

全组学科技服务手册



公司介绍

杭州联川生物技术股份有限公司成立于 2006 年，是全球少数几家掌握基因高通量合成及基因捕获核心技术的国家级高新技术企业，并在美国休斯敦设立全球研发中心 LC Sciences。2016 年创立全资子公司杭州联川基因诊断技术有限公司，2018 年正式成立第二个子公司杭州链康医学检验实验室。公司自成立以来，以微流控原位合成技术为基础不断自主创新，逐渐搭建了合成生物学“使能技术”集群，并努力探索产业化的道路和契机。目前，公司掌握了一系列合成生物学的底层技术，覆盖算法设计、DNA 合成、基因拼接及纠错等核心环节。依托原位合成技术及仪器研制能力，成为国内少数几家具备基因芯片和超高通量 DNA 自主合成能力的公司，并已用于基因芯片、引物、探针及其他建库试剂等核心原材料的自主生产。扩展了基因检测服务的业务范围，形成基因技术从“读”到“写”的协同优势。

在科研服务领域，联川生物拥有超过 10 多年的基因芯片和高通量测序服务经验，为国内最早的进入高通量测序服务市场的公司之一。目前公司已搭建单细胞测序平台、高通量测序平台及质谱分析平台。拥有 Illumina 测序仪、10x Genomics 单细胞仪、BD 流式细胞仪、Olink 微量蛋白组学平台等多种实验仪器。此外，联川生物还搭建了超过 150 平米的大数据运算中心，共有超过 300 个计算节点及超过 50PB 的分布式存储系统。联川生物服务全球超过 100 多个国家及地区的科研客户，累计协助客户发表 SCI 论文 4000 多篇，其中 CNS 主刊及子刊数量超过 300 篇。

| 核心技术 |

μParaflo® 微流体原位合成芯片技术

业界领先的微流体原位合成芯片技术，诞生世界首张microRNA检测芯片；具备高品质低成本的基因合成平台及三大创新技术。

VariantPro™ 靶向文库制备技术

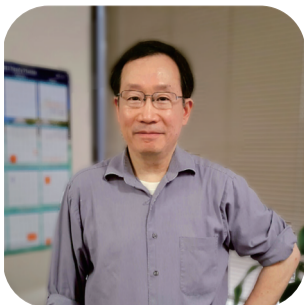
基于多重PCR法及两大革命性创新（OmegaPrimer™和RelayPCR™），只需5分钟人工操作，即可实现一步法制备靶向测序文库。

VariantBaits™ 靶向文库制备技术

基于液相杂交法，可定制化捕获探针（已申请专利），进行大范围特异灵敏的基因捕获，具有低测序深度即获取高覆盖度的优势。

VariantPro™和VariantBaits™具有极大的灵活性，可以按照用户的研究和应用需求进行完全定制化的设计，并生产相应的试剂盒。

| 科学团队 |



周小川博士

世界知名专家、杭州联川生物技术股份有限公司副董事长、美国Xeotron基因芯片公司创始人、美国Atactic Technologies CEO&CTO、美国LC Sciences CEO&CTO。

从事新型半导体材料、微电子等方面的研究20多年，发表文献70余篇，申请专利二十余项，一直致力于生物芯片及二代测序的应用和开发。在光化学原位合成制备寡核苷酸芯片方面进行大量研究，并取得重大突破，建立了独立于Affymetrix公司专利技术的大规模寡核苷酸芯片的制备技术，并取得了10余项美国专利。



高晓连博士

中国科学技术大学兼职教授、世界知名科学家、联川生物首席科学家、中国长江学者教授资格评定、国家自然科学基金评审、美国休斯敦大学教授、美国国家癌症研究基金会研究室主任、美国化学协会（ACS）会员。

先后发表论文100余篇，出版专著17部，申请发明专利26项。在Nature、Science杂志及其子刊发表研究论文6篇。主持课题除受到美国国家卫生研究院(NIH)、美国国家癌症研究基金的支持外，也受到美国防务高级研究计划局(DARPA)的顶级基金支持。



郎秋蕾博士

杭州联川生物技术股份有限公司董事长兼总经理。2004年和2014年先后在美国休斯敦大学从事访问学者研究，是国内最早一批从事基因芯片及高通量测序技术研究、开发以及应用推广的高层次研究人员，近五年在国际著名学术期刊上发表论文10篇、申请专利2项。2006年至今负责筹建、运营杭州联川生物技术股份有限公司。

| 公司历程 |

联川生物创始人研发出全球第一款microRNA芯片

2004

联川生物在中国杭州成立；
联川microRNA芯片正式进入国内科研市场

2006

第一批释放二代测序科技服务；自主研发出数据分析软件；科技服务扩展至转录组学

2008

荣膺杭州市高新技术企业；建立企业研发中心；国内率先推出降解组测序服务

2009

荣膺国家级高新技术企业；提供从基因组学到蛋白质组学的跨组学联合分析服务

2012

推出革命性的VariantPro™靶向捕获技术；
全球首次实现一步法制备靶向测序文库；
推出基于VariantPro™技术的多款医学基因检测Panel

2015

获天使轮数千万级融资；全球用户发表SCI论文突破700篇；全面提升科技服务品质；加速布局精准医疗

2016

新三板成功挂牌；获A轮融资6360万元；携手华大智造，共同打造临床及科研NGS生态链；
获得欧盟CE认证，ISO9001认证，ISO13485认证

2017

成立链康医学检验实验室；荣膺杭州市最成长型中小企业；荣膺杭州市准独角兽；开启从组织解离到测序分析的一体化单细胞测序服务

2018

链康医检满分通过2019年卫生部基因检测室间质评；
荣膺杭州市准独角兽；
全球用户发表SCL论文突破1800篇

2019

与10x Genomics和安捷伦签订战略合作协议，成立单细胞联合实验室；
EQA、NCCL质评双满分；
科研用户发表SCI论文突破2800篇

2021

用户文章突破4000篇，新产品5R组织微生物上线

2022

FFPE单细胞转录组与空间转录组上线

2023

目 录

◆ 单细胞&空间转录组测序 /4

- Smart-seq2 /5
- 10x单细胞3' 转录组 /5
- 10x单细胞3' 转录组 (抽核) /5
- 10x单细胞5' 免疫组 /6
- 10x单细胞ATAC /6
- 10x单细胞 (植物原生质体) /6
- 10x单细胞 (植物细胞核) /6
- FFPE单细胞转录组测序 /7
- 10x Visium FF空间转录组 /7
- 10x Visium FFPE空间转录组 /7

◆ 转录组学 /8

- 转录组测序 /9
- 绝对定量转录组 /9
- miRNA测序 /9
- lncRNA测序 /9
- circRNA测序 /10
- 全转录组测序 /10
- 外泌体miRNA测序 /10
- 基因表达谱芯片 /10
- lncRNA芯片 /11
- circRNA/ceRNA芯片 /11

◆ 基因组学 /12

- 人全基因组重测序 /13
- 人全外显子 (遗传病) /13
- 人全外显子 (肿瘤) /13
- 动植物重测序 /13
- GWAS/遗传进化 /14
- BSA-seq /14
- Mutmap-seq /14
- Graded-seq /14

◆ 表观组学 /15

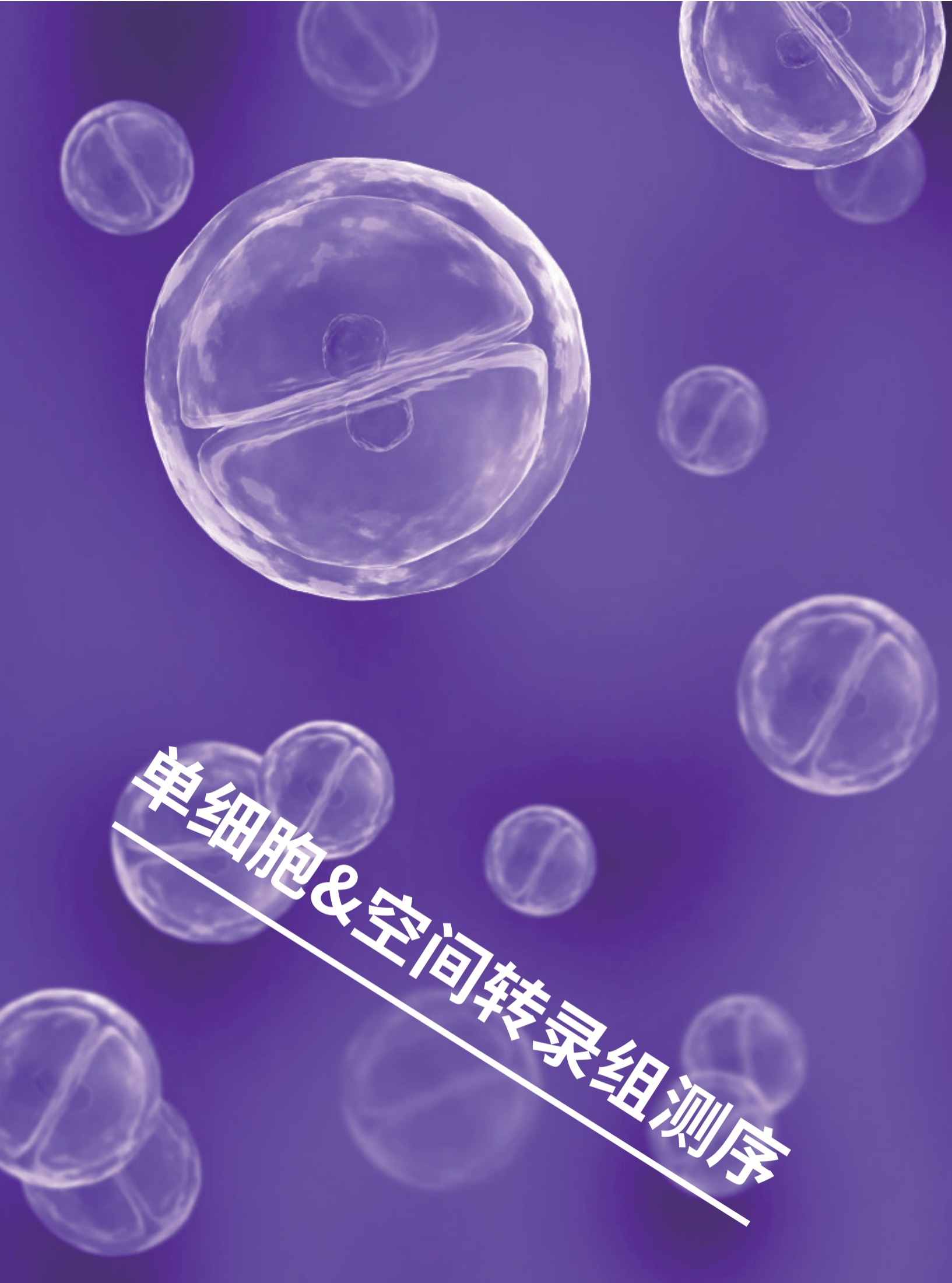
- DNA甲基化测序 /16
- m⁶A甲基化测序 /16
- 微量m⁶A甲基化测序 /16
- ChIP-seq /16
- RIP-seq /16

◆ 蛋白与代谢组学 /17

- 非靶代谢组学 /18
- 微量/单细胞蛋白组学 /18
- labelfree蛋白质组学 /18
- TMT蛋白质组学 /18
- DIA蛋白质组学 /19
- 4D蛋白质组学 /19
- 蛋白质修饰组学 /19
- Olink超微量蛋白组学 (1 μ L) /19

◆ 微生物组学 /20

- 宏基因组测序 /21
- 宏转录组测序 /21
- 16S rDNA测序 /21
- 18S rDNA测序 /21
- ITS/ITS2测序 /22
- 功能基因组测序 /22
- 5R/组织微生物测序 /22



单细胞&空间转录组测序

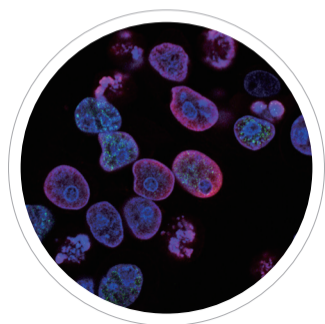


Smart-seq2

Smart-Seq2为原始Smart-Seq的改进版，是在单细胞水平对转录组进行测序的一项新技术，可发现在细胞群体中真正起作用的细胞，特别适合对高度异质性的干细胞、肿瘤细胞及胚胎发育早期的细胞群体进行研究，重新认识细胞分子机制和基因调控网络。该方法有较好的覆盖范围，可检测到稀有转录本，不需要额外的专业设备，因此应用范围较广。

联川优势

- ◆ 10年转录组学项目经验，提供单细胞项目全程支持。
- ◆ 采用主流SMART技术，获取单细胞全长转录本。
- ◆ 严苛的质控，确保单细胞实验真实可靠。
- ◆ 成熟的转录组分析方案，深度绘制单细胞转录组图谱。

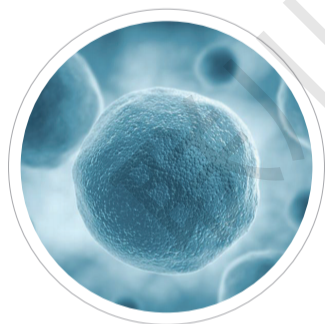


10x单细胞3' 转录组

10x Genomics平台首先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mRNA 末端标签扩增（3' WTA）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。

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，可实现大量细胞的快速高效标记、测序和分析。
- ◆ 项目周期短，技术应用范围广。

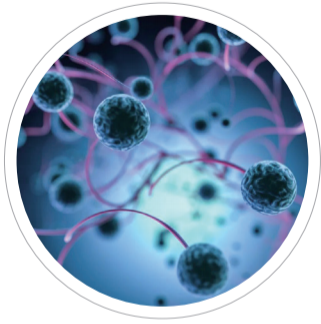


10x单细胞3' 转录组（抽核）

2017年10月Nature Methods杂志发布了Broad研究所张锋&Aviv Regev团队开发的新技术—DroNc-seq单细胞表达谱分析技术，该技术融合了sNuc-seq技术与微流控技术的单细胞核RNA测序方法，可以在结构复杂的组织或者冻存组织中更有效地分析大量细胞/细胞核中的RNA，开启单细胞核测序的规模化时代。10x Genomics平台的微液滴标签技术同样适用于高通量的细胞核捕获实验，实现细胞核水平的基因表达图谱研究。该方案解决了冻存组织无法开展单细胞研究的难题！

联川优势

- ◆ 丰富的细胞核制备经验；
- ◆ 流式细胞仪加持，让细胞核悬液纯净无杂质；
- ◆ 项目周期短，技术应用范围广。

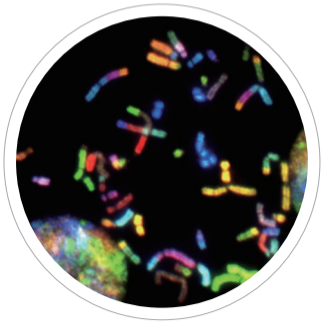


10x单细胞5' 免疫组

B细胞受体 (BCR) 轻链和T细胞受体 (TCR) β 链由V/D/J/C四个基因片段组成，BCR重链和TCR α 链由V/J/C三个基因片段组成，这些片段的组合保证了受体多样性。10x Genomics单细胞免疫谱分析利用微流控芯片制备单细胞体系，利用通用引物和免疫分子恒定区的巢式引物进行V(D)J富集，在单细胞水平对成对重链和轻链或 α 和 β 链进行全长测序。

联川优势

- ◆ 可实现成对的重链和轻链或 α 和 β 链的全长测序。
- ◆ 精细到单细胞水平，能获得大量单细胞的免疫组库数据。
- ◆ 大规模单细胞VDJ+表达谱测序，单个细胞成本大大降低。

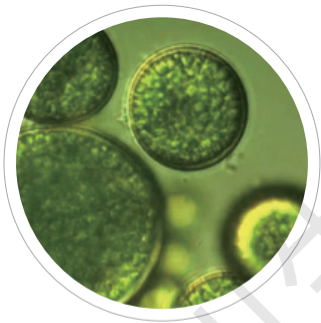


10x单细胞ATAC

染色质开放区域测序 (ATAC-seq) 利用Tn5转座酶对特定时空下开放的核染色质区域进行切割，获得该时空下基因组中所有活跃转录的调控序列。基于10x Genomics平台，利用油包水的微反应体系，通过序列标签 (barcode和UMI) 区别不同细胞核裂解释放的DNA片段，获得大量单细胞水平DNA染色质开放区域数据。

联川优势

- ◆ 可检测单细胞转录调控区域中的开放染色质。
- ◆ 每个通道可容纳500-10000个细胞核。
- ◆ 细胞核捕获率高达65%。

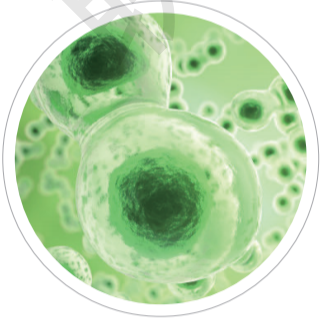


10x单细胞 (植物原生质体)

近年来，动物和人类中高通量单细胞转录组的研究如火如荼，但在植物研究领域，受样本取材的限制和植物异质性的不足，植物单细胞测序的文章鲜有发表。通过对分离的植物原生质体中微量的mRNA扩增后再进行高通量测序，可以有效解决这一问题。基于10x Genomics新Chromium系统，利用油包水的微反应体系，通过序列标签 (barcode和UMI) 区别群体中不同的细胞和转录本，获得单细胞水平的基因表达谱。

联川优势

- ◆ 丰富的动植物组织解离经验，累计解离上百种样本类型。
- ◆ 运用10x官方软件和工具，可对单细胞基因调控网络进行精细化分析。

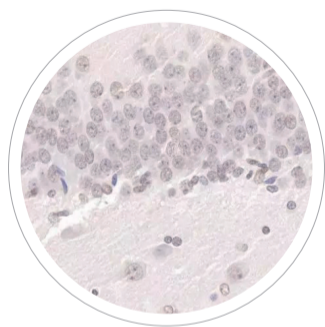


10x单细胞 (植物细胞核)

虽然近年来利用原生质体分离技术进行植物单细胞转录组测序的研究已经有了较大进展，但与哺乳动物组织相比，植物组织开展单细胞测序仍具有很大挑战。最新的植物单细胞核测序的适用性和实验成功率更高，基于10x Genomics的Chromium平台，细胞核进入微流体通道，带有barcode引物序列的凝胶珠与细胞核、酶混合，形成一个GEM (Gel in Emulsion) 的液滴反应体系，实现细胞核转录本的标记。基于植物细胞核的转录组测序已经定义了来自多种植物器官和组织的成千上万个单独细胞的转录组图谱。

联川优势

- ◆ 丰富的植物细胞核制备经验；
- ◆ 流式细胞仪加持，让细胞核悬液纯净无杂质；
- ◆ 项目周期短，技术应用范围广。

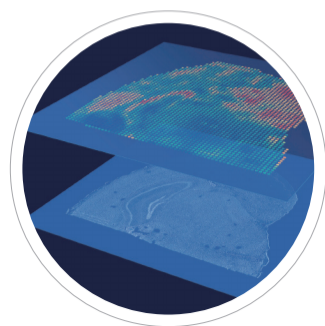


FFPE单细胞转录组测序

联川依托M20 Genomics单细胞平台推出FFPE标本（即甲醛固定-石蜡包埋标本）的单细胞转录组测序方案，在微流体系统中进行随机引物的全长转录组扩增和标签技术，实现对RNA非完整样本的转录本进行扩增并引入细胞barcode，该技术非常适用于FFPE标本的单细胞水平基因检测。由于是随机引物的扩增方式，没有物种限制，原则上任何物种采用FFPE保存的标本，均可以采用该方式进行单细胞转录本的检测！

联川优势

- ◆ FFPE标本处理经验丰富，技术流程完备；
- ◆ 优秀的单细胞基因检出率，数据质量高；
- ◆ 项目周期短，技术应用范围广。

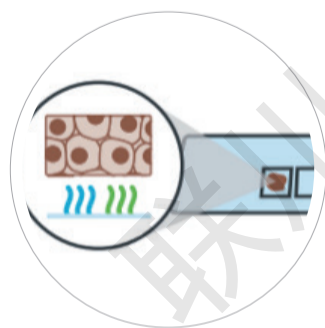


10x Visium FF空间转录组

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。10x Visium FF空间转录组 (FF, 即Fresh Frozen, 新鲜OCT冰冻组织)结合显微成像、芯片、测序技术，从一片完整的冰冻组织切片中获得切片不同位置细胞中转录组数据，并将组织学和基因表达分析相结合，通过特有数据分析方法进行基因表达和形态学数据的可视化。

联川优势

- ◆ 在国内领先搭建了空间转录组测序服务平台。
- ◆ 处理上百例样本类型，经验丰富。
- ◆ 物种涵盖广。
- ◆ 研发了特殊组织透化方法，包括致密组织透化法、黏膜组织透化法、结缔组织透化法等。



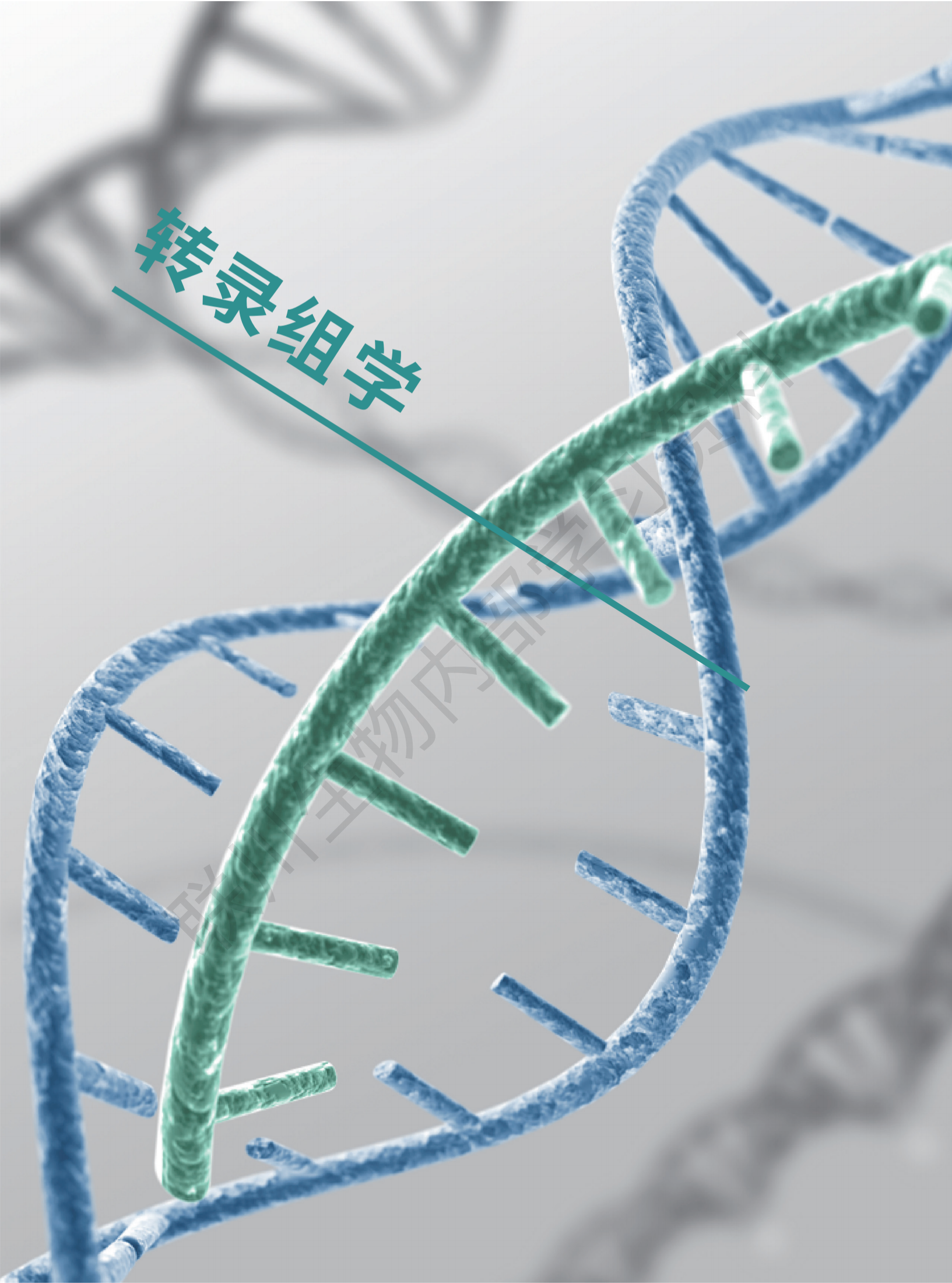
10x Visium FFPE空间转录组

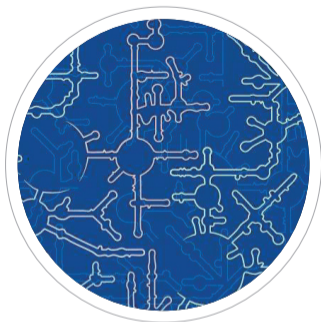
10x Visium FFPE空间基因表达分析能够突破以往用福尔马林固定-石蜡包埋 (FFPE) 组织切片进行空间基因表达分析存在的障碍，将组织学技术的优势与RNA测序的高通量和发现能力融入FFPE组织样本中，可对病理学家主导的传统分析进行补充。能够以高分辨率对整张组织切片进行分析，从空间上分析人和小鼠FFPE样本中超过18,000个基因的RNA表达，能够检测通路中的基因表达，分辨组织异质性，并在形态背景下揭示各种细胞类型和细胞状态的空间分布。

联川优势

- ◆ 采用RNA模板连接 (RTL) 探针组来确保高灵敏度和高特异性；
- ◆ 重新分析长期保存的生物库样本以发现生物标志物，或开展回顾性研究和纵向研究，在一段时间内追踪生物过程；
- ◆ FFPE标本处理经验丰富，技术流程完备。。

转录组学





转录组测序

全长转录组测序基于单分子实时测序Pacbio Sequel平台，超长读长可获得mRNA全长序列及完整结构信息。克服无参考基因组物种转录本拼接短、信息不完整的难题，实现有参考基因组物种研究可变剪切及融合基因等结构变异。

联川优势

- ◆ 采用最新三代测序平台，获取更长更准确的全长转录本。
- ◆ 文库构建时无需将转录本打断，信息分析无需组装，精准还原转录组全貌。
- ◆ 丰富的转录组线产品，满足研究人员多样个性化的研究需求。
- ◆ 专业的实验方案设计和严谨的实验操作，确保高质量的实验发现。

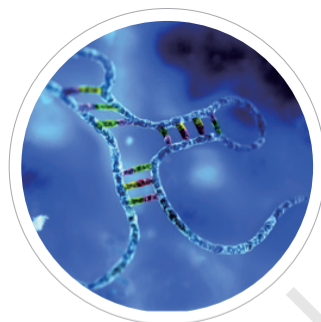


绝对定量转录组测序

绝对定量转录组测序采用主流UMI标记技术，通过UMI标记每一条序列，消除PCR扩增偏好对定量的干扰，真实反映转录本的表达丰度。同时，具有相同UMI标记的序列基于多序列比对可以纠正PCR扩增和测序过程中引入的错误，确保获得序列的真实性。

联川优势

- ◆ 采用UMI标记技术，每条序列都被唯一标识，保留序列真重复，去除PCR扩增假重复，真实反映转录本表达丰度。
- ◆ 可基于多序列比对来纠正PCR扩增和测序过程中引入的错误，确保获得真实序列。

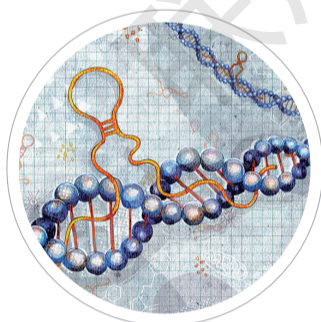


小RNA测序

小RNA是一类长度为18~30 nt的非编码RNA的总称。小RNA测序正是对这类小RNA，特别是microRNA (miRNA) 进行鉴定和分析，研究其调控生命过程的机理。

联川优势

- ◆ 针对不同miRNA序列，优化文库制备流程，最大程度地富集小RNA序列。
- ◆ 采用自主开发的数据分析软件ACGT101-miR，生成图表可直接用于论文撰写。
- ◆ 国内最早提供小RNA测序服务的公司之一，协助用户发表逾800篇小RNA文章。



lncRNA测序

长链非编码RNA (lncRNAs) 是一类转录本长度超过200 nt、不编码蛋白质的RNA。lncRNA测序即是对这类RNA分子进行序列测定及分析，研究其对生命活动的调控机制。

联川优势

- ◆ 采用核糖体去除和链特异性文库构建方案，保留序列的完整性及方向性。
- ◆ 可对样本中几乎全部的lncRNA和mRNA序列进行鉴定和分析。
- ◆ 可对包括人类、动植物在内的众多物种的lncRNA进行鉴定和分析。
- ◆ 可开展lncRNA与mRNA的整合分析，深入分析lncRNA调控网络。

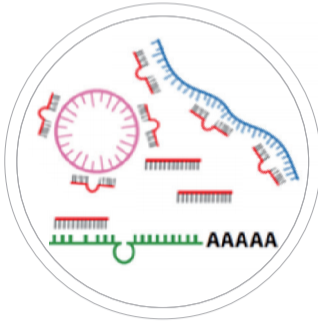


circRNA测序

环状RNA (circRNAs) 测序的研究对象是一类呈封闭环状结构的RNA，绝大多数为非编码RNA，其广泛存在于人和动植物中，是一类新的隐秘未知但却功能异常强大的RNA。

联川优势

- ◆ 优化的文库构建方案，可同时保留环状RNA和线性RNA序列，也可仅保留环状RNA序列。
- ◆ 全面分析和鉴定环状RNA和长链线性RNA（包括mRNA和lncRNA）。
- ◆ 自主选择研究方案，circRNA发掘与表达分析，circRNA与miRNA互作分析，ceRNA调控机制解析等。



全转录组测序

广义的转录组指的是细胞或组织中所有转录物的集合，包含mRNA和ncRNAs。全转录组测序即对mRNA和三种ncRNAs（miRNA、lncRNA及circRNA）进行测序，分析这四种RNA之间复杂的相互作用关系。

联川优势

- ◆ 针对长链RNA和短链RNA构建两种文库，还原样本全转录组。
- ◆ 高效获取包含miRNA，mRNA，lncRNA，circRNA 4类RNA的序列与表达丰度。
- ◆ 全面分析非编码RNA与mRNA调控关系，解析竞争性内源RNA（ceRNA）调控网
- ◆ 丰富的转录调控项目经验，助力多篇ceRNA研究发表。

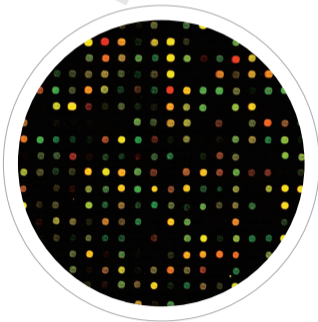


外泌体RNA测序

外泌体 (Exosome) 是由包括肿瘤细胞在内的几乎所有类型的细胞都可以产生并释放的一种微囊，其内部包裹了DNA，RNA，蛋白等物质。众多的研究表明，外泌体在血液，乳汁，尿液等体液内传播，其内容物如miRNA可被其他细胞吞噬，成为细胞间通讯的重要介质。越来越多的证据表明，宿主细胞或肿瘤细胞分泌的外泌体参与了肿瘤发生、生长、侵袭和转移。外泌体上述特征和生物学功能，使其成为液体活检领域的重要研究对象，其所含RNA分子如miRNA，lncRNA，circRNA等是极具应用前景的临床诊断分子标志物。联川生物依托丰富的RNA项目经验和领先的生信分析实力，推出了针对外泌体RNA研究的系统解决方案，将协助科研人员深入开展外泌体mRNA、miRNA、lncRNA等的鉴定和功能分析。

联川优势

- ◆ 国内最早的外泌体研究科技服务商，第一篇外泌体研究文章发表于2012年。
- ◆ 更低样本量和专业外泌体分离试剂盒，更能胜任外泌体实验的独特性。
- ◆ 研究方案多样，满足外泌体mRNA、lncRNA及miRNA的不同研究需求。

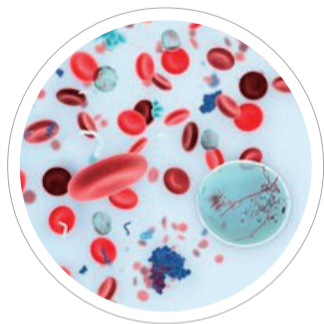


基因表达谱芯片

利用基因表达谱芯片对mRNA进行测序，可快速可靠地筛选出差异表达基因，展开功能和通路分析。联川提供基于稳定的Agilent芯片平台的基因表达谱检测。

联川优势

- ◆ 探针经实验验证程序检验和优化，充分保证探针的特异性和灵敏度。
- ◆ 具有极高的检测重复性，充分保证检测结果的准确性和一致性。
- ◆ 基于RefSeq、Ensembl及Unigene 等知名数据库设计探针，充分代表基因和转录本信息。
- ◆ 芯片信息：覆盖常见模式物种的基因表达谱检测，如人，小鼠，大鼠，水稻，拟南芥等。

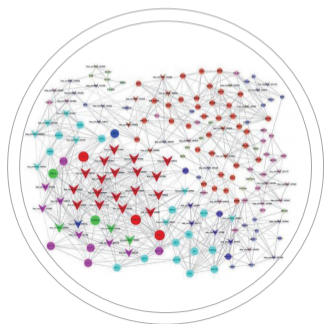


lncRNA 芯片

lncRNA是一类长度大于200 nt的非编码RNA，在表观遗传、转录及转录后等多种水平上对生命活动进行关键性的调控。基因芯片作为一种成熟可靠的高通量实验筛选工具，是医学lncRNA研究的首选工具。

联川优势

- ◆ 拥有超过十年的芯片实验经验，轻松应对各种来源的样本。
- ◆ 特异性检测血清、血浆、外泌体等微量特殊样本中的lncRNA，避免rRNA或外源序列干扰。
- ◆ 筛选出候选lncRNA后，配套丰富的lncRNA功能验证实验服务。
- ◆ 涵盖截至2017年11月全球16个权威数据库中的lncRNA序列，并进行了细致注释。

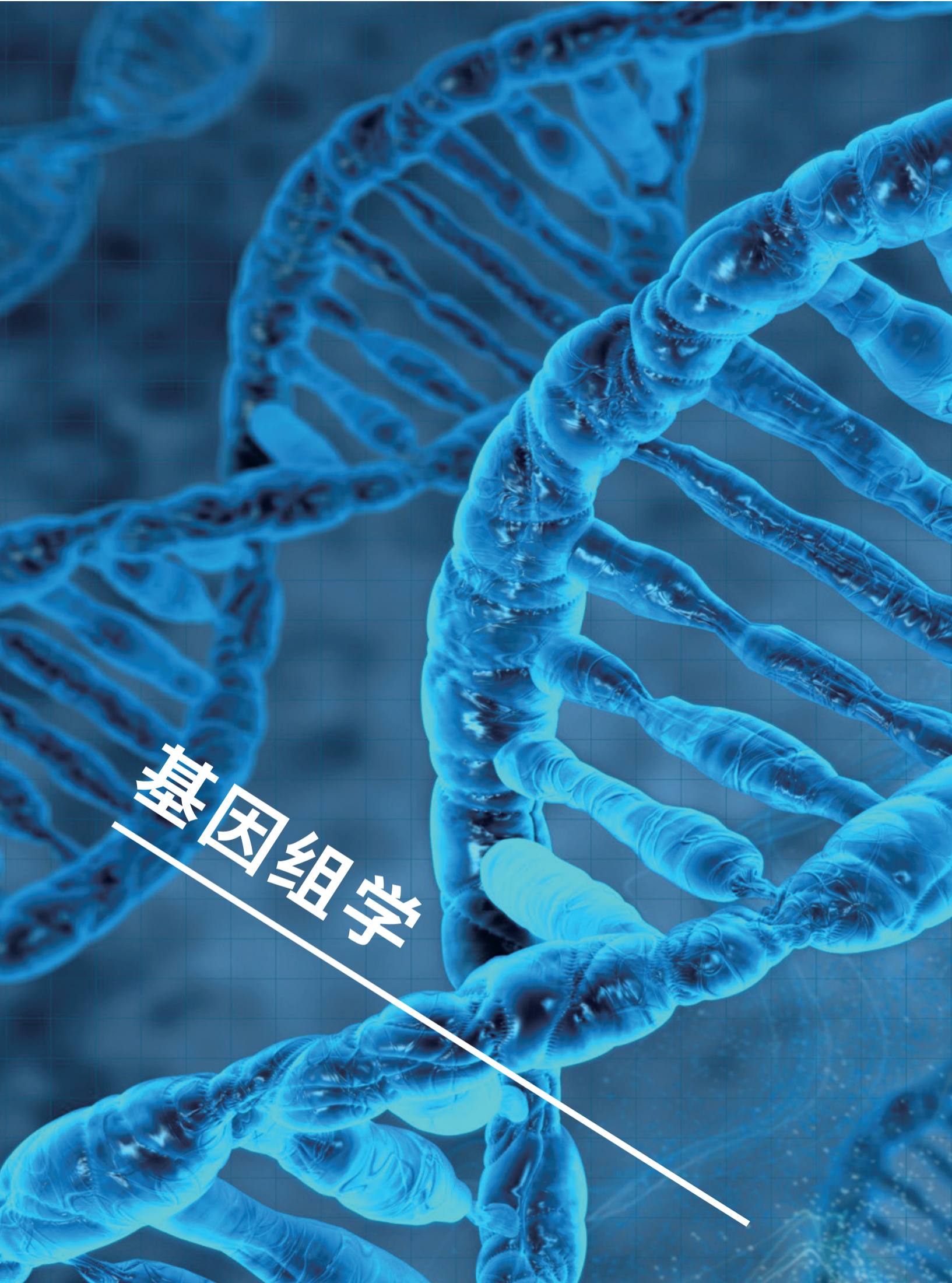


circRNA/ceRNA芯片

circRNA和lncRNA因携带多个miRNA结合位点，可竞争性结合miRNA，通过解除miRNA对其靶基因的抑制作用来调控基因表达水平，是典型的ceRNA。基因芯片作为一种成熟可靠的高通量筛选工具，是医学ceRNA研究的首选工具。

联川优势

- ◆ 拥有超过十年的芯片实验经验，轻松应对各种来源的样本。
- ◆ 特异性检测血清、血浆、外泌体等微量特殊样本中lncRNA和circRNA，避免rRNA或外源序列干扰。
- ◆ 筛选出候选lncRNA和circRNA后，配套丰富的lncRNA功能验证实验服务。
- ◆ 涵盖截至2017年11月全球主流数据库中的circRNA序列，并进行了细致注释。



基因组学



人全基因组重测序

对基因组序列已知的物种，如人、动植物的基因组进行全基因组范围的测序，并在个体或群体水平上进行差异性（SNP、InDel、CNV和SV）分析。

联川优势

- ◆ 在全基因组水平检测与表型关联的高频、低频、甚至是罕见的点突变及结构变异信息。
- ◆ 对于个体样本，可获得全面的基因组突变谱信息。
- ◆ 对于群体样本，可进一步研究物种的进化历史、环境适应性、自然选择和性状定位。

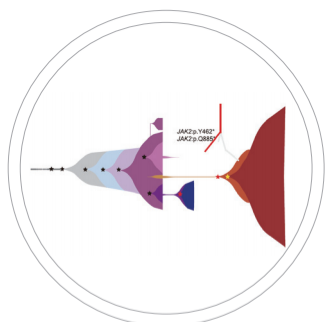


人全外显子（遗传病）

利用特制探针对感兴趣的蛋白编码区DNA或某段特定序列进行富集，随后利用高通量测序技术进行深度测序，发现特定的遗传突变。

联川优势

- ◆ 采用成熟的Agilent Human SureSelect kit，捕获效率更高。
- ◆ 权威GATK, muTect, VarScan2等软件，鉴定突变更准确。
- ◆ 方案针对性强，突变基因鉴定更可靠。

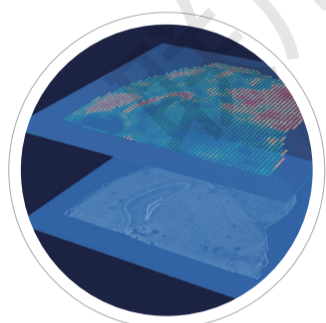


人全外显子（肿瘤）

利用特制的探针对感兴趣的DNA区域进行捕获测序后，对肿瘤样本中体细胞突变（somatic mutation）进行分析，包括SNP、Indel、CNV、SV等。后续高级分析包括肿瘤异质性、肿瘤进化、肿瘤突变负荷（TMB）、HLA分型、免疫浸润、新生抗原（Neoantigen）等，揭示肿瘤复发与转移深层分子机制，追踪肿瘤克隆亚型起源。

联川优势

- ◆ 肿瘤异质性独家算法，顶级期刊数据100%复现。
- ◆ 复发样本与多病灶克隆起源追踪。
- ◆ 免疫浸润自主反卷积算法揭示肿瘤微环境。

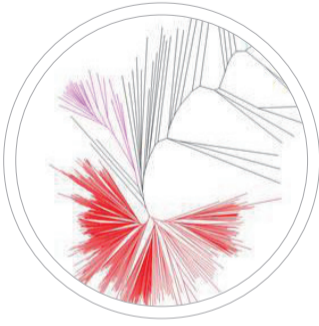


动植物重测序

基因组重测序是对已知基因组序列的物种进行全基因组范围的测序，并在此基础上对个体或群体进行差异性（SNP、InDel和SV等）分析。基于基因组重测序技术，可以快速进行资源普查筛选，寻找大量遗传变异，实现遗传进化分析及重要性状候选基因的预测。随着测序成本降低以及拥有参考基因组序列物种增多，基因组重测序成为研究遗传育种和群体进化的有效方法。

联川优势

- ◆ 对于个体样本，可获得全面的基因组突变谱信息。
- ◆ 对于群体样本，可进一步研究物种的进化历史、环境适应性、自然选择和性状定位。

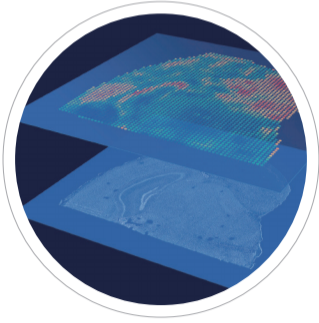


GWAS/遗传进化

全基因组关联分析 (Genome-wide association study, GWAS) 是对具有丰富遗传多样性的群体的每个个体进行全基因组重测序，结合目标性状的表型数据，基于一定的统计方法进行全基因组关联分析，可以快速获得影响目标性状表型变异的染色体区段或基因位点。

联川优势

- ◆ 多种关联分析模型，根据不同需求提供个性化分析。
- ◆ 精准高效的解析基因组之间的差异，获得最广泛的分子标记。
- ◆ 拥有强大生信分析团队，快速分析SNP芯片/全基因组测序获得的SNP谱。

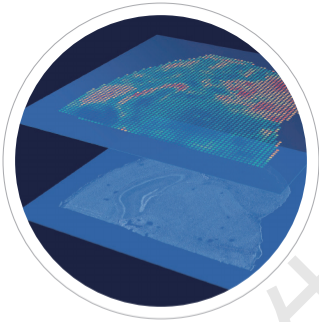


BSA-seq

Bulked-segregant analysis (BSA)，即混合分组分析，是一种利用样本混池的建库方式对动植物的极端性状进行QTL定位的一种方法。这种方法快速便捷，在亲本群体中选择表型极端的个体构建表型极端的子代群体，并对极端性状的子代群体进行混池测序，从而迅速定位到与目标基因具有紧密连锁的分子标记区域，进一步挖掘重要的功能基因。

联川优势

- ◆ 一站式个性化解决方案，专业的项目方案指导和分析流程，加速研究成果发表。
- ◆ 针对特定的群体和性状，选择不同的分析策略，快速、准确定位目标性状候选基因。



Mutmap-seq

MutMap适合对EMS诱变的隐性突变基因进行分析。通过EMS诱变和自交得到纯合体后，将突变体和其亲本回交得到F1，F1自交得到的F2后代会出现表型的分离，得到野生型表型群体和突变体表型群体。对这两个群体的DNA分别进行等量混合，得到野生型DNA混池和突变体DNA混池。将两个混池分别进行DNA测序，利用MutMap pipeline进行数据分析，计算SNP在突变体混池和野生型混池出现的频率，即可得到和突变表型连锁的染色体区段和可能的突变位点。

联川优势

- ◆ 遗传定位的周期短且效率高。
- ◆ 根据不同的样本类型以及研究目标和内容灵活定制研究方案。



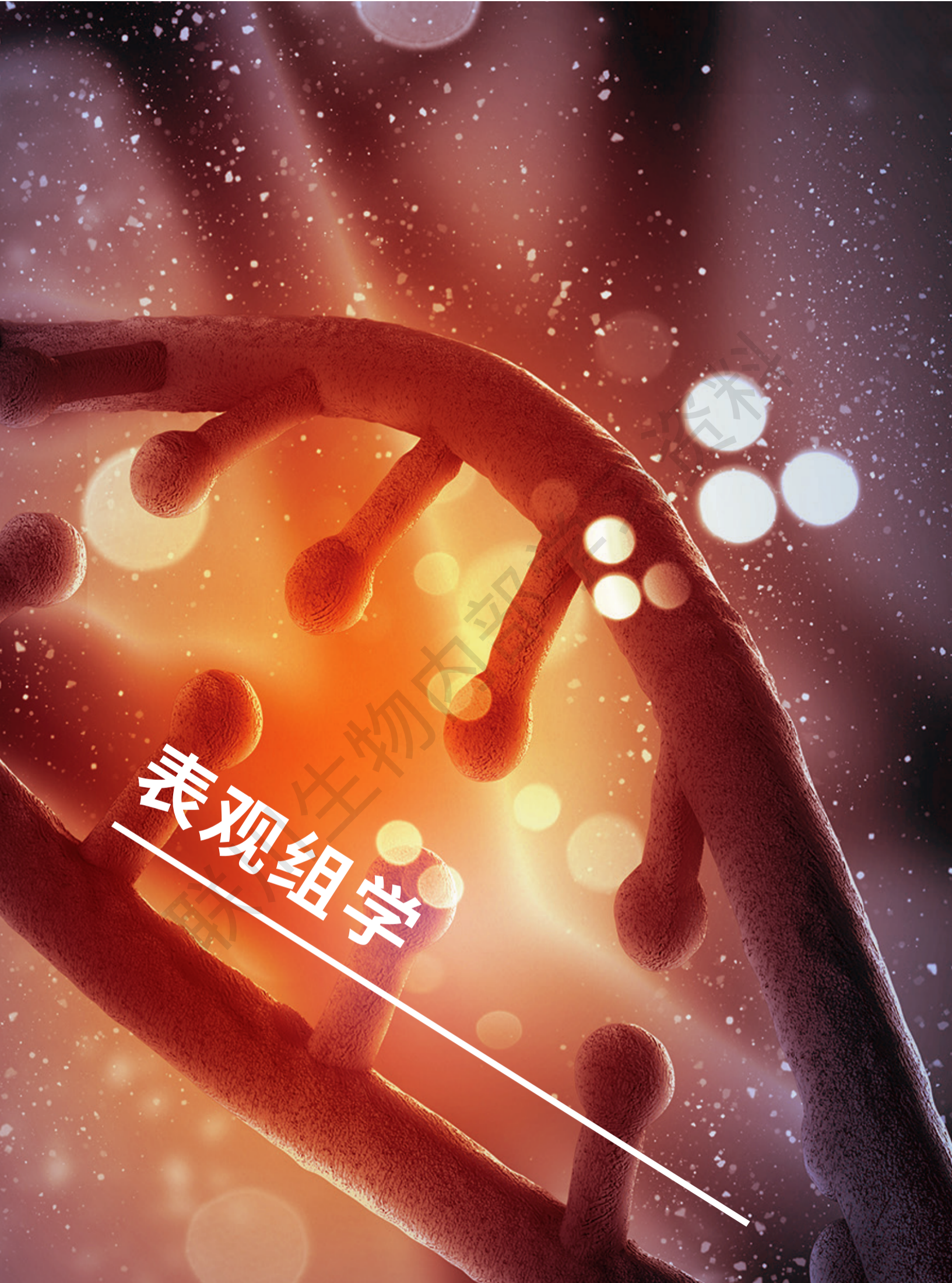
Graded-seq

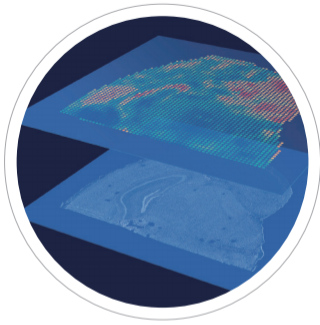
是利用分离群体中极端性状个体混池建库测序，快速进行目标性状基因/QTL定位，深入挖掘重要功能基因的一种策略。通过计算两个或多个混池DNA中相同变异位点的基因型频率及其差值，以差值来体现标记在池间的多态性，并分析SNP多态与目标性状的关联性，从而实现候选基因区域的定位。

联川优势

- ◆ 一站式个性化解决方案，专业的项目方案指导和分析流程，加速研究成果发表。
- ◆ 分析内容全面，基于比对分析检测SNP、InDel和SV，进行差异分析后获取与目标性状相关的基因。

表观组学



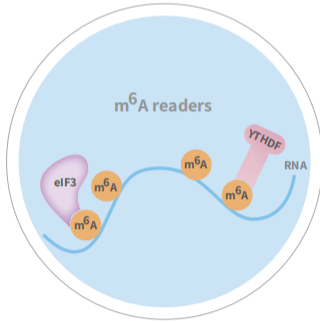


DNA甲基化测序

DNA 甲基化是最早发现的基因表观修饰方式之一,可能存在于所有高等生物中。DNA甲基化能关闭某些基因的活性,去甲基化则诱导了基因的重新活化和表达。这种DNA 修饰方式并没有改变基因序列,但是它调控了基因的表达。

联川优势

- ◆ 检测范围广泛,可从全基因组水平鉴定甲基化区域。
- ◆ 精确度高,在其覆盖范围内可达到单碱基分辨率。

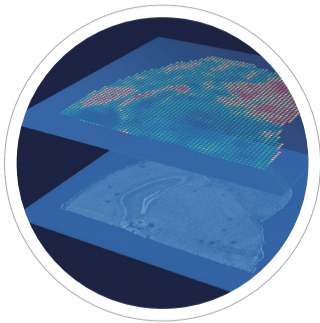


m⁶A甲基化测序

N⁶ 甲基腺苷修饰 (m⁶A) 是mRNA中最常见的甲基化修饰,主要富集在mRNA启动子区、终止密码子区附近。利用m⁶A抗体免疫磁珠将带有m⁶A的mRNA片段回收后建库测序,可深入挖掘mRNA和lncRNA基因甲基化情况。

联川优势

- ◆ 携手RNA甲基化研究国际知名团队,深度优化实验与分析流程。
- ◆ 提炼数十篇顶级RNA甲基化文章思路,量身定制前沿的实验方案。
- ◆ 提供多组学整合分析与功能验证的一站式服务,大幅缩短实验周期。
- ◆ 一流的数据挖掘团队+丰富的论文审稿经验,加速科研成果发表。

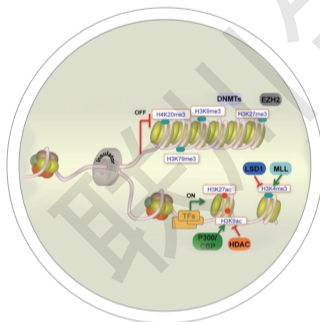


微量m⁶A甲基化测序

近年来RNA上修饰逐渐成为研究的热点,包括N⁶甲基腺苷修饰 (m⁶A)、N¹甲基腺苷修饰 (m¹A)、甲基胞嘧啶修饰 (m⁵C)、假尿苷修饰 (Ψ) 等。作为mRNA中最常见的甲基化修饰, m⁶A主要富集在mRNA的启动子区、终止密码子区附近。作为一种可逆性修饰, RNA既可以在甲基化转移酶的作用下发生m⁶A甲基化修饰,又可以在FTO、ALKBH5等酶的作用下发生去甲基化修饰。

联川优势

- ◆ 所需样本量少。
- ◆ 性价比高,测序区域更有针对性,数据利用率更高。

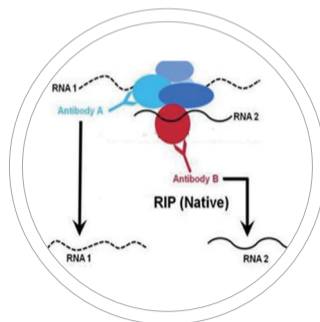


ChIP-seq

ChIP-seq全称Chromatin Immunoprecipitation sequencing,也叫染色质免疫共沉淀测序技术,是研究蛋白质与DNA相互作用的有力工具,通常用于转录因子结合位点或组蛋白特异性修饰位点的研究。这种技术能够高效地在全基因组范围内检测与组蛋白、转录因子等互作的DNA区域。

联川优势

- ◆ 贝勒医学院与MD Anderson博士团队打造的高端服务团队。
- ◆ Cancer Cell等顶级期刊个性化分析服务。
- ◆ 几十款抗体测试数据,IP成功率业内领先。



RIP-seq

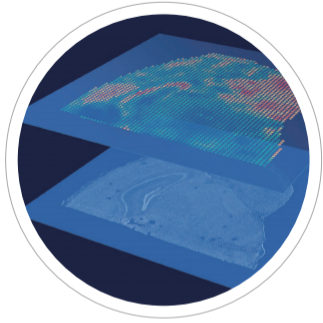
RNA immunoprecipitation sequencing (RIP-seq)是RNA免疫共沉淀结合高通量测序的一种技术,通过免疫沉淀靶蛋白来捕获互作的RNA。将捕获的RNA进行高通量测序,有助于从全基因组层面了解转录后调控网络的动态过程。

联川优势

- ◆ 用户文章登顶Top期刊。
- ◆ Peak可视化等个性化服务为高分文章保驾护航。
- ◆ 多年经验总结抗体特性,保证高IP成功率。



蛋白与代谢组学

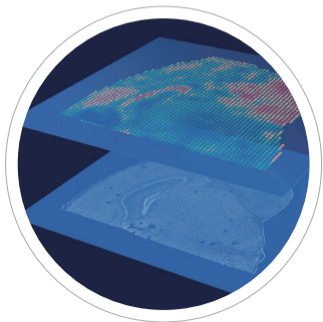


非靶代谢组学

非靶向代谢组学分析，通常采用色谱-质谱（LC-MS/MS）联用技术采集样品的代谢谱图，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疾病诊断、药物靶点发现、疾病机理研究、营养食品科学、毒理学、植物学等相关领域，已成为目前研究的新热点。

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。



微量/单细胞蛋白组学

常规的蛋白质组学需要一定的蛋白量才能进行后续的组学服务，本产品使用微量的细胞样品（200个细胞即可），就可以进行蛋白质组学研究。细胞是常见的组学研究样本，本产品线的主要特点是需求样本量少，可满足客户低样本量检测需求。

联川优势

- ◆ 通过芯片的纳升级微量液滴蛋白处理系统蛋白鉴定需求量更低。
- ◆ 当细胞个数较少时细胞的鉴定蛋白的覆盖度比较稳定。

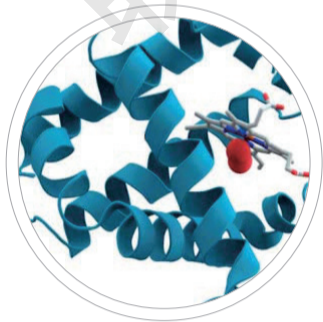


label-free蛋白质组学

蛋白质非标记定量技术（label-free）通过液质联用技术对蛋白酶解肽段进行质谱分析，无需昂贵的同位素标签做内部标准，通过分析大规模鉴定蛋白质时产生的质谱数据，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。

联川优势

- ◆ 无需标记，操作简单，可重复性高。
- ◆ 所需样本量少，可对微量样本进行分析，不受样本数量限制。
- ◆ 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。



TMT蛋白质组学

TMT（Tandem Mass Tag）是一种多肽体外标记技术，采用10种同位素标签，通过特异性标记蛋白多肽N末端或赖氨酸侧链基团，而后进行串联质谱分析，可同时比较10组不同样品中蛋白质的相对含量。

联川优势

- ◆ 灵敏度高，低丰度蛋白也能精准检出。
- ◆ 适用范围广，几乎可对任何物种的各类蛋白质进行分离鉴定。
- ◆ 通量高，能同时对10组样本中包含的蛋白进行鉴定及表达差异分析。
- ◆ 分析效率高，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。

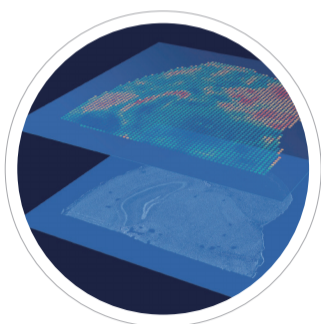


DIA蛋白质组学

数据非依赖型采集模式(Data-independent acquisition, DIA)是一种新的质谱采集模式, DIA将质谱全扫描范围分为若干个窗口区域, 高速、循环地对窗口区域中的所有肽段离子进行选择、碎裂、检测, 从而无遗漏、无差异得样本中所有肽段离子的全部碎片信息。

联川优势

- ◆ 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。

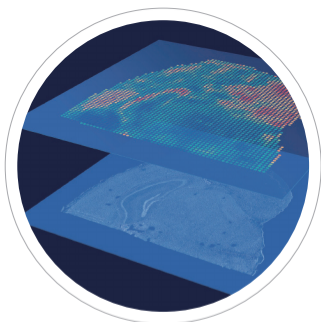


4D蛋白质组学

4D蛋白质组是新一代蛋白质组学分析技术, 在传统保留时间、质荷比、离子强度的基础之上增加了第四维的离子淌度的分离。4D label free/DIA蛋白质组鉴定能力提高50%以上, 对比常规的label free/DIA具有鉴定数更多、样本量需求更少、鉴定更精准的。

联川优势

- ◆ 蛋白鉴定数目更多。
- ◆ 需要样本量更少 (200ng)。
- ◆ 覆盖度较高、鉴定更精准。

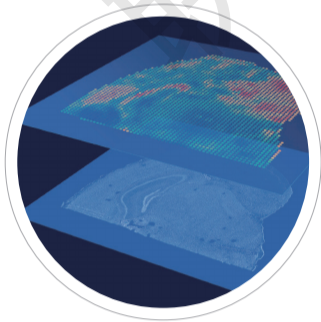


蛋白质修饰组学

生物体内常见的蛋白质修饰包括磷酸化、糖基化、乙酰化、泛素化等, 蛋白质修饰调节着蛋白质的活性状态、定位、折叠、功能以及蛋白之间的相互作用, 在信号转导、细胞分化、细胞免疫、转录调控等多种细胞过程中发挥着重要作用。修饰蛋白组学是在蛋白修饰水平, 对蛋白质修饰状态进行定性定量分析, 获得不同处理或不同生理、病理状态下的蛋白修饰差异。

联川优势

- ◆ 分析全面, 以整个细胞中所有蛋白质为研究对象, 囊括了细胞内所有具有生命功能的蛋白质。
- ◆ 可一次性全面检测不同蛋白质修饰对生物体产生的影响, 结果更加可靠。
- ◆ 以细胞内全部蛋白质为研究对象, 更易发现未知的蛋白质修饰位点。



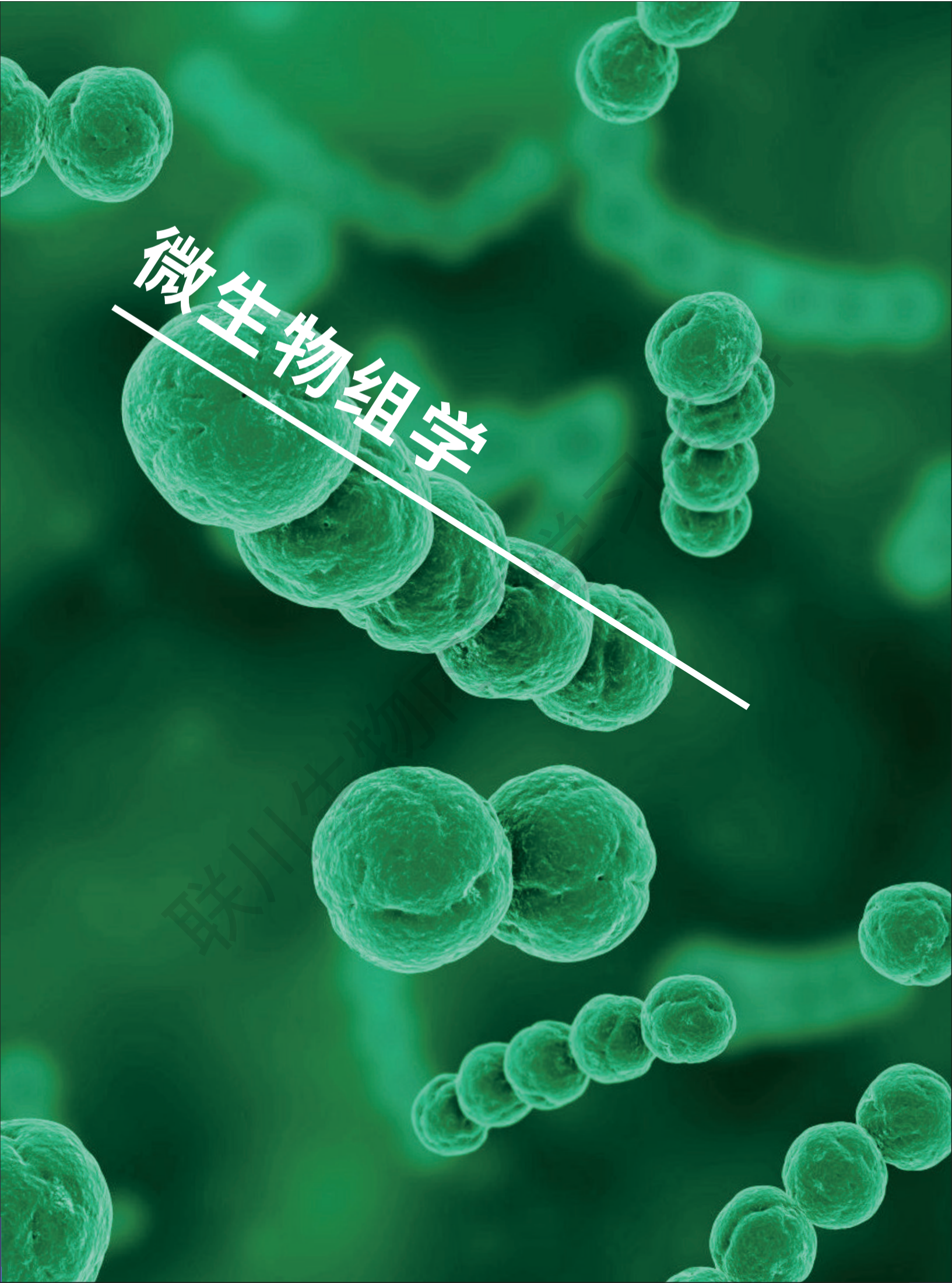
Olink超微量蛋白组学 (1μL)

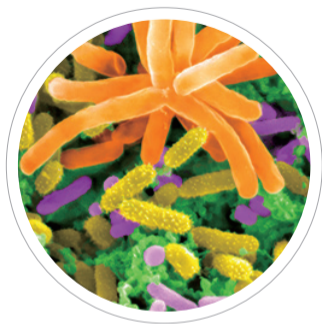
Olink专利的PEA (Proximity Extension Assay) 技术, 在检测每一个抗原 (蛋白) 时, 都设计了一对特异性匹配的抗体, 保障了“免疫学反应水平的特异性”, PEA技术借助于给这一对抗体上分别加上一对对的核酸单链, 从而借助DNA配对的特异性, 规避了多重检测时的“免疫学水平的串扰”。只有特异性结合到对应抗原上的抗体对, 才会形成双链, 并通过延伸形成可以被PCR扩增的核酸双链, 并被下游的qPCR或NGS检出。

联川优势

- ◆ 高通量: 快速检测样本中的3072种蛋白标志物。
- ◆ 无偏性: 3072个蛋白标志物, 覆盖100%主要通路, 第一次真正实现了生物意义上的无偏性。
- ◆ 液体活检: 兼容组织在内的各类样本, 尤其擅长检测体液中的低丰度蛋白。
- ◆ 数据重现性: 远远优于质谱等传统方法。

微生物组学





宏基因组测序

对环境样品中微生物群落的基因组DNA片段化后进行高通量测序，获得其中全部微生物的基因组序列，分析该环境下所有微生物的基因信息。

联川优势

- ◆ 组装策略和软件、比对工具、物种注释更先进。
- ◆ 最新版物种分类及功能数据库，物种及功能注释更准确。
- ◆ 提供基因及功能层次水平的比较及差异分析，差异研究角度广，分析更严谨。



宏转录组测序

宏转录组测序是对环境样本中微生物群落的全部转录本进行大规模高通量测序，直接获得环境中可培养和不可培养的微生物转录组信息，分析基因转录情况及转录调控规律。

联川优势

- ◆ 对不同微生物样本，针对性的进行处理和文库制备。
- ◆ 精选数据拼接软件，最大程度获取微生物群落基因组转录信息。
- ◆ 采用最新版数据库，更精确地注释和分析微生物群落基因表达信息。
- ◆ 提供宏基因组到宏转录组学研究，多角度解析微生物群落结构与功能。

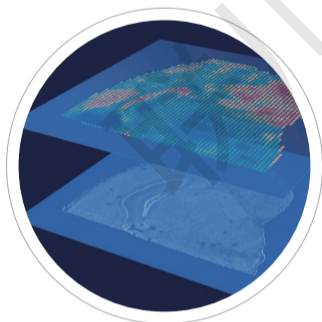


16S rDNA测序

通过提取微生物菌群DNA，选择特定可变区进行PCR扩增，结合高通量测序结果，对细菌群落进行分析。

联川优势

- ◆ 菌群多样性鉴定率先精细到“种”，分类更明确。
- ◆ 优选可变区扩增测序，测定序列更长，菌落鉴定更准确。
- ◆ 基于最新版Greengene和自建数据库，利用自主开发注释工具，可鉴定物种更丰富。



18S rDNA测序

18S rDNA为编码真核生物核糖体小亚基rRNA的DNA序列，在结构上分为保守区和高变区，保守区反映生物物种间的亲缘关系，高变区反映物种间的差异，对18S rDNA某个高变区进行测序，可以用于研究环境微生物中真核微生物的群落多样性。

联川优势

- ◆ 实验安排灵活、服务周期短、速度快。
- ◆ 测序结果准确性更高、成本更低。
- ◆ 丰富的项目经验与专业的生信分析团队，提供全面准确的信息分析。

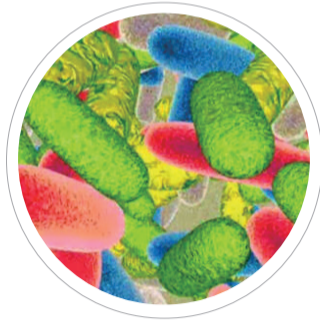


ITS测序

通过提取环境样品DNA，选择合适的通用引物扩增真菌核糖体基因转录间隔区，结合高通量测序结果，对真菌群落进行分析。

联川优势

- ◆ 基于权威数据库，率先鉴定真菌到“种”。
- ◆ 优化的扩增引物和反应条件，菌种鉴定更丰富更准确。
- ◆ 群落多样性分析内容丰富，菌落鉴定、丰度与结构分析，系统进化分析等。

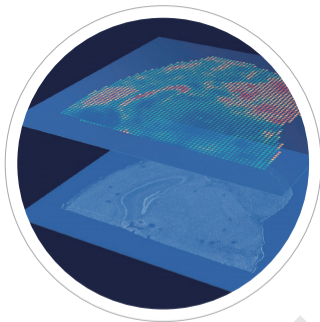


功能基因多样性测序

一些具有特殊功能的微生物在分类学上可能有很大不同，但却具有类似的基因使其能够发挥同样的功能，这些特定功能的基因被称为功能基因，如nifH、nosZ、amoA、pmoA等。功能基因测序即针对这些基因设计PCR引物对其进行序列测定。

联川优势

- ◆ 低成本，相比于传统菌落鉴定，分析通量更高，检测成本更低。
- ◆ 具有丰富的微生物样本处理经验。
- ◆ 拥有强大的生信分析团队，提供全面准确的信息分析。



5R/组织微生物测序

5R 16S测序，即对16S rRNA基因上的五个区域进行多重PCR扩增和测序，有效降低了组织中宿主DNA对细菌16S rDNA扩增的严重干扰，助力研究人员全面阐释肿瘤微生物组的特征和功能。

联川优势

- ◆ 覆盖区域长：测序覆盖了16S rRNA基因上的5个区域，约占全长的68%。
- ◆ 鉴定“种”多：更长的16S rRNA基因覆盖，鉴定出更多更准的菌“种”。
- ◆ 检测灵敏度高：胜任低微生物量样本如肿瘤组织的菌群检测。
- ◆ 样本宽容度大：适用降解样本中的菌群检测。

营销网络

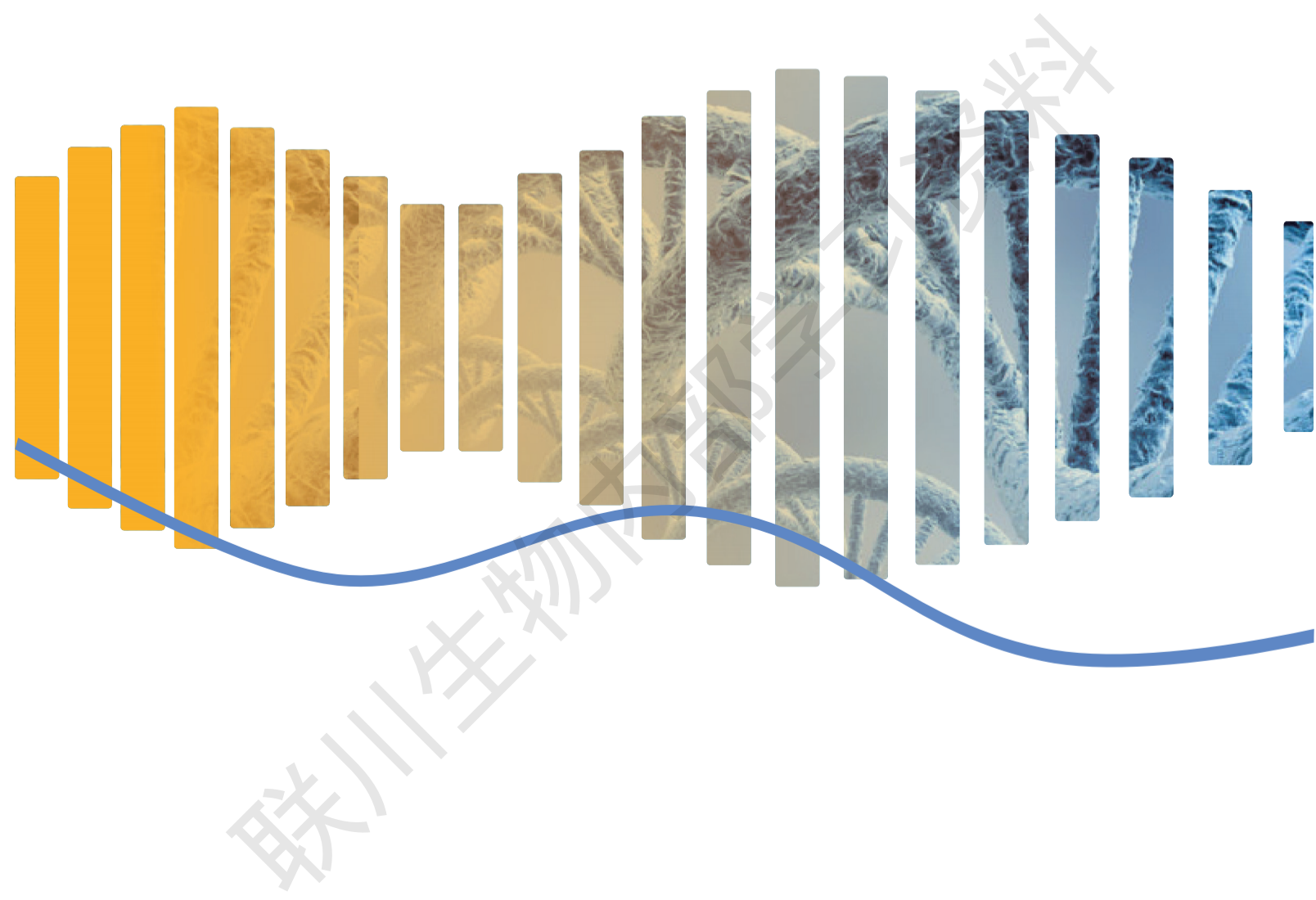


合作伙伴

多年的深耕细作，联川已成为国内生物芯片及高通量测序企业的排头兵，科技服务业已覆盖到全国30多个省、市、自治区，已为超过2000家科研单位、医院、研究所、药厂及生物公司提供过科技服务。联川已为合作伙伴处理分析超过50,000个不同来源不同类型的临床和科研样本。



篇幅所限，仅列出部分合作伙伴，排名不分先后



杭州联川生物技术股份有限公司

LC-Bio Technologies (HangZhou) Co., Ltd

股票代码:871474

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