

<div><div>⚙</div><div>中心概况</div></div>
<div>中心简介</div>
<div>现任领导</div>
<div>内设机构</div>
<div>创新平台</div>

当前位置：广东省农业科学院农业生物基因研究中心>创新平台> 基因测序及基因组学技术平台

基因测序及基因组学技术平台

2020/7/30 9:58:30 广东省农业科学院农业生物基因研究中心

基因测序及基因组学平台，是2012年依托中国农业科技华南创新中心搭建的Illumina公司MiSeq测序仪和NextSeq500测序仪的测序平台。可以针对不同的需求实现更专门的应用，提供多种测序读长、通量和时间周期选择，满足各类科研及应用需求对成本和速度的差异化需求。应用于复杂疾病、农业基因组学、微生物学和宏基因组学等研究领域; 可与传统临床医学、动物医学的最新科研成果结合，形成精准医疗，为疾（疫）病诊断、治疗、临床决策、毒株变异监测等带来革命性、颠覆性、去“卡脖子”性的改变及发展。

一、服务内容：

主要为科研、高校、企业研发机构等提供完整的基因检测研究方案，集咨询、样品制备、建库、测序、数据质量检测、深度的生物信息分析为一体。根据用户要求进行个性化实验设计及数据分析，解决数据分析难题和提供论文撰写咨询。

主要服务内容：新基因组测序-组装， 基因组重测序-SNP分析，简化基因组测序-QTL定位，转录组测序-组装-差异表达基因分析等。

精准服务项目包括：

- I 动植物基因组测序
- 全基因组de novo测序
- I 外显子组测序
- SNP遗传图谱构建
- 全基因组关联分析
- BSA性状定位分析
- 群体进化分析
- I 动植物转录组测序
- 全长转录组
- 宏转录组测序
- 比较转录组测序

lncRNA测序
 circRNA测序
 small RNA测序
 I 动植物表观组测序
 全基因组甲基化测序
 ChIP-seq
 RIP-seq
 I 微生物基因组测序
 细菌基因组de novo测序
 真菌基因组de novo测序
 16S/18S/ITS等扩增子测序
 宏基因组测序

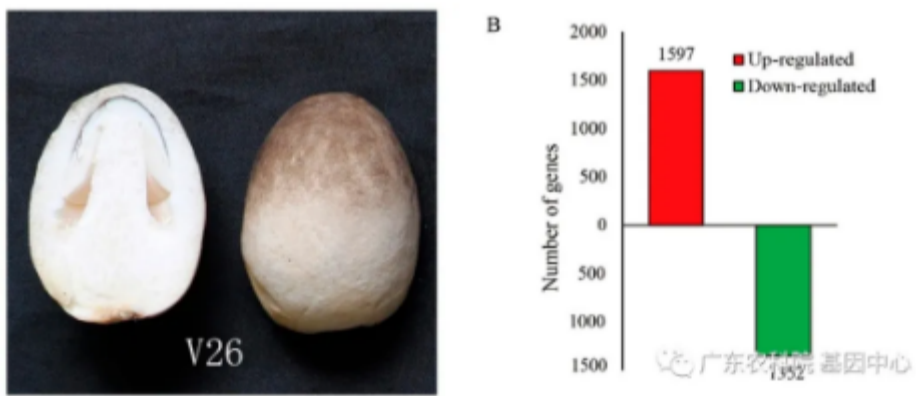
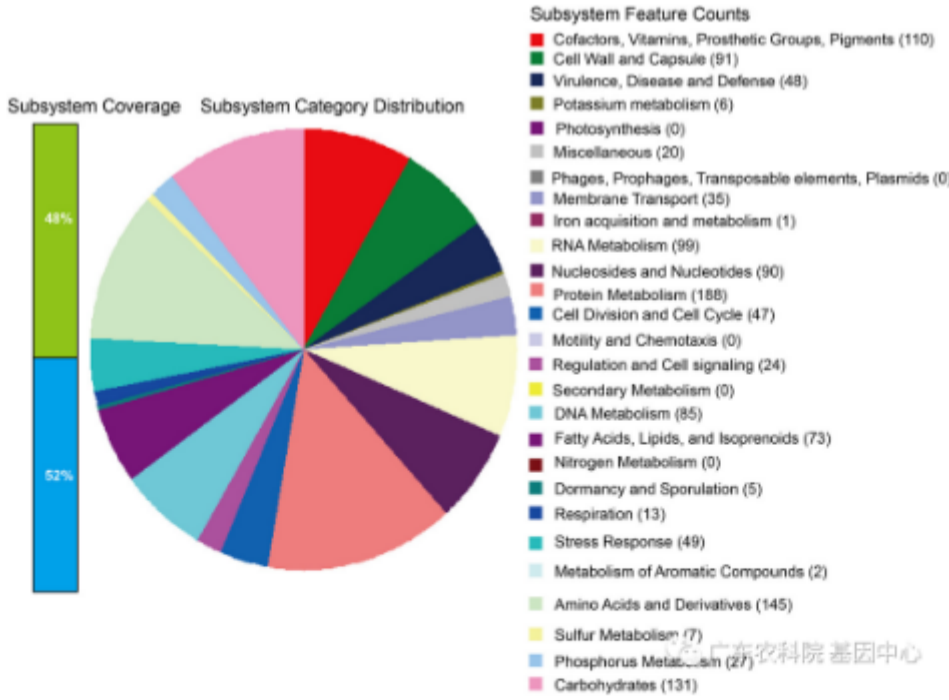
二、服务流程

从材料选取，建库测序，到数据分析，确保科学和缜密，以保障高质量研究成果。



三、应用案例

(一) 科研服务：被广泛应用于复杂疾病、农业基因组学、微生物学和宏基因组学等研究领域。

仪器设备	应用领域	代表成果（论文）
MiSeq	转录组测序	 <p>(Genes, 2020, 11 : 161-179)</p>
MiSeq	微生物基因组测序	 <p>(Microbiology resource announcement, 2019 , 3: e015 52-18)</p>

(二) 产业服务：

- 1.养殖：易感基因筛查、早期诊断、精准监测、精准免疫；
- 2.疫苗：疫苗毒株筛选分析；临床变异监测；靶标挖掘；数据库建设；
- 3.微生物：优势菌筛选，精准调控；保种，靶标挖掘；
- 4.其他：基因数据分析及基因数据库定制。

联系方式

联系人：朱老师
联系电话: 020-85161412, 13826466467
电子邮箱: zhuqingfeng@agrogene.ac.cn
地址：广州市天河区金颖路20号创新大楼13楼

附：主要仪器简介

MiSeq测序仪是一台小型中低通量桌面式系统，具有测序速度快，数据准确的优点，具有革命性的便捷流程，比如：靶向基因测序、宏基因组测序、小型基因组测序、靶向基因表达、扩增子测序、16srRNA微生物多样性分析测序、转录组de novo测序、微生物基因组测序、小RNA测序、表达谱测序、ChIP-Seq等。

MiSeq能在单次运行中产生2x300 bp读长和高达15 Gb数据的台式测序仪，实现小型基因组的组装或目标变异的准确检测，特别是在同聚物区域，每次运行中产生比以往任何版本更多的reads。



NextSeq500测序仪延续Illumina经典的边合成边测序（SBS）原理，是世界上成功且被广泛采用的高通量测序技术，融合了数据通量和台式测序仪的简约，能够在单次运行中完成当下最热门的测序应用，具有流程简单、数据产量大（120Gb）和快速准确等特点。可在高产量（High Output）和中等产量（Medium Output）两种模式下开展测序实验，满足不同实验的需求，主要适用于全基因组、外显子组、转录组测序。

- 操作更便捷。图标触控式操作系统，预制全部测序试剂，即拆即用；无需人工干预；操作步骤更少，质控更容易
- 数据更准确。数据质量不受连续碱基重复区影响
- 通量灵活。搭载高通量芯片和中通量芯片，可根据样本量自由选择，缩短样本收集时间，提高测序仪的使用效率。

上一条:细胞实验室

下一条:生物信息学研究平台

