

农学全组学手册

Handbook of Omics (Agronomy)

Handbook of Omics (Agronomy)



Handbook of Omics (Agronomy)



Handbook of Omics (Agronomy)



目录

CONTENTS

一、	转录调控组学	1
	转录组测序.....	3
	miRNA测序.....	4
	LncRNA测序.....	4
	circRNA测序.....	5
	全转录组测序.....	6
二、	表观组学	9
三、	单细胞转录组学	14
	单细胞3' 转录组测序.....	17
	单细胞核测序.....	18
	单细胞ATAC测序.....	19
	空间转录组测序.....	20
四、	蛋白质组学	25
	TMT标记定量蛋白质组学.....	25
	Labelfree蛋白质组定量.....	26
	DIA定量与检测.....	27

五、	代谢组学	30
	非靶代谢组学	31
	靶向代谢组学	31
六、	微生物组学	34
	微生物群&功能基因多样性测序	35
	植物内生菌多样性测序	39
	宏基因组和宏转录组测序	41
七、	基因组学	45
	遗传进化	45
	遗传图谱	46
	混池分离分析	50
	全基因组关联分析	52
八、	联川生物近年用户文章列表	55

转录调控组学

TRANSCRIPTION REGULATION MULTIOMICS



转录调控学或转录组学，指的是DNA到RNA的转录过程中所有类型的RNA，包括mRNA和非编码RNA等信息。这些RNA是转录调控研究中的主要对象。目前针对ncRNA的研究主要集中在miRNA、lncRNA和circRNA上，其他的非编码RNA如snoRNA、snRNA、piRNA、phasiRNA、tRNA等较为小众，目前在调控机制以及后期实验验证上存在较大难度。

ncRNA研究主流方向，是以ceRNA调控网络为主，即lncRNA和circRNA通过对miRNA竞争结合的方式与mRNA一起形成lncRNA/circRNA-miRNA-mRNA调控网络。miRNA在动物体内通过与3' UTR区域结合来抑制mRNA翻译更多的蛋白，但miRNA在植物体内通常通过会与靶mRNA结合后产生降解作用，对mRNA进行剪切从而达到破坏mRNA后续功能的目的。

此外，lncRNA和circRNA近些年衍生出多种新型的调控机制。在细胞核内，lncRNA与DNA上的启动子、增强子互动调控下游基因的转录。在细胞质中，lncRNA和circRNA也可参与翻译多肽等功能。这些新型的研究方向将大大拓展原有ceRNA的研究机制。

联川优势：

- 超过16年项目经验，涵盖动植物各方向研究
- CNS主刊大满贯，超过2000篇高水平研究，平均IF>8分
- 独有的植物miRNA-降解组方案，助力高分研究

技术服务



转录组测序



miRNA测序



lncRNA测序



circRNA测序



全转录组测序



降解组测序

项目流程



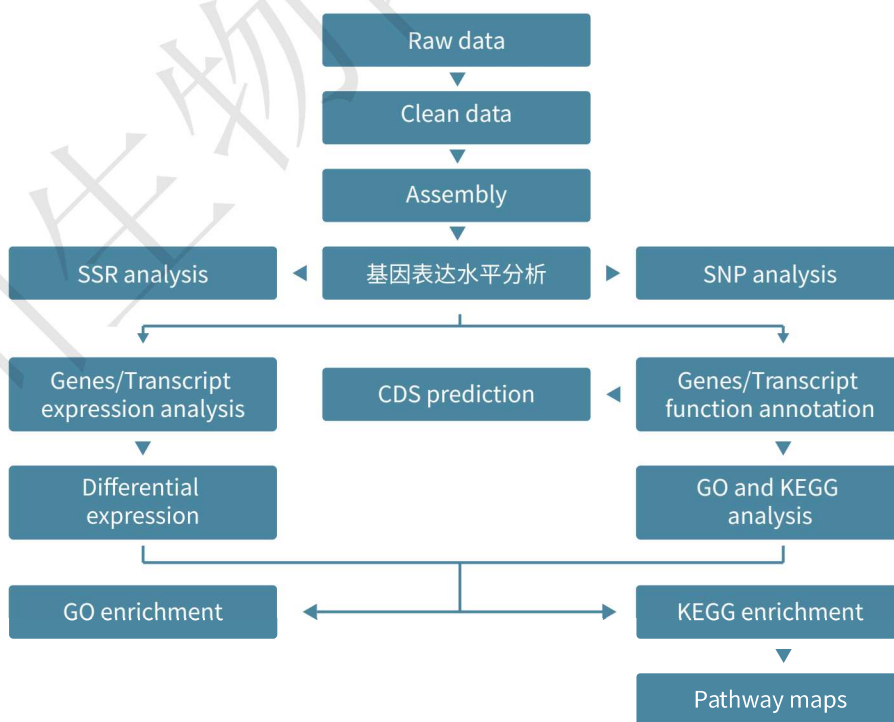
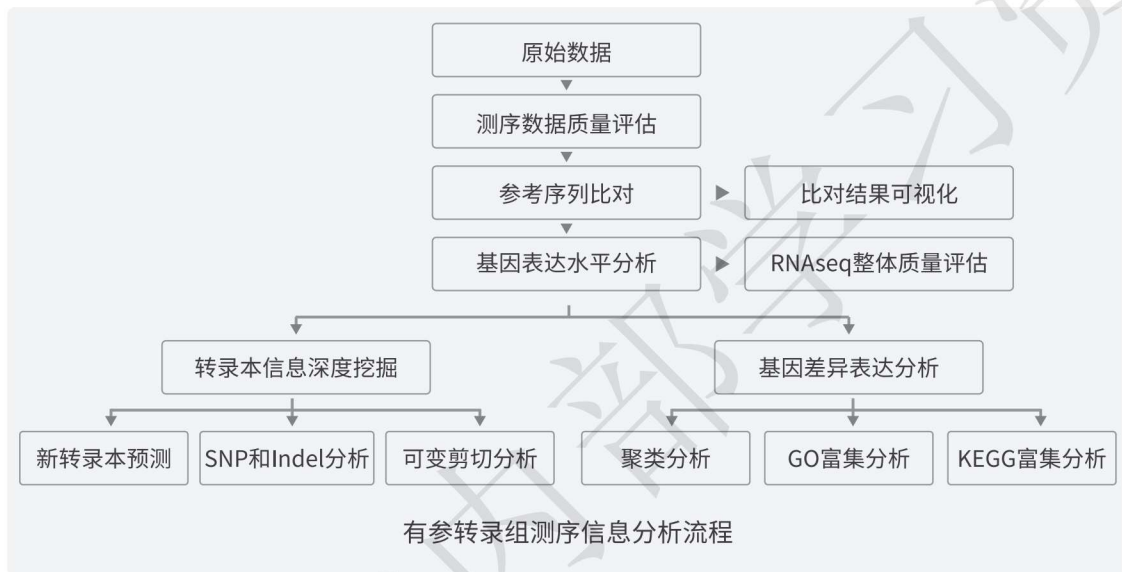
样品准备及RNA起始量要求

项目类型	推荐起始量	RNA 质量要求及特殊备注
转录组测序（常规动植物组织和细胞）	Total RNA>1 μ g	不允许降解
微量 SMART 转录组测序	细胞量 >4000 个	不允许降解，细胞量 >4000 个 TriZol 裂解
微量 SMART 转录组测序（细胞量 1-1000 个）	细胞量 =1-1000 个	不允许降解，专用 SMART 裂解液
miRNA 测序（常规动植物组织和细胞）	Total RNA>1 μ g	不允许降解
降解组测序（只接植物样本）	Total RNA>20 μ g	不允许降解，允许混样
miRNA 测序（体液及外泌体样本）	Total RNA>200ng	不允许有 18s 和 28s 的峰
lncRNA/circRNA 测序（rRNA 去除）	Total RNA>1 μ g	允许轻微降解
circRNA 测序（RNase R 线性酶处理）	Total RNA>5 μ g	不允许降解

Z | 转录组测序

转录组广义上指特定细胞在某一功能状态下的所有转录产物，包括mRNA和非编码RNA(ncRNA)，其能够从整体水平研究基因功能以及基因结构，揭示特定生物学过程以及动植物生长发育过程中的分子机理。目前已广泛应用于动植物育种、植物抗逆胁迫、食品加工等领域。

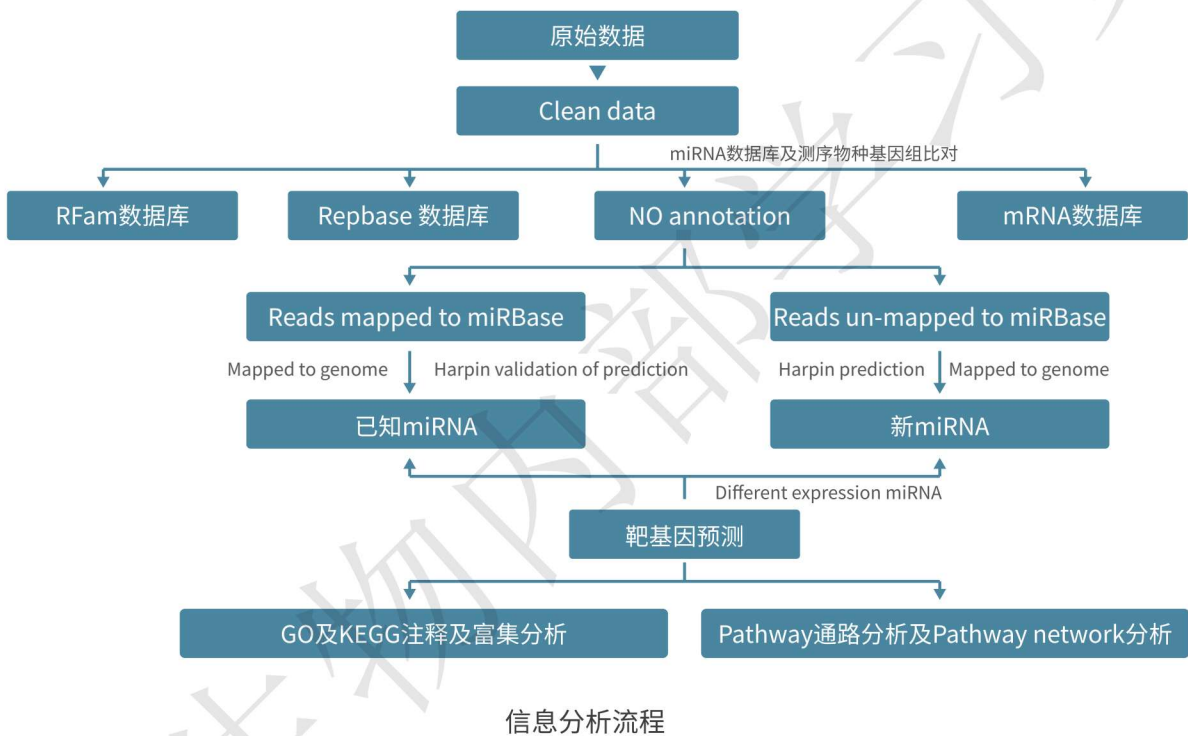
转录组测序特指对具有编码蛋白质功能的信使RNA(mRNA)进行序列测定及分析，以获得转录本信息，发现和鉴定新基因等。根据研究物种是否具有参考基因组以及注释信息，转录组测序可以分为有参转录组测序和无参转录组测序两个类型。



miRNA测序

miRNA是在真核生物中发现的一类内源性的具有调控功能的非编码RNA(ncRNA)，其长度约为18-25nt。在动物体内miRNA可与mRNA的3' UTR区域结合后抑制mRNA翻译蛋白。在植物体内,miRNA可与miRNA结合后引起mRNA的剪切或降解从而抑制mRNA的翻译功能。研究植物体内被miRNA靶向剪切mRNA的技术成为降解组测序。

一条miRNA序列可以调控多个靶基因的表达，多条miRNA序列也可以组合后联合精细调控某一个基因的表达。miRNA参与调节各类通路，涉及发育、逆境胁迫、凋亡等。通过对miRNA进行测序分析,可以深入挖掘基因表达调控网络,具有重要的生物学意义。



lncRNA测序

长链非编码RNA(lncRNA)是一类长度大于200 nt的非编码RNA(ncRNA)，广泛存在于各种生物体内，在表观遗传调控、细胞周期调控和细胞分化调控等众多生命活动中发挥重要作用,与动植物的生长发育,人类的疾病发生有着密切关系,也可作为疾病诊断的标志物或是重要靶点。

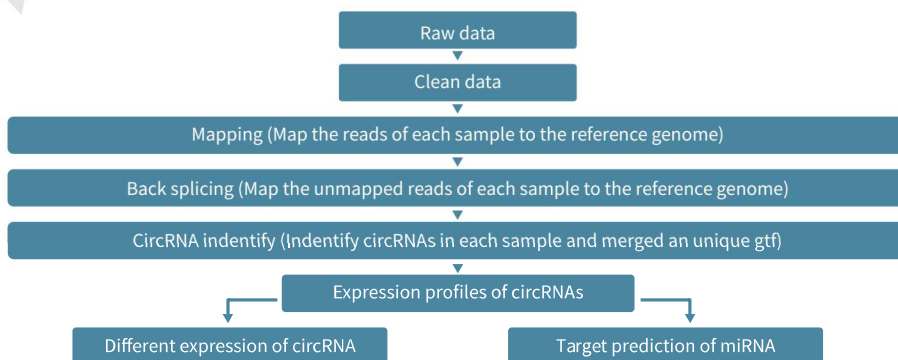
利用高通量测序技术进行lncRNA测序及生物信息学分析，可快速准确地发现那些具有重要调控功能的lncRNA，分析其与特定生物学过程的关系，深入探索lncRNA的功能及其表达调控机制。



circ circRNA测序

共价闭合、单链环状的 RNA (circRNA) 是一类比较特殊的RNA,其没有游离的5'帽子结构和3' poly(A) 结构,并且对核酸酶不敏感,因此比普通的线性RNA (linear RNA) 更稳定。随着高通量测序以及生物信息分析技术的快速发展,在不同物种中鉴定出成千上万个circRNA,其中大多数circRNA在不同物种间具有保守性和稳定性,并且circRNA的表达具有细胞特异性、组织特异性以及发育阶段特异性。

到目前为止,已发现circRNA具有参与转录调控并能在转录时与mRNA前体发生剪切竞争的功能,可以与mRNA竞争miRNA的靶标结合位点,是ceRNA调控网络中的重要成员。尽管已经鉴定出大量的circRNA,但是关于circRNA的功能以及成环机制仍然有待研究。



信息分析流程

全转录组测序

广义的转录组指的是特定状态下细胞或组织中所有的转录产物，包含 mRNA 和非编码 RNA(ncRNA)。对转录组中的 ncRNA 研究多集中在具有调控功能的 smallRNA(以 miRNA 为代表), lncRNA 和 circRNA 上，而这几类 ncRNA 的调控对象都和 mRNA 有关。其中，Competing endogenous RNA(ceRNA)也叫内源性竞争结合 RNA，是目前研究人气较高的一种新型调控 RNA，ceRNA 参与的调控网络也叫 ceRNA network。

全转录组测序即对这些特定状态下全部的转录产物进行研究，包含 ncRNAs 和 mRNA，通过测序和数据分析后，可深入探索潜在的转录调控规律，在 RNA 层面系统地揭示复杂的生物学意义。



信息分析流程

用户案例分析

英文标题: Unidirectional movement of small RNAs from shoots to roots in interspecific heterografts

中文标题: 种间异种嫁接中小RNA从芽到根的单向运动



扫一扫，获全文

6

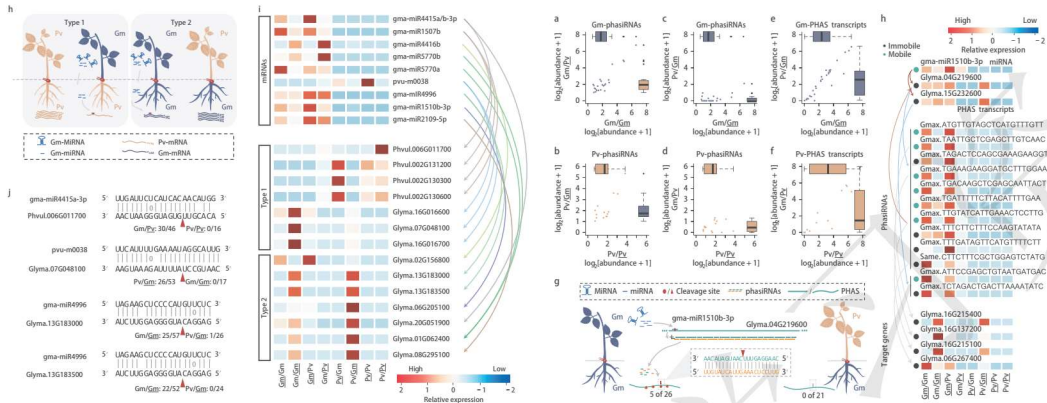
研究单位: 美国普渡大学

发表期刊: Nature Plants

研究手段: 转录组测序、miRNA测序、降解组测序

影响因子: 17.352

本文通过大豆同种/异种嫁接系统探究了小RNA(hcsiRNAs、miRNAs和phasiRNAs)和mRNA的远端迁移机制,许多这些miRNA或phasiRNA能够在根中切割mRNA或加工成phasiRNA前体。相比之下,大多数具有移动能力的mRNA在芽和根中都被转录,只有一小部分被转运到受体组织研究发现小RNA迁移的丰度和效率比mRNA更高,前者在调控远端组织功能上可能更重要。



英文标题: miR-1-3p is an early embryonic male sex-determining factor in the Oriental fruit fly *Bactrocera dorsalis*

中文标题: miR-1-3p调控桔小实蝇早期雄性性别分化



扫一扫,获全文

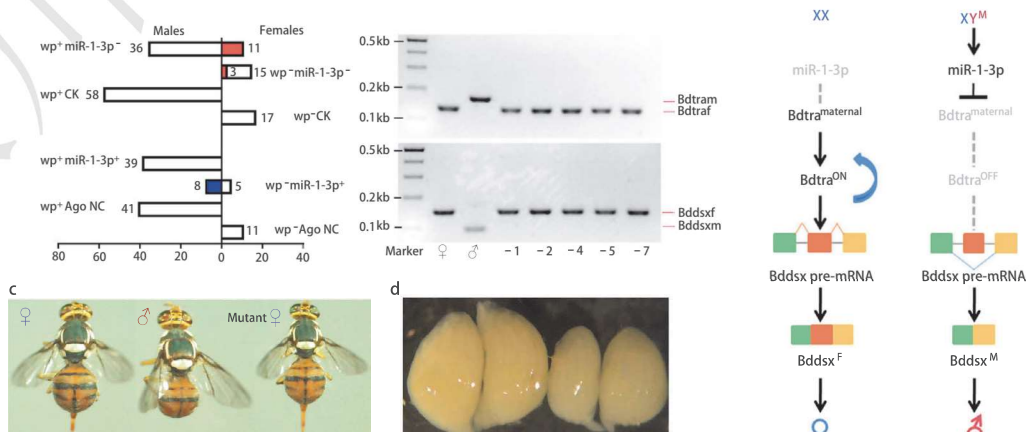
研究单位: 华中农业大学

发表期刊: Nature Communications

研究手段: miRNA测序

影响因子: 17.694

本研究通过对桔小实蝇早期胚胎进行miRNA测序,鉴定了一种常染色体来源的miR-1-3p,并靶向调控雌性性别决定所需的变异体基因Bdtra。通过体外和体内实验进一步证明miR-1-3p抑制Bdtra的表达。在早期胚胎中注射miR-1-3p mimics导致87-92%后代发育成为雄性,而对miR-1-3p进行抑制则会导致67-77%的表型呈现为雌性。最后,CRISPR/Cas9介导的miR-1-3p敲除导致Bdtra和Bdtsx的female特异性剪接变异体的表达,并诱导XY个体向female转换。这些结果表明,miR-1-3p是桔小实蝇胚胎发育早期的雄性决定因子。



英文标题: ceRNA crosstalk mediated by ncRNAs is a novel regulatory mechanism in fish sex determination and differentiation

中文标题: ceRNA调控鱼类性别决定与分化的分子机制



扫一扫, 获全文

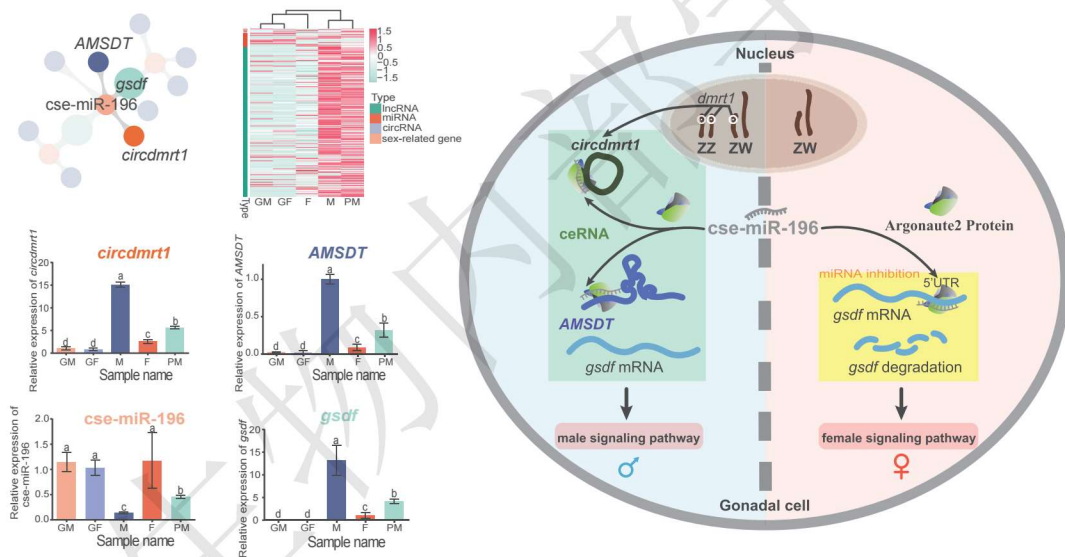
研究单位: 中国水产科学研究院黄海水产研究所

发表期刊: Genome Research

研究手段: 全转录组测序

影响因子: 11.093

本研究利用全转录组测序技术, 绘制了半滑舌鲷性别决定与分化时期的 ncRNA 动态表达图谱和 ceRNA 调控网络, 发现一个来源于半滑舌鲷性别决定基因 *dmrt1* 外显子 4 上的 circRNA *circ-dmrt1* 和来自于常染色体上的 lncRNA *AMSDT* 均可与 miR-196、*gsdf* 形成复杂的 ceRNA 调控关系。进而综合运用 RNAi、RNA pull down、免疫共沉淀实验、荧光原位杂交等分子技术, 证实了 *circ-dmrt1*、*AMSDT* 均能在体外及体内结合 *cse-miR-196*, 并且在转录后水平调控 *gsdf* 的表达。



参考文献:

1. Li S., et al. (2021) Unidirectional movement of small RNAs from shoots to roots in interspecific heterografts. Nature Plants. (IF=17.352)
2. Peng W., et al. (2021) miRNA-1-3p is an early embryonic male sex-determining factor in the Oriental fruit fly *Bactrocera dorsalis*. Nature Communications. (IF=17.694)
3. Tang L., et al. (2022) ceRNA crosstalk mediated by ncRNAs is a novel regulatory mechanism in fish sex determination and differentiation. Genome Research. (IF=11.093)

表观组学

EPIGENOMICS



表观组学一直是医学及动植物学研究的热点,包含DNA修饰、RNA修饰、DNA结合蛋白以及RNA结合蛋白等多个研究细分方向。DNA甲基化目前通过Bisulfite将未发生甲基化的C碱基替换成T碱基继而达到单碱基的分辨率。RNA甲基化 m^6A 修饰作为一种可逆化修饰在动物中由METTL3/14和WTAP介导甲基化修饰,由FTO、ALKBH5介导去修饰,而植物中则以MTA和MTB介导甲基化修饰,由ALKBH9b和ALKBH10介导去甲基化修饰。借助 m^6A -seq可挖掘差异 m^6A 基因。ChIP-seq和RIP-seq则通过IP的方式研究结合蛋白上的DNA和RNA信息,是转录因子、组蛋白以及DNA/RNA结合蛋白研究利器。

联川优势

- 上百篇高分用户文章产出,品质保证
- 国内 m^6A 用户文章产出最多的公司之一
- 国内首批开展DNA甲基化服务的公司
- 100%的IP实验成功率,高质量测序数据产出

样本起始量

组学技术	组织或细胞起始量要求	核酸最低起始量
ChIP-seq	细胞量 $>5 \times 10^7$; 组织 $>1mg$	\
RIP-seq	细胞量 $>1 \times 10^8$; 组织 $>5-10g$	\
m^6A -seq (常规)	细胞量 $>1 \times 10^7$; 组织 $>100mg$	动物 Total RNA $>30\mu g$; 植物 Total RNA $>70\mu g$
m^6A -seq (lncRNA, 仅限于动物)	细胞量 $>5 \times 10^6$; 组织 $>50mg$	动物 Total RNA $>10\mu g$
m^6A -seq (超微量, 仅限于动物)	细胞量 $>1 \times 10^6$; 组织 $>10mg$	动物 Total RNA $>1\mu g$
DNA 甲基化测序 (WGBS)	细胞量 $>3 \times 10^6$; 组织 $>50mg$	Total DNA $>3\mu g$
DNA 简化甲基化测序 (RRBS, 仅限于动物)	细胞量 $>5 \times 10^6$; 组织 $>10mg$	Total DNA $>5\mu g$

技术服务



DNA甲基化测序



m⁶A-seq

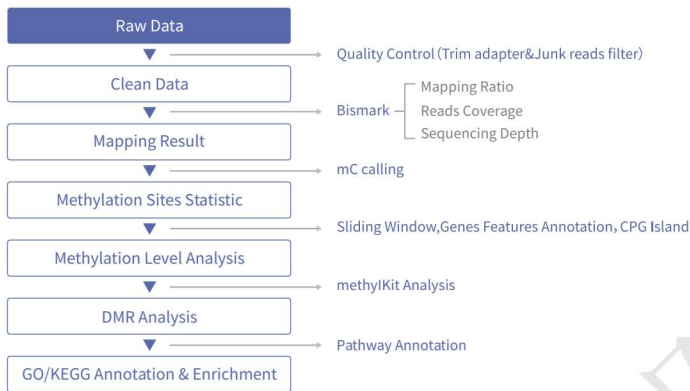


ChIP-seq



RIP-seq

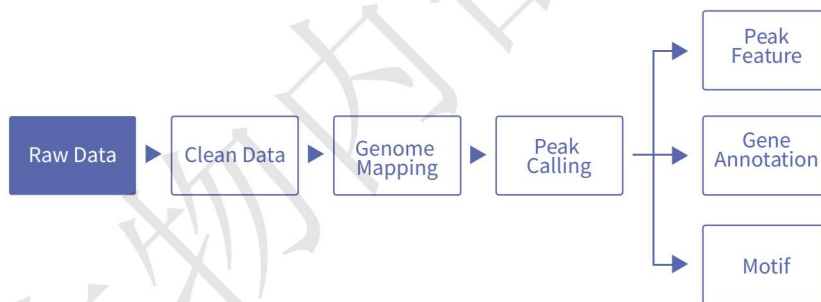
项目流程



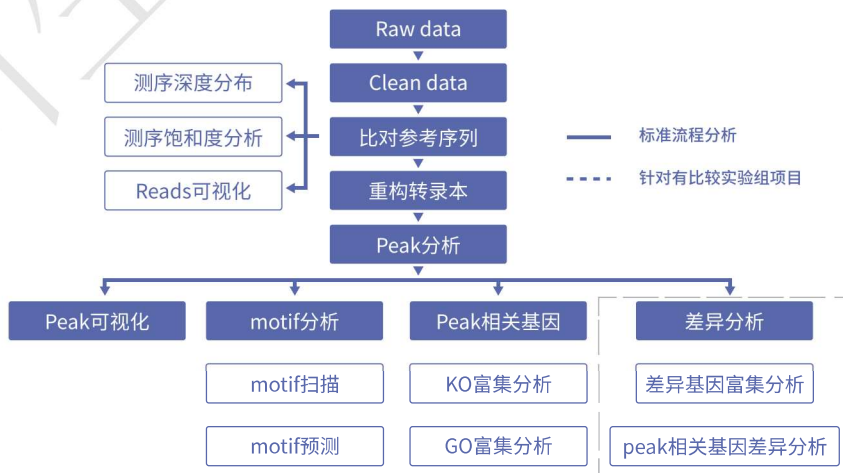
DNA甲基化测序分析流程



m⁶A-seq分析流程



ChIP-seq分析流程



RIP-seq分析流程

用户案例分析

英文标题: Synthesis of flavour-related linalool is regulated by PpbHLH1 and associated with changes in DNA methylation during peach fruit ripening

中文标题: DNA甲基化+转录组揭示桃果实芳樟醇合成分子机制



扫一扫, 获全文

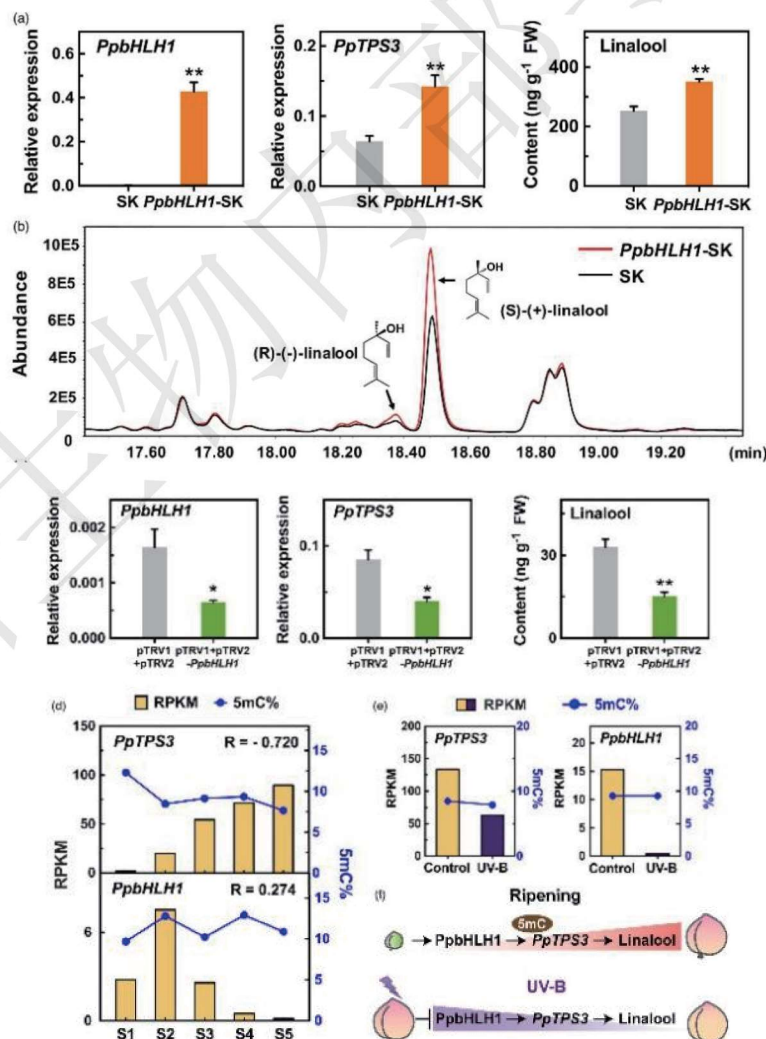
研究单位: 浙江大学

发表期刊: Plant Biotechnology Journal

研究手段: DNA甲基化测序、转录组测序

影响因子: 13.263

PpTPS3的过表达导致芳樟醇积累, 而病毒诱导的PpTPS3基因沉默导致桃果实中芳樟醇含量降低。转录因子PpbHLH1直接与PpTPS3启动子中的E-box (CACATG) 结合, PpbHLH1表达与芳樟醇产量之间也观察到显著的正相关。过表达 PpbHLH1后桃果实积累了更多的芳樟醇, 沉默PpbHLH1降低了芳樟醇产量。转录组测序+DNA甲基化测序联合分析表明, PpTPS3的mRNA表达水平上升与桃果实成熟期间其启动子中5mC水平降低有关。



英文标题:The m⁶A reader MhYTP2 regulates MdMLO19 mRNA stability and antioxidant genes translation efficiency conferring powdery mildew resistance in apple

中文标题:m⁶A阅读蛋白MhYTP2调控抗氧化基因翻译效率影响苹果白粉病抗病性

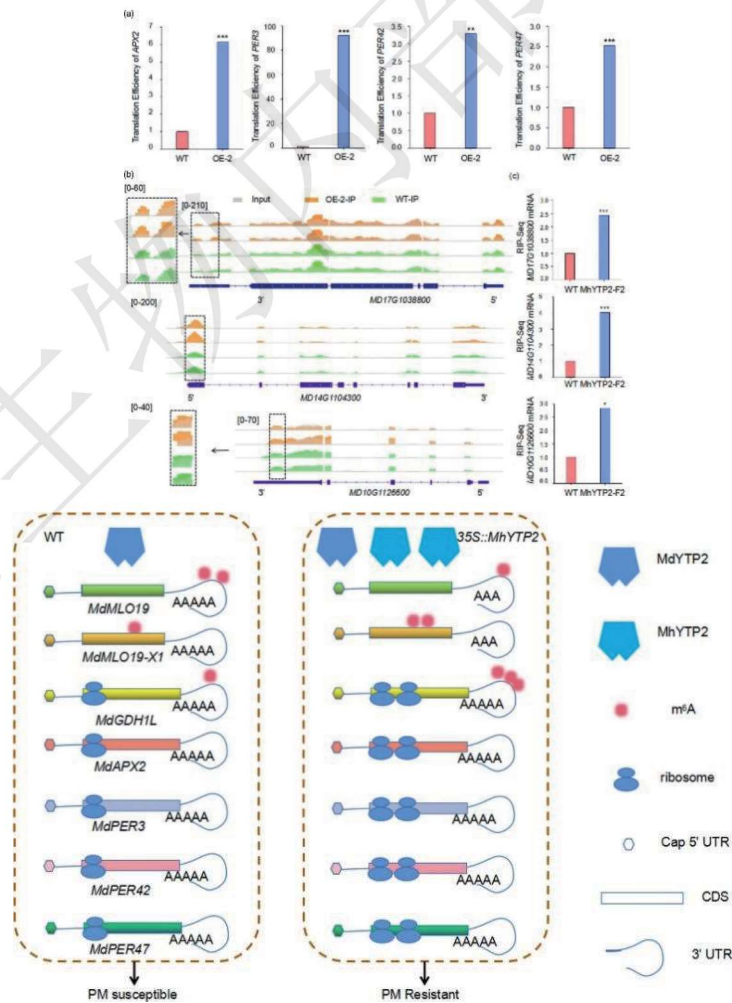
研究单位:西北农林科技大学

发表期刊:Plant Biotechnology Journal

研究手段:m⁶A-seq、RIP-seq

影响因子:13.263

本研究绘制了苹果 m⁶A 修饰图谱, MhYTP2 过表达引起部分 mRNA 的 m⁶A 修饰水平发生改变。同时, MhYTP2 过表达改变了苹果中部分 mRNA 的 m⁶A 修饰水平, 且 m⁶A 修饰的位置与 mRNA 的稳定性有关, 外显子区域的 m⁶A 会降低 mRNA 的稳定性, 而非翻译区 (UTR) 的 m⁶A 修饰则会稳定相关 mRNA。通过 RIP-seq 和 Ribo-seq, 发现: 苹果白粉病感病基因 MdMLO19 和谷氨酸脱氢酶 1 基因 MdGDH1L 的 mRNA 是 MhYTP2 的直接靶标, MhYTP2 通过加速 MdMLO19 所编码 mRNA 的降解和提高 MdGDH1L 所编码 mRNA 的翻译效率, 来增强转基因苹果植株的白粉病抗性。此外, MhYTP2 还能够调控抗氧化系统的多个成员, 包括 APX2、PER3、PER42 和 PER47, 这些抗氧化系统相关基因所编码 mRNA 的翻译效率在 MhYTP2 超表达苹果植株中均显著提高。综上所述, 本研究结果揭示了苹果 m⁶A 基因谱、MhYTP2 对 m⁶A 基因谱的影响以及 m⁶A 在 MdMLO19 mRNA 稳定性和抗氧化基因翻译效率中的作用。



英文标题: Transcriptomic and genetic approaches reveal an essential role of the NAC transcription factor SINAP1 in the growth and defense response of tomato

中文标题: 转录组学和遗传学联合分析揭示了NAC转录因子SINAP1在番茄生长和防御反应中的重要作用

研究单位: 浙江大学

发表期刊: Horticulture Research

研究手段: ChIP-Seq

影响因子: 7.291

本研究利用转录组学分析鉴定出一种编码NAC转录因子的基因——SINAP1，其可被多种胁迫强烈诱导。研究通过构建SINAP1转化株系并评估其对生物和非生物胁迫响应作用。结果发现过表达SINAP1植株对两种细菌性病害的防御能力显著增强，分别为丁香假单胞菌番茄致病变种DC3000和茄科雷尔氏菌。过表达SINAP1显著增强了番茄的耐旱性。与野生型植株对比，过表达SINAP1植株在营养生长早期较矮，但果实产量增长10.7%。不同激素含量分析发现，过表达SINAP1植株活性赤霉素(GAs)浓度降低，水杨酸(SA)和脱落酸(ABA)浓度增加。EMSA和ChIP-qPCR结果表明，参与赤霉素失活以及水杨酸和脱落酸生物合成的多个基因的转录受SINAP1的直接激活。

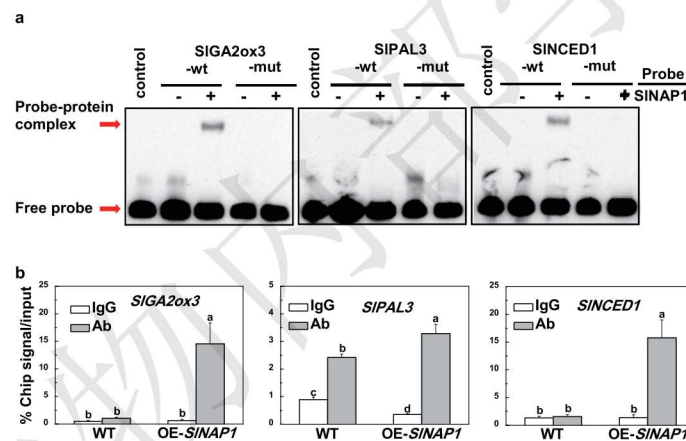


图 SINAP1直接靶向SIGA2ox3、SIPAL3和SINCED1

参考文献

1. Wei C., et al. (2022) Synthesis of flavour-related linalool is regulated by PpbHLH1 and associated with changes in DNA methylation during peach fruit ripening. *Plant Biotechnology Journal*. (IF=13.263)
2. Guo T., et al. (2022) The m⁶A reader MhYTP2 regulates MdMLO19 mRNA stability and antioxidant genes translation efficiency conferring powdery mildew resistance in apple. *Plant Biotechnology Journal*. (IF=13.263)
3. Wang J., et al. (2021) Transcriptomic and genetic approaches reveal an essential role of the NAC transcription factor SINAP1 in the growth and defense response of tomato. *Horticulture Research*. (IF=7.291)

单细胞转录组学

SINGLE CELL RNA SEQ



随着测序技术尤其是高通量测序技术的飞速发展，人们对基因组变异/基因表达差异与表型之间关系的认识越来越深刻。然而传统的Bulk RNA测序手段是基于组织样本/细胞样本具有同质性假设进行测序，单个细胞特异性的信息往往被这种平均化的检测结果所掩盖，导致错失很多重要信息。

10x Genomics 平台的微流控技术通过分选单个细胞，可一次性获得大量单细胞的基因表达数据、TCR/BCR序列信息以及染色质开放程度信息，从而实现大量细胞的快速高效标记、测序和分析，获得单细胞水平的基因表达谱和差异情况，并通过对复杂细胞群体进行深入细致分析，绘制大规模单细胞表达图谱，项目周期短，技术应用范围广。

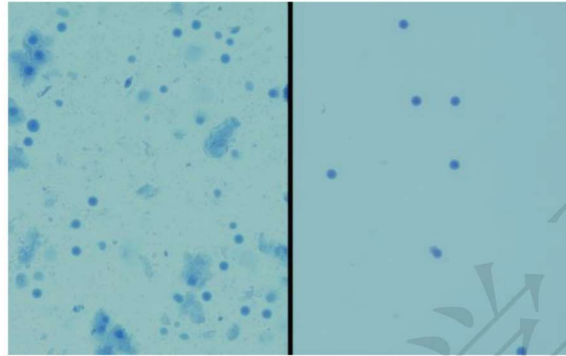
植物单细胞测序的研究现状

近年来，高通量单细胞转录组测序技术在动物和人类研究中蓬勃发展。然而，在植物样本中鲜少有使用高通量平台(如10x基因组学或Drop-Seq)进行的大规模单细胞研究发表，并且研究结果中大多数是拟南芥根制备的原生质体。单细胞测序在植物组织中应用较少的一个主要原因是植物细胞被细胞壁包裹，需要制备成原生质体才能释放单个细胞。拟南芥根部制备原生质体的技术比较成熟，但在其他物种或组织中仍旧存在较大的技术难点。此外，考虑到植物组织的复杂性，从所有细胞中均一地产生原生质体同样具有挑战性。原生质体分离过程中的酶消化和随后的清除过程可能会对细胞造成胁迫从而影响转录组。

那么除了制备原生质体之外，就没有别的方法帮助植物进行单细胞测序了吗？植物是否也可以通过采用抽核的方式进行单细胞测序呢？答案是可以的。而且近年来越来越多的研究人员采用抽取细胞核的方式进行单细胞测序。相较于原生质体制备过程的复杂性，采用抽核的方式进行单细胞测序的优势就比较明显了，例如：

- 能够减少酶消化导致的应激反应，无需酶消化，实验周期更快
- 转录组变异系数更低
- 降低细胞类型偏好性
- 提高细胞类型的全面性
- 适用样本类型丰富，应用范围广，操作步骤相对简单

但在抽核过程中,存在着细胞的破碎和细胞质中RNA的外流以及大量的含有丰富RNA的细胞器,因此会对数据质量产生较大的影响,并为后期数据挖掘造成困难。那么,通过引入流式细胞仪,采用7-AAD或者PI对细胞核悬液进行染色,细胞核悬液理论上会分成3个部分:无荧光:细胞;弱荧光:细胞碎片;强荧光:细胞核,通过将细胞直径和内容物的可视化把细胞碎片和外源RNA去除,实现植物单细胞测序更低的背景数据和平台期以及更高的数据利用率。在采用抽核的基础上再次引入流式细胞仪可以完美解决目前植物在进行单细胞测序时所遇到的问题,总之植物抽核+流式细胞仪=植物单细胞的完美解决方案。



未过流式的抽核样本(左图),含有大量的碎片和抽核破碎不完全的仍然残留细胞
过完流式分选后的样本(右图)背景干净无杂质,且颗粒大小均一,不存在破碎不完全的问题

联川优势

- 超高的细胞通量,利用10x Genomics平台实现真正的单细胞测序
- 细胞捕获效率高,可实现大量单细胞的快速高效标记,测序和分析
- 植物抽核解决了原生质体难制备的问题
- 引入流式细胞仪,呈现最真实的植物单细胞测序的数据
- 项目周期短,技术应用范围广
- 互动式单细胞数据挖掘过程,从生物学角度探究单细胞转录组测序

技术服务



单细胞3' 转录组测序



单细胞核测序



单细胞ATAC测序



空间转录组测序

样本来源

组织量要求:组织量尽量达到1g或以上

植物抽核样本准备如下两种方式均可:

1. 条件允许的情况下,我们建议用原始的植物培养条件来寄送活体材料,如盆栽或组培苗形式寄送。

2. 如果条件不允许的情况下,可以寄送冻存样本。从植物体上取新鲜幼嫩、生长旺盛的根部/叶片/花卉等研究目标组织,液氮速冻、然后干冰寄送。

Tips

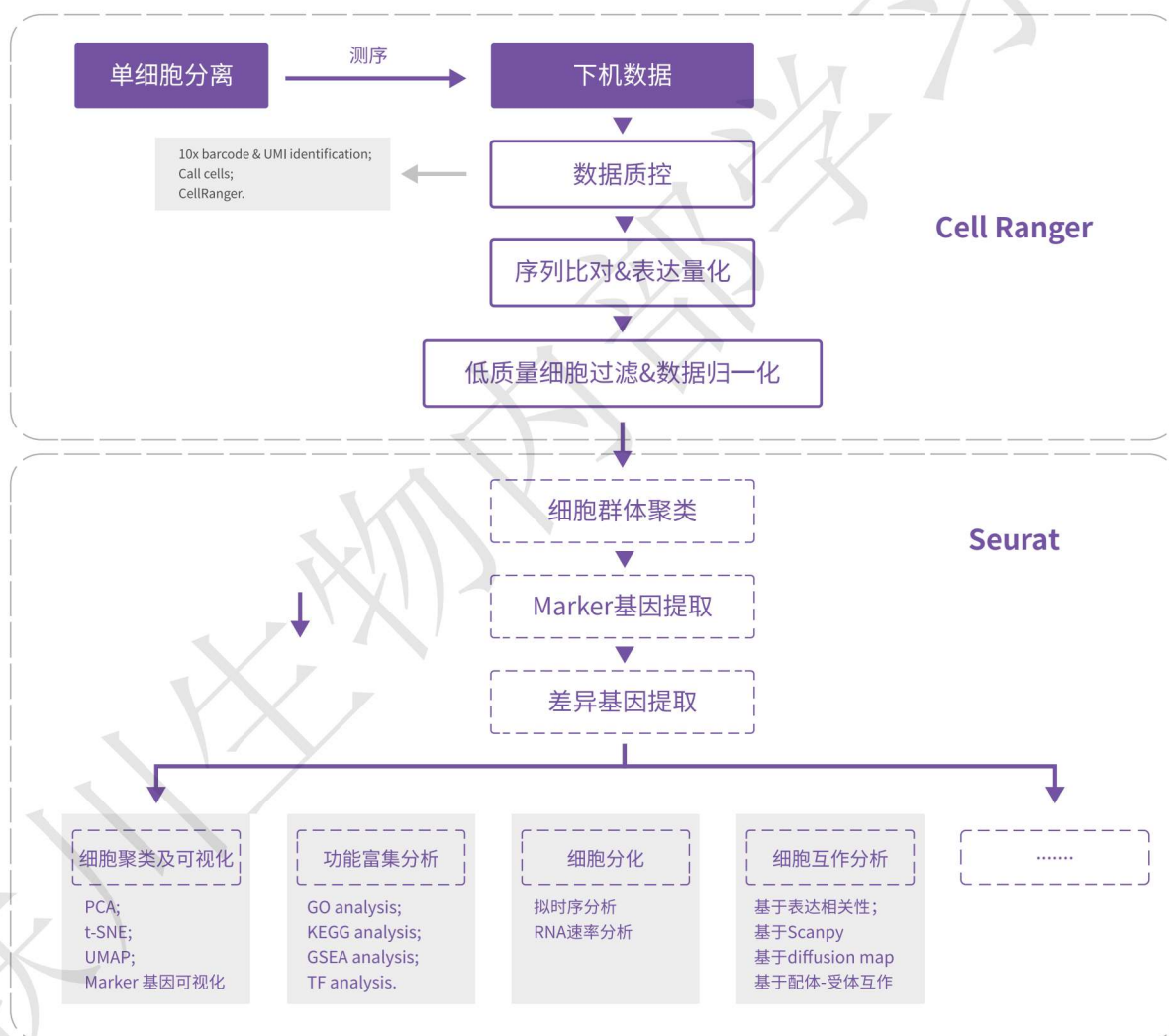
最好是新鲜样本,且样本采集量尽可能多,并多份保存。



(详细信息请咨询我司技术支持或驻地销售)

10x 单细胞3' 转录组测序

10x Genomics 平台利用微流控技术分选单个细胞，然后将带有 barcode 和引物的凝胶珠以及单个细胞包裹在油滴中；在油滴中凝胶珠溶解释放反转录 oligo，细胞裂解释放 mRNA，通过 SMART 法获得用于测序的带 barcode 的 cDNA；液体油层破坏后，cDNA 进行后续文库构建，使用 Illumina 测序平台检测，即可一次性获得大量单细胞的基因表达数据，10min 内自动完成多至 80,000 个细胞的捕获，细胞捕获率最高 65%。可实现大量单细胞的快速高效标记、测序和分析，获得单细胞水平的基因表达谱和差异情况，并通过对复杂细胞群体进行深入细致分析，绘制大规模单细胞表达图谱，来探究组织的异质性问题、细胞发育问题和组织内新细胞群体的发现。



单细胞核测序

近年来,随着单细胞测序技术的不断突破,在植物研究中,从单细胞角度,在基因组、转录组和表观组层面研究植物个体细胞功能、分子机制成为可能。单细胞测序技术应用于植物,有助于揭示植物发育和胁迫适应所涉及的基本细胞活动,在植物研究中有着巨大潜力。目前植物单细胞转录组研究主要分为两类:一类是对原生质体进行RNA测序,另一类是对植物细胞核进行测序。

但采用原生质体制备进行单细胞测序时存在一定的困难,例如:

- 1、植物细胞壁去除的酶组合方案和消化时间的摸索;
- 2、由于酶解诱导压力应答基因的表达,人为引入转录偏差;
- 3、原生质体脆弱,且大小容易受到不同渗透压而改变。

植物抽核在一定程度上可以解决上述问题,通过直接对组织样本抽取细胞核,避免了酶解过程中造成的压力应答基因的过表达,在降低样本制备过程复杂度的同时,适用的样本类型也更加丰富,呈现最真实的植物单细胞测序的数据,大大加速了在单细胞水平上对植物样本的分子机制的探索进程。

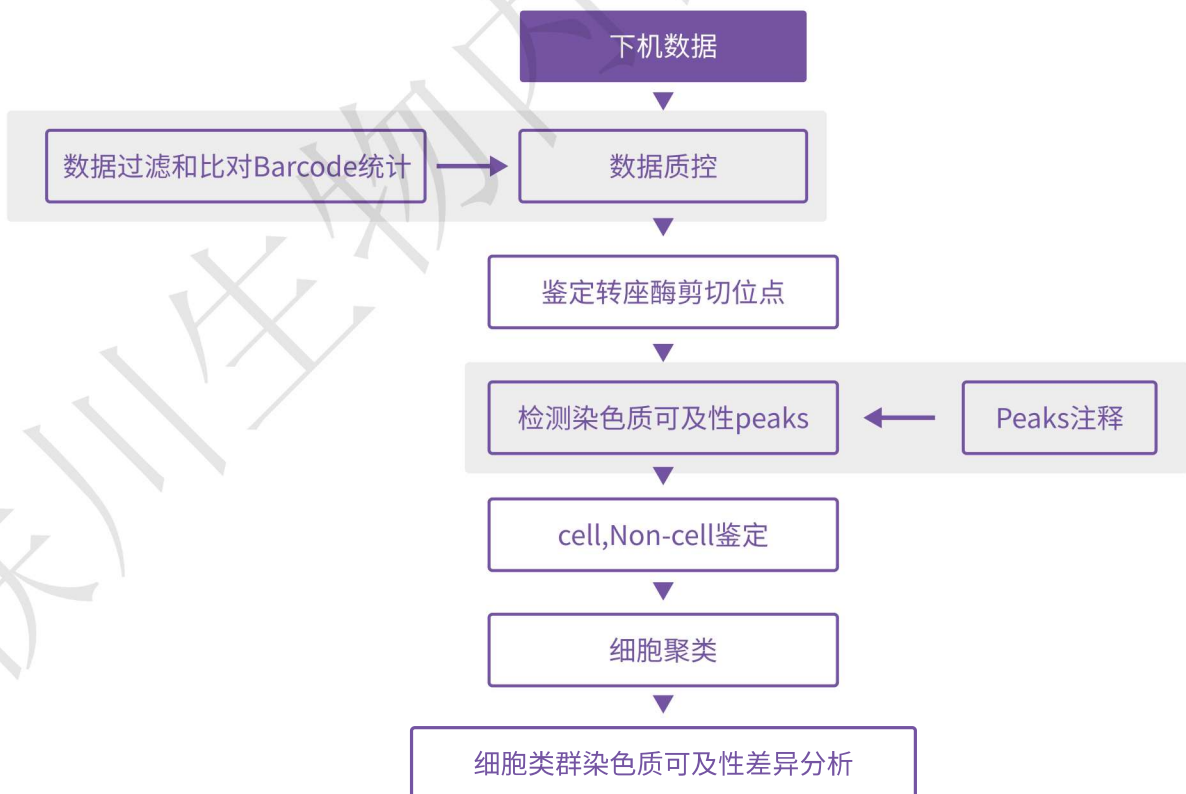


单细胞ATAC测序

ATAC-seq (Assay for Transposase Accessible Chromatin with high-throughput sequencing, 染色质易开放区域测序) 是 2013 年由美国 Stanford 大学的 William Greenleaf 教授研发了一种全新的方法, 利用 DNA 转座酶结合高通量测序技术, 来研究染色体的可进入性。ATAC-seq 的原理是利用 Tn5 转座酶切割染色质的开放区域, 并加上测序引物进行高通量测序, 通过生物信息分析鉴定转录因子结合位点和核小体区域位置, 从而为研究基因调控、DNA 印记等提供有效的方法。

寻找全基因组范围内开放的染色质区域采用的方式包括 ATAC-seq、MNase-seq 和 DNase-seq, FAIRE-seq、chip-seq 等。将单细胞测序技术与 ATAC-seq 相结合, 可以在解决细胞异质性的同时, 研究细胞转录调控机制, 成为单细胞表观遗传学的一大突破。10x Genomics Chromium™ 平台在 2018 年底推出了单细胞 ATAC 产品, 即 10x 单细胞 ATAC-seq, 将单细胞测序和 ATAC 测序技术进行结合,

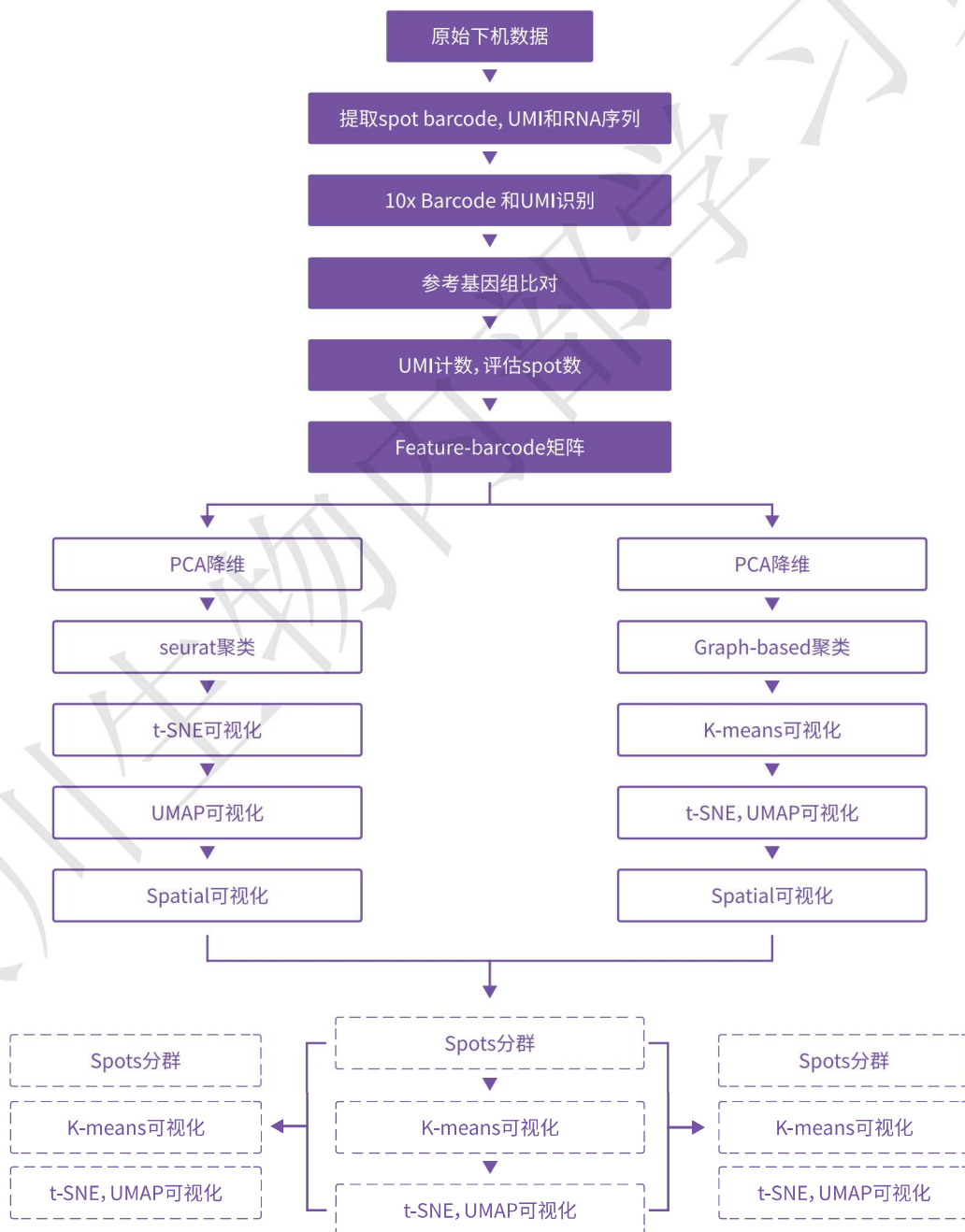
10x Genomics Chromium Single Cell ATAC Solution (10x scATAC-seq) 是 10x Genomics 推出单细胞表观基因组水平上揭示染色质可接近性的研究策略, 使得在单细胞水平上研究染色质开放性成为现实。通过单细胞染色质可接近性图谱构建, 不仅能清晰了解染色质结构, 还可以绘制高分辨率转录因子调控网络, 为深入了解疾病的诊断和治疗铺平道路。



空间转录组测序

细胞的转录信息，空间位置信息，形态学信息，生理学信息，对理解细胞功能至关重要。空间转录组技术实现在组织环境中将基因表达情况可视化。

联川生物空间转录组测序利用10x Genomics Visium平台，结合显微成像技术，芯片和RNA测序技术，能够从一片完整的冰冻组织切片中获取切片不同位置细胞中的转录组数据。不仅将组织学和基因表达分析相结合，而且还具备可视化基因表达和形态学数据的软件。在国内领先搭建空间转录组测序服务平台，样本处理经验丰富，物种覆盖度广泛，并自主研发了特殊的组织透化方法，包括致密组织透化法，黏膜组织透化法，结缔组织透化法等。



用户案例分析

英文标题: Transcriptional landscapes of de novo root regeneration from detached Arabidopsis leaves revealed by time-lapse and single-cell RNA sequencing analyses



扫一扫, 获全文

中文标题: 单细胞测序揭示拟南芥离体叶片根从头再生机制

研究单位: 中国科学院植物生理生态研究所(上海)

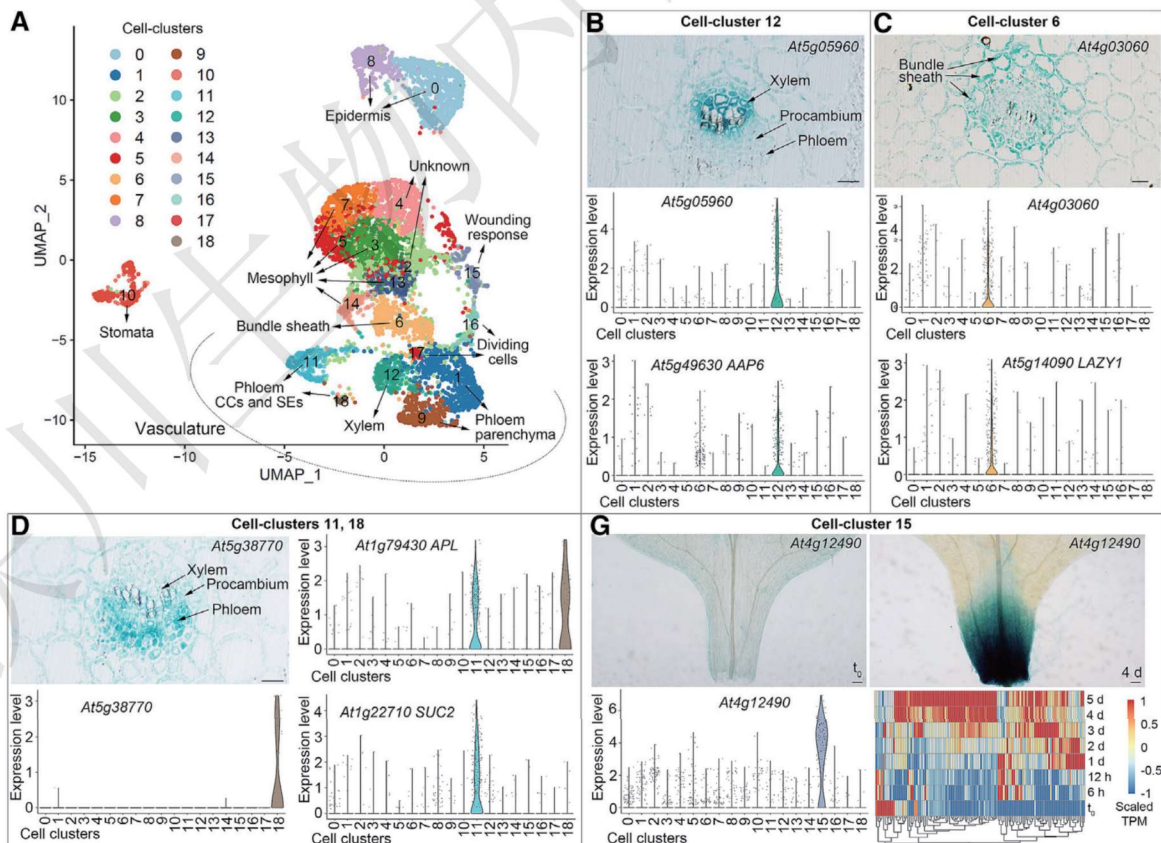
发表期刊: Plant Communications

研究手段: 单细胞转录组测序

影响因子: 8.625

本文提供了新根再生(DNRR)中从创伤反应到根器官再生全过程中转录组重编程的高分辨率图谱,展示了DNRR中涉及的关键因素。在叶片离体后12小时内对叶片进行延时RNA测序(RNA-seq),结果显示茉莉酸、乙烯和活性氧(ROS)通路在受伤后迅速被激活。研究证明乙烯和活性氧可作为创口信号以促进DNRR发生。

再对叶片离体5天内进行延时RNA测序,结果显示不定生根过程中脱离叶片受伤区域的器官发生、伤口诱导再生和资源分配相关基因的激活。此外,单细胞RNA转录组数据揭示了不定生根期间离叶受伤区域的基因表达模式。总体而言,本研究不仅提供了转录组相关信息,还揭示了拟南芥离体叶片中DNRR发生的关键因素。



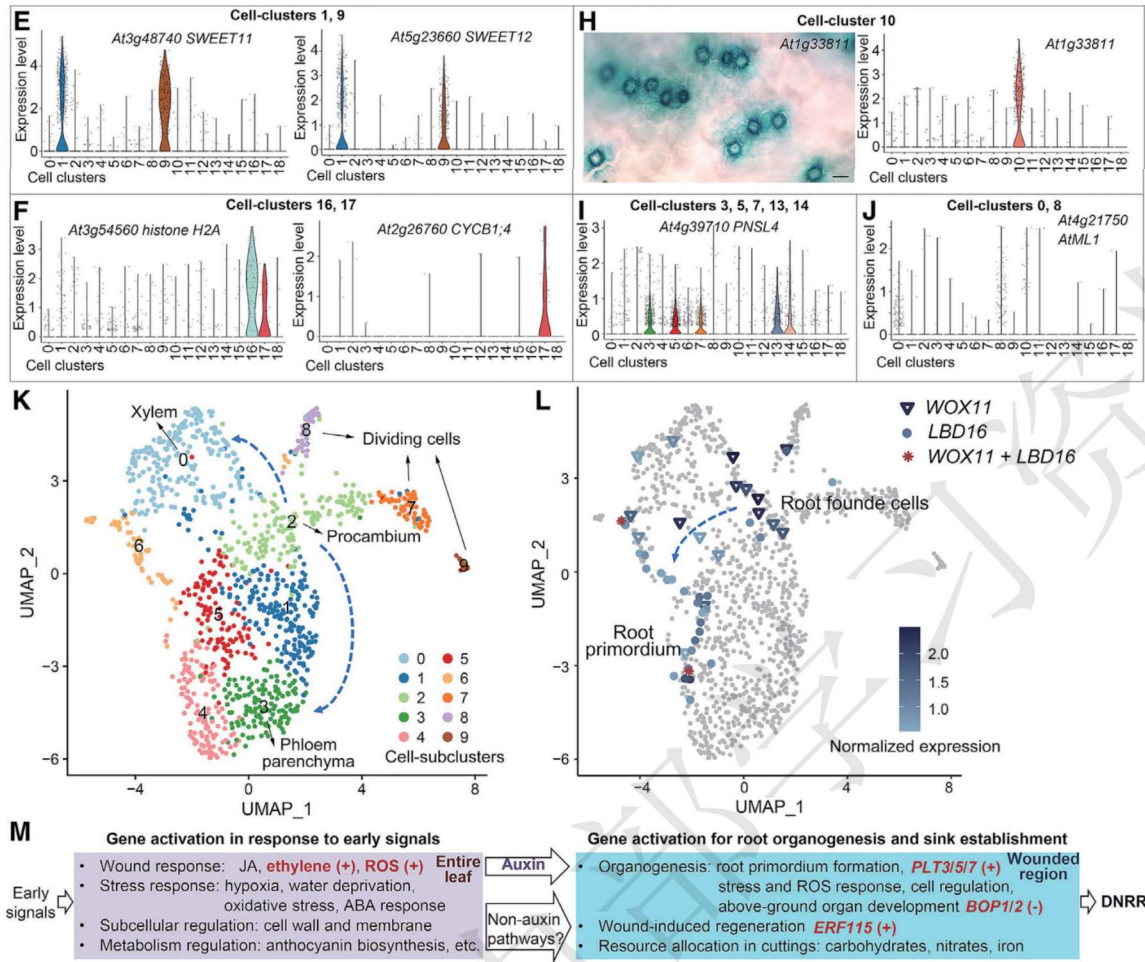


图1 离体叶片损伤区的单细胞图谱

英文标题: Single-cell transcriptome atlas reveals developmental trajectories and a novel metabolic pathway of catechin esters in tea leaves

中文标题: 单细胞转录组图谱揭示茶叶中酯型儿茶素发育轨迹和新的代谢途径

研究单位: 安徽农业大学茶树生物学与资源利用国家重点实验

发表期刊: Plant Biotechnology Journal

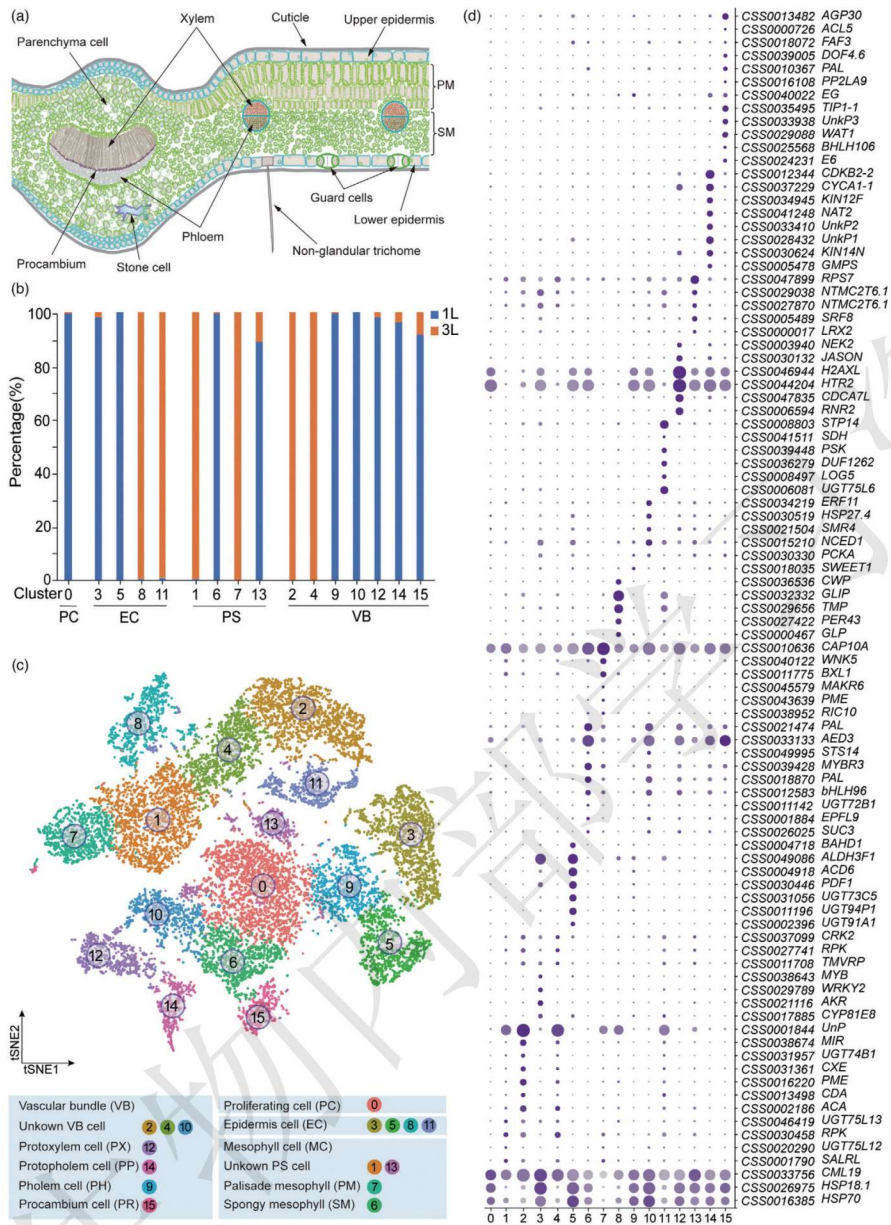
研究手段: 单细胞转录组测序, 联川星云

影响因子: 13.263



扫一扫, 获全文

本研究采用多种方法对细胞标记基因进行了验证, 并绘制了茶树叶片发育轨迹, 为木本植物叶片细胞图谱绘制提供了重要的参考信息。通过筛选特定细胞类型, 构建特异表达矩阵, 发现了一种新的酯型儿茶素糖基转移酶, 提供了茶树酯型儿茶素糖苷化证据。



茶树嫩叶细胞图谱

英文标题: Cross-tissue single-cell transcriptomic landscape reveals the key cell subtypes and their potential roles in the nutrient absorption and metabolism in dairy cattle

中文标题: 跨组织单细胞转录组图谱揭示了关键细胞亚型及其在奶牛营养吸收和代谢中的潜在作用

研究单位: 浙大动科院孙会增课题组

研究手段: 单细胞转录组测序

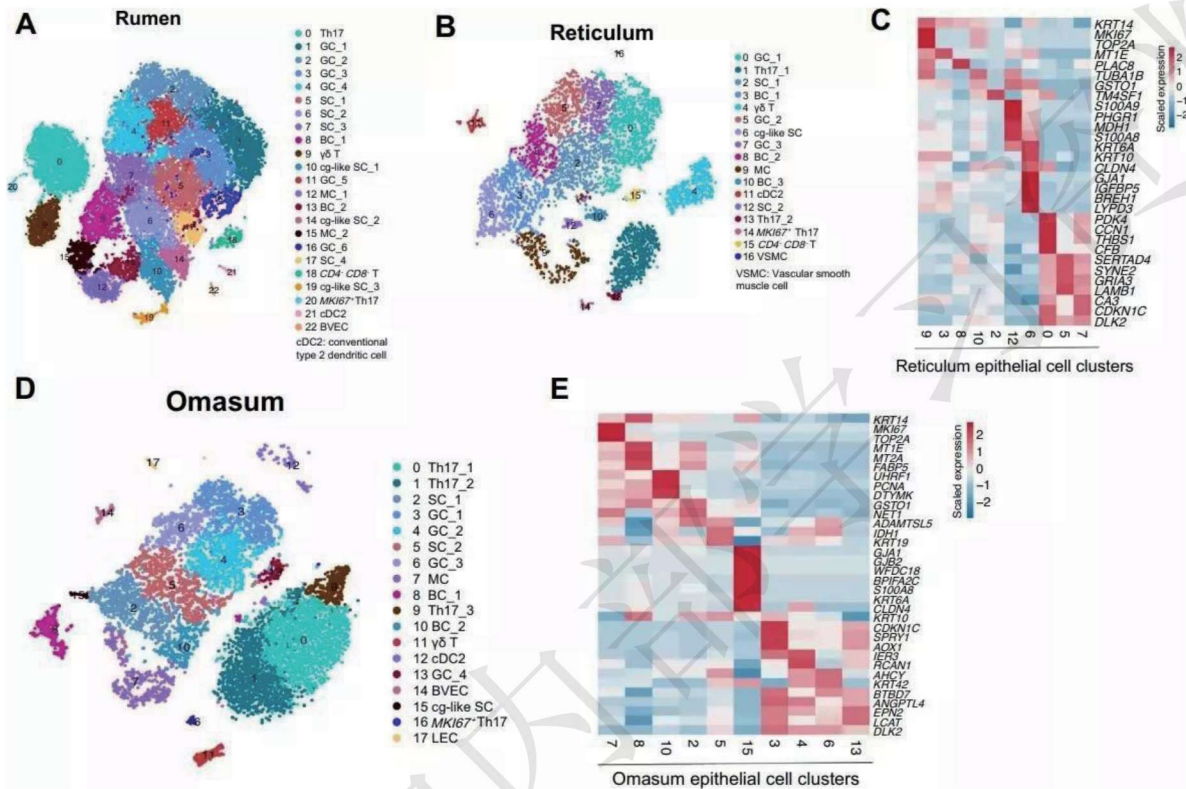
发表期刊: Journal of Advanced Research

影响因子: 12.822



扫一扫，获全文

本课题构建了泌乳奶牛关键代谢组织的单细胞转录组图谱，为揭示不同组织在单细胞分辨率下的不同基因表达模式提供了有价值的资源。重要的是，确定的细胞间通信信号通路是营养物质运输的关键。这些发现将有助于改善动物健康和生产制定精确的目标，时刻践行人与自然和谐相处的理念。

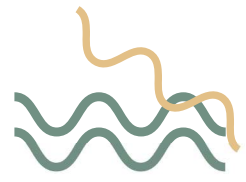


参考文献:

- [1]Wu L, et al. Transcriptional landscapes of de novo root regeneration from detached Arabidopsis leaves revealed by time-lapse and single-cell RNA sequencing analyses. *Plant Communications*. 2022.
- [2]Song CK. et al. Single-cell transcriptome atlas reveals developmental trajectories and a novel metabolic pathway of catechin esters in tea leaves. *Plant Biotechnology Journal*, 2022.
- [3]Wu JJ,et al.Cross-tissue single-cell transcriptomic landscape reveals the key cell subtypes and their potential roles in the nutrient absorption and metabolism in dairy cattle.*Journal of advanced research*, 2021.

蛋白质组学

PROTEOMICS



蛋白质组学,是以蛋白质组为研究对象,研究细胞、组织或生物体蛋白质组成及其变化规律的科学,即包括一种细胞乃至一种生物所表达的全部蛋白质。蛋白质组学本质是在大规模水平上研究蛋白质的特征,包括蛋白质的表达水平,翻译后的修饰,蛋白与蛋白相互作用等。

技术服务



TMT标记定量蛋白质组学



Labelfree蛋白质组定量



DIA定量与检测

样品准备及RNA起始量要求

项目类型	送样建议
TMT 标记定量蛋白质组学	建议总蛋白起始量(单次): $\geq 500 \mu\text{g}$, 浓度 $\geq 1\mu\text{g}/\mu\text{L}$ 蛋白质溶液, 组织样品、细胞及体液样品
Labelfree 蛋白质组定量	动物组织 $\geq 100 \text{mg}$, 植物组织 $\geq 1\text{g}$, 细胞 $\geq 10^6$ 个 蛋白提取物: $\geq 300 \mu\text{g}$
DIA 定量与检测	蛋白质溶液, 组织样品、细胞及体液样品

(详细信息请咨询我司技术支持或驻地销售)

TMT标记定量蛋白质组学

TMT™ (Tandem Mass Tag™) 技术由美国 Thermo Fisher Scientific 开发的一种多肽体外标记技术。该技术采用了 6 标 (TMTsixplex™ Isobaric Label Reagent Set)、10 标 (TMT10plex™ Isobaric Label Reagent Set)、16 标 (TMTpro 16plex) 同位素标签,通过与肽段特异氨基酸位点相连实现不同来源的肽段标记,然后进行串联质谱分析,监测碎裂下来的标签实现肽段定量。一次实验可灵活比较最多 16 种不同样本中蛋白质的相对含量。TMT 技术是常用的差异蛋白质组学技术,在疾病标记物筛选、药物作用靶点、动植物抗病/抗胁迫机制、动植物发育分化机理等领域都有广泛应用。

项目流程



联川优势：

- 联川生物液相色谱与串联质谱连用，自动化操作，分析速度快，分离效果好。对绝大部分物种蛋白质进行分离鉴定。

Labelfree蛋白质组定量

蛋白质非标记定量技术 (label-free) 是通过液质联用技术对蛋白质酶解肽段进行质谱分析，无需使用昂贵的稳定同位素标签做内部标准，只需分析大规模鉴定蛋白质时所产生的质谱数据，比较不同样品中相应肽段的信号强度，从而对肽段对应的蛋白质进行相对定量。Label-free 的技术优势就在于蛋白质不需要昂贵的同位素标签进行标记，所需样品总量少，耗费低。

联川优势

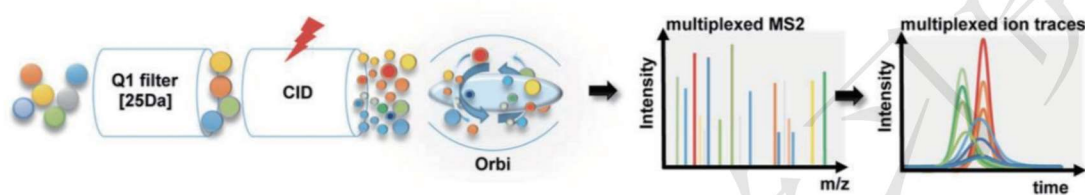
- 联川生物Labelfree蛋白质组定量所需样本量少，可对微量样本进行分析
- 不受样本数量限制且对实验操作稳定性、重复性要求高，至少做三个生物重复（尽可能多做生物学重复）
- 深度覆盖检测动态范围可以达到8个数量级以上，提高了低丰度蛋白质的检测效率

项目流程



DIA 定量与检测

数据非依赖性的扫描模式 (Data-independent acquisition, DIA) 是近几年来发展的一种新的质谱数据采集方式。可以对特定质量范围内的所有母离子进行碎裂, 采集所有母离子的碎片离子信息进行蛋白定性和定量。目前流行的蛋白质组学研究手段, 如 iTRAQ\TMT、Label-free、SILAC 采用的都是数据依赖性的扫描模式 (Data-dependent acquisition, DDA)。相对于 DDA, DIA 具有更好的准确性和可重复性, 是蛋白质组学研究的一大重要趋势。下图为 DIA 定量技术原理图:



联川优势

- 联川生物 DIA 定量与检测灵敏度高, 无歧视地获得所有肽段的信息, 不会造成低丰度蛋白信息的丢失
- 循环时间固定, 扫描点数均匀
- 定量准确度高, 重复性好, 重复样品间的定量相关性可达到 0.99 以上

项目流程



用户案例分析

英文标题: Integrated analysis of transcriptomic, miRNA and proteomic changes of a novel hybrid yellow catfish uncovers key roles for miRNAs in heterosis

中文标题: 对一种新型杂交种黄颡鱼的转录组、miRNA 和蛋白质组变化进行综合分析解释在杂种优势中的关键作用

研究单位: 南京师范大学

发表期刊: Molecular & Cellular Proteomics

研究手段: TMT、miRNA 测序、转录组测序

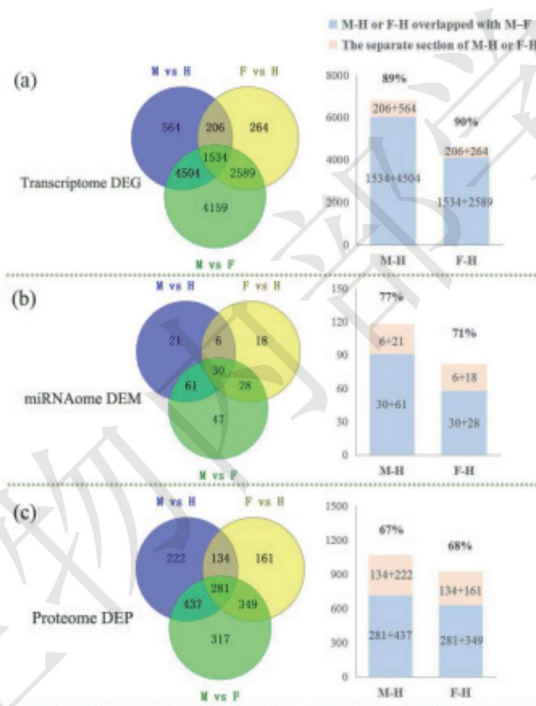
影响因子: 7.074



扫一扫, 获全文

杂种优势是一种复杂的生物现象，杂交表现出相对于亲本更优越的表型特征，如生长速度、发育和耐受性。显性、显性和上位性分别被认为是杂种优势的遗传解释。然而，这些假设大多是概念性的，与分子原理无关；因此，他们无法解释杂种优势的分子基础。尽管几十年来，杂种优势在鱼类生产中被广泛利用，但这一现象背后的分子机制仍不清楚，尽管研究了一个多世纪。鱼类杂种优势的利用率远远超出了理论水平上的认识。这种缺乏了解也限制了对其在水产养殖中的应用的改进。

在解释杂种优势的遗传机制方面，转录或转录后水平的研究已显著提高。然而，由于转录调控的限制，转录变化并不能完全准确地描述蛋白质水平的各种变化。因此，从蛋白质组学角度研究杂种及其亲本蛋白质差异，了解物种蛋白质差异的变化规律对杂种优势具有重要作用，需要深入探讨。作者通过对H、F和M的肝脏进行了mRNA-seq、miRNA-seq和蛋白质组学研究，进一步解释杂种优势表型的分子基础。



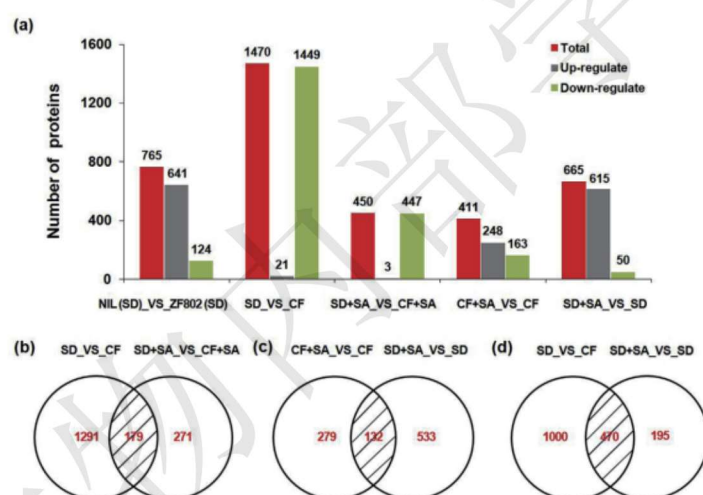
英文标题: Proteomic analysis of salicylic acid regulation of grain filling of two nearisogenic rice (*Oryza sativa* L.) varieties under soil drying condition

中文标题: 土壤干燥条件下水杨酸对两个近等基因水稻籽粒灌浆调控的蛋白质组学分析



扫一扫，获全文

水稻 (*Oryza sativa* L.) 是世界人口极其重要的粮食作物，尤其是在亚洲。由于人口的增长,未来30年需要水稻产量的大幅增长。然而,水稻产量受到热胁迫、冷胁迫和干旱胁迫等环境因素的制约。土壤干燥(Soil dry, SD)是指水分从土壤中蒸发出来的情况,通过土壤含水量和植物的反应来评价土壤的干燥状况。可持续发展不应简单地假设为缺水或干旱胁迫,因为这些条件取决于可持续发展的严重程度和时间。在水稻中,SD可引起干旱胁迫,如果不能迅速完成复水,则是限制作物生产的主要非生物胁迫,在不可逆转的损害。适度的土壤干燥有利于植物根系的扩张和活力,促进同化物的转运和转化,提高产量生产力和收获指数,然而,严重的土壤干燥会显著降低粮食产量,严重干旱降低了根系的水分吸收和木质部液流速率。水杨酸在植物生长过程中的多个生理过程中发挥重要的调控作用,如诱导开花、促进种子萌发、抑制信号转导、逆转气孔关闭和介导植物耐受逆境等。文章以浙富802 (ZF802)及其近等基因系(NIL)为材料,研究了浙富802及其近等基因系(NIL)的调控作用SD下水稻籽粒灌浆和粒重的水杨酸变化。通过蛋白质组学手段对水稻籽粒灌浆过程进行蛋白质组学分析,揭示水稻籽粒灌浆过程中水杨酸调控的分子机制。



参考文献

- [1] Guosong Zhang et.al.Integrated analysis of transcriptomic, miRNA and proteomic changes of a novel hybrid yellow catfish uncovers key roles for miRNAs in heterosis. Mol Cell Proteomics
- [2] R.E.R. Kimbembe, et al.Proteomic analysis of salicylic acid regulation of grain filling of two nearisogenic rice (*Oryza sativa* L.) varieties under soil drying condition Plant Physiology and Biochemistry

代谢组学

PROTEOMICS



代谢组学是系统生物学的重要组成部分，是继基因组学、转录组学、蛋白质组学后出现的以定量描述生物体内代谢物变化为目标的新兴组学。代谢组处于基因调控网络和蛋白质作用网络的下游，提供的是生物学的终端信息。代谢物与上游基因、蛋白进行相互作用以反馈上游的生命活动网络，以完成机体所赋予的各项功能活动。

联川优势

- 基于先进的液相串联质谱技术，检测多达上千种pg级化合物，可以胜任热不稳定、不易挥发、不易衍生化等物质的检测
- 侧重于相关特定组分共性研究，筛检有意义代谢产物，检测成本较低
- 提供从基因组学、转录组学、蛋白质组学到代谢组学的全程科技服务，深度剖析生物学现象

技术服务



非靶代谢组学



靶向代谢组学

样品准备及RNA起始量要求

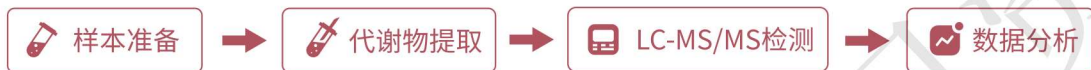
项目类型	送样建议
非靶代谢组学	细胞 $\geq 10^7$ 个；组织 $\geq 100\text{mg}$ ；血浆或血清 $\geq 200\mu\text{L}$
靶向代谢组学	细胞 $\geq 10^7$ 个；组织 $\geq 100\text{mg}$ ；血浆或血清 $\geq 200\mu\text{L}$

(详细信息请咨询我司技术支持或驻地销售)

非靶代谢组学

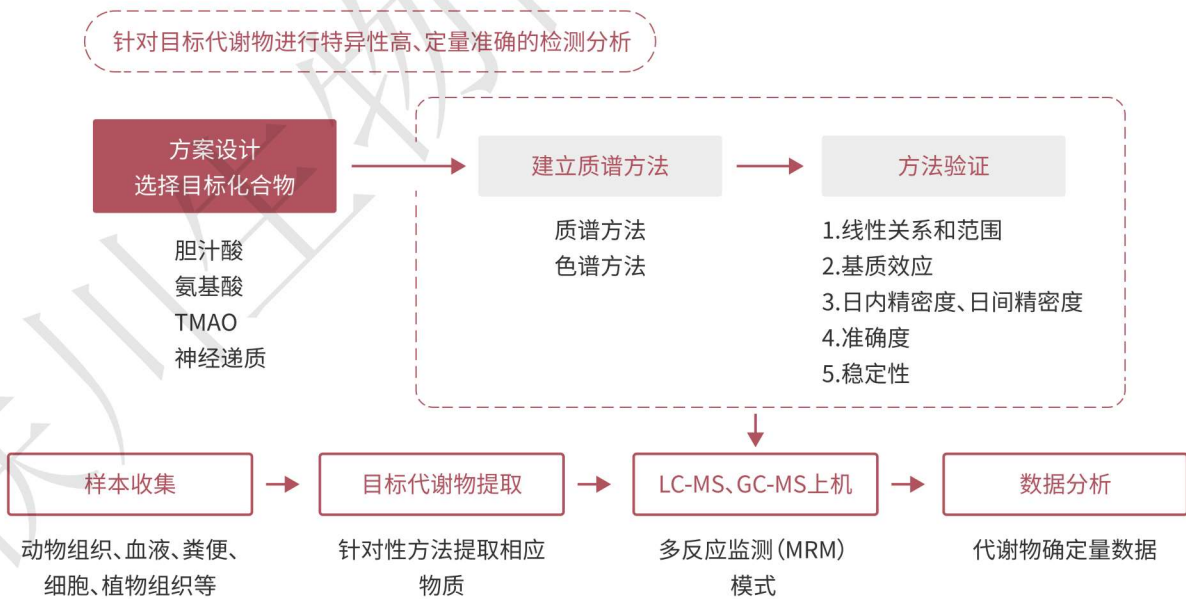
非靶代谢组学分析通常采用色谱-质谱 (LC-MS/MS) 联用技术采集样品的代谢图谱, 比较不同组样品代谢产物的含量, 鉴定差异表达的代谢物, 并探索差异代谢物之间的代谢通路。代谢组学分析技术已广泛应用于营养食品科学、植物学等相关领域, 已成为目前研究的新热点。

项目流程



靶向代谢组学

靶向代谢组学针对特定一种或多种代谢物, 以标准品为参照, 构建特异性强、灵敏度高、重复性好的检测方法, 对目标化合物进行绝对定量与分析。可验证候选生物标记物并分析已知目标化合物。靶向代谢组采用多反应监测 (Multiple reaction monitoring, MRM) 扫描技术对目标化合物进行定性和定量分析。靶向代谢组一方面可以对非靶代谢组学的关键分子进行验证, 另一方面, 也可以直接针对某类代谢物进行定量检测, 为分子机制及后续代谢分子标志物的开发利用提供有力支持。



用户案例分析

英文标题: Defense responses of arbuscular mycorrhizal fungus-colonized poplar seedlings against gypsy moth larvae: a multiomics study

中文标题: 丛枝菌根真菌定植杨树幼苗对舞毒蛾幼虫的防御反应

研究单位: 东北林业大学

发表期刊: Horticulture Research

研究手段: 非靶向代谢组学

影响因子: 7.291

丛枝菌根 (Arbuscular mycorrhizome, AM) 是一种生存在土壤中的真菌, 广泛分布于农林复合生态系统中, 可能有助于保护植物免受食草动物的侵害。本研究采用接种丛枝菌根真菌 (*Glomus mossae*) 菌株对白杨幼苗生长及其对舞毒蛾幼虫的抗性的影响。并通过整合菌根诱导的植物叶片组织的转录组和代谢组学分析, 确定了AM共生对杨树抗舞毒蛾幼虫的调控机制。转录组学分析鉴定出菌根中上调的基因幼苗, 这些基因主要富集于茉莉酸信号通路及类黄酮生物合成相关通路, 代谢组学分析表明几种杀虫特性的代谢物在菌根幼苗中显著积累。结果表明菌根诱导的抗性可能用于木本植物的害虫管理。

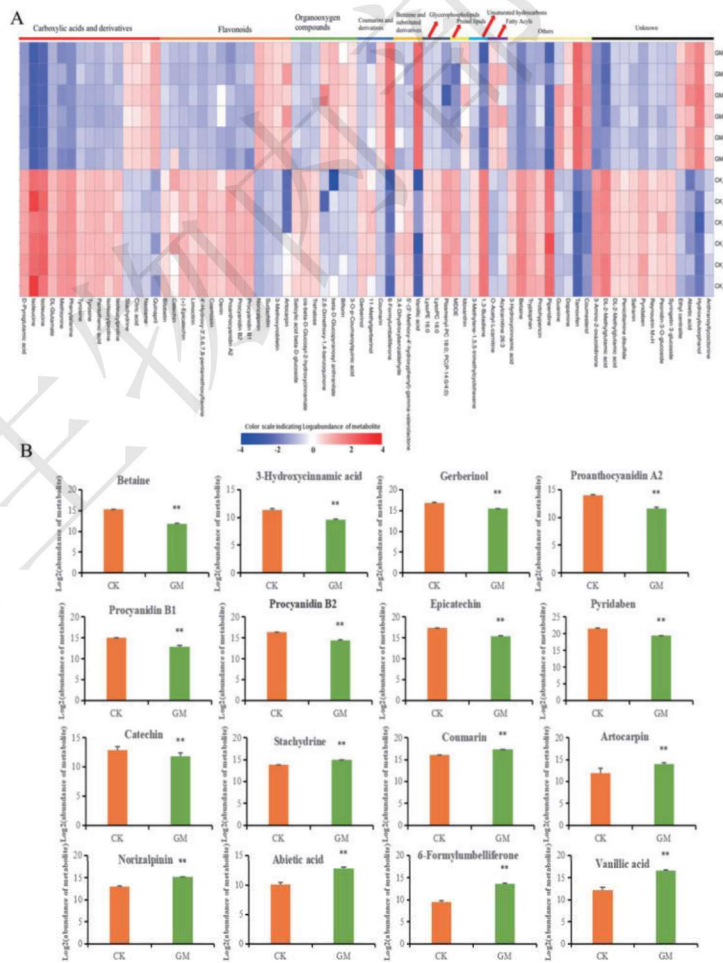


图 丛枝菌根真菌杨树幼苗叶片中代谢物显著变化

英文标题:UGT85A53 promotes flowering via mediating abscisic acid glucosylation and FLC transcription in *Camellia sinensis*

中文标题:茶树UGT85A53通过介导脱落酸糖基化和FLC的转录来促进开花

研究单位:安徽农业大学

发表期刊:journal of experimental botany

研究手段:靶向代谢组学(ABA)

影响因子:7.298

尿苷二磷酸依赖性糖基转移酶催化小分子的糖基化，并在维持细胞稳态和调节植物发育中发挥重要作用。糖基转移酶广泛分布，但是在调节植物生长和发育中的生物学作用在很大程度上是未知的。在拟南芥中异位表达 *CsUGT85A53* 导致长日和短日条件下的早期开花表型。与野生型植物相比，在转基因拟南芥中，开花阻抑基因 *FLC* 和 *ABI5* (在 ABA 调控的开花信号中激活 *FLC* 的激活物) 的转录物积累均被显著抑制。在 *CsUGT85A53*-OE 植物中，*FLC* 基因表达水平降低可能与其 DNA 甲基化水平升高有关。生化分析表明，*CsUGT85A53* 可以在体外和植物体内对 ABA 进行糖基化，形成失活的 ABA 糖苷。拟南芥中 *CsUGT85A53* 的过表达导致游离 ABA 水平降低和 ABA-葡萄糖苷水平升高。通过使用 ABA，恢复了 *CsUGT85A53*-OE 转基因品系的早期开花表型。

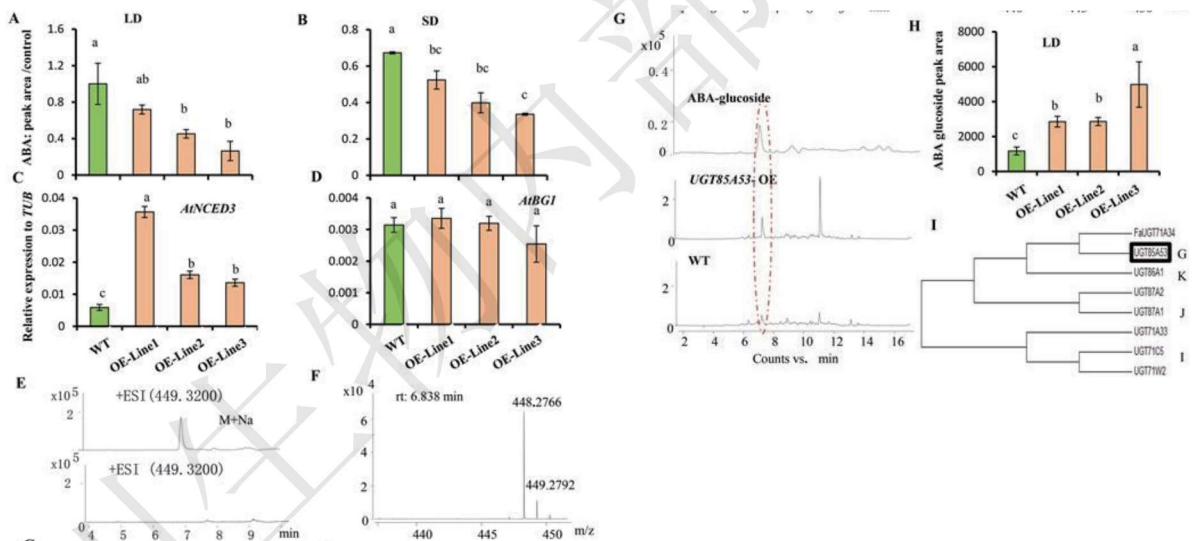


图 *CsUGT85A53* 在体外和体内参与 ABA 糖基化

参考文献

- [1] Jiang D, et al. Defense responses of arbuscular mycorrhizal fungus-colonized poplar seedlings against gypsy moth larvae: a multiomics study. *Hortic Res.* 2021 Dec 1;8(1):245.
- [2] Jing T, et al. UGT85A53 promotes flowering via mediating abscisic acid glucosylation and FLC transcription in *Camellia sinensis*. *J Exp Bot.* 2020 Dec 31;71(22):7018-7029.

微生物组学

MICROBIOME



微生物广泛分布于我们生活的环境甚至是极端环境中，通常不是单个存在，而是与周围环境中的其他微生物形成群落，通过复杂的相互作用表现出生态系统功能。因此，微生物与人类生存、动植物繁衍、乃至环境的可持续发展都息息相关。微生物组学研究的重要性已不言而喻。现阶段，微生物组学研究主要是采用高通量测序技术，对特定环境中的微生物群落进行多样性分析，挖掘菌群携带的基因信息和潜在的生物学功能，进而探讨微生物群与宿主(环境)的相互作用机制。

联川优势

- 超过10年微生物组学项目经验,涵盖医学和农学各方向研究
- 全程高质量技术支持服务,助力超过300篇高水平研究论文发表,平均IF>6分
- 创新的特色微生物组项目,肿瘤微生物组测序,植物内生菌LNA-16S测序等,助力前沿微生物组学研究

技术服务



16S rDNA测序/ITS测序/18S rDNA测序/功能基因测序



植物内生菌测序(LNA 16S测序/巢式ITS测序)



宏基因组测序



宏转录组测序

样品准备

项目类型	送样建议
微生物群 & 功能基因多样性测序	土壤、水体、肠道内容物、粪便样本等 建议总 DNA 起始量: >1μg (较纯 DNA, 无宿主及其他杂质污染)
植物内生菌多样性测序	植物各类器官如根、茎、叶、种子等, DNA
宏基因组和宏转录组测序	粪便、土壤、水体、RNA/DNA

(详细信息请咨询我司技术支持或驻地销售)

微生物群&功能基因多样性测序

微生物群多样性测序(也称扩增子测序)是通过对菌群的特征性序列进行PCR扩增,然后对PCR产物进行测序。常见的16S测序,即是采用特异性引物对环境菌群样本DNA中细菌16S rDNA可变区(如V3-V4)进行PCR扩增和测序,以研究环境样本中细菌群落的多样性。同样地,常见的ITS测序或是18S测序是对环境样本中真菌群落的多样性进行研究。

功能微生物是在自然界中由于其功能的重要性而受到广泛关注的一类微生物,如硝化细菌、反硝化菌、氨氧化细菌、硫酸盐还原菌、固氮菌、固氮菌等。每种功能微生物在分类学上可能有很大不同,但却具有相类似的基因使其能够发挥同样的功能。

16S rDNA测序

16S rDNA(也称16S rRNA基因)是编码原核生物核糖体小亚基的DNA序列,具有10个保守区和9个高变区,其中保守区反映了生物物种间的亲缘关系,而可变区则表明物种间的差异。16S rDNA测序即是扩增16S的特定可变区(如V3-V4)进行高通量测序,然后将测序序列与16S数据库比对,从而鉴定出样本中含有的细菌群落信息。

ITS测序

所有真核生物包括真菌都有内转录间隔区(Internal Transcribed Spacer,ITS)。ITS位于rRNA编码基因18S,5.8S和28S之间的小基因片段,包括ITS1和ITS2。由于ITS区不加入成熟核糖体,ITS片段在进化过程中承受的自然选择压力非常小,在绝大多数的真核生物中表现出了极为广泛的序列多态性。因此ITS测序(如ITS2测序)可以鉴定出样本中含有的真菌群落信息。

18S rDNA测序

18S rDNA(也称18S rRNA基因)是编码真核生物核糖体小亚基的DNA序列。18S rDNA测序即是扩增18S的特定可变区进行高通量测序,然后将测序序列与18S数据库比对,从而鉴定出样本中含有的真菌群落信息。

功能基因测序

使功能细菌发挥特定功能的基因称为功能基因,如nxA、amoA、dsrB、nifH。功能基因多样性测序是针对这些功能基因设计PCR通用引物,进行建库和测序,进而研究特定环境中的功能微生物的物种信息。

联川优势

- 自动化实验操作流程,减少人为操作误差,确保实验的高准确性
- 自有illumina NovaSeq测序仪,测序质量好测序周期快
- 检测功能基因全,涵盖碳、氮、磷、硫循环相关基因及其他功能基因
- 项目经验丰富,快速解决用户问题,已协助用户发表300+微生物组学文章

项目流程



用户案例分析

英文标题:Antibiotic resistance gene abundance and bacterial community structure in soils altered by Ammonium and Nitrate Concentrations

中文标题:铵、硝态氮浓度对土壤抗生素抗性基因丰度和细菌群落结构的影响

研究单位:南京农业大学资源与环境科学学院

发表期刊:Soil Biology and Biochemistry

研究手段:16S rDNA测序,qPCR

影响因子:8.546



扫一扫,获全文

近年来,细菌群落结构在驱动土壤抗生素抗性基因(Antibiotic resistance genes, ARGs)变化中的作用越来越受到研究者的关注。由于细菌群落结构是决定土壤中ARGs含量的重要因素,任何影响细菌群落的物质,如氮的改良剂,都会影响土壤中ARGs的丰度。本研究的目的是利用16S rDNA测序和qPCR研究两种氮形态($\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 $\text{NO}_3^-\text{-N}$)对土壤有机质和细菌群落的影响。研究结果表明,施用 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 可能触发土壤细菌群落中ARGs的发生,并且可能是除了众所周知的动物粪便抗生素暴露对土壤中ARGs丰度的影响之外的另一个危险因素。

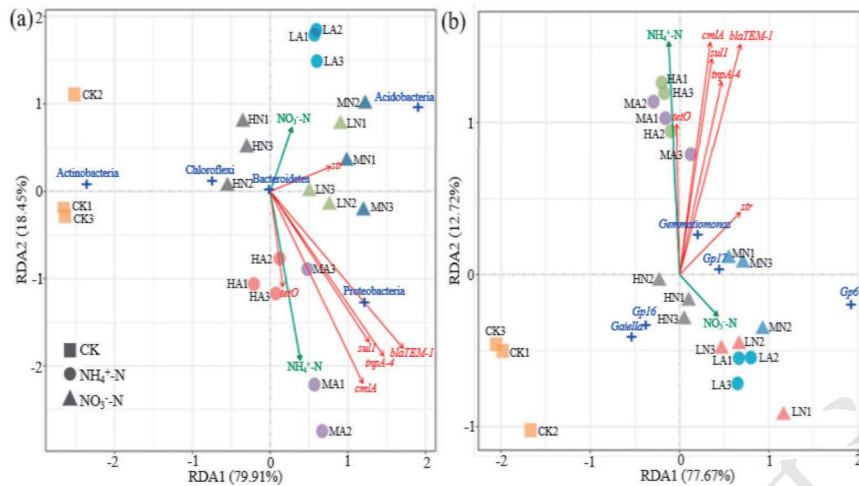


图1 细菌群落与ARGs关系RDA分析

(a) 主要门与ARGs的关系。红色箭头表示抗性基因。蓝色的丰度最高的五个门。

(b) 丰度最高的细菌属与ARGs的关系。蓝色的代表最高的五个属。

英文标题:Deciphering the rhizosphere microbiome of a bamboo plant in response to different chromium contamination levels

中文标题:不同铬污染水平下竹子根际微生物群落的变化

研究单位:国家林业和草原局竹子研究开发中心

发表期刊:Journal of Hazardous Materials

研究手段:16S rDNA、ITS测序

影响因子:14.224

竹子因其高生物量和重金属 (HM) 抗性而被认为是植物修复的潜在植物物种。然而,关于竹子与重金属污染土壤中土壤微生物活动之间的相互作用知之甚少。在这里,我们研究了沿铬 (Cr) 梯度的葶竹 (*Phyllostachys praecox*) 根际土壤中微生物群落的特征。我们发现土壤Cr含量与总有机碳 (TOC) 和HCl可提取的Cr呈正相关,但与pH值和细菌和真菌香农指数呈负相关。Cr污染下竹子根际以变形菌和子囊菌为主。共生网络表明,对Cr最敏感的两个细菌属和关键分类群来自酸杆菌,表明该门可以作为研究Cr污染土壤的指标。冗余分析表明,土壤细菌和真菌群落组成与Cr、pH、TOC、碱水解N (AN) 和有效磷 (AP) 显著相关 ($p < 0.05$)。随着Cr含量的增加,TOC的增加可归因于Cr对土壤微生物群的不利影响,可能是因为微生物生物量在Cr污染条件下对土壤C矿化的效果较差。

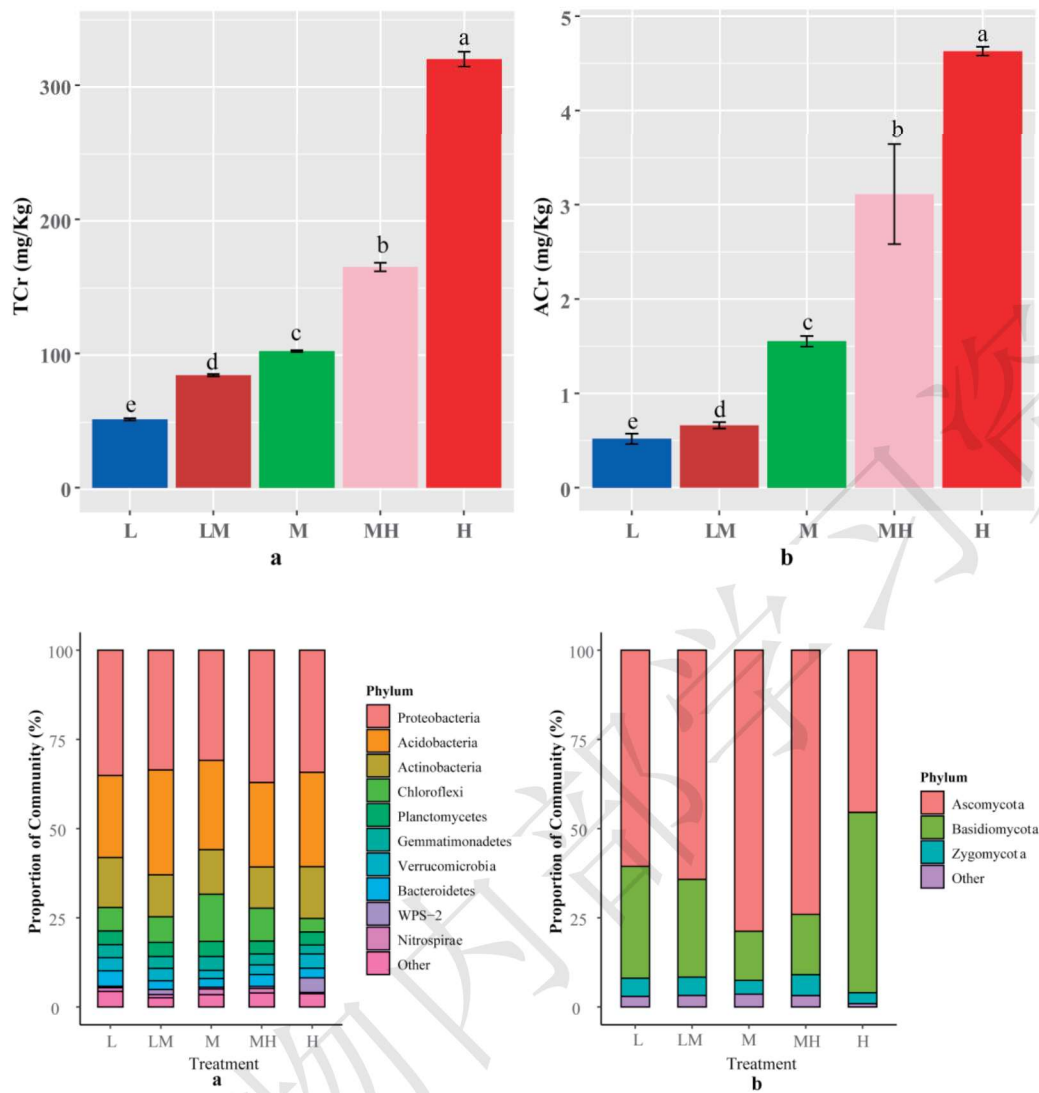


图2 不同Cr污染水平下竹根际土壤中优势细菌(a)和真菌(b)门的相对丰度

参考文献

- [1] Silu Sun, et al. Antibiotic resistance gene abundance and bacterial community structure in soils altered by Ammonium and Nitrate Concentrations. *Soil Biology and Biochemistry* 149(20):107965.
- [2] Zhang X. et al. Deciphering the rhizosphere microbiome of a bamboo plant in response to different chromium contamination levels. *Journal of Hazardous Materials*, 2020.

植物内生菌多样性测序

内生菌长期生活在植物体的特殊环境里，并和宿主协同进化，在演变过程中二者形成了互利共生关系，一方面植物为内生菌提供光合产物和矿物质供内生菌生长需要，另一方面内生菌在宿主的生长发育和系统演化过程中起重要作用。植物内生菌多样性测序即是对植物体内的细菌或真菌群落组成进行鉴定。

植物内生菌，特别是内生细菌，因为植物的线粒体16S rDNA、叶绿体16S rDNA与细菌的16S rDNA在全长上表现出70%以上的序列同源性，而保守区具有更高的序列同源性。这使得在用16S引物扩增植物内生细菌时，扩增子文库中会产生大量植物源DNA污染（占比可高达99%以上），会严重干扰后续的内生细菌数据分析。为了最大程度地降低植物源DNA污染，我们创新性地推出LNA-16S测序，可以使植物内生细菌的数据占比高达99%。



扫码查看LNA-16S测序原理

联川优势

- 针对植物内生细菌，采用专有的LNA-16S测序技术，使得植物内生细菌的数据占比可高达99%
- 针对植物内生真菌，采用专有的巢式PCR建库技术，使得植物内生真菌的数据占比大幅高于常规实验方法

项目流程



案例分析

英文标题: Differentiation and variability in the rhizosphere and endosphere microbiomes of healthy and diseased cotton (*Gossypium* sp.)



扫一扫，获全文

中文标题: 根际和内生微生物群落的相互作用对新疆棉花生长的影响

研究单位: 新疆省农业科学院

发表期刊: *Frontiers in Microbiology*

研究手段: 16S rDNA测序、ITS测序

影响因子: 6.064

棉花是世界范围内一种重要的天然纤维作物。黄萎病是一种感染棉花维管束的土壤传播性疾病，主要病原体为黄萎病菌，可侵染棉花。它具有在土壤中存活时间长和感染过程复杂的特点，难以控制。内生微生物和根际微生物可以促进植物生长，提高植物对外部不利环境条件和病虫害的抗性。植物病害的发生与根际微生物的群落结构密切相关。本研究对新疆7个典型生态区棉花根际土壤和根内相关微生物群落的生态位分化进行了评价。研究了根际微生物与内生菌之间的关系，揭示了根际微生物和内生菌的时空动态，阐明了根际微生物和内生菌之间的差异。

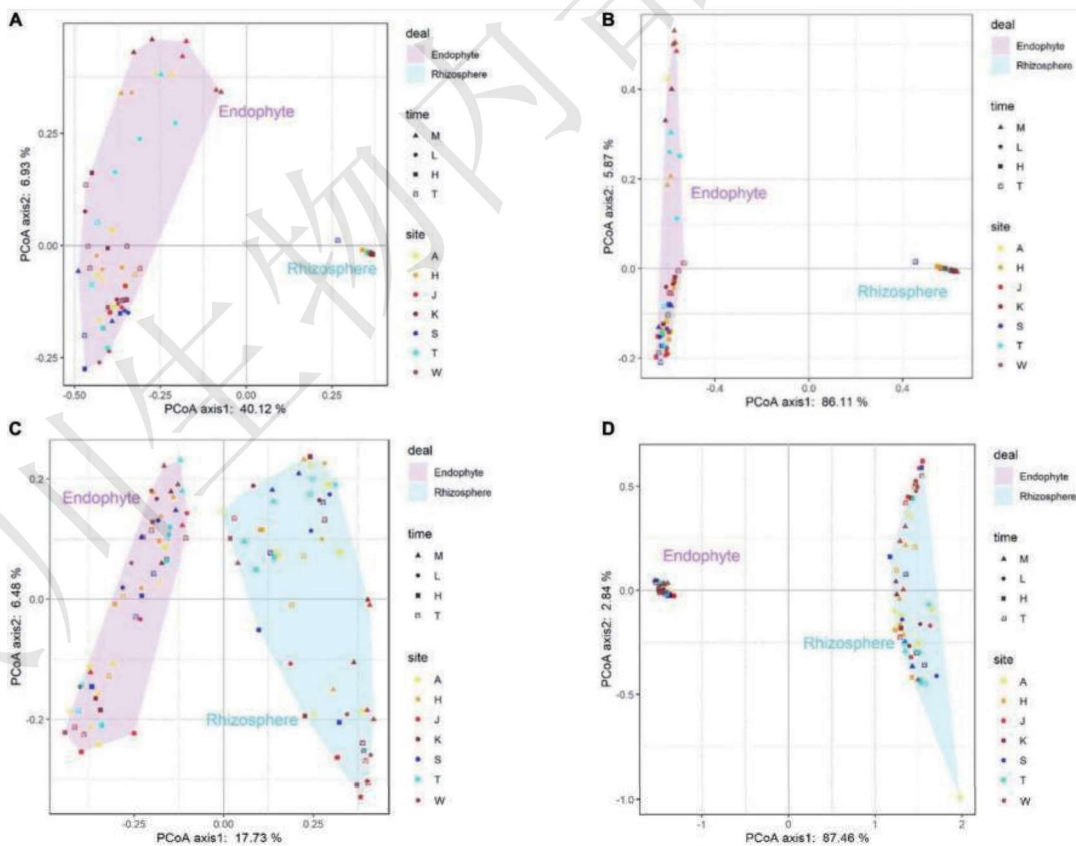


图1 不同采样点和不同生长时期的根际和内生细菌/真菌PCoA分析

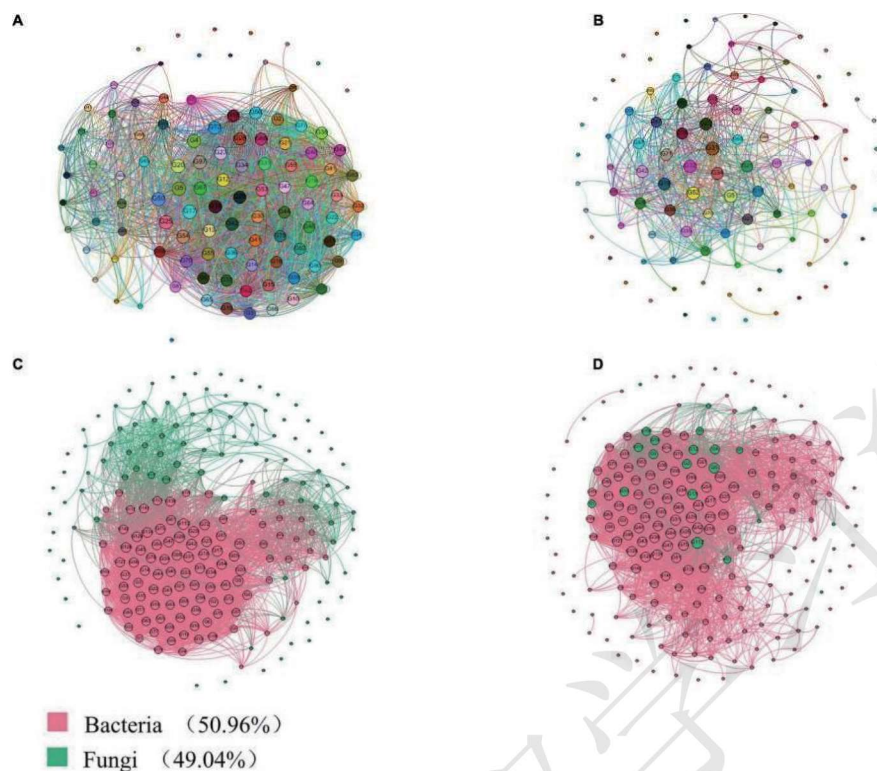


图2 属水平棉花根际和内际微生物群落的相关性网络分析

参考文献

[1]Shi Y, et al. Differentiation and Variability in the Rhizosphere and Endosphere Microbiomes of Healthy and Diseased Cotton (*Gossypium* sp.). *Front Microbiol.* 2021 Dec 6;12:765269.

宏基因组和宏转录组测序

宏基因组测序 (Metagenomics Sequencing) 是对环境样品中的微生物群落的基因组进行高通量测序, 主要研究微生物种群结构、基因功能活性、微生物之间的相互协作关系以及微生物与环境之间的关系。

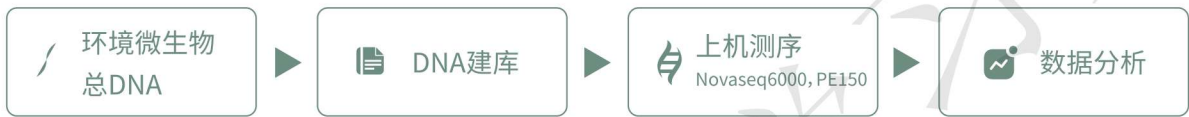
宏转录组测序 (Metatranscriptomics sequencing) 是在转录水平, 以特定样本中微生物群落的全部转录本为研究对象, 分析微生物群落的基因表达与调控。相比于扩增子测序, 宏基因组测序或是宏转录组测序可以给研究者提供更丰富的微生物群落的基因功能信息和参与的通路信息, 更有助于阐释微生物群落与宿主或是环境的相互作用。

联川优势

- 跟踪研究趋势,保持主流的宏基因组/宏转录组数据分析流程
- 提供丰富的宏基因组/宏转录组数据分析图表,满足发表高分文章所需
- 各种类型的样本都能轻松应对,并以更低的样本起始量开展实验

项目流程

宏基因组测序



宏转录组测序



用户案例分析

英文标题: Ecotoxicological effects of erythromycin on a multispecies biofilm model, revealed by metagenomic and metabolomic approaches

中文标题: 宏基因组和代谢组学方法揭示红霉素对多物种生物膜模型的生态毒理效应

研究单位: 香港大学

发表期刊: Environmental Pollution

研究手段: 16S rDNA测序、宏基因组测序、代谢组分析 **影响因子:** 9.988

本研究使用实验室构建可信的生物膜系统,通过宏基因组学和代谢组学方法研究微生物群落对红霉素暴露的整体反应。宏基因组分析显示,暴露红霉素后生物膜微生物多样性没有改变。进一步发现预测的代谢途径(例如细胞通讯途径,氨基酸代谢和肽聚糖的生物合成)主要由门系放线菌, α/β -变形杆菌,拟杆菌和疣状微生物菌引起,与维持体内稳态类似的平衡有关。非靶向代谢组结果显示,由于红霉素的暴露,淡水生物膜中突显了脂质代谢和亚油酸代谢及其相关分子的变化。该研究为多物种生物膜对单一环境胁迫的反应提供了数据支持,并且通过实验室模拟的多物种生物膜在基本水平上研究特定生物活性化合物或污染物的相互作用和反应性的可行性。

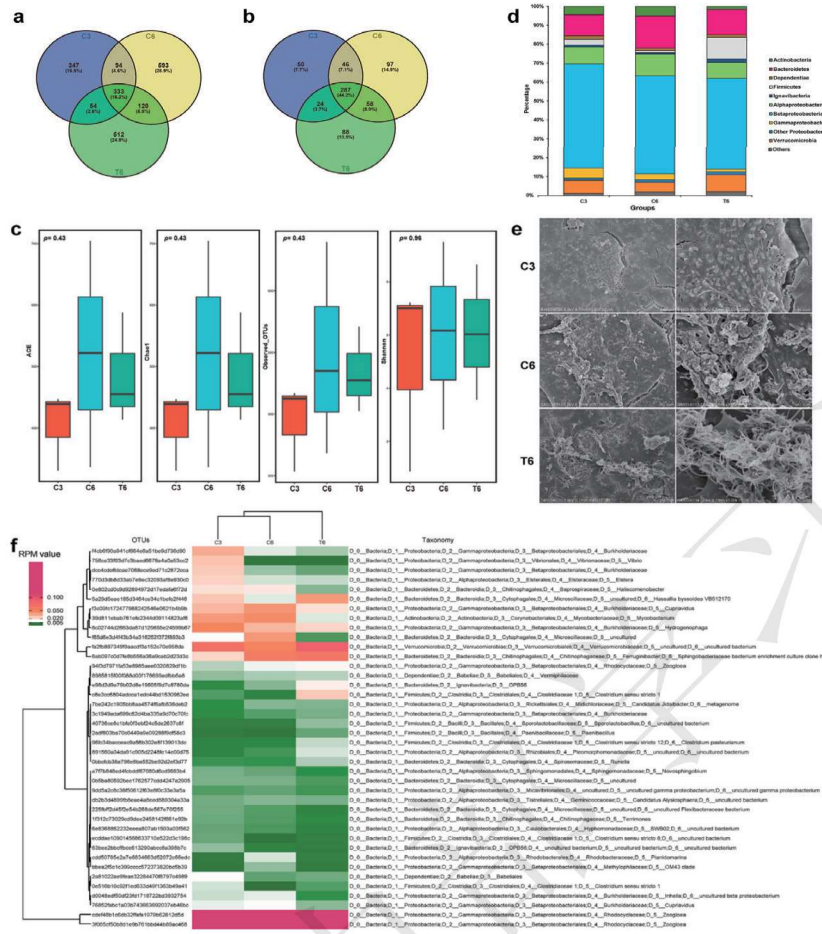


图1 不同处理组16S rDNA测序结果

英文标题: Metatranscriptomic insight into the effects of antibiotic exposure on performance during anaerobic co-digestion of food waste and sludge

中文标题: 宏转录组分析揭示抗生素影响餐厨垃圾和污泥共消化产甲烷过程的作用机理

研究单位: 华东师范大学生态与环境科学学院

发表期刊: Journal of Hazardous Materials

研究手段: 宏转录组测序

影响因子: 14.224

本研究采用宏转录组技术阐明了抗生素抑制餐厨和污泥共消化过程的微生物机制。在厌氧消化过程中，抗生素暴露抑制了关键有机物代谢（氨基酸代谢、脂质代谢）和能量代谢相关的mRNA的表达，导致了产甲烷关键辅酶（辅酶B/M/F420和甲烷呋喃）的生物合成活性受到抑制，最终抑制了产甲烷代谢活性。这些结果与物质代谢和甲烷产量相一致，该研究成果拓展了抗生素抑制有机固废产甲烷的认识。

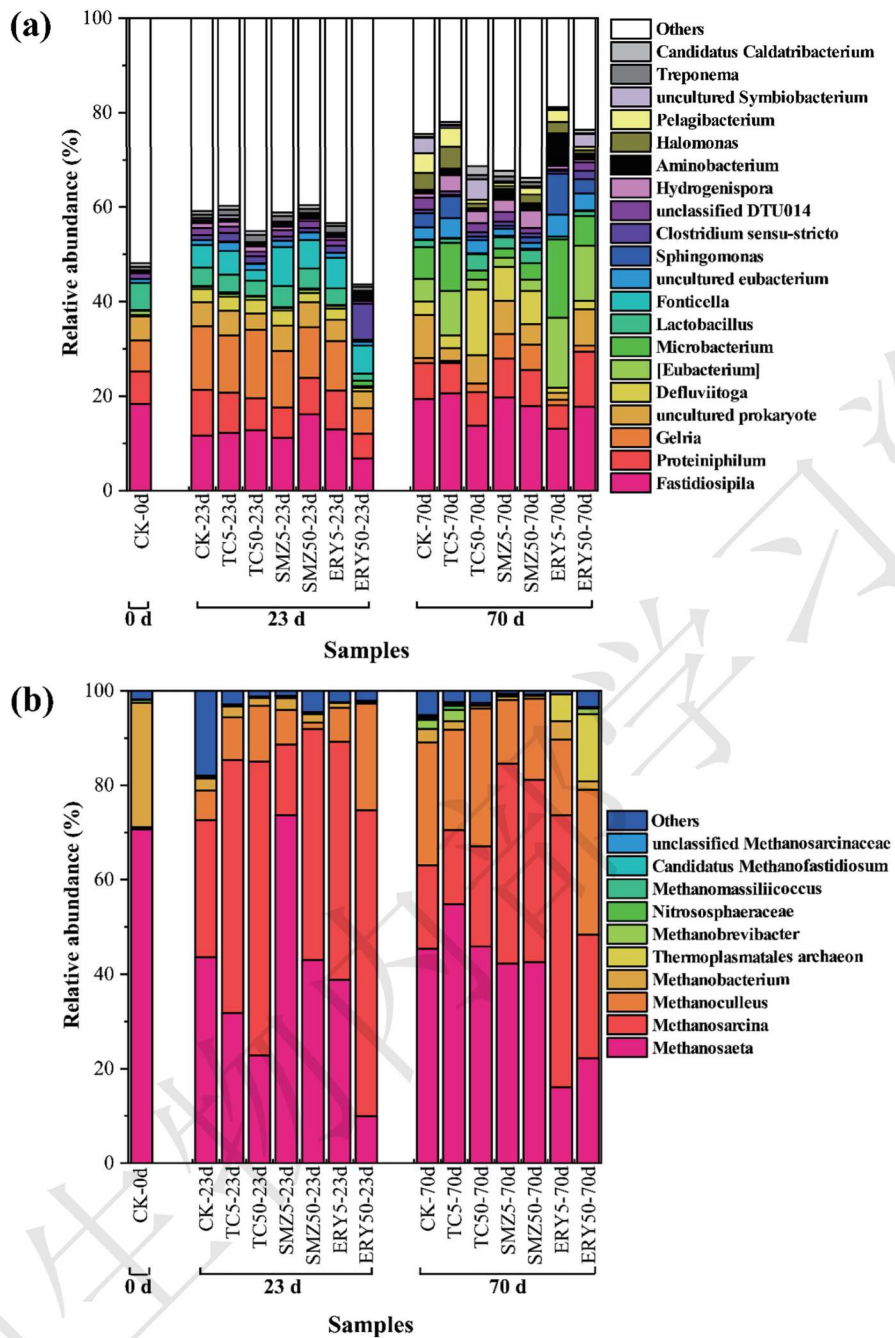


图1 优势细菌(a)和古菌(b)在属水平上的相对丰度

参考文献

[1] Pu Y. et al. Ecotoxicological effects of erythromycin on a multispecies biofilm model, revealed by metagenomic and metabolomic approaches. Environmental Pollution, 2021.

[2] Wang P. et al. Metatranscriptomic insight into the effects of antibiotic exposure on performance during anaerobic co-digestion of food waste and sludge. Journal of Hazardous Materials, 2021.

基因组学

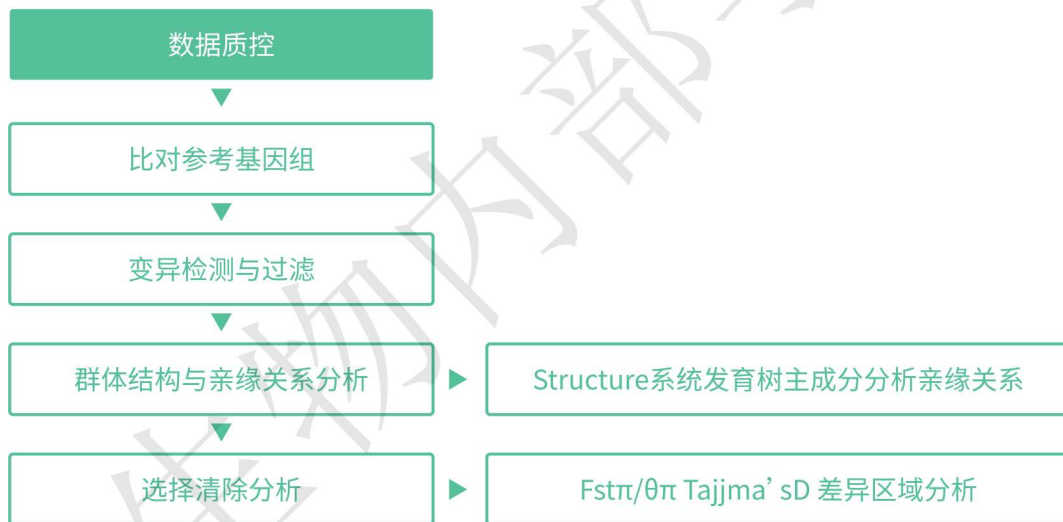
GENOMICS



遗传进化

在群体遗传学中，遗传进化是一个非常重要的组成部分。遗传进化首要的研究内容就是群体的遗传结构以及个体间的进化关系，利用这种关系进行系统发育树的重构、个体间亲缘关系的计算等。

这类分析对我们进一步了解物种的遗传结构、进化历史以至于结合采样地理对物种进行更大尺度的研究都是非常必要的。另一类重要的研究内容就是选择清除分析，通过 F_{ST} 、 π 等遗传指标计算不同群体间的分化程度，并结合性状，判断两组样本之间可能受到自然或人工选择作用的遗传位点。



信息分析流程

用户案例分析

英文标题: Genetic diversity and population structure of the swimming crab (*Portunus trituberculatus*) in China seas determined by genotyping-by-sequencing (GBS)

中文标题: 基于简化基因组测序研究中国海洋三疣梭子蟹的遗传多样性及种群结构

研究单位: 河北大学

发表期刊: Aquaculture

研究手段: 简化基因组测序

影响因子: 5.135/Q1

本研究利用简化基因组测序,对中国沿海的9个群体共270个样本测序,从而分析它们的群体结构和遗传变异。遗传多样性指数分析表明,所有群体的遗传多样性水平相似且较低。群体分化指数 F_{st} 变化范围0.0016~0.0462,平均为0.0160,种群内不同分组间遗传差异较小。群体结构、系统发育分析和主成分分析均将270个样本分为三个主要亚群。该研究获得到一些有价值的SNP标记,并为三疣梭子蟹种质资源改良研究及资源管理奠定了基础。

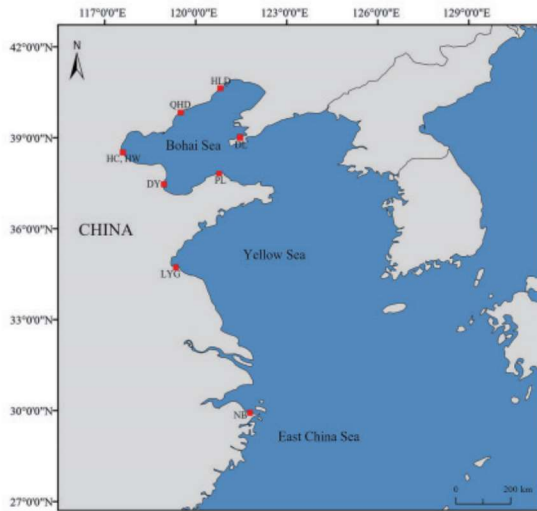
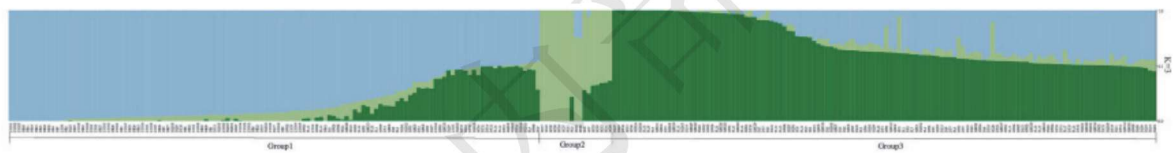
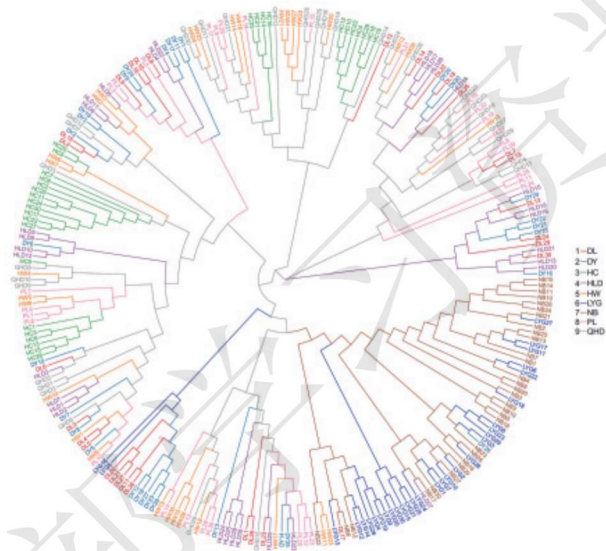


Fig. 1. A map of the sampling locations for *Portunus trituberculatus*.



参考文献

1.Genetic diversity and population structure of the swimming crab (*Portunus trituberculatus*) in China seas determined by genotyping-by-sequencing (GBS). *Aquaculture*. 影响因子:5.135

遗传图谱

遗传图谱也叫连锁遗传图谱 (*Genetic linkage map*),是指基因或DNA分子标记在染色体水平上的相对位置与遗传距离,通常以基因或DNA片段在染色体交换过程中的重组频率来描述,单位为厘摩尔 (cM)。例如两个基因或两个分子标记之间的遗传距离为0.8cM表示减数分裂时的重组频率为0.8%。这里的遗传距离指的是相对距离而不是染色体上的物理距离。两者的遗传距离越近,发生重组的概率就会越低,反之亦然。

数量性状是指表型呈现连续变化的性状,如株高抗病能力等容易受到多种因素的影响。

控制数量性状的基因在基因组上的位置被称作数量性状基因座 (Quantitative Trait Locus, QTL)。

寻找QTL在染色体上的位置并估计其遗传效应,称作QTL作图(QTL mapping)。构建图谱需要有大量的分子标记作为辅助,传统的分子标记包括RFLP、SSR等。但是用这些标记去定位区间存在标记密度过低,构建费时费力等问题,逐渐被SNP标记给替代。利用全基因组重测序或简化基因组测序的方法得到高密度的SNP标记定位QTL已经成为主流。



样本准备

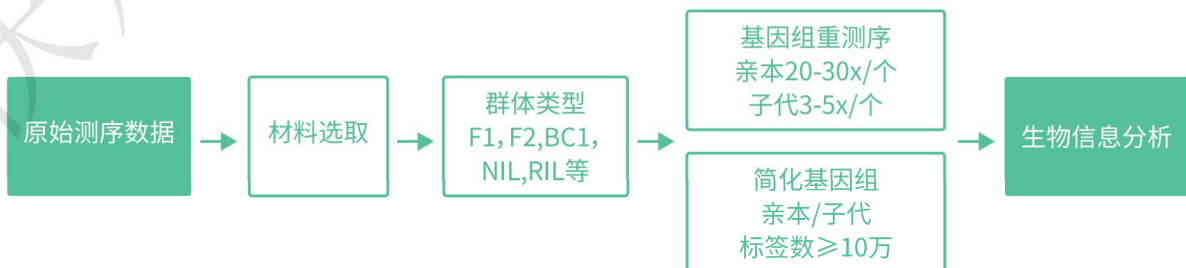
取样类型:具有重要性状的亲本,杂交或自交能产生后代。

子代群体包括暂时分离群体F1、F2和永久分离群体RIL、NIL等

作图群体:父本母本各一个,子代数量150个起。随机挑选作图群体。

测序深度:亲本20-30X,子代3-5X

方案设计



信息分析流程

应用领域

QTL定位, 辅助基因组组装, 比较基因组学研究

用户案例分析

英文标题: A consensus and saturated genetic map provides insight into genome anchoring, synteny of Solanaceae and leaf- and fruit-related QTLs in wolfberry (*Lycium Linn*)

中文标题: 一张遗传图谱为研究枸杞 (*Lycium Linn*) 的基因组锚定、茄科叶片和果实相关 QTL 的同源性提供了思路

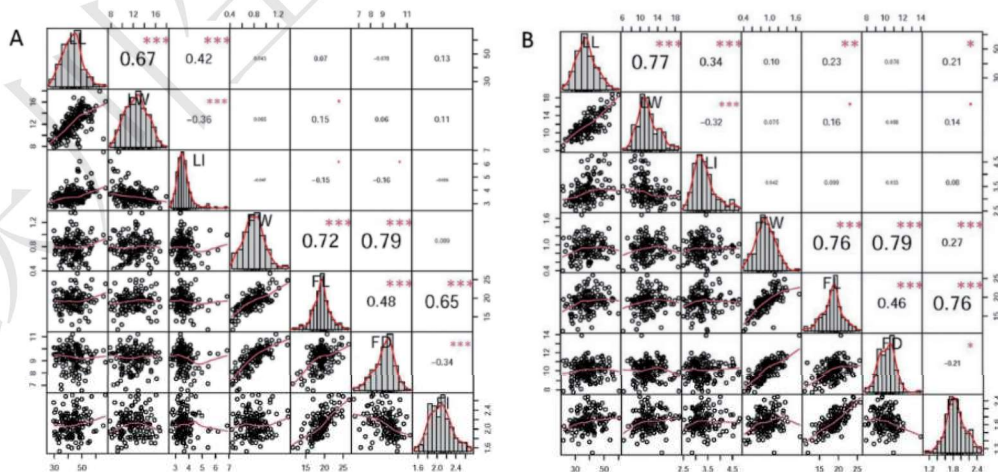
研究单位: 宁夏农林科学院

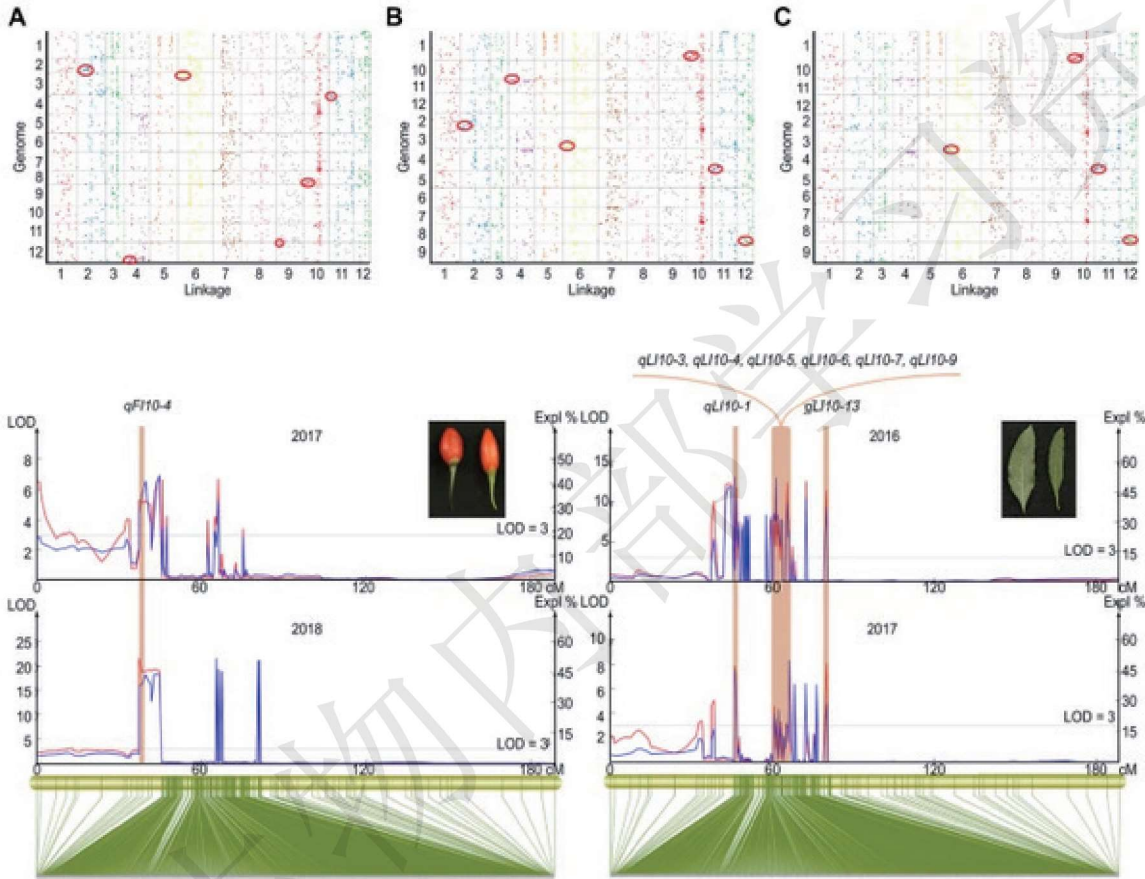
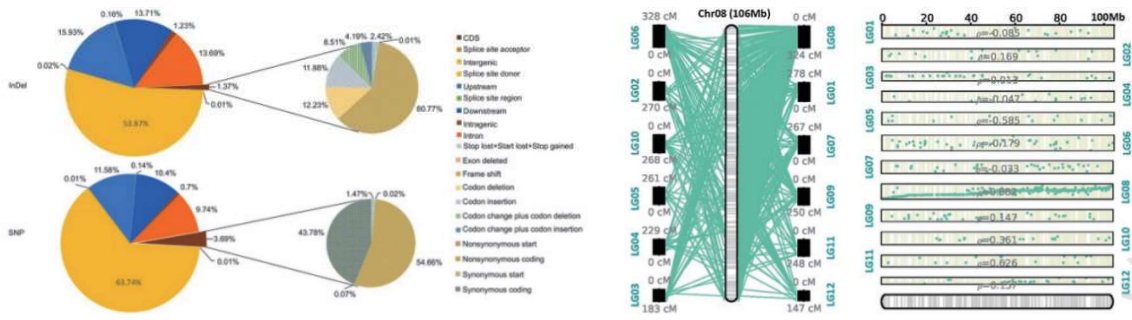
发表期刊: BMC Plant Biology

研究手段: 基因组重测序

影响因子: 5.260/Q1

本研究以“宁杞1号”(*Lycium barbarum L.*)和“云南枸杞”(*Lycium yunnanense*)为亲本品系, 并对200个F1代杂交个体进行基因重组分析。共开发了8507个高质量SNP, 构建了高密度遗传图谱(NY map), 总遗传距离为2122.24 cM。将NY图谱与此前发表的包含15,240个SNPs的遗传图谱(NC图谱)进行整合, 得到一致遗传图谱, 总遗传距离为3,058.19 cM, 平均图谱距离为0.21 cM。该遗传图谱对枸杞参考基因组的12条假染色体进行了锚定, 锚定率为64.3%。此外, 该图谱与辣椒、马铃薯和番茄基因组之间观察到弱共线性关系。在叶片和果实相关表型中鉴定出25个稳定的QTL, 包括果实重量、果实经度、叶片长度、果实指数和叶片指数; 这些稳定的QTL被映射到4个不同的连锁组, LOD评分在2.51 ~ 19.37之间, 表型方差解释量在6.2% ~ 51.9%之间。最后, 通过RNA-seq分析, 在188个与果实相关性状稳定QTL相关的预测基因中, 82个基因存在差异表达。





参考文献

1. A consensus and saturated genetic map provides insight into genome anchoring, synteny of Solanaceae and leaf- and fruit-related QTLs in wolfberry (*Lycium* Linn). *BMC Plant Biology*. 影响因子: 5.260

混池分离分析

混池分离分析 (bulked segregation analysis, BSA) 是一种利用子代分离群体中极端表型个体的DNA分子标记进行性状定位的方法。随着高通量测序技术的发展, 基于全基因组重测序的BSA-seq已成为目标性状关联标记筛选和QTL定位的有力工具, 其基本原理是针对所研究的性状选取存在极端表型差异的两个亲本构建家系, 通过比较不同极端表型子代混池间的基因型频率差异, 定位与目标性状显著关联的候选区间, 从而快速、经济、准确地识别候选基因及其遗传变异位点。联川生物已完成多种动植物的BSA性状定位项目, 具备丰富的实践经验。

项目流程



技术参数

测序规模: 亲本个体 20×、子代混池 30×

适用范围:

- 1) 重测序BSA需要有参考基因组的单倍体、二倍体或多倍体物种
- 2) 根据特定性状构建的家系群体 (F2、BC、DH、RIL等)

项目周期: 常规项目分析时间30天, 特殊项目及个性化分析需根据实际情况评估。

用户案例分析

英文标题: A mutation in the intron splice acceptor site of a *GA3ox* gene confers dwarf architecture in watermelon (*Citrullus lanatus* L.)

中文标题: *GA3ox*基因内含子剪接受体位点的突变致使西瓜矮化

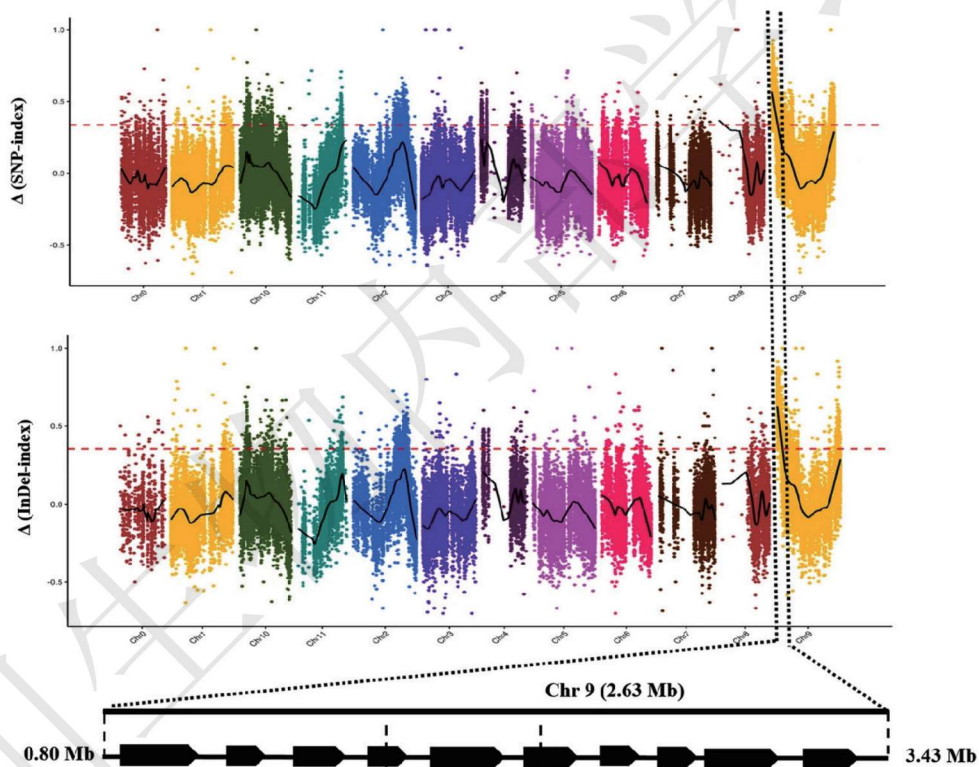
研究单位: 浙江省农业科学院

发表期刊: Scientific Reports

研究手段: BSA-seq、RNA-seq

影响因子: 5.516

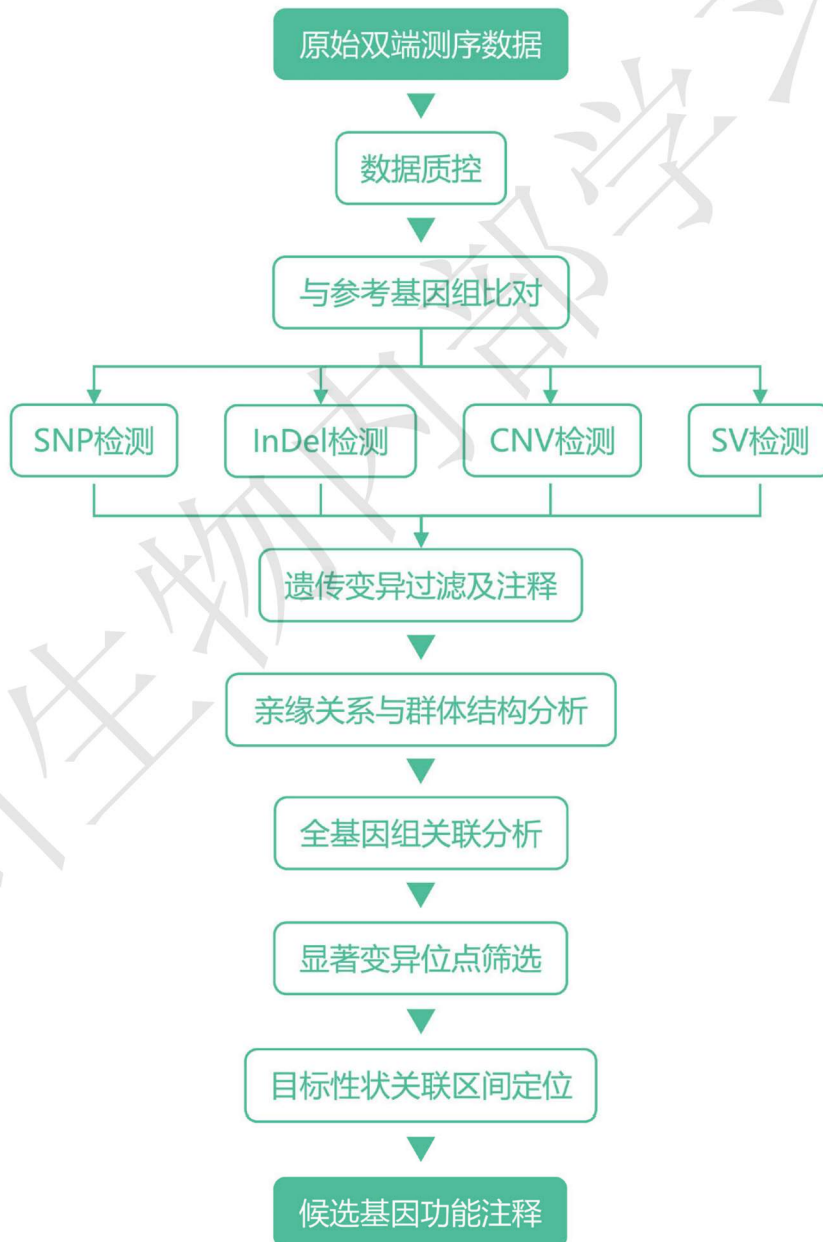
矮化是与植物产量、抗倒伏和劳动力成本相关的重要性状。该研究以存在显著表型差异的西瓜品种 'w106' (矮生) 和 'Charleston Gray' (藤本) 为亲本构建 F1 和 F2 子代。'w106' 的矮化结构主要由细胞纵向长度缩短引起，受单个隐性基因控制。利用对两个亲本和两个 F2 子代分离群体混池的全基因组测序，该基因被定位到了 9 号染色体上一个 2.63 Mb 的区间，随后这一范围又被进一步缩小至 541 kb。在此区域内，编码赤霉素 3 β -羟化酶 (GA3ox) 的 *Cla015407* 被推测为候选基因。*Cla015407* 在内含子剪接受体位点上的一个 SNP 突变 (G→A) 改变了其剪切模式，从而导致该基因在矮生品种中产生了两种剪接异构体。其中一个剪接异构体保留了内含子序列，而另一个在 GA3ox 转录本的第二外显子上存在 13 bp 的缺失，两者都导致了矮生植物中 *Cla015407* 基因编码蛋白结构的改变及 Fe2OG 双氧酶功能域的缺失。转录组分析表明，与 F2 群体中的藤本子代相比，矮生个体幼苗中 *Cla015407* 和其他 GA 生物合成和代谢基因的表达大多显著上调。该研究综合 BSA-seq 和 RNA-seq 鉴定到了一个控制植株矮化的 GA3ox 基因，其功能缺失造成了西瓜中赤霉素含量的减少和矮化表型。



全基因组关联分析

全基因组关联分析 (genome-wide association study, GWAS) 是一种在群体水平上解析目标性状遗传机制的方法，其基本原理是通过在全基因组范围内检验遗传标记 (SNP、InDel 等) 与表型变异关联的显著性来定位调控目标性状的遗传位点。与传统的 QTL 定位相比，基于全基因重测序或简化基因组测序的关联分析无需耗费大量时间构建重组群体，即可快速准确地实现对多个性状遗传位点及其候选基因更高分辨率的精细定位，并为育种工作提供分子标记。

项目流程



技术参数

测序规模:推荐二代测序深度 $\geq 10\times/\text{个体}$ (检测SNP与InDel); $\geq 30\times/\text{个体}$ (检测CNV与SV)

适用范围:

- 1)有参考基因组的动植物自然群体,建议样本个体数量 ≥ 200
- 2)目标性状具有较强的遗传力
- 3)样本无明显的群体分层

项目周期:标准分析时间为60天(与样本量相关),个性化分析需根据项目实际情况评估。

用户案例分析

英文标题: Genome-wide association study identifies a gene responsible for temperature-dependent rice germination

中文标题: 全基因组关联分析鉴定了一个控制水稻种子温度依赖性萌发的基因

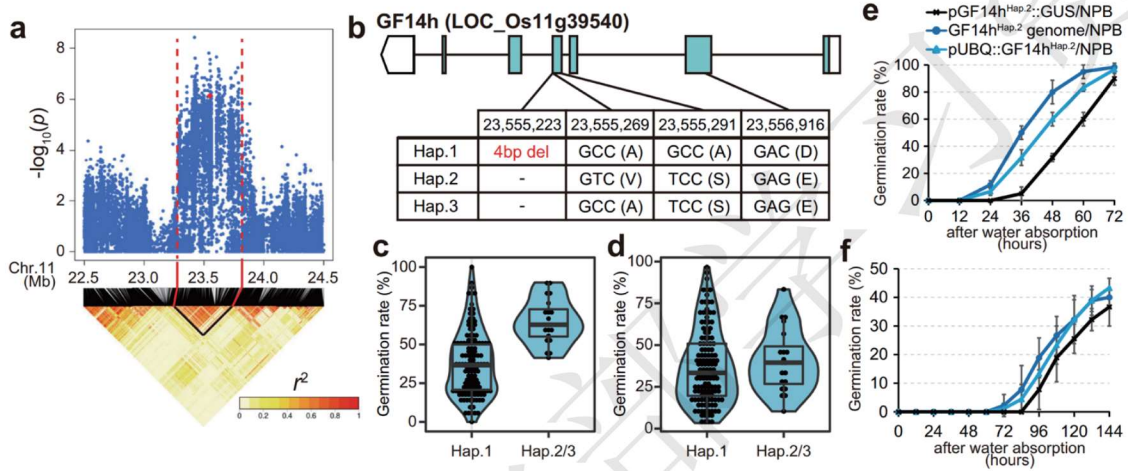
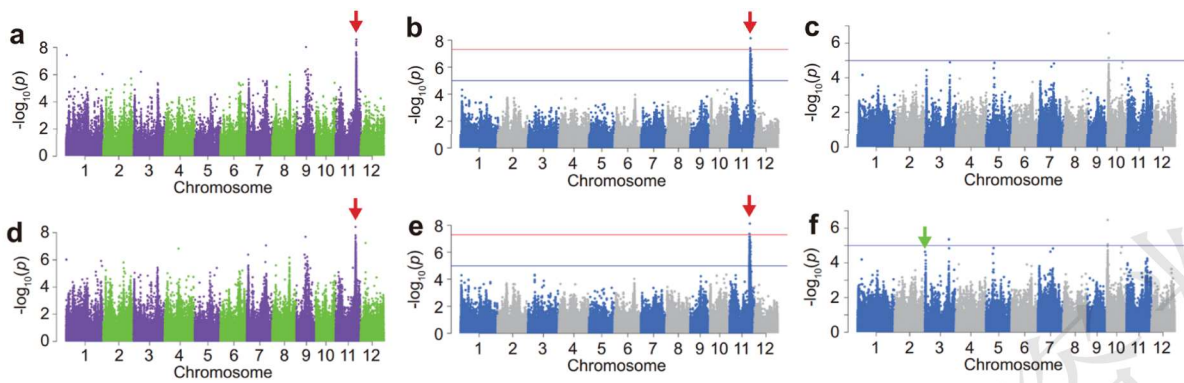
研究单位: Institute of Fermentation Sciences

表期刊: Nature Communications

研究手段: GWAS

影响因子: 17.69

环境是决定农业生产力的重要因素之一,因此,培育作物的环境适应性有助于获取更高的经济价值。据推测,种子萌发的生理机能针对多种气候条件进行了优化。为了解种子萌发的遗传基础,将不同温度条件下的基因型-环境互作对日本水稻栽培种发芽率的影响纳入考量后,该研究通过全基因组关联分析发现14-3-3家族基因*GF14h*中的一个4bp InDel会显著改变水稻种子在最适温度条件下的发芽率。*GF14h*蛋白与bZIP型转录因子OREB1和类成花素蛋白MFT2共同组成了转录调控模块,通过调节脱落酸响应基因的表达控制种子发芽率。*GF14h*功能缺失型等位基因会增强ABA信号,降低发芽率。这种等位基因存在于北方地区的水稻品种以及日本和中国的现代栽培品种中,表明其有助于增强水稻的地理适应性。



参考文献

- 1 Yoshida, H. et al. Genome-wide association study identifies a gene responsible for temperature-dependent rice germination. *Nat. Commun.* 13, 5665 (2022).
- 2 Sun, Y., Zhang, H., Fan, M., He, Y. & Guo, P. A mutation in the intron splice acceptor site of a *GA3ox* gene confers dwarf architecture in watermelon (*Citrullus lanatus* L.). *Sci. Rep.* 10, 14915 (2020).

用户文章

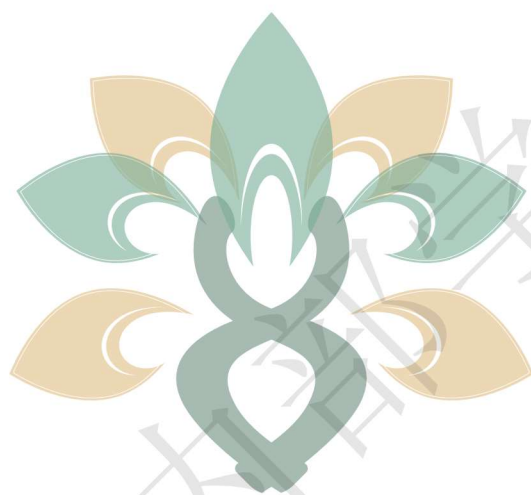
- [1]Mao H.,*et al.*(2022)Variation in cis-regulation of a NAC transcription factor contributes to drought tolerance in wheat.**Molecular Plant**(IF=21.949)
- [2]Liu P.,*et al.*(2021)A virus-derived siRNA activates plant immunity by interfering with ROS scavenging.**Molecular Plant**(IF=21.949)
- [3]Chen HY.,*et al.*(2021)PlantscRNadb: A Database for Plant Single-cell RNA Analysis.**Molecular Plant**(IF=21.949)
- [4]Gao Y.,*et al.*(2021)Quantitative profiling of N6- methyladenosine at single-base resolution in stem-differentiating xylem of *Populus trichocarpa* using Nanopore direct RNA sequencing.**Genome Biology**(IF=17.906)
- [5]Hou S.,*et al.*(2021)Immune elicitation by sensing the conserved signature from phytochemicals and microbes via the Arabidopsis MIK2 receptor.**Nature Communications**(IF=17.694)
- [6]Peng W.,*et al.*(2020)miRNA-1-3p is an early embryonic male sex-determining factor in the Oriental fruit fly *Bactrocera dorsalis*.**Nature Communications**(IF=17.694)
- [7]Zhang YC.,*et al.*(2020)Reproductive phase RNAs regulate reprogramming of gene expression and meiotic progression in rice.**Nature Communications**(IF=17.694)
- [8]Li S.,*et al.*(2021)Unidirectional movement of small RNAs from shoots to roots in interspecific heterografts.**Nature Plants**(IF=17.352)
- [9]Yang ZR.,*et al.*(2020)A mini foxtail millet with an Arabidopsis-like life cycle as a C4 model system.**Nature Plants**(IF=17.352)
- [10]Xue MY.,*et al.*(2022)Investigation of fiber utilization in the rumen of dairy cows based on metagenome-assembled genomes and single-cell RNA sequencing.**Microbiome**(IF=16.837)
- [11]Zhao X.,*et al.*(2022)Host-microbiota interaction-mediated resistance to inflammatory bowel disease in pigs.**Microbiome**(IF=16.837)
- [12]Zhang B.,*et al.*(2022)The MdBBX22-miR858-MdMYB9/11/12 module regulates proanthocyanidin biosynthesis in apple peel.**Plant Biotechnology Journal**(IF=13.263)
- [13]Wang Q.,*et al.*(2022)Single-cell transcriptome atlas reveals developmental trajectories and a novel metabolic pathway of catechin esters in tea leaves.**Plant Biotechnology Journal**(IF=13.263)
- [14]Wei CY.,*et al.*(2022)Synthesis of flavour-related linalool is regulated by PpbHLH1 and associated with changes in DNA methylation during peach fruit ripening.**Plant Biotechnology Journal**(IF=13.263)
- [15]Guo TL.,*et al.*(2021)The m⁶A reader MhYTP2 regulates MdMLO19 mRNA stability and antioxidant genes translation efficiency conferring powdery mildew resistance in apple.**Plant Biotechnology Journal**(IF=13.263)

- [16]Li LL.,*et al.*(2021)A class of independently evolved transcriptional repressors in plant RNA viruses facilitates viral infection and vector feeding.**Proceedings of the National Academy of Sciences of The United States Of America**(IF=12.779)
- [17]Shen G.,*et al.*(2020)*Cuscuta australis* (dodder) parasite eavesdrops on the host plants' FT signals to flower.**Proceedings of the National Academy of Sciences of The United States Of America**(IF=12.779)
- [18]Zhang HH.,*et al.*(2020)Distinct modes of manipulation of rice auxin response factor OsARF17 by different plant RNA viruses for infection.**Proceedings of the National Academy of Sciences of The United States Of America**(IF=12.779)
- [19]Wang L.,*et al.*(2020)Multifeature analyses of vascular cambial cells reveal longevity mechanisms in old *Ginkgo biloba* trees.**Proceedings of the National Academy of Sciences of The United States Of America**(IF=12.779)
- [20]Wang T.,*et al.*(2022)Maize RNA 3' -terminal phosphate cyclase-like protein promotes 18S pre-rRNA cleavage and is important for kernel development.**Plant Cell**(IF=12.085)
- [21]Zhang SS.,*et al.*(2022)Tissue-Specific Transcriptomics Reveals an Important Role of the Unfolded Protein Response in Maintaining Fertility upon Heat Stress in *Arabidopsis*.**Plant Cell**(IF=12.085)
- [22]Mei FM.,*et al.*(2022)A gain-of-function allele of a DREB transcription factor gene ameliorates drought tolerance in wheat.**Plant Cell**(IF=12.085)
- [23]Cui FQ.,*et al.*(2022)Ectopic expression of *BOTRYTIS SUSCEPTIBLE1* reveals its function as a positive regulator of wound-induced cell death and plant susceptibility to *Botrytis*.**Plant Cell**(IF=12.085)
- [24]He YQ.,*et al.*(2020)The OsGSK2 Kinase Integrates Brassinosteroid and Jasmonic Acid Signaling by Interacting with OsJAZ4.**Plant Cell**(IF=12.085)
- [25]Bao CN.,*et al.*(2022)MdZAT5 regulates drought tolerance via mediating accumulation of drought-responsive miRNAs and mRNAs in apple.**New Phytologist**(IF=10.323)
- [26]Hou N.,*et al.*(2022)MdMTA-mediated m⁶A modification enhances drought tolerance by promoting mRNA stability and translation efficiency of genes involved in lignin deposition and oxidative stress.**New Phytologist**(IF=10.323)
- [27]Li PH.,*et al.*(2022)*CsMYB1* integrates the regulation of trichome development and catechins biosynthesis in tea plant domestication.**New Phytologist**(IF=10.323)
- [28]Guo MY.,*et al.*(2022)A single-nucleotide polymorphism in *WRKY33* promoter is associated with the cold sensitivity in cultivated tomato.**New Phytologist**(IF=10.323)
- [29]Hu ZJ.,*et al.*(2020)High CO₂ - and pathogen - driven expression of the carbonic anhydrase β CA3 confers basal immunity in tomato.**New Phytologist**(IF=10.323)
- [30]Zhou WY.,*et al.*(2022)*Dendrobium officinale* Xianhu 2 polysaccharide helps forming a healthy gut microbiota and improving host immune system: An in vitro and in vivo study.**Food Chemistry**(IF=9.231)

- [31] Han JJ., *et al.* (2020) The novel peptides ICRD and LCGEC screened from tuna roe show antioxidant activity via Keap1/Nrf2-ARE pathway regulation and gut microbiota modulation. **Food Chemistry** (IF=9.231)
- [32] Liu W., *et al.* (2022) Transcriptional landscapes of de novo root regeneration from detached Arabidopsis leaves revealed by time-lapse and single-cell RNA sequencing analyses. **Plant Communications** (IF=8.625)
- [33] Kuang LH., *et al.* (2022) The genome and gene editing system of sea barleygrass provide a novel platform for cereal domestication and stress tolerance studies. **Plant Communications** (IF=8.625)
- [34] Liu XD., *et al.* (2022) Maize miR167-ARF3/30-polyamine oxidase 1 module-regulated H₂O₂ production confers resistance to maize chlorotic mottle virus. **Plant Physiology** (IF=8.005)
- [35] Hu YQ., *et al.* (2022) Salicylic acid carboxyl glucosyltransferase UGT87E7 regulates disease resistance in *Camellia sinensis*. **Plant Physiology** (IF=8.005)
- [36] Zhang DH., *et al.* (2021) The regulatory module MdBT2-MdMYB88/MdMYB124-MdNRTs regulates nitrogen usage in Apple. **Plant Physiology** (IF=8.005)
- [37] Shen X., *et al.* (2021) The positive feedback regulatory loop of miR160-Auxin Response Factor 17- HYPONASTIC LEAVES 1 mediates drought tolerance in apple trees. **Plant Physiology** (IF=8.005)
- [38] Zhai JJ., *et al.* (2020) deepEA: a containerized web server for interactive analysis of epitranscriptome sequencing. **Plant Physiology** (IF=8.005)
- [39] Yang Z., *et al.* (2021) ABI3 with or without FUS3 highly up-regulates lipid droplet proteins and activates oil accumulation. **Journal Of Experimental Botany** (IF=7.298)
- [40] Jing TT., *et al.* (2020) UGT85A53 promotes flowering via mediating abscisic acid glucosylation and FLC transcript in *Camellia sinensis*. **Journal of Experimental Botany** (IF=7.298)
- [41] Yu CN., *et al.* (2022) Role of female predominant MYB39-bHLH13 complex in sexually dimorphic accumulation of taxol in *Taxus media*. **Horticulture Research** (IF=7.291)
- [42] Xie DL., *et al.* (2022) HsfA1a confers pollen thermotolerance through up-regulating antioxidant capacity, protein repair and degradation in *Solanum lycopersicum* L. **Horticulture Research** (IF=7.291)
- [43] Xin Y., *et al.* (2022) BrAN contributes to leafy head formation by regulating leaf width in Chinese cabbage (*Brassica rapa* L. ssp. *pekinensis*). **Horticulture Research** (IF=7.291)
- [44] José RP., *et al.* (2021) MicroRNAs expression dynamics reveal post-transcriptional mechanisms regulating seed development in *Phaseolus vulgaris* L. **Horticulture Research** (IF=7.291)
- [45] Li PR., *et al.* (2021) Genome-wide analysis of changes in miRNA and target gene expression reveals key roles in heterosis for Chinese cabbage biomass. **Horticulture Research** (IF=7.291)

- [46]Yang RJ.,*et al.*(2021)Overexpression of PvWOX3a in switchgrass promotes stem development and increases plant height.**Horticulture Research**(IF=7.291)
- [47]Jiang D.,*et al.*(2021)Defense responses of arbuscular mycorrhizal fungus-colonized poplar seedlings against gypsy moth larvae: a multiomics study.**Horticulture Research**(IF=7.291)
- [48]Wang YM.,*et al.*(2020)MiR156 regulates anthocyanin biosynthesis through SPL targets and other microRNAs in poplar.**Horticulture Research**(IF=7.291)
- [49]Wang J.,*et al.*(2020)Transcriptomic and genetic approaches reveal an essential role of the NAC transcription factor SINAP1 in the growth and defense response of tomato.**Horticulture Research**(IF=7.291)
- [50]Li XW.,*et al.*(2020)Apple SERRATE negatively mediates drought resistance by regulating MdMYB88 and MdMYB124 and microRNA biogenesis.**Horticulture Research**(IF=7.291)
- [51]Bo C.,*et al.*(2022)Transcription factor ZmWRKY20 interacts with ZmWRKY115 to repress expression of ZmZIP111 for salt tolerance in maize.**Plant Journal**(IF=7.0912)
- [52]Hu JZ.,*et al.*(2021)N6-methyladenosine mRNA methylation is important for salt stress tolerance in Arabidopsis.**Plant Journal**(IF=7.091)
- [53]Dong Y.,*et al.*(2022)The miR164a-NAM3 module confers cold tolerance by inducing ethylene production in tomato.**Plant Journal**(IF=7.091)
- [54]Chao XM.,*et al.*(2022)Transcriptional and epigenetic analysis reveals that NAC transcription factors regulate fruit flavor ester biosynthesis.**Plant Journal**(IF=7.091)
- [55]Yang ZM.,*et al.*(2022)Multi-omics provides new insights into the domestication and improvement of dark jute (*Corchorus olitorius*).**Plant Journal**(IF=7.091)
- [56]Wang SS.,*et al.*(2021)Multi - omics analysis to visualize the dynamic roles of defense genes in the response of tea plants to gray blight.**Plant Journal**(IF=7.091)
- [57]Chunna Yu.,*et al.*(2020)Tissue-specific study across the stem of *Taxus media* identifies a phloem-specific TmMYB3 involved in the transcriptional regulation of paclitaxel biosynthesis.**Plant Journal**(IF=7.091)
- [58]Qi YM.,*et al.*(2021)Altered Metabolic Strategies:Elaborate Mechanisms Adopted by *Oenococcus oeni* in Response to Acid Stress.**Journal of Agricultural and Food Chemistry**(IF=5.895)
- [59]Wang C.,*et al.*(2022)Maternal Oxidized Soybean Oil Administration in Rats during Pregnancy and Lactation Alters the Intestinal DNA Methylation in Offspring.**Journal of Agricultural and Food Chemistry**(IF=5.895)
- [60]Zhang SM.,*et al.*(2022)Anthocyanin Biosynthesis and a Regulatory Network of Different-Colored Wheat Grains Revealed by Multiomics Analysis.**Journal Of Agricultural And Food Chemistry**(IF=5.895)
- [61]Li H.,*et al.*(2021)Relationship between Secondary Metabolism and miRNA for Important Flavor Compounds in Different Tissues of Tea Plant (*Camellia sinensis*) As Revealed by Genome-Wide miRNA Analysis.**Journal of Agricultural and Food Chemistry**(IF=5.895)

- [62]Liu H.,*et al.*(2021)Transcriptomic and Functional Analyses Indicate Novel Anti-viral Mode of Actions on Tobacco Mosaic Virus of a Microbial Natural Product ϵ -Poly-L-lysine.**Journal of Agricultural and Food Chemistry**(IF=5.895)
- [63]Li J.,*et al.*(2021)Exploring the Effects of Magnesium Deficiency on the Quality Constituents of Hydroponic-Cultivated Tea (*Camellia sinensis* L.) Leaves.**Journal Of Agricultural And Food Chemistry**(IF=5.895)
- [64]Wei CL.,*et al.*(2020)The Biosynthesis of Main Taste Compounds Is Coordinately Regulated by miRNAs and Phytohormones in Tea Plant (*Camellia sinensis*).**Journal Of Agricultural And Food Chemistry**(IF=5.895)
- [65]Li XR.,*et al.*(2021)Temporal analysis of microRNAs associated with wing development in the Englishgrain aphid, *Sitobion avenae* (F.) (Homoptera: Aphidiae).**Insect Biochemistry And Molecular Biology**(IF=4.421)
- [66]Xie JF.,*et al.*(2022)Integrated analysis of miRNA and mRNA expression profiles in response to gut microbiota depletion in the abdomens of female *Bactrocera dorsalis*.**Insect Science**(IF=3.605)
- [67]Wang ZL.,*et al.*(2022)Topical Fungal Infection Induces Shifts in the Gut Microbiota Structure of Brown Planthopper, *Nilaparvata lugens* (Homoptera: Delphacidae).**Insects**(IF=3.139)
- [68]Zhong J.,*et al.*(2022)Identification and Expression Analysis of Chemosensory Genes in the Antennal Transcriptome of Chrysanthemum Aphid *Macrosiphoniella sanborni*.**Insects**(IF=3.139)
- [69]Liu DD.,*et al.*(2022)Comparison of Transcriptome Responses between *Sogatella furcifera* Females That Acquired Southern Rice Black-Streaked Dwarf Virus and Not.**insects**(IF=3.139)
- [70]Muhammad H.,*et al.*(2021)De Novo Transcriptomic Analyses Revealed Some Detoxification Genes and Related Pathways Responsive to Noposion Yihaogong[®] 5% EC (Lambda-Cyhalothrin 5%) Exposure in Spodoptera frugiperda Third-Instar Larvae.**Insects**(IF=3.139)
- [71]Wang GB.,*et al.*(2021)Unraveling the innate immune responses of *Bombyx mori* hemolymph, fat body, and midgut to *Bombyx mori* nucleopolyhedrovirus oral infection by metabolomic analysis.**Archives Of Insect Biochemistry And Physiology**(IF=2.454)
- [72]Krishnendu Mukherjee.,*et al.*(2020)Seasonal phenotype-specific expression of microRNAs during metamorphosis in the European map butterfly *Araschnia levana*.**Archives Of Insect Biochemistry And Physiology**(IF=2.454)



杭州联川生物技术股份有限公司

LC-Bio Technologies (HangZhou) Co.,Ltd

电话：0571-87662413 网址：www.lc-bio.com

地址：杭州经济技术开发区6号大街260号中自科技园16幢4层