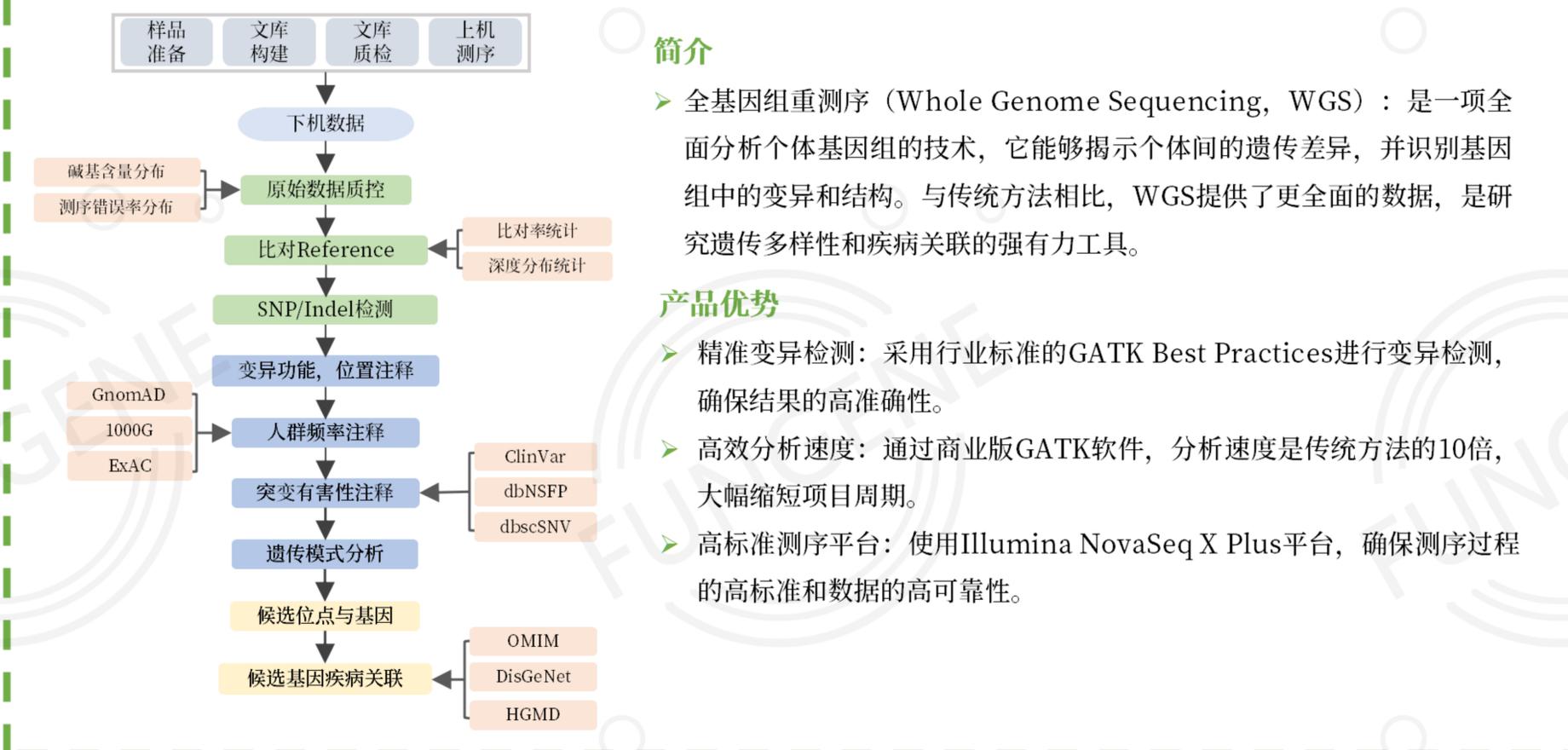


测序技术服务

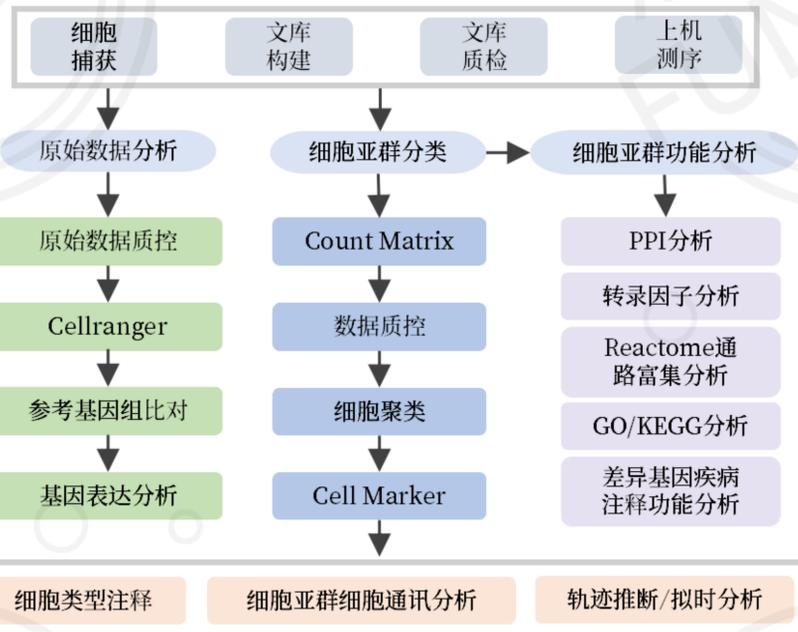
全基因组重测序



单细胞转录组测序

简介

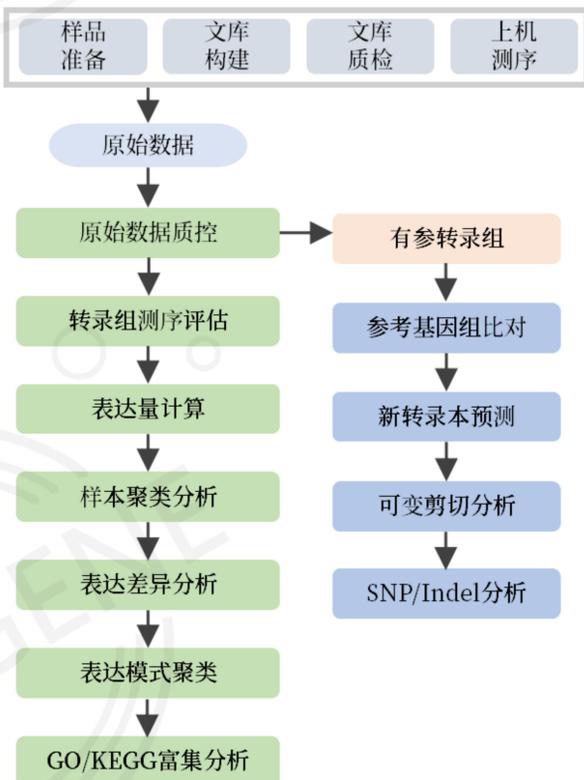
- 单细胞转录组测序 (scRNA-seq) 技术，是指在单细胞层面对RNA进行高通量测序和分析的新技术。相较于传统的组织或细胞群体测序，scRNA-seq能够详细表征单个细胞的表达谱，避免了因细胞群体均质化而丢失的异质性信息，从而更精确地揭示细胞间的个体差异和功能特性。



产品优势

- 技术平台专业性：采用行业内成熟且前沿的 10x Genomics 单细胞技术平台，确保实验流程的标准化和数据输出的高可靠性。
- 基因表达图谱精细度：精细检测上万个单细胞的基因表达图谱，提供细胞层面的高分辨率表达数据。
- 方便快捷：技术流程设计优化，在10分钟内完成上万细胞的快速捕获，显著提升实验的便捷性和时效性。
- 可适性高：适合大部分细胞类型。

真核有参转录组测序



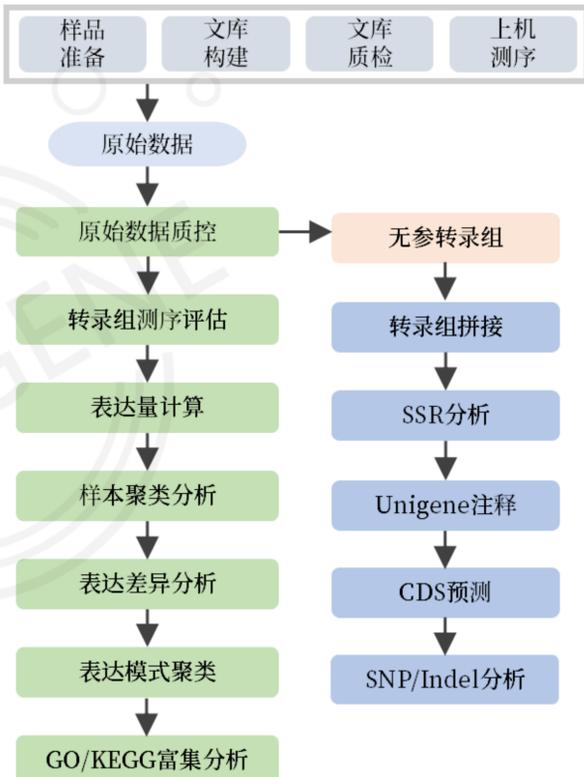
简介

真核有参转录组测序 (RNA-seq) 是针对具有参考基因组的物种，通过二代测序平台，快速、全面地获取动植物特定细胞或组织的转录本和基因表达信息。可进行基因表达水平、基因功能、可变剪切、SNP检测以及新转录本发现等方面的研究。转录组测序能够从整体水平上研究基因表达的差异和功能通路的变化，揭示特定生物学过程的分子机制。这对于理解动植物的生长发育、表型性状、逆境胁迫响应和抗病机制等方面至关重要。

产品优势

- 多层次研究视角：提供深入的基因和转录本层面分析，揭示基因表达的复杂性及其对生物学过程的影响。
- 深入的差异表达分析：通过基因表达差异分析，结合对可变剪切等结构变异的深入研究，帮助全面理解基因表达的调控机制。
- 全面的基因信息检索：利用数据库，提供强大的基因和通路检索功能，确保研究能够获得最全面和准确的基因信息注释。

真核无参转录组测序



简介

真核无参转录组技术专注于对缺乏参考基因组的物种进行深入研究。通过RNA-seq技术，我们能够捕获特定细胞在特定功能状态下的mRNA总和，进而对原始数据进行拼接组装，以获得的转录本作为参考序列。这一过程不仅能够揭示该物种的大部分基因信息，还能从整体水平分析基因表达的差异和功能通路的变化，从而深入理解特定生物学过程的分子机制。

产品优势

- 实验经验丰富：具备深厚的样本处理经验，尤其擅长处理起始量低或复杂的疑难样本类型，能够以专业且高效的方式确保样本处理的精准性和可靠性。
- 组装灵活准确：支持多种组装软件和方法，确保转录本组装的灵活性和准确性。
- 分析结果直观：提供直观的分析结果，助力快速把握基因表达模式和生物学意义。

全流程定制化服务

- 可提供：提取—制备—建库—质检—测序—分析 全流程定制化服务。
- 如需咨询客服，请发送邮件，或拨打电话，或扫描二维码获取相关信息。



网站



公众号



技术咨询

- 江苏省后东市经济开发区科创大楼
- +86-0513-83281995
- <http://www.fungene.tech>
- support@fungene.tech