

# 微生物组测序

## 利用基因组测序和分析技术深入了解微生物组

微生物组测序技术是药物发现中颇有价值的工具，可洞悉复杂的微生物群落情况。选择我们的微生物组测序服务，您可享受以下优势：

- **多种服务选项：** 我们提供多种综合的微生物组测序分析方法。
- **出色的数据质量和先进的技术平台：** 我们的服务利用Illumina NovaSeq和PacBio平台，确保准确、高质量测序，为微生物组综合分析提供支持。
- **专业数据分析：** 资深生物信息学团队提供深度数据解读与个性化分析。
- **体内服务联动：** 结合体内模型研究，深入揭示宿主 - 微生物组互作机制。

### 可接收样本类型：

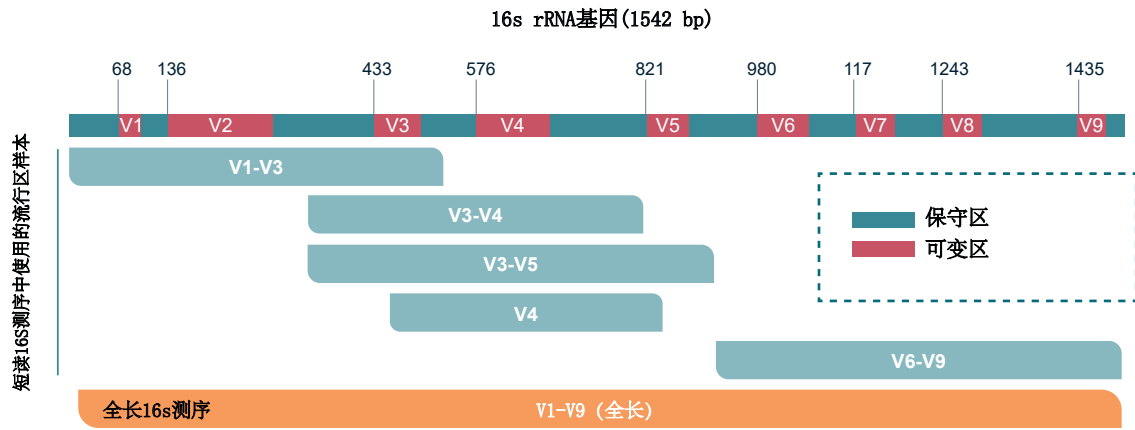
- 粪便
- 肠内溶液
- DNA
- 组织（快速冷冻或新鲜制备）

### 全长16S rRNA测序

冠科生物依托 PacBio 第三代长读长测序平台，提供全面、高性价比的全长 16S rRNA 分析服务，相较传统短读长测序具备显著优势。通过覆盖完整 16S rRNA 基因，我们可实现更高精度的物种分类，更全面地解析菌群多样性。该技术有效克服了短读长测序的引物偏好、物种分辨率不足等局限，为微生物群落提供无偏、完整的全景视图，助力潜在药物靶点发现，并深入解析其功能机制。

	传统16S测序	全长16S测序
测序平台	短读长测序	长读长测序
目标区域	单个或多个短高变区	整个16S rRNA基因
物种鉴定分辨率	中度	偏高
引物偏倚	存在	显著降低
二级结构	不可体现	可体现

图 短读和长读16S rRNA测序中常用的DNA区域



全长16S rRNA测序



PacBio Sequel II平台  
高精度长读长测序

引物	序列	产品尺寸	参考
PB_F	AGRGTTYGATYMTGGCTCAG	1510bp	PacBio
PB_R	RGYTACCTGTTACGACTT	1510bp	PacBio

## 鸟枪法宏基因组测序技术

宏基因组测序通过捕获全面的基因组信息，相比16S rRNA测序具有更为显著的优势。该技术具有较高的分类分辨率，可直接进行功能分析，并鉴别新型或稀有物种。尽管该技术使用成本高，需要具备生物信息学的专业知识，但是鸟枪法测序相比扩增子测序技术只需少量样本即可进行深入分析，因此是研究人员的理想选择。充分发挥宏基因组测序技术优势，可深入洞悉微生物群落及其潜在功能，从而获取大量宝贵信息。

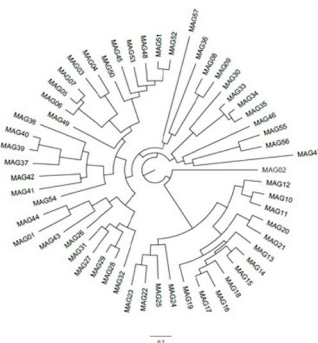
## 宏转录组测序技术

利用宏转录组测序技术可研究微生物群落的基因表达谱，从而洞悉微生物群落的功能活动及其对环境的反应。通过分析RNA分子，研究人员可以鉴定出活跃表达的基因，揭示微生物组内的代谢途径和生物学过程。该方法不仅有利于深入了解微生物如何与周围环境相互作用，同时可进一步洞悉微生物群落的生态系统功能和宿主相关过程。

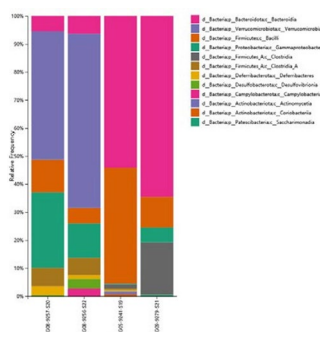
方法	应用	优势	局限性
全长16S rRNA测序	鉴别、分类和量化复杂生物混合物中微生物（细菌） 检测微生物污染	高性价比 数据分析流程成熟 具有完善的数据库	潜在PCR扩增偏向 物种分辨率有限（属-种水平） 仅侧重于细菌微生物
鸟枪法宏基因组测序技术	可对给定复杂样本中存在的所有生物体（细菌、真菌等）的所有基因进行综合测序	高分类分辨率（种-菌株） 提高测序深度和准确性 菌群多样性检测更全面 可直接开展功能注释	成本相对较高 测序周期较长 受参考数据库完整性限制
宏转录组测序技术	在特定时间和环境条件下捕获和研究微生物组内表达的转录本	全基因表达谱分析 功能富集分析 洞悉微生物组的活跃成员 研究微生物-宿主和微生物-环境的相互作用	成本相对较高 测序周期较长 高质量参考基因组资源有限

### 鸟枪法宏基因组测序技术

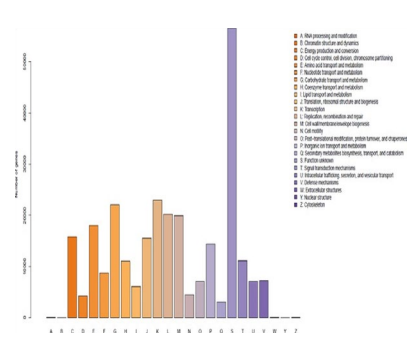
宏基因组组装基因组



分类学丰度



单基因功能描述



## 联系我们



太仓分公司: +86 512 5387 9999  
北京分公司: +86 10 5633 2600  
苏州分公司: +86 512 6799 3717

ChinaBD@crownbio.com  
www.crownbio.cn

扫描二维码  
添加冠科生物小助手

