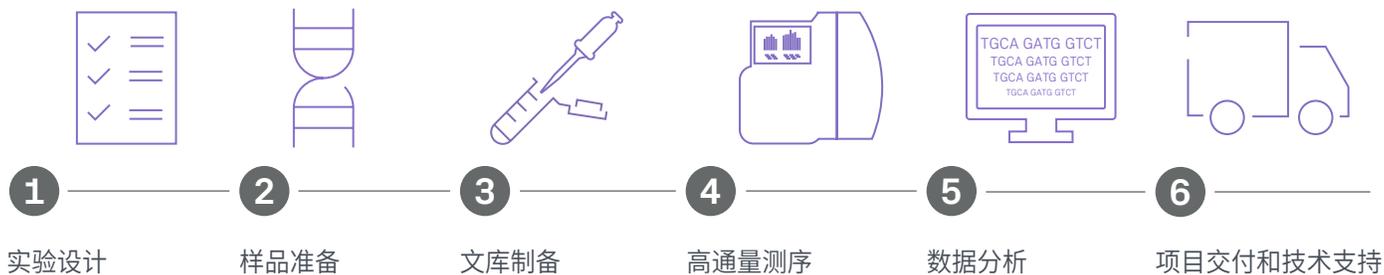


10X GENOMICS® CHROMIUM™



AZENTA 安升达
LIFE SCIENCES

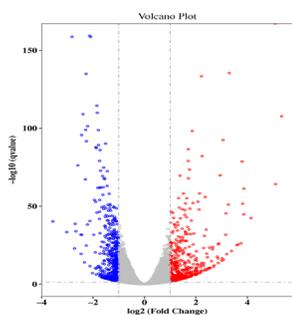
高通量测序服务流程



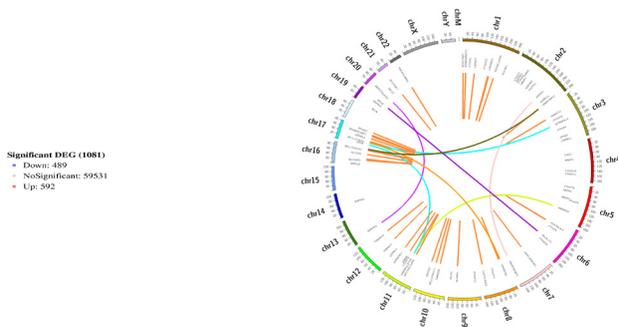
安升达服务优势

- 测序平台全覆盖, Illumina、PacBio、MGI、10X Genomics满足不同测序需求
- 项目经验丰富, 发表文章350余篇, 累计影响因子1900+
- 自动化平台提供高性价比的服务, 标准/定制化/超快速服务满足不同项目需求
- 硕/博士级技术支持提供免费的技术咨询, 邮件/微信/电话全渠道售后服务

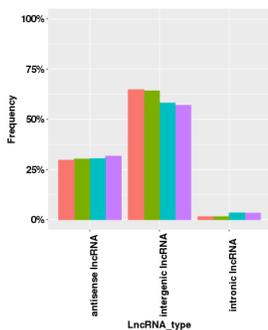
部分结果展示



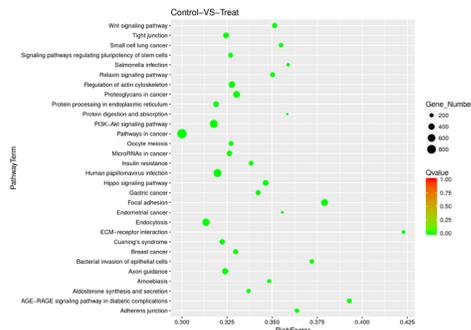
差异基因火山图



基因融合分析

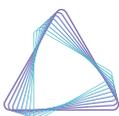


LncRNA种类的分布



KEGG富集分析

更多详细信息可咨询 Enews.China@azenta.com



AZENTA 安升达
LIFE SCIENCES

400-8100-669