

荧光定量 PCR 检测技术服务

目录号	收费标准
JS	询价

服务项目

- 定性分析
- 绝对定量
- 相对定量 (mRNA 表达量分析)

检测方法

- SYBR Green I 嵌合荧光法
- TaqMan 探针法

荧光定量 PCR 装置

- ABI Prism 7500
- Roche LightCycler2.0
- 其他

技术服务特点

- 专业化的研发实验人员, 先进的仪器设备。
- 采用自主研发的试剂, 实验操作经验丰富。
- 实验结果真实可靠, 重复性高。

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 (mRNA 表达量分析)

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 mRNA 表达量情况。内参基因通常选用 β -actin 或 GAPDH。通过同时对内参基因的实时检测, 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 mRNA 表达量进行分析的目的。

服务流程



相关注意事项

- 客户提供的样品可以为组织、细胞、血液、DNA 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，实验室已有的内参包括人 β-actin 和 GAPDH，上述内参引物免费。Taqman 探针法内参探针需要收费。

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 (20 μg)；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。

联系方式

免费咨询 电话：800-990-6057, 400-810-6057
 技术服务 邮箱：people@tiangen.com
 技术支持 电话：010-59822661/2665

转录调控组学

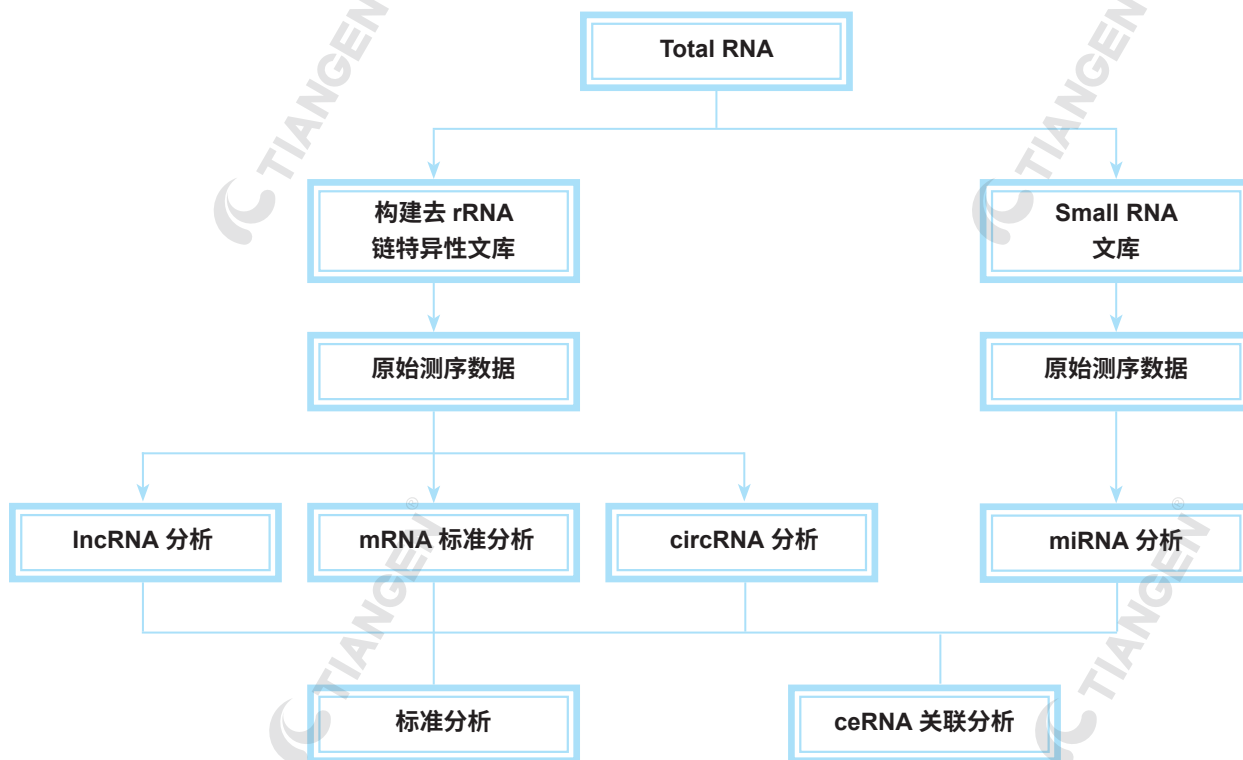
产品简介

- 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几乎所有转录本序列信息，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



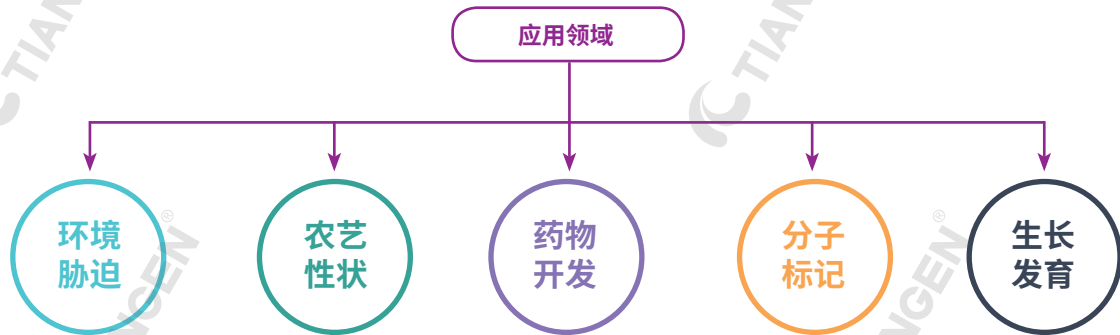
技术流程



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

	核酸	总量	浓度	纯度	保存	运输
真核转录组	Total RNA	>1 µg	>50 ng/µl	OD ₂₆₀ /OD ₂₈₀ =1.9~2.1	-80℃冰箱	干冰
lncRNA 测序	Total RNA	>2 µg	>50 ng/µl	OD ₂₆₀ /OD ₂₈₀ =1.9~2.1	-80℃冰箱	干冰
small RNA 测序	Total RNA	>2 µg	>50 ng/µl	OD ₂₆₀ /OD ₂₈₀ =1.9~2.1	-80℃冰箱	干冰
circRNA 测序	Total RNA	>3 µg	>50 ng/µl	OD ₂₆₀ /OD ₂₈₀ =1.9~2.1	-80℃冰箱	干冰
全转录组	Total RNA	>5 µg	>50 ng/µl	OD ₂₆₀ /OD ₂₈₀ =1.9~2.1	-80℃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	1g
动物组织	1g
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。

微生物组学测序服务

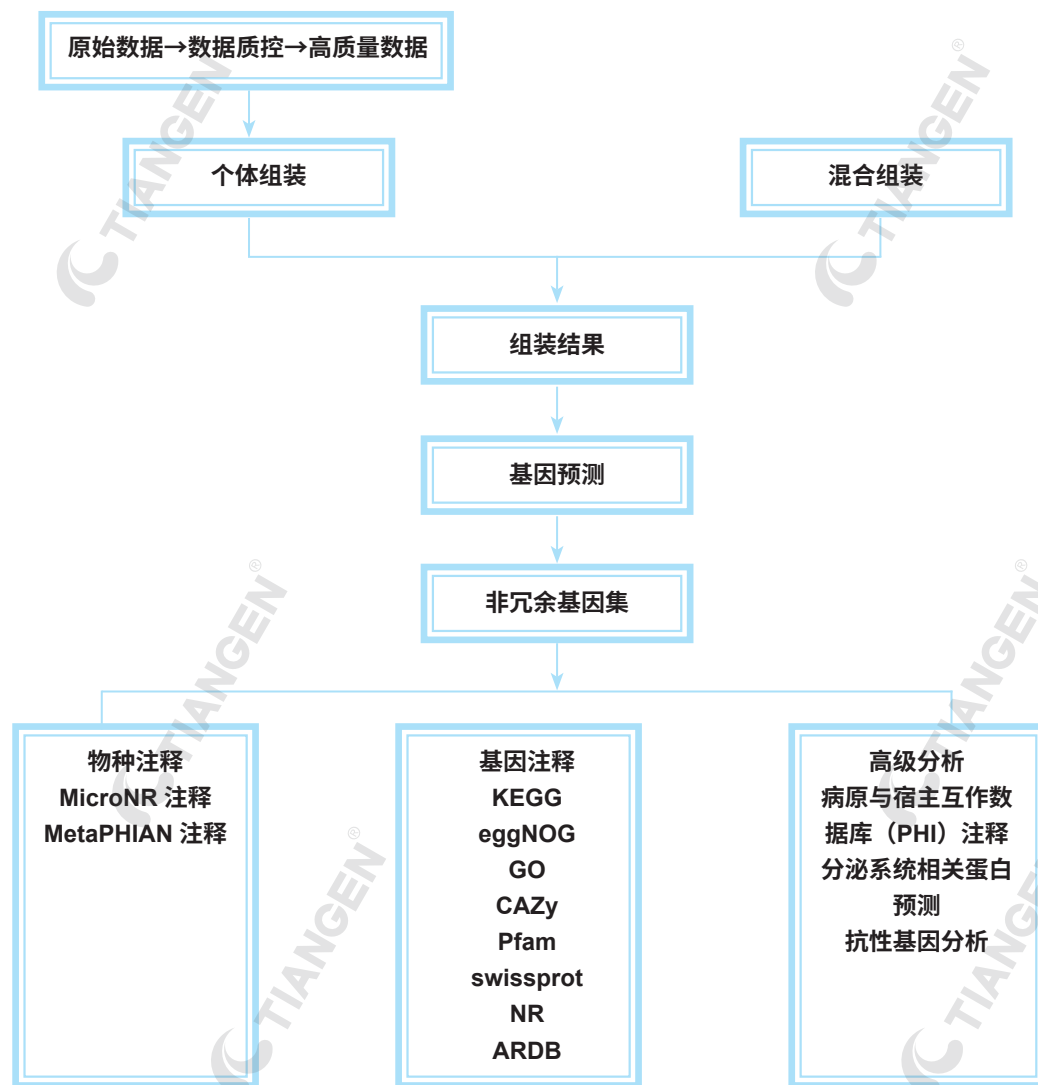
产品简介

- 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



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 Novaseq6000	6/10Gb	45 天	meta 文库 (350 bp)
16S/18S/ITS 扩增子	PE250	Illumina Novaseq6000	4W reads	40 天	PCR free 文库
单菌基因组完成图		PacBio/Nanopore	1Gb	45 天	10 kb 文库
宏转录组	PE150	Illumina Novaseq6000	4 ~ 10Gb	45 天	去核糖体链特异性文库
原核转录组	PE150	Illumina Novaseq6000	1 ~ 2Gb	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 / 无活性的全部微生物组成；
- 针对各类环境样本都有成熟的提取方案；
- 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

	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 为什么扩增子和宏基因组项目进行混合组装？

A 首先，单样品进行组装，选取最适 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。

基因组测序服务

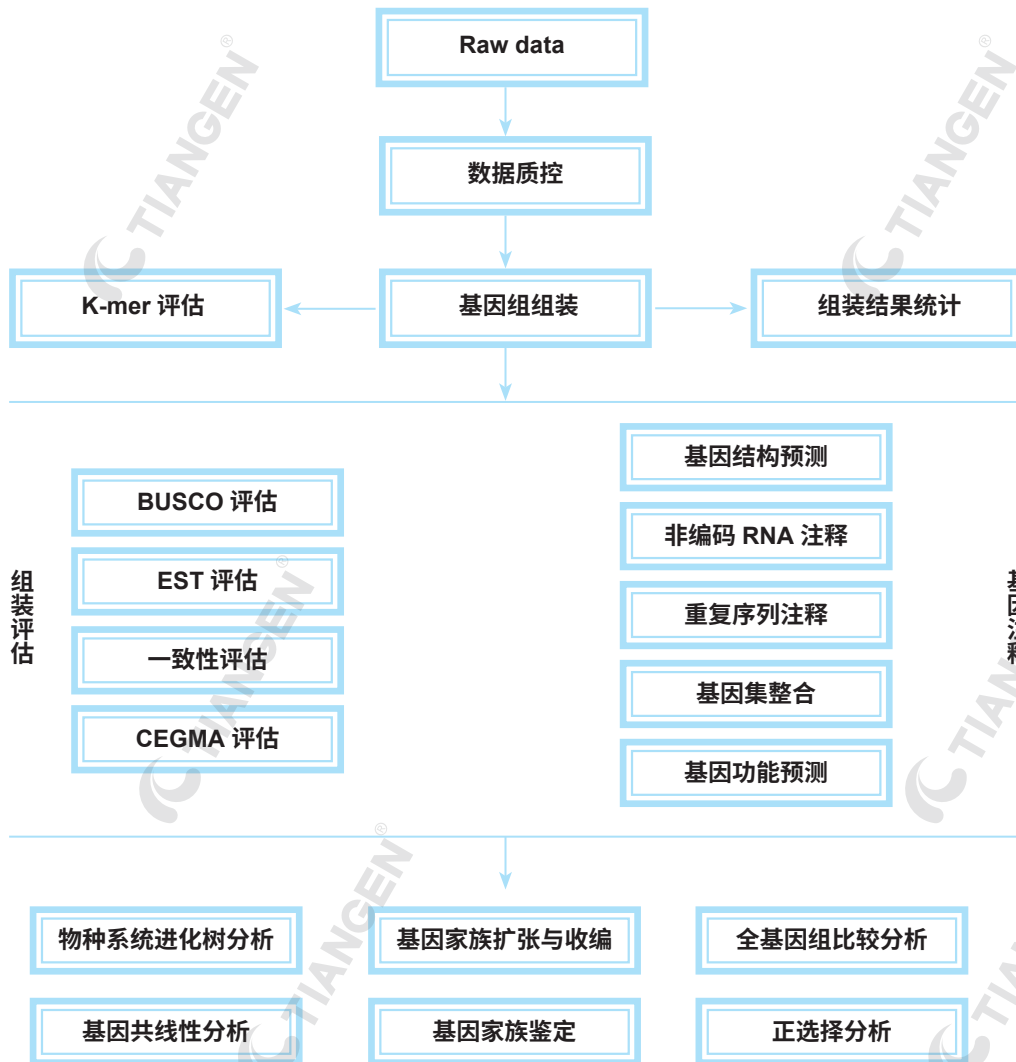
产品简介

■ 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



优势

- 私人定制方案：二代、三代、10x Genomics 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 >1 μg ，浓度 >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 >8 μg ； 浓度 >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 μg
Nanopore	DNA 总量 >10 ng 浓度 >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。

NGS 服务产品列表

转录调控	有参转录组
	无参转录组
	lncRNA 测序
	Small RNA 测序
	circRNA 测序
	全长转录组测序
	全转录组测序
微生物	宏基因组
	16S/18S/ITS 扩增子
	单菌基因组完成图
	宏转录组
	原核转录组
基因组	基因组 <i>de novo</i>
	BSA 性状定位
	遗传图谱
	GWAS 全基因组关联分析
	群体进化
	人重测序
	全外显子
单细胞	单细胞转录组
	海量单细胞
	单细胞基因组
蛋白代谢	非靶标代谢
	靶标代谢
	脂质组
	label-free 蛋白组
	TMT 蛋白组
	定性蛋白
表观遗传	DNA 甲基化
	RNA 甲基化
	全转录组甲基化
特色项目	ATAC-seq
	CRISPER 编辑筛选