



扫描微信二维码

生工生物工程(上海)股份有限公司  
Sangon Biotech (Shanghai) Co., Ltd.

生工®  
Sangon Biotech

生工®  Diamond

地 址：上海市松江区香闵路 698 号 邮 箱：sales@sangon.com  
服务热线：400-821-0268 网 址：http://www.sangon.com

本目录最终解释权归生工生物市场部所有!

生工<sup>®</sup> Sangon Biotech

# 生工生物 定制产品及技术服务目录

CUSTOMIZED PRODUCTS & SERVICES CATALOGUE

▶ 第五版 (V5.0)



LIFE · BIOTECH · FUTURE

# 生工生物，您身边的技术服务专家！

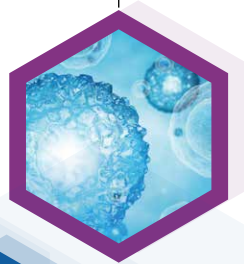


生工拥有近百项成熟的技术服务项目，无论是基因、分子、细胞，还是蛋白和抗体方向，生工均能提供一站式的服务与合理的解决方案。

您的科研之路，生工始终相伴！

## 核酸平台 01

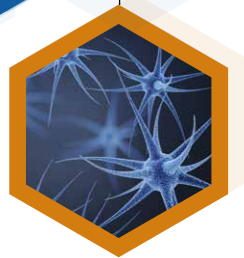
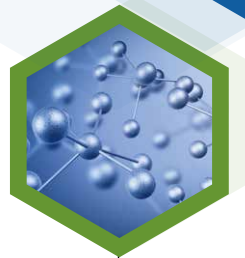
- DNA 合成
- RNA 合成
- 基因合成
- Sanger 测序(一代测序)
- 高通量测序
- 分子克隆
- 基因获取
- 基因检测
- 病毒包装与 RNA 干扰
- 基因组改造
- 基因芯片
- 核酸与蛋白相互作用研究



## 04 细胞分析平台

- 细胞培养
- 细胞检测

### 四大技术平台



## 03 抗体/免疫学平台

- 抗体定制及试剂盒开发
- 免疫学相关服务

## 02 蛋白/代谢组学平台

- 多肽定制
- 蛋白定制
- 蛋白质解析
- 代谢组学



## 申明

本目录所列的全部技术服务项目的用途仅限于实验室科学研究，若有单位或个人私自用于临床诊断、诊疗等其他国家专门规定或企业自行规定的特殊用途，本公司概不承担任何责任。

## 价格说明

此版本目录均不放置价格，实际价格请以与各销售网点（可参考购地就近原则）当日询价、双方合同约定的价格为准。

## 周期说明

本目录所列服务周期均按工作日计算。服务周期通常按完成一项技术服务的时间计算周期范围，由于实验服务存在多种不可抗因素，如因此类因素导致周期改变，生工生物会提前告知客户并与客户进行协商。

## 质量说明

收到服务报告后如有疑问，请于收到报告后的 7 日内向我公司总部或当地销售员提出书面或邮件申请，陈述相关理由，服务相关负责人将安排处理，并提出解决方案。如逾期，则视为已对本公司该服务进行验收。

**声明：**如发生服务产品索赔事宜，本公司仅在该服务产品价格范围内酌情赔偿，恕不接受超出该服务产品价格范围之赔偿。

## 订购方法

本公司在国内 40 余个城市均设有自己的销售网点或代理商（联系方式请详见我司官方网站或位于本目录末页的《全国销售网点联系方式》）。请与跟您最近的销售网点取得联系，咨询、获取报价和订购。如需要更深入的技术咨询，推荐您直接与技术服务所属部门技术支持联系，联系方式也请咨询销售网点获知。

**热线：**400-821-0268

**总机：**021-57072168

**传真：**021-57072170

**邮箱：**sales@sangon.com（中国大陆）  
order@sangon.com（国际及港澳台）

## 申请单（订单）下载

DNA 合成、测序、基因合成、抗体制备、蛋白表达纯

化及 SNP 分型等各类服务需要到本公司网站首页客户专区 - 下载中心下载表格，对于 DNA 合成请用户注意一定不要重复发送订单。如先后两次或多次向本公司发送同一订单，请及时（半小时内）与本公司联系取消。如因客户重复订货但未注明而导致重复合成或重复发货的，本公司保留全额收取每个订单所涉货款的权利。



## 在线订购及查询结果

对于 DNA 合成，您可以直接登录网站在线订购，网购可能获得更多的价格优惠。订购需要先注册，并仅支持支付宝付款和预付款。对于 DNA 测序，您可以直接登录网购系统并在线查询 DNA 测序结果。

## 支付方式

公司支持预付款和货到付款两种付款方式。货到付款需要通过信用度审核。付款可采用转账或电汇的方式，对于特殊情况可接收现金、支票支付。

**账户名：**生工生物工程（上海）股份有限公司

**开户行：**工行上海市松江支行

**税 号：**91310000754768366J

**账 号：**1001739609000093330



## 定制产品

- **I DNA 合成**
  - 普通引物合成 ..... 02
  - 修饰引物合成 ..... 03
- **II RNA 合成**
  - RNA 合成 ..... 07
- **III 基因合成**
  - 全基因合成 ..... 07
  - 密码子优化和基因设计 ..... 08
- **IV 抗体定制及试剂盒开发**
  - 抗原制备 ..... 09
  - 多克隆抗体制备 ..... 09
  - 单克隆抗体制备 ..... 10
  - 抗体配对、ELISA / 胶体金试剂盒 (试纸条)  
开发服务 ..... 11
- **V 多肽定制**
  - 定制肽合成 ..... 12
- **VI 蛋白定制**
  - 蛋白表达与纯化
    - 大肠杆菌 (*E. coli*) 表达系统 ..... 12
    - 毕赤酵母 (*P. pastoris*) 表达系统 ..... 13
    - 杆状病毒 (*Baculovirus*) 表达系统 ..... 14
    - 哺乳动物细胞表达系统 ..... 15

## 技术服务

- **VII 测序服务**
  - Sanger 测序 (一代测序)**
    - 基本测序 ..... 18
    - 克隆测序 ..... 19
    - Cosmid/Fosmid/BAC 末端测序 ..... 19
    - 片段长度多态性 CE 检测 ..... 20
  - 高通量测序**
    - 转录组测序 ..... 21
    - 小 RNA 测序 ..... 22
    - 全外显子捕获测序 ..... 23
    - 宏基因组微生物分类测序 ..... 23
    - 宏基因组全基因组测序 ..... 24
    - 细菌基因组 de novo 测序 ..... 25
    - 基因组重测序 ..... 26
    - CHIP-SEQ ..... 26
- **VIII 分子生物学服务**
  - 分子克隆**
    - 质粒提取 ..... 27
    - 单独亚克隆 ..... 28
    - 基因定点突变 ..... 28
  - 基因获取**
    - 核酸提取 ..... 29
    - 基因调取 ..... 30
    - 引物延伸分析 ..... 30
    - cDNA 文库构建 ..... 31
    - 抑制性消减杂交 (SSH) ..... 32
    - 酵母单杂交文库构建 ..... 32
    - 酵母双杂交文库构建及筛选服务 ..... 33



## 基因检测

- 荧光定量 PCR ..... 34
- 数字 PCR 检测 ..... 34
- 单核苷酸多态性 (SNP) 分型 ..... 35
- 质谱法 (MALDI-TOF MS) SNP 检测 ..... 36
- 定制 SNP 或外显子捕获测序 ..... 37
- 基因甲基化 (Methylation) 位点检测 ..... 38
- 毛细管电泳 (STR/SSR/AFLP/T-RFLP)  
基因检测 ..... 39
- 菌种鉴定 ..... 40
- 菌群解析 ..... 40
- 高分辨率溶解曲线 (HRM) ..... 42
- 基因焦磷酸测序检测 ..... 42
- Southern Blot 印迹杂交 ..... 43
- Northern Blot 印迹杂交 ..... 44
- FISH 荧光原位杂交 ..... 44
- 双荧光素酶报告基因检测 ..... 45

## 病毒包装与 RNA 干扰

- 病毒包装 (慢病毒、腺病毒、腺相关病毒) ..... 46
- siRNA/miRNA 载体 (质转) 构建服务 ..... 47
- RNA 干扰 ..... 48

## 基因组改造

- 微生物基因组改造 ..... 49
- 植物转基因服务 ..... 49
- Cas9 系统基因敲除 ..... 50

## 基因芯片

- 基因芯片 ..... 51

## 核酸与蛋白相互作用研究

- SELEX 适配体文库筛选 ..... 52
- EMSA 凝胶阻滞迁移电泳检测 ..... 53

- DNase I 足迹分析实验 ..... 54
- 沉降技术 ..... 55

## IX 蛋白、代谢与免疫学分析服务

### 蛋白质解析

- 氨基酸 N 端测序 ..... 56
- 蛋白分子量测定 ..... 57
- 双向凝胶电泳及质谱鉴定 ..... 57
- 圆二色谱测定 ..... 58
- 质谱法多肽全序列分析服务 ..... 59
- 等电点测定服务 ..... 59
- 同位素标记相对与绝对定量技术  
(iTRAQ/TMT) ..... 60

### 代谢组学

- 代谢组学 ..... 61

### 免疫学相关服务

- 酶联免疫吸附实验 (ELISA) ..... 62
- 免疫组化 ..... 62
- 免疫共沉淀 ..... 63
- 常规 Western Blot ..... 64

## X 细胞分析与操作服务

### 细胞培养

- 细胞培养 ..... 65
- 细胞转染 ..... 65

### 细胞检测

- 细胞增殖检测 (MTT/CCK-8) ..... 66
- 细胞凋亡检测 (TUNEL 法) ..... 67
- Transwell 细胞实验 ..... 68

## 联系我们

- 生工生物全国销售网点联系方式 ..... 70



## 定制产品

I DNA合成 .....	02
II RNA合成 .....	07
III 基因合成 .....	07
IV 抗体定制及试剂盒开发 .....	09
V 多肽定制 .....	12
VI 蛋白定制 .....	12

# 生工生物定制产品介绍

服务名称	服务介绍	
DNA 合成	生工生物引物合成服务已有 20 年专业 DNA 化学合成的历史，引物的纯化方式有HAP、PAGE、ULTRAPAGE、HPLC和HPLC_CE，可以满足不同实验需求。生工的引物均进行质谱检测，确保引物没有缺失，序列更加准确。	
RNA 合成	RNAi 是转录后水平的基因沉默机制，具有很高的特异性，目前已经广泛应用于基因功能的研究中，而化学合成的 RNAi 应用起来方便、操作简单，转染效率高，研究人员可以使用合成好的 siRNA 或 miRNA 进行后续相关实验。生工目前可以提供化学合成 siRNA、化学合成 miRNA 服务。	
基因合成	生工生物是国内主要的基因合成公司之一，能够合成长度为几十个碱基对至两万个碱基对的基因，更可进行具有复杂结构基因（高 GC 含量、重复结构等）的合成。我们可以将您合成的基因克隆到任何载体，除了生工提供的标准载体（pUC 系列和 pBlueScript 系列）外，您亦可提供任何您想要克隆的载体。	
抗体定制及试剂盒开发	抗体定制包括抗原制备、多克隆抗体制备、单克隆抗体制备和抗体配对、ELISA/Lateral-Flow 试剂盒开发服务。专业的技术团队，成熟稳定的多肽合成及蛋白表达技术平台，独特高效的免疫方案，为您提供优质满意的服务。	
多肽合成	生工生物多肽合成拥有十几年多肽合成经验，可合成从毫克级至千克级、链长达 90 个氨基酸的线性肽，不同的纯度范围（粗肽，脱盐 >75%、>85%、>90%、>95%、>98%）。产品经 HPLC 纯化，进行 ESI 质谱检测，保证多肽序列正确。	
蛋白定制	10 年以上的蛋白表达及纯化经验，具备大肠杆菌、毕赤酵母、杆状病毒、哺乳动物细胞等多种表达系统，实现目的蛋白稳定和瞬时快速表达。	



## » IDNA 合成

## 普通引物合成

Oligo Synthesis



## 服务特色

- 全球知名的化学合成 DNA 专业公司之一，实力雄厚。拥有四十多台高通量 DNA 合成仪，日产引物 20,000 条。
- 严格的质量控制，拥有二十多台质谱仪，进行质谱检测，保证序列正确性；2003 起每年通过 ISO 9001 国际质量体系认证。
- 完善的销售网络，在北京、广州、武汉、成都、南京、郑州、青岛、长春等设有 DNA 合成分部。在全国拥有 40 多处办事处和 10 多个代理公司，在全球设有 40 多个国际代理商。
- 合成范围广泛，除各类常规引物合成外，还提供工业级引物合成、微量级引物合成、个性化定制合成等服务。

## 服务简介

生工生物引物合成服务已有 20 年专业 DNA 化学合成的历史，在 DNA 化学合成中积累了丰富的经验。引物合成的纯化方式\* 有 HAP、PAGE、ULTRAPAGE、HPLC 和 HPLC\_CE，可以满足不同实验需求。多年来，我们的产品以稳定的质量受到广大科研工作者的青睐，也为我们在行业中赢得了良好的声誉。

无论哪种引物合成项目，生工生物均可进行质谱检测，确保引物没有缺失，序列更加准确。

2017 年生工生物制定了引物新航标。根据客户的各种要求，生工生物可分别提供科研级和诊断级的引物。即科研级引物分为：MicroOligos（微量引物、RapidOligos（快速引物）、HiPureOligos（高纯引物）；诊断级引物分为：NGSstdOligos（NGS 引物）和 IVDstdOligos（GMP 标准引物）。具体可见附录 1 (P3)。

## 客户提供

提供信息

引物合成订购表（请填写客户信息、序列、碱基数、纯化方式等信息）

## 最终交付

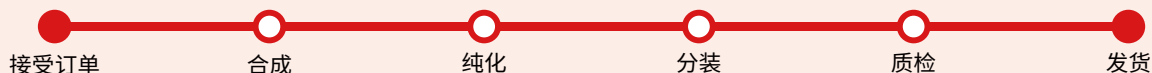
交付成品

对应合成量的离心浓缩引物（合成量可选 2、5 和 10 OD 等）

交付报告

- 质谱检测报告（HAP 和 PAGE 合成仅提供可网上下载的电子报告）
- 毛细管电泳检测报告（HPLC\_CE (IVD) 产品可提供质谱和毛细管电泳双份检测报告）
- 引物操作说明书

## 主要流程



## 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
超短链引物合成	对应 DNA 长度 1~10 mer, HPLC 纯化	3~4 日
短链引物合成	对应 DNA 长度 11~59 mer, HAP 纯化	1~2 日
	对应 DNA 长度 11~59 mer, PAGE、ULTRAPAGE、HPLC 和 HPLC_CE (IVD) 纯化	3~4 日
长链引物合成	对应 DNA 长度 ≥ 60 mer, ULTRAPAGE、HPLC 纯化	4~5 日

## 工业化引物合成

项目描述	合成产量	QC方法	包装	价格
10~59 mer 微克到克级合成	客户指定	客户指定	客户指定	垂询

项目描述	合成产量	QC方法	包装	价格
96 and 384 Well Plates	客户指定	客户指定	客户指定	垂询

## 备注说明

DNA 合成纯化方式请见本章附录（P6 页“附录 3. 引物合成纯化方法选择”）



## 修饰引物合成

### Modified Oligo Synthesis

#### 服务特色

- 市场占有率高，占有全国 DNA 化学修饰合成市场的 70% 以上。
- 品种齐全，包括反义 DNA、碱基修饰、BIOTIN 修饰、Spacer 修饰、NH<sub>2</sub> 及 SH 修饰、Dark Quenchers、Click Chemistry、分子信标、双标记 DNA 探针和荧光标记 DNA 探针等。
- 质量保证，绝大多数的修饰都经过 HPLC 纯化，再配合的质谱检测确保引物序列正确和更好的纯度。

#### 服务简介

修饰引物是生工生物 DNA 合成的一大特色产品，我们可以提供绝大多数常见的引物修饰类型。且所有修饰引物均通过质谱检测，确保引物序列更加准确和更好的纯度。修饰 DNA 合成的报价仅包含额外的修饰报价，合成 DNA 碱基的价格参考 HPLC 的碱基价格，实际价格为 DNA 合成价格 + 修饰价格。

在生工生物最新制定的子品牌分类中，科研级 MicroOligos (微量引物和 HiPureOligos (高纯引物)、诊断级 NGSstdOligos (NGS 引物) 和 IVDstdOligos (GMP 标准引物) 均有涉及，具体可见附录 1 (P3)。

#### 客户提供

提供信息

引物合成订购表 (请详细填写客户信息、序列、碱基数、纯化方式等信息)

#### 最终交付

交付成品

对应合成量的离心浓缩引物 (合成量可选 2、5 和 10 OD 等)

交付报告

- 质谱检测报告

- 毛细管电泳检测报告 (HPLC\_CE (IVD) 产品可提供质谱和毛细管电泳双份检测报告)

- 引物操作说明书

#### 主要流程



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
中间修饰	推荐使用 HPLC 纯化	3~4 日
两端修饰	推荐使用 HPLC 纯化	1~2 日
5' 端修饰	推荐使用 HPLC 纯化	3~4 日
3' 端修饰	推荐使用 HPLC 纯化	4~5 日

## 附录 1. DNA 合成产品总览图

### 品牌 (级别) 说明

级别	品牌	产品说明
科研级	 MicroOligos 微量引物	主要指 5 nmol 微量普通引物和微量 qPCR 探针，生工生物 Micro 引物直接采用 nmol 作为引物单位，您可直接添加相应体积的 TE 溶液或 ddH <sub>2</sub> O 配制所需的引物浓度；而若多条引物需配制成同一浓度，只需分别添加相同体积的 TE 溶液或 ddH <sub>2</sub> O 即可，这样既降低了出错率，又节约了时间。
	 RapidOligos 快速引物	主要是指采用生工生物 HAP 纯化 (专利) 或 PAGE 纯化工艺生产出来的引物，碱基长度 11~59 mer，合成量 2~40 OD，合成时间一般为 1~2 日。
	 HiPureOligos 高纯引物	主要是指使用 ULTRAPAGE 和 HPLC 纯化的引物，长度可选，OD 值范围 2~100，高纯引物中包含修饰引物，并全部采用 HPLC 纯化方式。
诊断级	 NGSstdOligos NGS 引物	NGS 引物，主要是指适用于二代测序的引物，如文库构建引物和测序引物等，客户可根据实际情况选择碱基长度、纯化方式及合成产量。
	 IVDstdOligos GMP 标准引物	是严格按照 GMP 标准研发及生产的，拥有标准的洁净实验室作为生产车间，采用生工独有的 HPLC_CE 纯化方式，通过 100% 质谱检测和毛细管电泳纯度分析，严格把控生产、纯化、质检、分装、干燥的每一个环节，为客户提供更安全、更放心的引物及探针。同时可以提供专业的售前售后服务，为您日常的科研及生产保驾护航。此类型引物广泛适用于工业、诊断类客户。

产品明细

科研级引物

定制产品之一 DNA 合成

行业级	科研级						
产品系列	MicroOligos		RapidOligos	HiPureOligos			
大类	微量引物		快速引物	高纯引物			
子类	微量普通引物	微量 qPCR 探针	快速普通引物	高纯普通引物			高纯修饰引物
							-中间修饰
							-两端修饰
							-5' 端修饰
-3' 端修饰							
纯化方式	HAP	HPLC	HAP	PAGE	ULTRAPAGE	HPLC	HPLC
碱基长度	11~59 mer	-	11~59 mer	11~59 mer	11~130 mer	1~130 mer	-
合成量	5 nmol	5 nmol	2~10 OD	2~100 OD	2~100 OD	2~100 OD	2~100 OD
质检	100% MS 检测	100% MS 检测	100% MS 检测	100% MS 检测	100% MS 检测	100% MS 检测	100% MS 检测
包装形式	Tube/96 Well	Tube/96 Well	Tube/96 Well	Tube/96 Well	Tube/96 Well	Tube/96 Well	Tube/96 Well
包装形态	ALL 干粉	干粉	干粉	干粉	干粉	干粉	干粉
	1/2 干粉 + 1/2 液体						
	ALL 液体						

诊断级引物

行业级	诊断级			
产品系列	NGSstdOligos		IVDstdOligos	
大类	NGS 引物		GMP 标准引物	
子类	NGS 普通引物	NGS 修饰引物	GMP 标准普通引物	GMP 标准修饰引物
				-中间修饰
				-两端修饰
				-5' 端修饰
-3' 端修饰				
纯化方式	无限制	无限制	HPLC_CE	HPLC_CE
碱基长度	无限制	无限制	11~59 mer	-
合成量	无限制	无限制	无限制	无限制
质检	客户指定	客户指定	100% MS+CE 检测	100% MS+CE 检测
包装形式	Tube/96 Well	Tube/96 Well	Tube/96 Well	Tube/96 Well
包装形态	干粉	干粉	干粉	干粉

附录 2. 修饰引物（合成产量可选 2 OD、5 OD、10 OD 等）

中间修饰	5' 端修饰	3' 端修饰	两端修饰
5-Hydroxymethyl dC	5' P	3' P	5' 6-FAM, 3' BHQ1
5-Nitroindole	5' NH2 C6	3' NH2 C6	5' 6-FAM, 3' BHQ2
Uni-link Amino	5' NH2 C12	3' NH2 C6 dT	5' 6-FAM, 3' TAMRA
N6-Me-dA	5' Biotin	3' NH2 C7	5' 6-FAM, 3' Dabcyl
Azobenzene	5' Biotin-TEG	3' Biotin	5' 6-FAM, 3' Eclipse
Phosphorothioate (硫代)	5' Desthio Biotin-TEG	3' Biotin-TEG	5' 6-FAM, 3' MGB
Deoxyinosine (脱氧次黄嘌呤)	5' Dual Biotin	3' Desthio Biotin-TEG	5' TET, 3' BHQ1
DeoxyUridine (脱氧尿嘧啶)	5' triple Biotin	3' SH C3	5' TET, 3' BHQ2
XNA 碱基	5' SH C6	3' SH C6	5' TET, 3' TAMRA
RNA 碱基	5' Dithiol	3' Dig	5' TET, 3' Dabcyl
2F-RNA 碱基	5' triple SH	3' Inverted dT	5' TET, 3' MGB

中间修饰	5' 端修饰	3' 端修饰	两端修饰
2' -O-Methyl 碱基	5' Dig	3' ddC	5' JOE, 3' BHQ1
5-Methyl dC	5' AMCA	3' AMCA	5' JOE, 3' BHQ2
2-Aminopurine	5' Alexa Fluor 488	3' Alexa Fluor 488	5' JOE, 3' TAMRA
5-Bromo dU	5' 6-FAM	3' 6-FAM	5' JOE 3' Dabcyl
8-OXO-dG	5' TET	3' TET	5' JOE, 3' MGB
C3 Spacer	5' JOE	3' JOE	5' HEX, 3' BHQ1
C6 Spacer	5' HEX	3' HEX	5' HEX, 3' BHQ2
C12 Spacer	5' VIC	3' Cy3	5' HEX, 3' TAMRA
Spacer 9	5' Cy3	3' TAMRA	5' HEX, 3' Dabcyl
Spacer 18	5' TAMRA	3' ROX	5' HEX, 3' Eclipse
dSpacer	5' NED	3' Texas Red	5' HEX, 3' MGB
1-Me-dA	5' ROX	3' Quasar 670	5' VIC, 3' BHQ1
PC-Linker	5' Texas Red	3' Cy5	5' VIC, 3' BHQ2
Pyrrolo-dC	5' Quasar 670	3' CY5.5	5' VIC, 3' MGB
Inverted dT	5' Cy5	3' Atto 425	5' CY3, 3' BHQ2
5-Aza-2' -deoxycytidine	5' CY5.5	3' Atto 590	5' CY3, 3' Dabcyl
中间 6-FAM-dT	5' Cy7	3' AquaPhluor 593	5' CY3, 3' MGB
中间 HEX dT	5' Atto 425	3' Yakima Yellow	5' TAMRA, 3' BHQ2
中间 ROX-dT	5' Atto 590	3' Methylene Blue	5' TAMRA, 3' Dabcyl
中间 TAMRA-dT	5' Methylene Blue	3' Maleimide	5' TAMRA, 3' Eclipse
中间 TET-dT	5' Maleimide	3' Ru	5' TAMRA, 3' MGB
中间 Texas Red dT	5' BHQ1	3' BHQ1	5' ROX, 3' BHQ2
中间 Cy5 dT	5' BHQ2	3' BHQ2	5' ROX, 3' Dabcyl
中间 Cy3 (骨架)	5' Dabcyl	3' BHQ3	5' ROX, 3' Eclipse
中间 Cy3 dT	5' Ferrocene	3' MGB	5' ROX, 3' MGB
中间 BHQ1 dT	5' Acrydite	3' Dabcyl	5' Texas Red, 3' BHQ2
中间 BHQ2 dT	5' Azide(N3)	3' Eclipse	5' Texas Red, 3' Dabcyl
中间 NH2 C6 dT	5' Ru	3' Ferrocene	5' Texas Red, 3' MGB
中间 Biotin dT	5' CHO	3' Azide (N3)	5' Quasar 670, 3' BHQ2
中间 Dabcyl dT	5' CHCH	3' CHCH	5' Quasar 670, 3' BHQ3
中间 Dig dT	5' COOH	3' Cholesteryl	5' CY5, 3' BHQ2
中间 Dithiol	5' Symmetric	3' dT-Q	5' CY5, 3' BHQ3
中间 HS-SH C6	5' DBCO	3' dG-Q	5' CY5, 3' Dabcyl
中间 Methylene Blue dT	5' Desthio Biotin	3' DBCO	5' CY5, 3' MGB
中间 Azide dT	5' Pyrene	3' Dithiol	5' CY5.5, 3' BHQ2
中间 CHCH dT		3' Desthio Biotin	
中间 DBCO dT			
中间 Symmetric			
中间 Ferrocene dT			
中间 Alexa Fluor 488-dT			
中间 JOE-dT			

## 附录3. 引物合成纯化方法选择

应用	纯化方法				
	HAP	PAGE	ULTRAPAGE	HPLC	HPLC_CE (IVD)
普通 PCR/RT-PCR	√	√	√	√	√
测序	√	√	√	√	√
全基因合成	√	√	√	√	√
多重 PCR / 定量 PCR	√	√	√	√	√
诊断 PCR 扩增	√	√	√	√	√
亚克隆, 点突变		√	√	√	√
基因构建/RNA 干扰		√	√	√	√
PCR 产物用于克隆表达研究或基因重组等			√	√	√
反义核酸				√	√
修饰或标记引物/化学或物理应用				√	√
体外诊断应用					√

## 附录4. 引物合成常见问题解答 (FAQ)

## Q: 如何测定引物的 OD 值?

A: 用紫外分光光度计在 260 nm 波长测定溶液的吸光度来定量, 测定时溶液的吸光度最好稀释到 0.2~0.8 之间 (吸光度太高或太低会有较大的误差)。DNA 干粉用一定体积的水充分振荡溶解以后, 取部分溶液稀释到 1 ml 并在 1 ml 标准比色皿中测定其吸光度, 即为所测体积的 OD 值, 进而可以计算出母液的 OD 值。

举例: 您拿到一管干粉的 DNA, 用 1 ml 水溶解成母液, 取该母液 50  $\mu$ l 稀释成 1 ml 并在 1 ml 标准比色杯中测定的吸光度为 0.25, 说明该 50  $\mu$ l 中含有 0.25 OD 的 DNA, 也即说明原来 1 ml 母液中含有 5 OD 的 DNA。

## Q: 怎样溶解引物?

A: 我们的合成报告单给出了每 OD 引物稀释为 100  $\mu$ mol/L (即 100 pmol/ $\mu$ l) 浓度的加水量, 您可以根据您的实验需要加入适量的无核酸酶的双蒸水 (pH>6.0) 或 TE 缓冲液 (pH 7.5~8.0), 开启瓶盖溶解之前最好在 3000~4000 转/分钟的转速下离心 1 分钟, 防止开盖时引物散失。

## Q: 合成的引物应如何保存?

A: 没有溶解的引物非常稳定, 可以在 -20°C 下保存至少 1 年, 溶解好的引物可以事先稀释为 100  $\mu$ mol/L 的储存液, 分装数份保存于 -20°C 冰箱, 可以保存至少半年以上 (反复多次冻融会降低使用寿命)。使用前, 将浓溶液稀释成工作液 (10 pmol/ml 或 20 pmol/ml) 后进行实验。

## Q: 如何检测引物的纯度?

A: PAGE 法。使用加有 7 M 尿素的一定浓度的聚丙烯酰胺凝胶进行电泳, <12 个碱基的引物用 20% 的胶, 12~60 个碱基的引物用 16% 的胶, >60 个碱基的引物用 12% 的胶, 取 0.2 OD 左右的引物, 用尿素饱和液溶解或引物溶液中加入尿素干粉直到饱和, 上样前加热变性 (95°C, 2 min)。加入尿素的目的一是变性, 二是增加样品比重, 容易加样。600 V 电压进行电泳, 一定时间后 (约 2~3 小时), 剥胶, 用荧光 TLC 板在紫外灯下检测带型, 在主带之下没有杂带, 说明纯度是好的 (有时由于变性不充分, 主带之上可能会有条带, 乃是引物二级结构条带)。

## Q: 一般合成的引物在 5' 和 3' 末端有磷酸基团吗?

A: 没有, 5' 和 3' 末端均为 -OH 基。如需要加磷酸基团, 订货时请特别注明, 此时需收取磷酸化的费用。

Q: 测定了引物的 OD 值后发现  $A_{260}/A_{280} < 1.8$ , 引物的纯度合格吗?

A: 由于核酸在 260 nm 附近有强吸收, 而蛋白质在 280 nm 附近有强吸收, 从生物体内提取核酸时, 常用  $A_{260}/A_{280}$  比值来评价核酸纯度 (比值在 1.8~2.0 之间), 这一判断是基于序列中 A、G、C、T 所占比例大致相同的结果。而合成的 DNA/RNA 则不同, 序列很短 (通常在 20~30 个碱基之间), 其中 A、G、C、T 各种碱基所占比例很不相同, 由于各种碱基的摩尔消光系数不同, 因此不同碱基构成的引物的  $A_{260}/A_{280}$  比值也不同, 例如当序列中 C、T 碱基的含量高时, 该比值会大大低于 1.8。所以不能用  $A_{260}/A_{280}$  的比值来判断引物的纯度。

## Q: 如何将两条互补的单链退火形成双链?

A: 用退火缓冲液 (10 mM Tris, pH 7.5~8.0, 50 mM NaCl, 1 mM EDTA) 溶解引物, 将要退火的引物等摩尔数混合, 总体积不要超过 500  $\mu$ l, 加热到 95°C 2 min, 然后缓慢冷却至室温 (低于 30°C) 即可。退火的产物可以放在 4°C 待用。

Q: 使用 3% 的 Agarose 凝胶电泳分析合成的引物, 发现有很多条泳带, 为什么?

A: 对引物进行电泳一定要使用变性 PAGE 电泳。由于引物是单链 DNA, 容易形成复杂的立体结构, 因此进行 Agarose 电泳时, 容易出现多条泳带, 更无法用 Agarose 电泳进行定量了。

Q: 2 OD 的引物可以多少做次 PCR 反应?

A: 一般来讲, 20 个碱基左右的 2 OD 的引物最少可以做 400 次 PCR 反应。

Q: DNA 合成粗产物中含有什么杂质?

A: DNA 合成仪合成的粗产物, 其中除了含有所需的目的 DNA 片段以外, 还含有合成反应过程中产生的目的片段短的失败片段以及脱保护基团产生的铵盐, 生工提供的引物已全部通过纯化去除短片段、通过脱盐去除盐分。

Q: 引物在常温下运输, 会降解吗?

A: 不会降解, 干燥的引物在常温至少可以稳定存放两周以上。而一般的运输时间通常都在 1~3 天, 所以您收到的引物不会降解。

## II RNA 合成

### RNA 合成

#### RNA Synthesis

##### 服务简介

生工可为客户提供普通的或者多种修饰的化学合成 siRNA、miRNA, 同时可根据客户需求, 提供不同长度、不同形式, 由客户自行设计的 RNA oligo, 以满足不同研究者的需求。生工合成的 RNA oligo 均

由 HPLC 纯化, 完全除去尚未配对的单链, 亦可按照不同规格进行适当分装, 客户只需要用包装盒内的缓冲液稀释后即可进行后续试验, 方便快捷。

客户提供信息

提供基因序列、GeneID 或者 Accession Number 等

##### 最终交付

交付成品及报告

有效的 siRNA 或 miRNA 片段及相关报告

##### 基本流程

客户提交 RNA 序列或者 Gene ID    设计 siRNA 或 miRNA    化学合成 RNA    提供产品及报告

##### 主项订购信息

项目名称	服务内容	服务周期
siRNA 化学合成	客户可直接提供有效 siRNA, 也可由我公司设计干扰靶点	7~10 日
miRNA 化学合成	客户提供 miRNA 序列或 Accession Number	7~10 日
客户定制 RNA oligo	可为客户提供不同长度、不同形式, 由客户自行设计的 RNA oligo (碱基数小于 60 base)	7~10 日

## III 基因合成

### 全基因合成

#### Gene Synthesis



##### 服务特色

- 选择快速基因合成, 最快 4 个工作日急速发货;
- 免费密码子优化, 提高表达效率;
- 保证序列正确;
- 克隆到各种载体;
- 选择高通量基因合成, 单次合成数百上千条基因。

##### 服务简介

生工生物是中国知名的基因合成供应商之一。月产基因万余条, 能够合成长度为几十个碱基对至上万个碱基对的基因, 更可

进行具有复杂结构基因 (高 GC 含量、重复结构等) 的基因合成。经过多年的研发努力, 已取得一系列专利技术, 并通过自主开发与国外知名高校开展合作, 建立了全自动的基因分析、基因优化及基因序列分析平台等, 最终形成了拥有自身特色并具有国际先进技术水平的 GeneOption 平台体系。

客户提供信息

《基因合成订购表》: 需要提供基因名称、

长度、克隆载体、克隆位点、载体长度、载体抗性、基因序列或蛋白序列等信息。

##### 最终交付

交付成品

- 4 μg 干粉质粒
- 含有重组质粒的甘油菌一管

交付报告

- 测序峰图 (ABI 文件)
- 序列拼接比对文件 (SQD 格式)
- 基因合成报告单一份
- 测序结果比对报告一份

基本流程



基因合成产品

项目	合成片段	克隆载体	交付
RapidGene 快速基因合成	≤3 kb	pUC57	质粒和甘油菌、COA 文件
NormGene 普通基因合成	任意长度	pUC57, pUC57-kan, pUC-SP	
LCGene 长片段基因合成	8~15 kb	pUC57	
HTSGene 高通量基因合成	≤8000 bp	pUC57	
MutaLABGene 基因突变文库	/	pUC57	
*SegsGene 基因片段合成 <b>NEW!</b>	≤2000 bp	/	双链 DNA 产物、COA 文件

\*备注：生工生物新推出的服务，更短的周期，更少的成本。生工基因片段产品有两种形式供客户选择：一种是不经过测序的产物，克隆后挑取 4~6 个克隆，至少有一个质粒是正确的，另外一种产品是经过测序的 PCR 产物，优势是提供测序结果，有更多的正确克隆。

附加服务

生工还可以提供密码子优化、定点突变、质粒提取、克隆及亚克隆等附加服务，量身打造客户需求方案。

附加服务名称	服务内容
密码子优化	可以对各种宿主进行密码子优化，提高蛋白表达效果，有效优化复杂序列！
定点突变	能迅速、高效地提高 DNA 所表达的蛋白的性状及表征！
质粒提取	可以提供各种纯度和质量的质粒抽提工作，有着较快的速度和优惠的价格！
克隆及亚克隆	可以将各种来源的目的基因克隆到客户指定的目标载体上！

备注：具体介绍请见本手册中的相应页面。

附加项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
客户提供载体	载体由客户自行提供，不使用生工标准的 pUC 系列和 pBlueScript 系列	每次亚克隆增加 5 个工作日

备注说明：单笔订单不满 500 元的，统一按 500 元收费。

## 密码子优化和基因设计

### Codon Optimization and Genetic Design

服务特色

- 独特的优化方案与软件
- 全方位考虑影响表达的因素
- 超丰富的优化目标物种选择
- 在本公司合成的基因免费优化

服务简介

通用的遗传密码有 64 种，但是绝大多数生物倾向于利用这些密码子中的一部分。那些被最频繁利用的称为最佳密码子 (Optimal

codons)，那些不被经常利用的称为稀有或利用率低的密码子 (rare or low-usage codons)。实际应用中用于进行蛋白表达或生产的每种生物（包括大肠杆菌，酵母，哺乳动物细胞，植物细胞和昆虫细胞）都表现出某种程度的密码子利用的差异或偏爱。利用偏爱密码子 (preferred codons) 并避免利用率低的或稀有的密码子合成基因，基因的这种重新设计叫密码子最佳化。

客户提供

- 提供信息
- 受体生物或细胞的详细信息
  - 氨基酸序列（当不能够提供氨基酸序列时，则应提供 DNA 序列，并说明起始密码和终止密码的位置）
  - 若有特别要求时，须附加说明。

最终交付

交付报告  
项目报告一份

基本流程



主项订购信息

服务名称	服务周期
密码子优化和基因设计	2 日

## IV 抗体定制及试剂盒开发

### 抗原制备

#### Antigen Preparation

##### 服务特色

- 专业的技术团队
- 成熟、稳定的多肽合成及蛋白表达技术平台
- 免费进行多肽抗原设计及蛋白表达前期的设计
- 拥有完备的、规模化生产蛋白的仪器设备

##### 服务简介

抗体制备首先需要获取目的抗原，而抗原制备主要通过两种方式：

1. 多肽合成获取抗原；
2. 原核或真核表达蛋白获取抗原。

##### 客户提供

提供样品  
抗原蛋白序列

##### 提供信息

抗原制备委托申请单（提供详细目的基因信息）

##### 最终交付

交付成品  
抗原  
交付报告  
完整实验报告

##### 基本流程

##### 多肽合成获取抗原



##### 基本流程

##### 基因克隆原核表达获取抗原



##### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
原核或真核表达蛋白获取抗原	主要包含质粒构建和蛋白表达两部分	4~10周（根据实际情况会有差异）
多肽合成获取抗原	多肽设计、多肽合成、多肽偶联（KLH 或 BSA）	2~3周

### 多克隆抗体制备

#### Polyclonal Antibody Preparation



##### 服务特色

- 成熟稳定的抗体定制平台
- 独特高效的免疫方案
- 多位博士为您时刻提供技术支持

##### 客户提供

提供样品  
抗原（也可由生工直接制备）  
提供信息  
抗体定制信息表

- # 骆驼 / 羊驼免疫服务交付：  
50 ml 抗凝全血  
免疫前血清 1 ml
- # 骆驼 / 羊驼多抗制备服务交付：  
纯化后抗体 4~5 mg  
免疫前血清 1 ml

##### 服务简介

多克隆抗体在免疫学诊断领域应用广泛，相对于单抗来说，它能识别多个抗原表位。生工生物可提供家兔、豚鼠、大鼠、小鼠以及骆驼、羊驼等系统多抗制备服务。

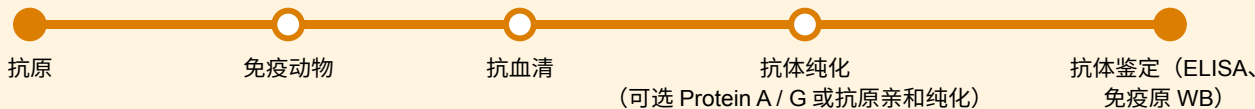
##### 最终交付

交付成品  
# 300 μl 免疫前血清  
剩余裸肽或蛋白  
2 mg 以上纯化后抗体(来源于1只兔子)

交付报告  
# 完整的项目结题报告  
# 免疫原的 Dot blot 验证或免疫原的 WB 验证



基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
ELISA 效价保证多抗制备	免疫 2 只大白兔，血清采集及 protein A 纯化， 抗体 ELISA 检测：效价 >1:64000	10~12 周
WB 免疫原保证型多抗制备	免疫 2 只大白兔，血清采集及抗原抗体亲和纯化， 可选择交付免疫原 western blot 实验验证	10~12 周
骆驼多抗制备	抗原评估，骆驼或羊驼免疫 3~5 次， 血清采集以及抗体纯化	10~15 周

附加项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
抗体标记服务	提供 HRP、FITC、生物素等抗体标记	2 周

单克隆抗体制备



Monoclonal Antibody Preparation

服务特色

- 成熟稳定的抗体定制平台
- 独特高效的免疫方案
- 多位博士为您时刻提供技术支持

细胞及微生物种或株间血清学上的交叉反应，大大提高了诊断的特异性及敏感性。另外，在研究细胞表面标志、提纯可溶性抗原、进一步研究抗体的结构和功能方面起着十分重要的作用。

提供信息

抗体定制信息表

最终交付

- 交付成品
- 1 株杂交瘤细胞
- 2 mg 抗体 (1 株杂交瘤细胞)
- 交付报告
- 完整的实验报告

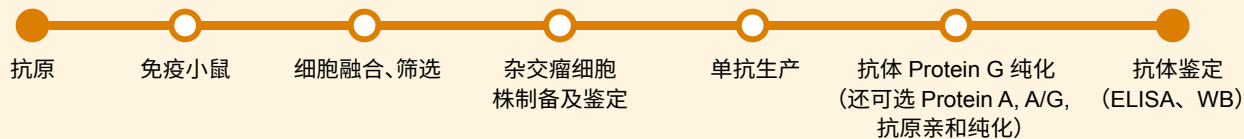
服务简介

与多抗相比，单克隆抗体特异性更强，灵敏性更高。使用单克隆抗体时可免除不同

客户提供

提供样品  
抗原

基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
ELISA 效价保证单抗	免疫 1~3 只 Balb/c 小鼠，免疫后小鼠血清检测：ELISA， 细胞融合，杂交瘤制备及鉴定，腹水生产及纯化 (1 株杂交瘤)， 纯化后抗体 ELISA 检测：效价 >1:50000	20~32 周
免疫原 western blot 保证型	免疫 1~5 只 Balb/c 小鼠，免疫后小鼠血清检测：ELISA， 细胞融合，杂交瘤制备及鉴定	20~32 周
其他保证型单抗	除以上常见的两种保证型外，还可以定制小分子、磷酸化等单抗	咨询
兔单抗	免疫 1~3 只兔子，取外周血，分离并富集阳性 B 细胞， 克隆 IgG 重链和轻链基因，测序，表达重组抗体	16~20 周

附加项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
腹水制备	单克隆细胞株制备腹水	3~4 周
抗体纯化	可选 Protein A, G, A/G, 抗原亲和纯化来纯化抗体, 默认选 Protein G 纯化	5 天

定制产品之 IV 抗体定制及试剂盒开发



## 抗体配对、ELISA / 胶体金试剂盒 (试纸条) 开发服务

Antibody Pairs, ELISA or Colloidal Gold Kit (Test Strip) Development Service

### 服务特色

- 高质量免疫原 (多个体系同时表达蛋白抗原)
- 纳米颗粒免疫技术 - 高特异性 / 亲和力抗体
- 覆盖从基因合成到蛋白表达、多肽、小分子抗原合成、抗体制备, 抗体配对, 直到 ELISA 试剂盒, 胶体金试纸和芯片等应用技术的全面过程
- 完整的产业链开发能力 - 高附加值

### 服务简介

抗体配对是在抗体的基础上, 对抗体进一步的开发应用, 通过抗原抗体特异性结合以及同种抗原不同位点抗体的配对, 寻找能够适用于商品化试剂盒 (试纸条) 开

发的特殊配对抗体。我们通过筛选多个细胞阳性克隆株, 提供单抗-多抗, 单抗-单抗不同需求的配对筛选, 以达到不同多个水平的检测需求。

ELISA / 胶体金试剂盒 (试纸条) 开发服务又是在抗体配对成功的基础上, 对抗体更进一步的商品化产品的研发和生产服务。它包括抗体配对筛选、试剂盒 (试纸条) 体系调试优化、试剂盒 (试纸条) 评估及稳定性调试等实验, 最终开发出相应的试剂盒或者试纸条。

### 客户提供

- 提供样品 抗原、抗体、后期提供样本检测
- 提供信息 抗体制备信息采集表

### 最终交付

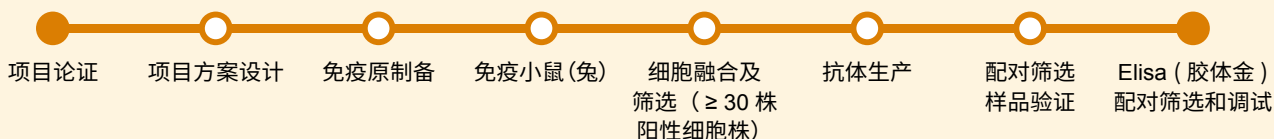
- 交付成品
- 抗体配对交付标准:
    - 配对成功的抗体 2 mg
    - 配对成功的细胞株
  - ELISA / 胶体金 (试纸条) 开发交付标准:
    - 配对成功的抗体各 2 mg
    - 配对成功的细胞株
    - 成品试剂盒 5 Kit 或试纸条 500 条

### 交付报告

- 完整的实验报告
- 配对信息
- 试剂盒 (试纸条) 生产的工艺流程 (不包括配方)

### 基本流程

#### 抗体配对



#### ELISA 试剂盒/胶体金试剂盒 (试纸条) 开发



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
P1 (ELISA 配对)	对免疫原配对检测结果呈阳性 对非免疫原物质呈阴性 对免疫原配对检测结果呈阳性	6~8 月
P2 (胶体金配对)	对非免疫原物质呈阴性 抗体配对筛选	6~8 月
K1 (ELISA 试剂盒开发)	试剂盒体系调试优化 试剂盒评估及稳定性实验 抗体配对筛选	8~10 月
K2 (胶体金试剂盒开发)	试剂盒体系调试优化 试剂盒评估及稳定性实验	8~10 月

## 》 V 多肽定制

定制产品之 V 多肽定制

### 定制肽合成

Polypeptide Synthesis

#### 服务特色

- 拥有 10 年以上的合成经验
- 良好的质量保证
- 良好的售后服务

#### 服务简介

生工生物多肽合成拥有十几年多肽合成经验，可合成从毫克级至千克级，链长达 90 个氨基酸的线性肽，不同的纯度范围（粗

肽、脱盐 >75%、>85%、>90%、>95%、>98%）。产品经 HPLC 纯化，进行 ESI 质谱检测，保证多肽序列正确。

#### 客户提供 提供信息

多肽合成订购表（请提供多肽序列、合成量、合成纯度等信息）

#### 最终交付

交付成品

- 约定数量的成品多肽

交付报告

- 检测报告（质谱图和高效液相色谱分析图）

#### 基本流程



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
常规多肽合成	可选不同纯度范围（粗肽、脱盐 >75%、>85%、>90%、>95%、>98%），合成量 2~1000 mg，各种修饰	1.5~3 周左右
N 端 / C 端修饰多肽	可选合成量为 1~1000 mg	1.5~3 周左右（根据实际情况）
特殊氨基酸修饰多肽	可选合成量为 1~1000 mg	1.5~3 周左右（根据实际情况）
荧光 / 染色标记多肽	可选合成量为 1~1000 mg	1.5~3 周左右（根据实际情况）
环化多肽	可选合成量为 1~1000 mg	3 周左右（根据实际情况）
退火荧光标记多肽	可选合成量为 1~1000 mg	3 周左右（根据实际情况）
偶联载体蛋白	可选 KLH、BSA 和 OVA，合成量为 1~1000 mg	3 周左右（根据实际情况）

## 》 VI 蛋白定制 —— 蛋白表达与纯化

### 大肠杆菌 (*E. coli*) 表达系统

*E. coli* Expression System



#### 服务特色

- 丰富的可溶性表达经验
- 丰富的载体库和表达宿主菌株
- 周期短

#### 服务简介

大肠杆菌表达系统是基因表达技术中发展最早，目前应用最广泛的经典表达系统。与其它表达系统相比，大肠杆菌表达系统具有遗传背景清楚，目的基因表达水平高，

培养周期短，抗污染能力强等特点。在基因表达技术中占有重要的地位，是分子生物学研究和生物技术产业化发展进程中的重要工具。

#### 客户提供 提供信息

蛋白表达与纯化服务客户需求登记表

#### 最终交付 交付成品

服务流程中各阶段的成品，包括：

- 正确构建的重组表达质粒
- 含重组质粒的表达菌株
- 纯化后的目标蛋白（可按客户要求提供含纯化标签（Tag）或切除纯化标签（Tag）的最终蛋白，纯度最高可达 95% 以上）

交付报告

- 完整的服务报告

### 基本流程



### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
质粒构建	包含目的基因密码子优化、全基因合成、亚克隆， 可选择的表达载体以 pET 和 pGEX 系列为主。	2~3 周
蛋白表达及纯化	包括 <i>E. coli</i> 表达菌株转化、筛选、表达和纯化，可选择的感受态细胞： BL21 (DE3)、Rosetta-gami (DE3)、OrigamiB (DE3)、Rosetta (DE3) 等。	3~8 周

### 附加项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
蛋白去内毒素	根据客户要求，在制备过程中控制内毒素	1 周
蛋白去标签	根据客户要求，在质粒构建前确定酶切位点，并在最终去除标签	1~3 周

## 毕赤酵母 (*P. pastoris*) 表达系统

### *P. pastoris* Expression System

#### 服务特色

- 简单快速稳定表达
- 利于分泌蛋白的表达
- 高密度发酵

#### 服务简介

毕赤酵母表达系统是近十年发展起来的真核表达体系，是目前最为成功的外源蛋白表达系统之一，与现有的其它表达系统相比，巴斯德毕赤酵母在表达产物的加工、

外分泌、翻译后修饰以及糖基化修饰等方面有明显的优势，现已广泛用于外源蛋白的表达。

#### 客户提供

提供信息  
蛋白表达与纯化客户需求登记表

#### 最终交付

交付成品  
服务流程中各阶段的成品，包括：  
■ 重组质粒

- 3~5 个表达菌株
- 含空载质粒的阴性菌株
- 提供 1 L 发酵液中所纯化好的目标蛋白（可按客户要求提供含纯化标签 (Tag) 或切除纯化标签 (Tag) 的最终蛋白纯度最高可达 90% 以上)

#### 交付报告

- 完整的服务报告

### 基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
质粒构建	包含目的基因密码子优化、全基因合成、亚克隆， 可选择的表达载体：pPICZα-A、pPIC9K、pPIC3.5K、pPIC9	2~3 周
蛋白表达与纯化	包含 <i>P. pastoris</i> 表达菌株电转化与筛选（可选菌株：X33、GS115、KM71、SMD1168）、 表达菌株表达优化	3~4 周
	放大表达与纯化	2~3 周

## 杆状病毒 (*Baculovirus*) 表达系统

### *Baculovirus* Expression System

#### 服务特色

- 能较好的保证目的蛋白的活性
- 利于胞内蛋白的表达
- 可表达蛋白复合物
- 易于放大

年问世以来 (Smith & Summer, 1983; Maeda et al 1984), 由于其具有高效的表达能力、安全、易操作等特点, 已成为研究和生产各种原核、真核蛋白的有力而普及的工具, 已成功表达了大量的外源基因, 覆盖了绝大多数物种可开发利用的大部分基因。

#### 最终交付

交付成品

- 正确构建的重组表达质粒以及测序报告
- 纯化后的目标蛋白 (可按客户要求提供含纯化标签 (Tag) 或切除纯化标签 (Tag) 的最终蛋白, 纯度最高可达 90% 以上)

#### 服务简介

杆状病毒表达载体系统 (*Baculovirus* Expression Vector System, BEVS) 自 1983

#### 客户提供

提供信息  
蛋白表达与纯化客户需求登记表

交付报告

- 完整的服务报告

#### 基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
质粒构建	包含目的基因密码子优化、全基因合成、亚克隆, 可选择供体载体 pFastBac	2~3 周
蛋白表达及纯化	包括制备重组杆状病毒 Bacmid DNA、转染昆虫细胞、目标蛋白纯化和表达	8~12 周

## 哺乳动物细胞表达系统

### Mammalian Cell Expression System

#### 服务特色

- 尽可能保证目的蛋白的活性
- 可表达蛋白复合物
- 分泌蛋白最理想的宿主细胞
- 稳定和瞬时快速表达蛋白
- 稳定细胞系的建立

外源蛋白质，在活性方面远胜于原核表达系统及酵母、昆虫细胞等真核表达系统，更接近于天然蛋白质。

#### 客户提供

提供信息  
蛋白表达与纯化客户需求登记表

- 正确构建的真核表达质粒
- 纯化后的目标蛋白（可按客户要求提供含纯化标签（Tag）或切除纯化标签（Tag）的最终蛋白，纯度最高可达90%以上）

交付报告

- 完整的服务报告

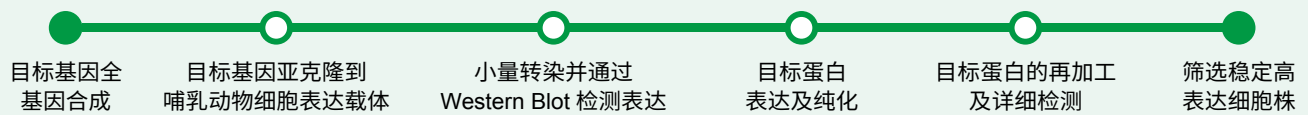
#### 服务简介

由哺乳动物细胞翻译后再加工修饰产生的

#### 最终交付

交付成品

#### 基本流程



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
质粒构建	包含目的基因密码子优化、全基因合成、亚克隆， 可选择的表达载体，pcDNA3.1 等真核表达载体。	2~3 周
蛋白表达及纯化	包括少量转染并通过 Western Blot 检测表达、目标蛋白表达和纯化。 可筛选稳定高表达细胞株（服务周期加长）。 可选择的表达细胞株：HEK293、CHO 等。	6~8 周



## 技术服务

VII 测序服务 .....	18
VIII 分子生物学服务 .....	27
IX 蛋白、代谢与免疫学分析服务 .....	56
X 细胞分析与操作服务 .....	65

# 生工生物技术服务平台

## 测序服务

### Sanger 测序（一代测序）

生工测序部，二十年来坚持客户至上的原则，在保证测序质量的前提下，努力改善工艺流程，提高通量，常规测序现已做到日处理 30,000 个反应。我们的专业团队可为您提供 CE 测序、克隆测序、Cosmid / Fosmid / BAC 末端测序、片段长度多态性 CE 检测等，满足您的测序需求。生工已在全国陆续建立了上海、北京、武汉、广州、昆明、长春、青岛、成都、西安、南京、郑州、厦门 12 个测序基地，全面提高服务质量。



### 高通量测序

又称为二代测序。生工生物具有多年的核酸纯化试剂盒研发和生产经验，在核酸纯化和样品处理方面有独特的优势；可提供 Illumina、PacBio 和 Ion Torrent 三大平台，转录组、宏基因组、小 RNA、外显子和小基因组测序等均能获得可靠的解决方案；专业的生物信息学团队可以提供个性化生物信息分析服务，为您解除后顾之忧。



## 分子生物学服务

生工生物分子生物学服务专业团队可以解决分子生物学实验中的各种问题，为科研人员提供更为全面的实验技术服务，从而能够大大节省实验人员的时间，提高工作效率。目前可提供各种分子克隆、基因检测、基因获取、病毒包装与 RNA 干扰、基因组改造、化学合成 RNA、基因芯片、核酸与蛋白相互作用研究等技术服务。



## 蛋白、代谢与免疫学分析服务

### 蛋白质、代谢组学

蛋白质解析主要包括氨基酸 N 端测序、蛋白分子量测定，生工同时提供双向电泳、质谱鉴定、iTRAQ 等蛋白组学服务；代谢组学研究内容主要包括对代谢物进行定性或定量分析，不同基因型的生物体进行代谢组学表型研究，不同生长环境及加物理、化学或生物性刺激后个体代谢产物的应答等方面研究，生工可提供全谱代谢组学分析和靶向代谢组学分析等服务。



### 免疫学服务

丰富的免疫学相关服务，实验成功率高，周期短，同时多位博士为您时刻提供技术支持。贴心的一站式服务，为您完成从基因构建、蛋白表达到抗体制备以及免疫学检测的整个流程。



## 细胞分析与操作服务

生工拥有完备的实验仪器设备、专业的技术团队，为您提供稳定可靠的细胞培养及细胞检测服务，可与您共同制定合理的实验方案，为您提供从方案制定、细胞培养到后期检测等一系列整体化的优质服务，让客户体验到优质、贴心的服务。





» VII 测序服务 — Sanger 测序 (一代测序)

技术服务之 VII 测序服务



基本测序

Basic Sequencing

服务特色

- 数十台 ABI 测序仪 (3730XL), 日可处理样品近 3 万个反应;
- 正常情况下 (特殊样品除外) 有效测序长度不低于 700 bp, 一般可达到 850 bp;
- 收到样品后 12~48 h 内可通过 E-mail 发送完成通知, 客户可自行至官网查询测序结果。

服务简介

CE 测序是 20 世纪 70 年代由 Fred Sanger 及其同事首先发明的, 故也称为 Sanger 测序。相对于第二代 NGS 测序, 现在也习惯上称之为第一代测序, 就目前而言, Sanger 测序由于操作简便, 价格低廉, 仍然得到广泛应用。

客户提供

提供信息

菌、质粒或 PCR 产品, 样品要求请参见附录《测序样品注意事项》

最终交付

交付成品

测序报告 (包括一份 ab1 格式的峰型彩图和一份 seq 格式的序列文件)

主要流程

样本为菌液



样品为质粒或已纯化的 PCR 产物



样品为未纯化的 PCR 产物



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
Sanger 测序	测序样本可为菌液、质粒和 PCR 产品, 测序样品数量越多每次反应的价格越低。	1~3 日

附加项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
测序引物的设计合成	合成量 3 OD, HAP 纯化。	1~2 日

## 克隆测序

### Clone Sequencing

#### 服务简介

TA 克隆技术 (TA cloning) 利用 Taq 聚合酶具有末端转移酶活性, 可在 PCR 产物的 3' 端加上一个非模板依赖碱基 "A"。我公司 pUCm-T 载体是一种高效克隆 PCR 产物的专用载体。因其 3' 端带有一个突出的 "T" 尾, 能高效地与带 "A" 尾的 PCR 产物连接, 极大地提高了克隆的效率。TA 克隆是目前克隆 PCR 产物很简便、快捷的方法。

#### 客户提供

提供信息

- PCR 已纯化样品: 浓度 $\geq 20$  ng/ $\mu$ l, 体积 $\geq 20$   $\mu$ l;
- PCR 未纯化样品: 浓度 $\geq 50$  ng/ $\mu$ l, 体积 $\geq 25$   $\mu$ l;
- 请务必在订单上注明 PCR 所用引物序列, 以便用于克隆结果的核对分析;
- 请提供克隆片段的相关信息, 包括名

称、大小、样品是否带有 "A" 尾以及 PCR 产物类型;

- 克隆完成一个月后, 若客户无要求返还菌液或质粒等, 则我们将代为销毁。

#### 最终交付

交付成品

- 测序原始图谱和序列
- 去载体后的序列
- 要求测通的样品则提供拼接序列
- 可以提供高质量的质粒

#### 基本流程



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
TA 克隆	价格不含测序费, 实际价格为 TA 克隆费用 + 测序费用	5~7 个工作日

## Cosmid / Fosmid / BAC 末端测序

### Cosmid / Fosmid / BAC Terminal Sequencing

#### 服务简介

细菌人工染色体 (Bacterial Artificial Chromosome, BAC) 文库的构建是进行基因组研究的一项重要基础性工作, 特别是对大基因组及超大基因组生物来说更是如此, 在物理作图、基因图位克隆、基因结构和调控等研究中发挥了重要作用。BAC 末端测序技术通过测定插入片段两端的序列, 能够迅

速而精确地进行序列拼装, 并确定基因组序列结构的多态性, 如倒置和易位等, 在基因组全序列测序中有着举足轻重的作用。

#### 客户提供

提供信息

- 甘油菌或穿刺菌 (请注明其培养基、抗生素抗性、载体名称及是否需要诱导等

信息)

- 质粒 DNA (浓度需 $\geq 100$  ng/ $\mu$ l, 总量 $\geq 1$   $\mu$ g, OD 值介于 1.80~2.00 之间, 并确保 DNA 没有发生降解)

#### 最终交付

交付报告

测序报告 (包括一份 ab1 格式的峰型彩图和一份 seq 格式的序列文件)

#### 基本流程



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
BAC 测序	测序样本可为菌液和质粒, 测序样品数量越多每次反应的价格越低。	3~5 日
Cosmid/Fosmid 测序	测序样本可为菌液和质粒, 测序样品数量越多每次反应的价格越低。	3~5 日

备注: 有关测序样品注意事项可详见生工网址: [http://www.sangon.com/services\\_dnaseq\\_cesequencing\\_requirement.html](http://www.sangon.com/services_dnaseq_cesequencing_requirement.html)

## 片段长度多态性 CE 检测

### Fragment Length Polymorphism Capillary Electrophoresis Detection

#### 服务简介

分子标记, 是 20 世纪后期发展起来的一项遗传标记技术, 能够反应 DNA 水平的遗传多态性。已经被广泛应用于遗传育种、基因组作图、基因定位、物种亲缘关系鉴别、遗传病诊断等方面。针对 STR、T-RFLP、AFLP、MLPA 等具有片段长度多态性的样

品, 我公司提供毛细管电泳分离检测服务, 与传统的聚丙烯酰胺凝胶电泳检测技术相比, 具有通量高、检测灵敏、自动化分析等优点。

#### 客户提供

提供样品

- PCR 样品 (浓度≥20 ng/μl, 体积≥10 μl)
- T-RFLP 酶切后产物 (浓度≥20 ng/μl, 体

积≥10 μl)

■ 请务必详细填写 CE 检测服务订单

■ 实验完成一个月后, 若客户无要求返还样品, 我们将代为销毁。

#### 最终交付

交付成品

- 分析报告 (包括原始文件, PDF 格式峰图, Excel 表格数据)

#### 基本流程



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
片段长度多态性 CE 检测	结果分析费用随 PCR 产物中位点数量的增加而增加	1~3 个工作日

## 附录1. 测序样品注意事项

模板	要求
未纯化 PCR 产物	片段大于 200 bp;
	提供 30 μl 以上的 PCR 扩增产物 (浓度大于 100 ng/μl);
	取 3 μl 样品, 能够清晰的检测出目的条带; 自带引物。
已纯化 PCR 产物	PCR 产物溶于双蒸水中 (请勿溶解在 TE 溶液中);
	浓度大于 100 ng/μl, 体积大于 20 μl, 长片段需适当增加提供量;
	电泳检测条带单一明亮; 自带引物。
质粒	需提供 20 μl 以上质粒, 浓度大于 100 ng/μl, 质粒溶于双蒸水中 (请勿溶解在 TE 溶液中);
	建议用相关试剂盒提取质粒;
	如有可能, 同时提供 200 μl 含有相应质粒的菌液备用; 需注明载体全称和插入目的片段长度及测序要求。
菌样	说明载体、抗性类型; 我们提供氨苄青霉素、卡那霉素、四环素及氯霉素四种抗生素; 其余类型抗生素需自备并附使用说明;
	应为高拷贝质粒, 对于低拷贝质粒, 请直接提供约 1 μg 纯化质粒;
	提供 200 μl 以上过夜培养 (12 h) 的菌液, 加入终浓度为 5~10% 的灭菌甘油, 于 EP 管中封口保存, 防止交叉污染或渗漏; 大量样品测序, 建议在一次性塑料培养皿固体培养基上穿刺培养; 建议尽量提供穿刺培养或斜面培养的菌种 (装在 EP 管中)。

自带引物	浓度不低于 10 pmol/μl (即 10 μmol/L), 体积 10 μl 以上, 并注明浓度; 随机引物 (RAPD 引物)、简并引物、长度不足 15 bp 或大于 30 bp 引物、有特殊标记的引物或不纯的引物均不能用于测序; 尽可能提供引物全序列、PCR 退火温度等信息, 以供参考。
免费提供的通用引物	M13+[即 M13-47], M13-[即 M13-48], M13(-20), M13(-26), T7promoter, T7 terminator, SP6, T3, BGH。 5'/3'AOX, α-factor, -96gIII, pBV220+/-, pEGFP-N5'/3', pEGFP-C5',3', pCMV5-F/R, pQE30+/-, 5'/3'AD, pGEX5'/3', pGL3+/-, 27F, 1492R, CMV, U6promoter, S-Tag 等通用引物。 如您需要的引物不在此列, 请电话咨询或自带引物, 如需生工合成, 请注明。

**备注:**

1. 对于穿刺培养菌、以及抽干的质粒可以采用常温运输。
2. 对于甘油菌、溶解保存的质粒、PCR 已纯化和未纯化产物建议冷藏运输。

**附录 2. 测序报告说明**

1. 您可以使用生工 ID 号或手机号 (需绑定帐户) 登陆生工生物官网, 下载测序结果, 也可以通过测序报告所附链接处下载;
2. ab1 格式的图谱文件请用 Chromas 软件打开, seq 格式的序列文件可以用 txt 打开;
3. 所测序列是与客户提供的引物方向一致的 DNA 链序列, 测序结果是从引物序列之后开始的, 并不包括测序引物序列;
4. 序列文件提供的序列长度大约 850 bp, 彩图打印到大约 700 bp。通常从 20~30 bp 以后到大约 700 bp 之间的序列是可靠的, 其后的序列准确性下降, 只能作为参考。序列以峰型图为准。较长的片段需要双向进行测序或设计合成中间引物才能测通。
5. 对无法进行成功测序的样品, 本公司虽然依据经验给出原因的可能性, 但声明不承担由此引发的一切争议和法律后果。

**» VII 测序服务** — 高通量测序**转录组测序***RNA-Seq***服务特色**

- 样品前处理经验丰富
- 可按照客户需求进行分析
- 可与小 RNA 联合分析

**服务简介**

RNA-Seq, 是基于新一代测序技术的转录组学研究方法: 首先提取生物样品的全部转录的 RNA 并进行 mRNA 富集, 然后反转录为 cDNA 后进行新一代高通量测序, 在此基础上进行短片段拼接组装, 从而获

得一个个独立转录本, 进而可以对该生物样品当前状态的基因表达状况有全局了解。对不同阶段或部位生物样品的转录组进行比较分析, 则可以在转录层面得到基因表达水平的变化, 针对关键基因则可以进行代谢通路 (Pathway) 的构建。

**客户提供**

提供样品  
组织样品或者总 RNA, 样品名称清晰, 干冰运输。具体要求参看官网高通量测序介绍页面中的《高通量测序样品要求》。

**提供信息**

告知物种信息以及对照与实验样品 (如有分组, 详细描述分组分析信息)

**最终交付****交付报告**

- 测序原始数据
- 实验结果类文件
- 分析报告以及分析结果文件
- 部分发表文章用的方法描述

基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
RNA 提取	动物类、植物类 RNA 提取	1~3 日
RNA 建库	转录组 RNA 建库	3~5 日
高通量测序服务	Hiseq 平台, 测序 6 G 数据量	20 日
数据分析服务		20 日

## 小 RNA 测序

### Small RNA Sequencing

服务特色

- 样品前处理经验丰富
- 可按照客户需求进行分析
- 可与转录组联合分析

服务简介

Small RNA 是生命活动重要的调控因子, 存在于绝大多数的生物体中, 包括: microRNA、ncRNA、siRNA、snoRNA、piRNA、rasiRNA 等。第二代高通量测序技术, 可以在没有生物体基因组参考序列

信息的前提下, 快速全面检测小分子 RNA, 具体而言, 通过 RNA 样品提取纯化、小 RNA 文库建立、高通量测序和数据分析等步骤一次性获得数百万条小分子 RNA 序列, 用于新的小分子 RNA 发现, 或小分子 RNA 表达谱研究。

客户提供

提供样品  
组织样品或者总 RNA, 样品名称清晰, 干冰运输。具体要求参看官网高通量测序介绍页面中的《高通量测序样品要求》。

提供信息

告知详细物种信息 (如有分组, 详细描述分组分析信息)

最终交付

交付报告

- 测序原始数据
- 实验结果类文件
- 分析报告以及分析结果文件
- 部分发表文章用的方法描述

基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
RNA 提取	小 RNA 类 RNA 提取	1~3 日
RNA 建库	microRNA 建库服务	3~5 日
高通量测序服务	Hiseq 平台, 10 M reads	20 日
数据分析服务		20 日

## 全外显子捕获测序

### Whole Exons Sequencing

#### 服务特色

- 样品前处理经验丰富
- 可按照客户需求进行分析
- 可做多重扩增类外显子测序

#### 服务简介

利用序列捕获技术将基因组特定区域 DNA 捕捉并富集后进行高通量测序的基因组分析方法。全外显子测序即通过对某一基因组中的所有外显子进行测序从而获得所有外显子区域内的突变信息。由于该技术在临床上的潜力，被《科学》杂志评为 2010

年科学进展之一。外显子组测序可用于寻找单基因疾病、复杂疾病（如糖尿病、肥胖症等代谢综合症）、甚至是癌症的致病基因或易感基因。

#### 客户提供

提供样品

人组织样品或者已经提取好的总 DNA，样品名称清晰，冷藏运输。具体要求参看官网高通量测序介绍页面中的《高通量测序样品要求》。

提供信息

如有对照与待研究样品的区分，标明正常样品与研究样品，如有分组，详细描述分组分析信息。

#### 最终交付

交付报告

- 测序原始数据
- 实验结果类文件
- 分析报告以及分析结果文件

#### 基本流程



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
DNA 提取	基因组 DNA 提取	1~3 日
外显子捕获建库	安捷伦 60 M 外显子捕获芯片，建 paired-end 文库	5~8 日
高通量测序服务	Hiseq 平台，测序 10 G 数据量	20 日
数据分析服务		20 日

## 宏基因组微生物分类测序

### Metagenome Microbial Classification Sequencing

#### 服务特色

- 样品处理经验涵盖绝大多数种类样品
- 分析内容全面
- 流程内数据分析全免费
- 可按照客户指定方式分析

#### 服务简介

宏基因组即环境中全部微生物遗传物质的总和。宏基因组学技术第一次使人类得以研究占环境中 99% 的不可培养的微生物种群，从而成为微生物研究的最前沿领域。对环境样本进行 DNA 提取后进行区域选择

性扩增（如细菌 16S V1-V9 相应区域），再对扩增产物进行建库、测序，然后对所得的数据进行生物信息学分析。生物信息分析主要包括 OTU 的生成、取样充足性分析、丰度和多样性分析、菌群间差异分析、假设验证分析、进化树分析等。

#### 客户提供

提供样品

总 DNA 或者包装完好的原始样品（如土壤、粪便、水体和口腔物）；样品名称清晰，冷藏运输。具体要求参看官网高通量测序介绍页面中的《高通量测序样品

要求》。

提供信息

如有对照与实验样品的区分，标明正常样品与实验样品，如有分组，详细描述分组分析信息，以及分组比较的分析需求信息。

#### 最终交付

交付报告

- 测序原始数据
- 实验结果类文件
- 分析报告以及分析结果文件
- 部分发表文章用的方法描述

基本流程

Miseq 平台宏基因组微生物分类测序



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
DNA 提取	基因组 DNA 提取	1~3 日
靶区域扩增及文库构建	可选 16s/18s/ITS (小于 500 bp 的可变区片段)	5~8 日
高通量测序服务	Illumina MiSeq 测序, 平均每样品大于 4 万条序列	5 日
数据分析服务		10 日

宏基因组全基因组测序

Metagenome De novo Sequencing

服务特色

- 样品处理经验涵盖绝大多数种类样品
- 分析内容全面
- 流程内数据分析全免费
- 可按照客户指定方式分析

服务简介

宏基因组即环境中全部微小生物遗传物质的总和。它以环境样品中的微生物群体基因组为研究对象, 以功能基因筛选和测序分析为研究手段, 以微生物多样性、种群结构、进化关系、功能活性、相互协作关系及与环境之间的关系为研究目的。通过

高通量测序技术, 对环境样品的总 DNA 直接进行全基因组的宏基因组测序, 能够实现微生物群落的物种分类研究、群落结构、系统进化、功能注释以及物种间的代谢网络研究, 挖掘具有应用价值的基因资源, 开发新的微生物活性物质。首先对环境样本进行 DNA 提取然后进行建库、测序, 最后对所得的数据进行生物信息学分析。

客户提供

提供样品

总 DNA 或者包装完好的原始样品 (如土壤、粪便、水体和口腔物); 样品名称清晰, 冷藏运输。具体要求参看官网高通

量测序介绍页面中的《高通量测序样品要求》。

提供信息

如有对照与实验样品的区分, 标明正常样品与实验样品, 如有分组, 详细描述分组分析信息, 以及分组比较的分析需求信息。

最终交付

交付报告

- 测序原始数据
- 实验结果类文件
- 分析报告以及分析结果文件
- 部分发表文章用的方法描述

基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
DNA 提取	基因组 DNA 提取	1~3 日
测序文库构建	构建 paired-end 文库	5~8 日
高通量测序服务	Hiseq 平台, 数据量可选, 建议 6 G 起	20 日
数据分析服务		30 日

## 细菌基因组 de novo 测序

### Small Genome De novo Sequencing

#### 服务特色

- 样品处理经验丰富
- 有较丰富的叶绿体噬菌体类小基因组项目经验

#### 服务简介

随着细菌基因组研究的迅速发展，全基因组测序已逐步成为微生物基础研究的重要手段之一。新一代高通量测序技术大大减少了基因组测序的成本和时间，让更多实验室可以开展微生物基因组测序项目。根据不同的研

究目的和测序要求，细菌基因组测序可分细菌基因组框架图、细菌基因组精细图和细菌基因组完成图。生工应用 Illumina 测序技术及三代 PacBio 测序技术，针对不同的基因组测序类型，提供专业、合理的方案及测序服务。

#### 客户提供

提供样品

组织样品或者已经提取好的总 DNA，样品名称清晰，冷藏运输。具体要求参看官网高通量测序介绍页面中的《高通量

测序样品要求》。

提供信息

提供详细描述物种信息

#### 最终交付

交付报告

- 测序原始数据
- 实验结果类文件
- 分析报告以及分析结果文件
- 部分发表文章用的方法描述

#### 基本流程

##### Hiseq 平台



##### Miseq 2X300 平台



##### PacBio 平台



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
基因组 DNA 提取	细菌类基因组提取	1~3 日
细菌测序 16S 全长验证	验证目标菌株菌属信息	1~3 日
DNA 建库	PE	2 日
高通量测序服务	Miseq、Hiseq (1 G 数据)、PacBio 平台 (1 个 cell 数据)	20~50 日
数据分析服务		20 日



## 基因组重测序

### Genome Resequencing

#### 服务特色

- 样品前处理经验丰富
- 可按照客户需求进行分析
- 可与小 RNA 联合分析

#### 服务简介

随着高通量测序的成本降低,越来越多的物种基因组被测序。基因组重测序可以运用于快速检测基因组单碱基突变和插入缺失及结构变异等突变信息,并基于这些突变信息进行诸如性状关联、种群进化、

SNP 多态性开发等分析。生工可以为小到细菌基因组大到人、鼠等基因组重测序提供完整的测序和分析服务。

#### 客户提供

提供样品

组织样品或者已经提取好的总 DNA,样品名称清晰,冷藏运输。具体要求参看官网高通量测序介绍页面中的《高通量测序样品要求》。

提供信息

提供详细描述物种信息以及已知的基因组信息

#### 最终交付

交付报告

- 测序原始数据
- 实验结果类文件
- 分析报告以及分析结果文件
- 部分发表文章用的方法描述

#### 基本流程



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
基因组 DNA 提取	基因组提取	1~3 日
测序文库构建	构建 paired-end 测序文库	2~3 日
高通量测序服务	Hiseq 测序	20 日
数据分析服务		20 日

## CHIP-SEQ

#### 服务特色

- 有专门的 CHIP 实验部门
- 可按照客户实验设计定制抗体

#### 服务简介

CHIP-SEQ 技术,即染色质免疫共沉淀与高通量测序相结合的技术。它是研究体内蛋白质与 DNA 相互作用的有力工具,还可以用来研究转录因子与基因表达的关系。通过高通量测序,可以一次性得到目的蛋白在整个基因组上的结合分布,得到目的蛋白精确的结合位点以及结合基序等信息。

ChIP-Seq 的原理:首先通过染色质免疫共沉淀技术 (ChIP) 特异性地富集目的蛋白结合的 DNA 片段,并对其进行纯化与文库构建;然后对富集得到的 DNA 片段进行高通量测序,将获得的数百万条序列标签精确定位到基因组上,从而获得全基因组范围内与组蛋白、转录因子等互作的 DNA 区段信息。

#### 客户提供

提供样品

CHIP 实验最终结果 DNA,样品名称清晰,冷藏运输。具体要求参看官网高通

量测序介绍页面中的《高通量测序样品要求》。

提供信息

讲明对照样品与实验样品 (如有分组,详细描述分组分析信息)

#### 最终交付

交付报告

- 测序原始数据
- 实验结果类文件
- 分析报告以及分析结果文件
- 部分发表文章用的方法描述

## 基本流程



## 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
ChIP	ChIP 实验 (详细咨询抗体服务部)	6~8 周
测序文库构建	构建 paired-end 文库	5~8 日
高通量测序服务	Hiseq 平台, 每样品测序 10 M Reads	20 日
数据分析服务		20 日

## VIII 分子生物学服务 — 分子克隆

## 质粒提取

## Plasmid Extraction

## 服务特色

- 可以提取 20 kb 以下的高拷贝和低拷贝质粒

## 服务简介

根据不同的应用需要, 质粒提取服务分为两个等级:

## 1. 普通质粒提取

根据客户需要, 可一次性提取 10~500  $\mu\text{g}$  的质粒。提取后的质粒基本不含蛋白质、基因组 DNA 及 RNA 污染, 带型清晰标准, 可满足 PCR 扩增、测序、限制酶酶切、转

化等常规实验的需要。

## 2. 无内毒素质粒提取

革兰氏阴性细菌由于自溶或其他原因被破坏而从其细胞壁上释放出的毒性脂多糖称内毒素, 它是影响细胞转染效率的重要因素, 无内毒素质粒是获得高质量转染实验所必备的。

## 客户提供

提供信息

- 质粒: 要求最低保证量  $\geq 1 \mu\text{g}$ , 如果质粒为非氨苄青霉素、卡那霉素和氯霉素抗性时, 请提供抗生素及抗生素工作浓度。

如需要进行 PCR 或测序检测, 请提供 PCR 引物或测序引物。

- 菌液: 请确保菌体活力较高, 或将重新活化后的菌种寄给我们。

## 最终交付

交付成品

- $1.7 \leq \text{OD}_{260/280} \leq 2.0$  的质粒
- 如果需要甘油菌或穿刺菌, 请提前说明。

交付报告

实验报告 (包括质粒电泳照片及 OD 值测定结果)

## 基本流程



## 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
普通质粒提取	提取量 10 $\mu\text{g}$ 、50 $\mu\text{g}$ 、100 $\mu\text{g}$	5 日
无内毒素质粒提取	提取量 100 $\mu\text{g}$ 、200 $\mu\text{g}$	8 日

## 单独亚克隆

### Subcloning & Vector Construction

#### 服务特色

- 基本能够完成任意大小片段的亚克隆工作
- 载体可以达到 20 kb

#### 服务简介

客户提供质粒模板或者内含质粒的菌液，利用序列两端已添加好的酶切位点直接酶切更换载体。

或提供基础元件和载体，按要求进行载体

构建。

#### 客户提供

提供样品

- 质粒：要求最低保证量≥1 μg
- 菌液：请确保菌体活力较高

提供信息

- 目的序列及克隆位点信息
- 载体详细序列和图谱

#### 最终交付

交付成品

- 不少于 1 μg 的含目的基因的质粒一份
- 含上述质粒的菌株一份

交付报告

- 基因序列原始测序报告正本电子版一份
- 基因合成报告单一份

#### 基本流程



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
亚克隆服务	客户直接提供质粒模板进行酶切克隆，如客户提供的是 PCR 产物，则还需进行 TA 克隆	7~10 日
载体构建	客户提供各种元件及其详细信息	视项目复杂程度而定

## 基因定点突变

### Gene Site-directed Mutation

#### 服务特色

- 可提供定制点突变或片段置换服务

#### 服务简介

在很多情况下，您获得的基因序列可能并不是您需要的最终序列，或许在某些地方有部分碱基不符合您的实验要求。如有部分多余的碱基，或者丢失了部分碱基，或者个别碱基有突变。那么要得到最终符合要求的序列，便需要对其进行修改，我们

总称为基因突变服务。

#### 客户提供

提供样品

- 含待变基因的质粒一份，量不少于 1.0 μg
- 待变基因原始序列文件及原始测序图谱文件各一份

提供信息

- 待变基因及其载体质粒的生物特性，如是否影响细菌增殖等
- 如需要亚克隆，请提供亚克隆载体的图谱及详细序列信息

#### 最终交付

交付成品

- 不少于 1 μg 的突变后的质粒一份
- 含上述质粒的菌株一份

交付报告

- 突变序列 100% 正确的原始测序报告正本电子版一份
- 基因合成报告单一份

#### 基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
基因定点突变	长度 <1.5 kb	7 日
基因定点突变, 中等片段	长度 1.5~2.5 kb	10 日
基因定点突变, 长片段	长度 >2.5 kb	协商

» VIII 分子生物学服务 — 基因获取

核酸提取

Nucleic Acid Extraction

服务简介

高质量 DNA 和 RNA 是基因获取的前提条件, 生工依托本公司自主研发的各种 DNA/RNA 提取试剂盒, 涵盖了动植物组织、血液、口腔拭子、细菌、真菌及包括石蜡、淤泥、水样等特殊样品, 可以为客户提供高质量的 DNA/RNA 样品, 满足客户普通 PCR、qPCR、文库构建、基因调取、分子标记、基因杂交等各种科研需求。

客户提供

- 提供样品
- 菌样: 饱和浓度样品不少于 1 ml, 其它菌样不少 10<sup>6</sup> 个菌
  - 土壤淤泥样: 不少于 10 g 样品
  - 血液样: 全血不少于 500 μl
  - 动物组织: 不少于 500 mg
  - 植物根茎叶等组织: 不少于 500 mg

最终交付

- 交付成品
- DNA 或 RNA 样品
- 交付报告
- 提取的质量报告 (包括电泳图、浓度、质量检测等数据)

基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
RNA 提取	提供电泳图片、浓度及纯度值。	1 周
RNA 提取 + 反转录	RNA 提供电泳图片、浓度、纯度值。	1 周
DNA 提取	样本可为血液、口腔拭子、细菌、真菌、动植物和特殊样品 (如石蜡样、水样、淤泥等), 提供电泳图片、浓度及纯度值; 用于 PCR 实验。	1 周

## 基因调取

### Gene Gathering

#### 服务简介

基因调取服务可针对两种不同的情况。其一是已知序列基因，原核生物基因没有内含子，可直接提取基因组 DNA 进行 PCR 扩增，TA 克隆测序；真核生物基因有内含子，需要提取总 RNA 反转录为 cDNA，设计特殊引物进行 PCR 扩增，再进行 TA 克隆测序。其二是未知或已知部分序列基因，

则需要使用 RACE 技术，即 cDNA 末端快速扩增技术；基因步移是在 DNA 水平通过已知基因序列获取两端未知基因序列方法。

#### 客户提供

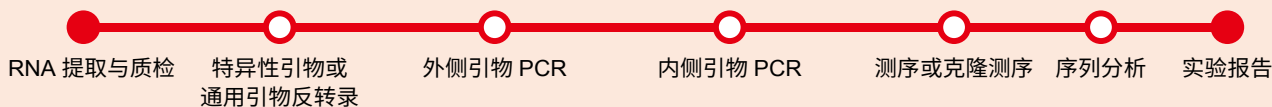
提供样品  
样本及其信息  
提供信息  
基因信息或参考序列

#### 最终交付

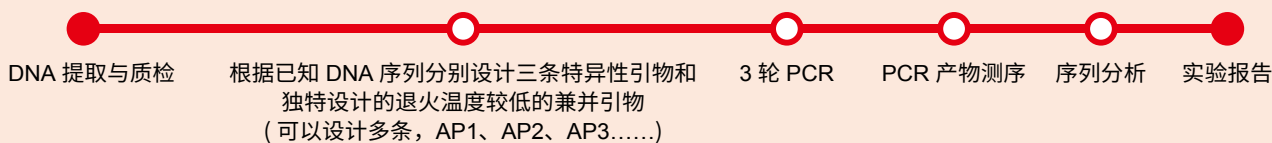
交付成品  
■ 测序引物  
交付报告  
■ 实验报告（引物序列、PCR 产物照片、测序结果、目的基因的比对结果等）  
■ 扩增全片段测序报告（测序彩色波形图、测序方向图、碱基序列图）

#### 基本流程

##### RACE:



##### 基因步移 TAIL-PCR 法:



##### 基因步移内切酶法:



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
已知序列基因调取服务	总 RNA 提取（原核生物可直接提取基因组 DNA）、反转录、PCR 扩增、测序或克隆测序	2~5 周
未知基因 RACE	5' RACE 或 3' RACE，包括总 RNA 提取，反转录，测序或克隆测序	1~2 个月
基因组步移	调取已知基因序列相邻的未知上游或下游序列	1~2 个月

## 引物延伸分析

### Primer Extension Assay

#### 服务简介

Primer Extension 可以用来精确鉴定转录的起始位点；简单来说，就是在靠近转录产物 5' 端的位置设计一条反向的引物（引物末端标记），然后与总 RNA 做杂交，并进行逆转录；最后通过测序胶电泳检测逆转录产物。

为了精确定位转录起始位点（即逆转录产物的长度），还需要利用这条标记的反向引物进行 Sanger 法测序，并同样进行测序胶电泳泳来作为 ladder。由于整个过程都不能有丝毫的 RNA 降解，所以对其中每一步的操作要求都非常高，否则得到的结果就有可能不

是一个位点（多个位点或者一片）或者是假的位点。此外，不是每个转录产物都能够鉴定出转录起始位点，比如有些转录本的丰度特别低就很可能做不出的，实验失败。

**客户提供**

提供样品

- 样本要以最快的速度冻存在液氮、干冰中，然后转移到 -80°C；干冰运输。
- 不要用 RNA 稳定剂保存，然后置于常温。

- 您可以提供抽提好的 RNA，我们收到后会进行质检；如果不过关，则不会进行下一步的 Primer Extension 实验。
- 建议在做 Primer Extension 之前，先了解该转录本丰度。

**最终交付**

交付报告

- 完整的实验报告
- 毛细管电泳图片

**基本流程**



**主项订购信息**

服务名称	服务内容	服务周期
RNA 提取	获得高纯完整 RNA	1 周
探针设计合成	DNA 延伸探针设计与合成, ATCG ladder 探针设计合成	1~2 周
Primer Extension Assay	延伸引物实验分析	1~2 周

**cDNA 文库构建**

*cDNA Library Construction*

**服务简介**

生工基于 Clontech 的 SMART 方法和独具的技术优势及严格的质量控制，确保客户得到满意的 cDNA 文库，可以使您获得最多的全长基因，全长率最高可达 90%。先后对线虫、真菌、白色念珠菌、盐藻、华支睾吸虫、油菜、水稻、棉花、大鼠、小鼠、人等数十个物种进行 cDNA 文库构建和 Unigene 测序，测定了数百万个序列，拥有丰富的均质化文库构建经验。

ESTs 即表达序列标签 (Expressed sequence tags, ESTs)，短的、单次 (测序) 阅读的 cDNA 序列，也包括来自于差异显示和 RACE 实验的 cDNA 序列。对构

建好的文库进行测序，同时可以获得 ESTs 信息分析服务。

**客户提供**

提供样品

- 组织 (5 g)、细胞株 ( $2 \times 10^7$  细胞)、总 RNA > 20  $\mu$ g (保持样品新鲜，RNA 无任何降解，植物材料应避免过老的组织，尽量用柔嫩部位)

提供信息

- 尽量提供物种基因组背景资料信息，如：基因组大小，基因平均长度，预计表达的基因数量等。

**最终交付**

交付成品

- 鉴定过程中的质粒及甘油菌

交付报告

- 抽提的总 RNA 的电泳图谱和质量指标
- LD-PCR 结果的电泳图谱、转化大肠杆菌生长的重组克隆 (即原始库) 培养皿照片及 PCR 鉴定图
- 完整的实验报告 (包括详细的研究结果和分析)

**基本流程**



## 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
Smart cDNA 文库	RNA 提取、反转录、cDNA 处理、转化鉴定	20~25 日

## 附加项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
均一化 cDNA 文库	可选择 cDNA 均一化处理	25~30 日

## 抑制性消减杂交

## SSH (Suppression Subtractive Hybridization)

## 服务简介

抑制性消减杂交 (Suppression Subtractive Hybridization, SSH) 是利用 PCR 反应链内退火优先于链间退火的特点和分子杂交二级动力学原理, 经过体系不断优化建立起来的快捷、有效地差异基因筛选方法, 具有低丰度 mRNA 富集效率高、假阳性低、灵敏度高、重复性好等特点。现已广泛应用于动

植物发育和分化、疾病易感性差异、抗药性差异和组织 (病理和正常样本) 差异及微生物基因分型差异的研究。

## 客户提供

提供样品

样本: 组织 2~4 g、细胞  $10^8$ 、总 RNA 纯化后 >200  $\mu\text{g}$  或 mRNA 纯化后 >2  $\mu\text{g}$

## 最终交付

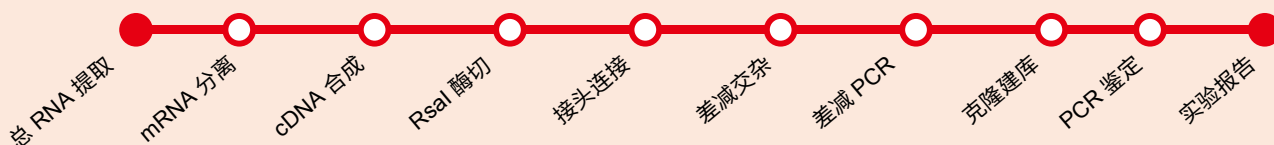
交付成品

SSH 差减文库 (甘油菌: 正库反库各一)

交付报告

序列信息 (如客户要求测序) 及一份书面实验报告

## 基本流程



## 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
抑制性消减杂交 (SSH) 文库	RNA 提取、反转录、cDNA 处理、差减 PCR、转化鉴定、提供正反库	45 日

## 酵母单杂交文库构建

## Yeast Hybrid Library Building

## 服务简介

酵母单杂交体系自 1993 年由 Wang 和 Reed 创立以来, 在生物学研究领域已经显示出巨大的威力。应用酵母单杂交体系已经验证了许多已知的 DNA 与蛋白质之间的相互作用, 同时发现了新的 DNA 与蛋白质

的相互作用, 并由此找到了多种新的转录因子。近来, 已有应用酵母单杂交体系进行疾病诊断的研究报道。随着酵母单杂交体系的不断发展和完善, 它在科研、医疗等方面的应用将会越来越广泛。采用酵母单杂交体系能在一个简单实验过程中, 识别与 DNA 特

异结合的蛋白质, 同时可直接从基因文库中找到编码蛋白的 DNA 序列, 而无需分离纯化蛋白, 实验简单易行。由于酵母单杂交体系检测到的与 DNA 结合的蛋白质是处于自然构象, 克服了体外研究时蛋白质通常处于非自然构象的缺点, 因而具有很高的灵敏性。

**客户提供**

提供样品

- 细胞样本：细胞数量大于  $1 \times 10^7$
- 动物样本：大于 1 g
- 植物样本：大于 2 g
- 总 RNA：大于 200  $\mu\text{g}$

**最终交付**

交付成品

- 酵母单杂交文库甘油菌
- 酵母单杂交文库质粒
- 转化到酵母细胞的文库甘油菌（可选）
- 初级文库质粒

■ 初级文库甘油菌

交付报告

- 文库构建报告
- 文库构建图片

**基本流程**



**主项订购信息**

服务名称	服务内容	服务周期
酵母单杂交文库	RNA 提取、反转录、cDNA 处理、基因与载体的连接、文库质粒提取、文库产品指标	25 个工作日内， 如需转化酵母延长 15 个工作日。

**酵母双杂交文库构建及筛选服务**

*Yeast Two-Hybrid cDNA Library Construction and Screening*

**服务简介**

酵母双杂交系统是在真核模式生物酵母中进行的，研究活细胞内蛋白质相互作用，对蛋白质之间微弱的、瞬间的作用也能够通过报告基因的表达产物敏感地检测得到，它是一种具有很高灵敏度的研究蛋白质之间关系的技术。大量的研究文献表明，酵母双杂交技术既可以用来研究哺乳动物基因组编码的蛋白质之间的互动，也可以用

来研究高等植物基因组编码的蛋白质之间的互动。

**客户提供**

提供样品

- 细胞样本：细胞数量大于  $1 \times 10^7$
- 动物样本：大于 1 g
- 植物样本：大于 2 g
- 总 RNA：大于 200  $\mu\text{g}$
- 筛选服务：客户提供诱饵基因或构建好的诱饵质粒

**最终交付**

交付成品

- 酵母双杂交文库甘油菌
- 酵母双杂交文库质粒

交付报告

- 文库构建交付报告
- 文库构建报告
- 文库构建图片
- # 筛选服务交付报告
  - 完整的筛库流程实验报告
  - 鉴定出的阳性克隆测序及比对结果

**基本流程**

**文库构建流程**



**双杂筛选流程**



**主项订购信息**

服务名称	服务内容	服务周期
酵母双杂交文库构建	RNA 提取、反转录、cDNA 处理、基因与载体的连接、文库质粒提取、文库产品指标	25 个工作日内， 如需转化酵母延长 15 个工作日。
酵母双杂交文库筛选	诱饵质粒构建与活测、与双杂库共转，筛选文库，鉴定阳性克隆并验证	4 个月左右



## VIII 分子生物学服务 — 基因检测

### 荧光定量 PCR

Realtime Fluorescence Quantitative PCR



#### 服务简介

荧光定量 PCR 技术, 是通过在 PCR 反应体系中加入荧光基因, 利用荧光信号的变化实时监测 PCR 扩增反应中每一个循环扩增产物量的变化, 对起始模板进行定量分析的方法。实验采用两种定量方式, 即绝对定量和相对定量。荧光定量 PCR 可用于 mRNA 表达量水平检测、MicroRNA 表达量水平检测和基因组水平基因拷贝数检测。实验的方法可分为 SYBR Green I 法和 MGB 探针法。

#### 客户提供

提供样本

- 细胞: 细胞数  $>10^7$
- 组织: 总量  $>500$  mg
- DNA 或 RNA 样品: 总量  $>2$   $\mu$ g

可选样本

引物: 可由客户提供, 没有引物的情况下, 可由生工生物设计合成。

提供信息

- 靶基因信息: 包括基因序列或 GenBank

Accession Number 等;

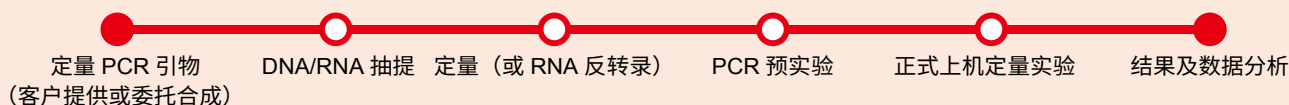
- 背景资料: 包括生物物种信息 (Human、Mouse、Rat 等)、DNA/RNA 来源、基因丰度等。

#### 最终交付

交付报告

实验报告 (包括实验方法、步骤、所用试剂、仪器、图片及相关分析数据等)

#### 基本流程



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
基因组 DNA 水平基因拷贝数检测	总 DNA 提取、引物设计、荧光定量 PCR 及数据处理全套实验	3~4 周
转录组 mRNA 水平基因拷贝数检测	总 RNA 提取、引物设计、通用引物反转录、荧光定量 PCR 及数据处理全套实验	3~4 周
转录组 miRNA 水平基因拷贝数检测	总 RNA 提取、引物设计、特异引物反转录、荧光定量 PCR 及数据处理全套实验	3~4 周

### 数字 PCR 检测

Digital PCR



#### 服务特色

- 可以实现真正的绝对定量
- 重复性好
- 灵敏度高
- 更精确
- 应用领域广

#### 服务简介

数字 PCR 技术是继一代普通 PCR、二代荧光定量 PCR 之后的第三代 PCR 技术。

将含有核酸分子的反应体系制成成千上万个纳升级的微滴, 其中每个微滴不含待检核酸靶分子, 或者含有一个至数个待检核酸靶分子, 且每个微滴都作为一个独立的 PCR 反

应器, 经 PCR 扩增后采用微滴阅读仪逐个对每个微滴进行检测。有荧光信号微滴判读为 1; 没有荧光信号微滴判读为 0, 因此该技术被称为数字 PCR。最终根据泊松分布原理以及阳性微滴的比例, 分析软件可计算出待检靶分子的浓度或拷贝数。

在未来, 数字 PCR 在分子诊断领域会发挥更大的作用, 数字 PCR 特别适合应用于拷贝数变异、突变检测、基因相对表达研究等, 并对遗传病、癌症、传染病、产前诊的研究提供了一种全新的技术思路与手段, 具有广泛的、不可替代的应用前景。

#### 客户提供

提供样本

- 血液样品: 样品为 EDTA 抗凝或枸橼酸钠抗凝, 样品量大于 0.5 ml, 样品采集后于  $-20^{\circ}\text{C}$  或  $-80^{\circ}\text{C}$  保存, 低温 ( $\leq 4^{\circ}\text{C}$ ) 运输。若样本为细胞, 细胞数为  $10^7$  个以上。

- 组织样品: 样品可以为新鲜组织 (最好  $-80^{\circ}\text{C}$  保存) 或石蜡包埋的组织, 也可以是 95% 乙醇中固定的组织, 组织量大于 100 mg (黄豆粒大小)。组织样品用干冰运输。

- DNA 样品: 纯度 OD260/280 比值为 1.8~1.9, 浓度  $\geq 20$  ng/ $\mu$ l, 体积  $\geq 20$   $\mu$ l。

- RNA 样品: 纯度 OD260/280 比值为 1.9~2.0, 浓度  $\geq 50$  ng/ $\mu$ l, 体积  $\geq 30$   $\mu$ l。需要干冰运输。

**最终交付**

## 交付报告

- 实验报告 (包括实验方法、步骤、所用试剂、仪器、照片及相关分析数据等)
- 原始图片
- 原始数据

**基本流程****主项订购信息**

服务名称	服务内容	服务周期
数字 PCR 检测	样品 DNA/RNA 提取及模板制备、探针设计合成 (MGB)、数字 PCR 检测反应	2~4 周

**单核苷酸多态性 (SNP) 分型***Single Nucleotide Polymorphism (SNP)***服务简介**

SNP, 即单核苷酸多态性 (Single Nucleotide Polymorphism, SNP), 主要是指在基因组水平上由单个核苷酸的变异所引起的 DNA 序列多态性。与其它分子标记相比, SNP 分辨率最高也最为丰富, 覆盖基因组范围大, 遗传上比较稳定。在人类基因组中, 估计平均每 1,000 个碱基对就有 1 个 SNP, 估计其总数可达 300 万个甚至更多, 是继微卫星之后的第三代遗传标记。

SNP 分布不均匀, 在非转录序列中要多于转录序列, 绝大多数位于蛋白的非编码区。通常情况下是一种二等位基因的变异, 多为转换, 即一种嘧啶碱基换为另一种嘧啶碱基, 或一种嘌呤碱基换为另一种嘌呤碱基, 转换与颠换之比为 2:1。SNP 在 CG 序列上出现最为频繁, 而且多是 C→T, 因为 CG 中 C 即胞嘧啶常被甲基化, 自发脱氨后即变为胸腺嘧啶。生工拥有多 SNP 技术服务平台: 测序分型、PCR-RFLP 分型、MGB 探针分型、Multiplex SNaPshot 分型、飞行时间质谱 (MALDI-TOF MS) 分型、LDR (高温连接酶法) 分型、HRM (高分辨率熔解曲线) 分型、焦磷酸测序分型、多重 PCR & NGS 等技术平台。

生工技术平台涵盖了从低通量、中等通量到高通量的完整 SNP 分型平台, 能满足不同规模项目的需求, 为您量身打造个性化的服务。

**客户提供**

## 交付样品

- DNA 样品: 待检测 DNA 样品浓度要相对均一, DNA 样品浓度在 10~50 ng/μl 之间, 体积 >20 μl, 用双蒸水或者 TE 缓冲液溶解, 不含 PCR 抑制剂。务必注明样品的准确浓度;
- 为了保证样品质量能够达到 SNP 检测要求, 正式实验前我们需要对样品 DNA 浓度与质量进行检测, 并根据检测结果进行浓度调整; 随机选取 10% 样品, 用我们公司已有的高频率 SNP 位点对应的引物进行 SNP 分型实验, 我们会将 DNA 鉴定结果及时告知客户并共同决定是否进入正式实验。

## 交付样品

- 血液或组织样本: 血液样本用 EDTA 抗凝剂的真空管采集或枸橼酸钠抗凝, 采集后放入 -20°C 保存 (最好 -80°C 保存), 体积大于 500 μl; 组织样本最好是新鲜 (-80°C 保存) 或石蜡包埋的组织, 也可以是 95% 乙醇中固定的组织, 组织量大于 200 mg。

## 提供信息

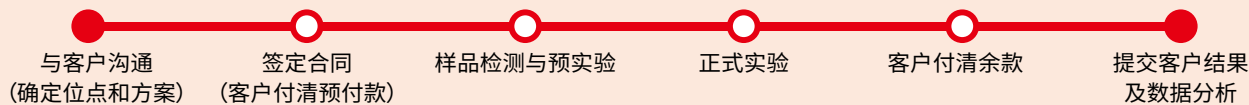
NCBI 基因登录号和 rs 号或详细的 SNP 检测位点及上下游各 200 个碱基的基因组 DNA 模板序列, 并注明在此范围之内所有其它 SNP 位点。最好能提供待检测 SNP 位点在采样人群中的等位基因频率信息。

**最终交付**

## 交付报告

- SNPs 统计结果 (Excel 表格)
- 实验过程及其涉及的电泳图、酶切图、测序峰型图
- 扩增和反应体系所设计的引物序列
- 客户所需的其它资料

基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
测序法筛查基因突变位点	设计引物 PCR 扩增外显子测序、生成比对文件 sqd 和 PDF (与 NCBI 中的序列进行比对), 统计突变位点	根据量而定
测序法 SNP 分型	设计引物 PCR 扩增 SNP 位点测序、基因型统计	根据量而定
PCR-RFLP SNP 分型	设计方案、PCR、酶切、电泳、基因型统计	3~4 周
MGB 探针 SNP 分型	荧光定量 PCR 仪检测、数据处理、基因型统计	5~6 周 (含定探针时间)
MGB 设计探针订制	根据提供位点设计合成	1 周
Multiplex SNaPshot SNP 分型	设计引物、多重 PCR、毛细管电泳、数据处理、基因型统计	4~6 周
MALDI-TOF 质谱法 SNP 分型	设计引物、多重 PCR、质谱检测、数据处理、基因型统计	4~6 周
LDR SNP 分型	设计引物、多重 PCR、连接反应、毛细管电泳、数据处理、基因型	3~5 周

质谱法 (MALDI-TOF MS) SNP 检测

Sequenom MassArray SNP Typing



服务特色

- 通量高
- 准确性高
- 简单灵活
- 灵敏度高
- 成本低

服务介绍

MassARRAY® MALDI-TOF MS System (时间飞行质谱生物芯片系统) 是由美国 AgenaBioscience 公司独家研制并生产的基因分型检测系统, 它完美地结合了质谱检测的高分辨率、PCR 扩增的高敏感度, 以及生物芯片技术的高通量, 同时无需杂交及荧光染料等二级标记物, 直接以分子量为标记对样本进行多方位分析。该系统以其通量高、自动化、灵活、结果准确、

实验成本低廉等诸多优势成为了全球著名大学、医学生物学研究所、生物技术公司、制药企业、疾控中心等机构所推崇的研究工具。应用领域涵盖: 医学及转化医学、分子生物学、基因组学、表观遗传学、农业遗传育种及转基因技术等相关领域。

目前, 我们引进的这套系统 SNP 分型检测的质谱范围为 4500 到 9000 道尔顿 (分子量单位), 位点检测成功率 >95%, 检测重复性 >99%。

客户提供样品

- 基因组 DNA: 样品浓度不低于 20 ng/μl, 总体积不少于 20 μl。
- 血液样品: 用 EDTA 抗凝剂的真空管采集或枸橼酸钠抗凝, 采集后放入 -20°C 冰箱保存 (最好 -80°C 保存), 体积大于

1 ml。

- 组织样品: 最好是新鲜 (-80°C 保存) 或石蜡包埋的组织, 也可以是 95% 乙醇中固定的组织, 组织量大于 10 mg; 样品 -70°C 邮寄至本公司 (干冰或液氮运送) 以保证样品质量。

提供信息

《SNP 检测服务订单》(组织样本或血液、基因组 DNA 等、基因登录号、SNP 信息)

最终交付

- 实验报告
- 原始图片
- 原始数据

基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
质谱法 SNP 检测	样本 DNA 提取及模板制备、引物设计合成、预实验、正式实验检测	2~4 周

定制 SNP 或外显子捕获测序

Target SNPs/Exon Capture Sequencing



服务特色

- 更加灵敏，可检测低频突变，最低可到 1%；
- 更多位点，单次测序可同时检测多个片段，最多一次可检测 1000 个以上位点或者片段；
- 分析结果更加丰富。

能，从而导致生物性状改变。SNP 是研究人类家族和动植物物种遗传变异的重要依据，因此被广泛用于群体遗传学研究和疾病相关基因的研究。生工生物结合多重 PCR 技术及高通量测序技术，为广大科研工作者提供更为经济、快捷的 SNP 检测服务。

客户提供信息

- 提供目标物种参考基因组；
- 提供目标 SNP/ 外显子所在位置，或者 SNP 的 RS 号。

最终交付

- 测序原始数据
- 实验结果类文件
- 基因分型结果 / 突变结果
- 部分发表文章用方法描述文档

服务介绍

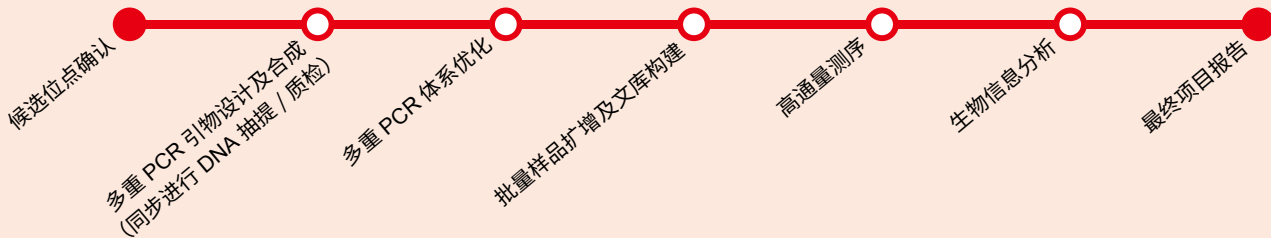
SNP 全称 Single Nucleotide Polymorphism，即单核苷酸多态性，是指在基因组上单个核苷酸的变异，包括转换，颠换，插入和缺失，形成的遗传标记，其数量很多，多态性丰富，有些 SNP 位点直接影响基因功

客户提供样品

- 血液 / 组织
- DNA
- 口腔拭子
- 石蜡切片或者包埋组织

具体要求，详见《高通量测序送样信息表》

基本流程



主项订购信息

项目名称	说明	服务周期
多重 PCR 引物设计及合成	设计多重 PCR 引物并合成	1.5 周
多重 PCR 体系优化	优化多重 PCR 实验体系	1.5 周
多重扩增及文库构建	进行批量样品扩增及文库构建	1 周
高通量测序	Illumina HiSeq/MiSeq 高通量测序	1 周
生物信息分析		3 天

## 基因甲基化 (Methylation) 位点检测

### Detection for Gene Methylation Sites

#### 服务简介

DNA 甲基化是表观遗传学 (Epigenetics) 的重要组成部分, 是最具特点的表观遗传学修饰, 在人的正常发育、X 染色体失活、衰老以及许多人类疾病 (如发育畸形、癌症、心血管疾病、糖尿病和神经心理失调等) 发生过程中发挥重要作用。

DNA 甲基化是在 DNA 甲基化转移酶 (DNMTs) 的作用下使 CpG 二核苷酸 5' 端的胞嘧啶转变为 5' 甲基胞嘧啶, 在基因组的某些区域中, 通常位于基因的启动子区或是第一个外显子区, CpG 序列密度很高, 可以达均值的 5 倍以上。生工生物基因甲

基化位点服务可选择亚硫酸氢盐修饰后测序法 (BSP)、亚硫酸氢盐修饰后的限制性内切酶法 (COBRA)、甲基化特异性的 PCR 法 (Methylation-Specific PCR, MS-PCR)、NGS 甲基化测序法、HRM (高分辨率熔解曲线) 法和焦磷酸测序法等。

#### 客户提供

提供样本

- 血液样品: 样品为 EDTA 抗凝或枸橼酸钠抗凝, 样品量大于 0.5 ml, 样品采集后于 -20°C 或 -80°C 保存;
- 组织样品: 样品可以为新鲜组织 (最好 -80°C 保存) 或石蜡包埋的组织, 也可以

是 95% 乙醇中固定的组织, 组织量大于 200 mg。

提供信息

提供详细的基因信息 (序列或 NCBI 登录号)

#### 最终交付

交付报告

实验报告 (实验步骤, 包括 BSP 法的 5 个或 10 个克隆统计结果珠形图)、PCR 电泳照片、测序彩色波形图

#### 基本流程

##### 亚硫酸氢盐修饰后测序法:



##### 甲基化特异性 PCR 法:



##### 结合亚硫酸氢盐的限制性内切酶法:



##### NGS 甲基化测序法:



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
亚硫酸氢盐修饰后测序法 (BSP)	方案设计、亚硫酸氢盐处理、PCR、克隆测序、数据处理	4~6 周
甲基化特异性的 PCR 法 (MSP)	方案设计、亚硫酸氢盐处理、MS-PCR、图片分析	3~5 周
亚硫酸氢盐修饰后的限制性内切酶法 (COBRA)	方案设计、亚硫酸氢盐处理、PCR、酶切、图片分析	3~4 周
NGS 甲基化检测	方案设计、亚硫酸氢盐处理、PCR、NGS 测序、数据分析	4-6 周

## 毛细管电泳 (STR/SSR/AFLP/T-RFLP) 基因检测

CE (Capillary Electrophoresis) Gene Detection, STR/SSR/AFLP/T-RFLP

### 服务简介

公司依托 3730XL 测序仪检测平台专门开发了针对基因长度多态性进行检测项目, 包括 STR/SSR、AFLP、MLPA 和 T-RFLP 检测和实验项目。STR/SSR (Microsatellite, 微卫星标记) 也称为短串联重复序列 (STR) 或简单重复序列 (SSR), 是广泛分布在真核生物基因组中的简单重复序列, 因此被认为是继限制性片段长度多态性 (RFLP) 之后的第二代遗传标记, 广泛应用于遗传制图、基因定位、法医学鉴定、人类学以及遗传病的诊断等许多领域的研究。AFLP (amplified fragment length polymorphism, 扩增片段长度多态性) 是由荷兰科学家 Pieter Vos 等于 1995 年发明的分子标记技术, 是基于 PCR 技术扩增基因组 DNA 限制性片段, 基因组 DNA 先用限制性内切酶切割, 然后将双接头连接到 DNA 片段的末端, 它结合了 RFLP 和 PCR 技术高效性特点, 用荧光标记的引物进行 PCR 扩增, 产物进行毛细管电泳检测, 可使某一品种出现特定的 DNA 谱带, 得到某物种 DNA 多

态性的指纹图谱。MLPA (multiplex ligation-dependent probe amplification, 多重连接探针扩增) 于 2002 年由 Schouten 等首先报道, 是近几年发展起来的一种针对待检 DNA 序列进行定性和半定量分析的新技术, 基本原理包括探针和靶序列 DNA 进行杂交, 之后通过连接、PCR 扩增, 产物通过毛细管电泳分离及数据收集, 分析软件对收集的数据进行分析最后得出结论, 目前已经应用于多个领域、多种疾病的研究。

T-RFLP (Terminal restriction fragment length polymorphism, 末端限制性长度多态性) 技术是发明于上世纪末用于分析环境微生物多样性的一种新方法, 其原理是在 RFLP 引物的一端加上荧光标记进行 PCR、产物经酶切后用 3730XL 测序仪检测, 检测结果以峰的位置和面积表示微生物的种类和数量, 进而反映目标微生物群落的组成及时空动态, 目前 T-RFLP 技术已被广泛用于分析各种环境中某类微生物的群落结构。

### 客户提供

提供样本

- 血液样品: 样品为 EDTA 抗凝或枸橼酸

钠抗凝, 样品量大于 0.5 ml, 样品采集后于 -20°C 或 -80°C 保存;

- 动植物组织样品: 样品可以为新鲜组织 (最好 -80°C 保存), 也可以是 95% 乙醇中固定的组织, 组织量大于 500 mg;
- DNA 样品: 纯度  $OD_{260}/OD_{280}$  在 1.8~2.0, STR/SSR/T-RFLP, 浓度  $\geq 20$  ng/ $\mu$ l, 总量  $>20$   $\mu$ l; AFLP/MLPA 浓度  $\geq 50$  ng/ $\mu$ l, 总量  $>50$   $\mu$ l。

### 提供信息

基因信息: 待测 STR/SSR 位点、序列或引物; AFLP 需要提供所用内切酶名称、接头引物及 PCR 标记引物信息; T-RFLP 需要提供检测基因, 如 16S、18S 或其它基因及引物, 内切酶名称等; MLPA 需要提供待基因信息, MLPA 探针产品编号等。

### 最终交付

#### 交付报告

实验报告 (实验步骤, 材料方法, 结果等)、PCR 电泳照片、原始文件、PDF 格式峰图、Excel 表格数据。

### 基本流程

#### STR/SSR:



#### T-RFLP:



#### AFLP:



#### MLPA:



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
STR/SSR/T-RFLP/MLPA 等直接检测	客户直接提供荧光标记 PCR 产物 3730XL 测序仪检测	3 日
STR/SSR 实验服务	引物设计、PCR、检测、数据分析等	4~6 周
T-RFLP 实验服务	包括引物设计、PCR、酶切、检测、数据分析等	3~5 周
AFLP 实验服务	包括订制试剂盒、酶切、PCR、检测、数据分析等	3~5 周
STR/SSR 引物开发	至少开发 10 对有效引物	6~8 周
细胞株鉴定	检测细胞 16~20 个基因座 SSR 位点，鉴定细胞种类或是否有交叉污染	10 日左右

## 菌种鉴定

### Strain Identification

#### 服务简介

通过 DNA 测序对微生物进行物种鉴定（菌种鉴定）是比传统生化鉴定更先进的鉴定方法。DNA 测序不依赖菌种本身特点，对所有菌种均可使用。比传统生化鉴定更加快速，准确。生工提供的微生物物种鉴定服务包括细菌 16S rDNA 鉴定和真菌 26S rDNA 鉴定、真菌 ITS 和真菌 18S 鉴定。

#### 客户提供

- 提供样品
- 基因组 DNA：浓度≥10 ng/μl，总体积≥20 μl，革兰氏阳性细菌由于细胞壁较厚，最好提供基因组 DNA；
  - 带有单菌落的平板或斜面：应长有至少分离三次以上的单菌落。

#### 最终交付

- 交付报告
- PCR 产物照片
  - 菌种鉴定 NCBI 参考结果
  - 测序彩色波形图
  - 测序方向图
  - 序列碱基图

#### 基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
16S rDNA 部分序列分析	可进行 PCR 产物测序、序列对比和克隆测序、序列对比	5~15 日
ITS 全序列分析	可进行 PCR 产物测序、序列对比和克隆测序、序列对比	
18S rDNA 全序列分析	可进行 PCR 产物测序、序列对比和克隆测序、序列对比	
26S rDNA D1/ D2 区序列分析	可进行 PCR 产物测序、序列对比和克隆测序、序列对比	

## 菌群解析

### Microflora Analysis

#### 服务简介

生工主要开展的菌群分析业务有 DGGE、ARDRA、ATCLA 和 RAPD / Rep-PCR / ISSR 等分子标记方面。实验 DGGE ( Denaturing Gradient Gel Electrophoresis, 变性梯度凝胶电泳) 主要应用于环境样品细菌、古细菌、真菌、

真核微生物的多样性分析、动、植物体内外共生微生物的检测、食品微生物的检测、医学领域碱基突变的检测等。脉冲场凝胶电泳 (PFGE, Pulsed Field Gel Electrophoresis) 技术是 Schwartz 和 Centor 在 1984 年发明的一种分离大分子 DNA 的方法，通过电场方向不断交替变换

及合适的脉冲时间分离大于 25 kb 的大片段 DNA 分子的凝胶电泳技术，已经成为细菌分型的“金标准”。ARDRA (Amplified Ribosomal DNA Restriction Analysis, 核糖体 DNA 扩增片段限制性内切酶分析)，即用 PCR 方法扩增不同混菌样品的 16S rDNA 全序列或部分序列，选

取一种切割片段数目适中的限制性内切酶进行酶切,并通过聚丙烯酰胺(或琼脂糖)凝胶电泳分析样品之间酶切图谱的多态性。ATCLA TA 克隆建库分析(16S AT-clone Library Analysis),PCR 方法扩增混合菌总基因组DNA的16S rDNA全序列或部分序列,用TA克隆方法建库,挑选阳性克隆再PCR扩增单克隆16S rDNA全序列或部分序列,可初步判断混合菌群的菌种数量和各菌种的大致的百分比。RAPD/Rep-PCR/ISSR等分子标记实验,RAPD/Rep-PCR获得基因组DNA指纹图,通过分析比较电泳条带,揭示基因组间的差异,该方法已广泛应用于细菌、真菌、支原体等微生物的分型研究。Rep-PCR目前可自动化分型,并可建立各种细菌REP、ERIC-PCR分型标准数据库。ISSR(inter-simple sequence repeat)是

Zietkeiwicz 等于 1994 年发展起来的一种微卫星基础上的分子标记即在 SSR 序列的 3' 端或 5' 端加上 2~4 个随机核苷酸,在 PCR 反应中,锚定引物可引起特定位点退火,导致与锚定引物互补的间隔不太大的重复序列间DNA片段进行PCR扩增,与 RAPD 和 RFLP 相比,ISSR 揭示的多态性较高,可获得几倍于 RAPD 的信息量。目前,ISSR 标记已广泛应用于植物品种鉴定、遗传作图、基因定位、遗传多样性、进化及分子生态学研究。

**客户提供**  
提供样品

混合菌体基因组 DNA: 总量 >1μg, 浓度 ≥10 ng/μl, 纯度 OD<sub>260</sub>/OD<sub>280</sub> ≥1.8。若样品需要纯化,请提供大于 2 μg 的 DNA,并在提供样品时进行说明。混合菌群中的革兰氏阳性菌壁厚不易提取,使用常规方法

提取基因组 DNA 可能会造成菌种丢失。请提供大于 10 ml 的菌液 (OD<sub>600</sub> >1.5) 或离心收集后的菌体。若样品含有活性污泥等杂质,无法通过 OD 值来判断菌液的浓度,请提供尽量多的样品。

**提供信息**

检测基因: DGGE / ARDRA / LARD 检测基因及检测区域; RAPD / Rep - PCR / ISSR 实验选定引物。

**最终交付**

**交付报告**

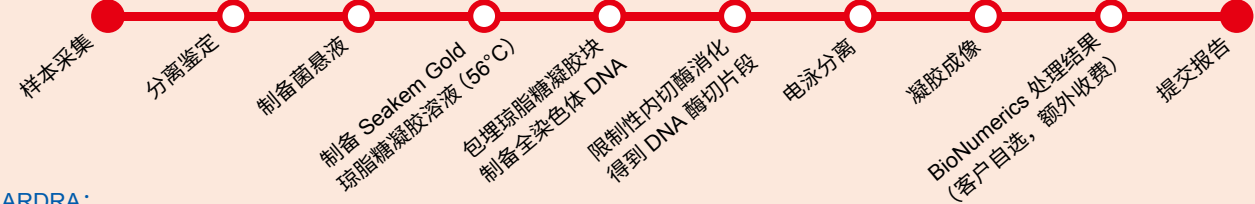
- 实验报告,包括具体实验方法、步骤、PCR、酶切图等。
- ATCLA 提供克隆测序彩色波形图、序列碱基图、与 NCBI 或核糖体数据库比对结果及各菌百分比。
- 数据分析,包括 NTSYS-pc 软件进行指纹聚类分析、进化树构建图等。

**基本流程**

**DGGE:**



**PFGE:**



**ARDRA:**



**ATCLA:**



**RAPD / Rep-PCR/ISSR:**



**主项订购信息**

服务名称	服务内容	服务周期
DGGE	混合菌 DNA 提取、PCR、DGGE、条带克隆测序等	6~8 周
PFGE	提供包括金黄色葡萄球菌、大肠杆菌、伤寒副伤寒沙门菌、霍乱弧菌、副溶血弧菌、痢疾志贺菌、小肠结肠炎耶尔森菌、单核细胞增多性李斯特菌、空肠弯曲菌、鲍曼不动杆菌等鉴定服务。	3~8 周
ARDRA	DNA 提取、酶切预实验、正式实验	
ATCLA	混合菌 DNA 提取、PCR、克隆测序、数据处理	4~6 周
RAPD/Rep-PCR/ISSR (植物) 等分子标记	DNA 提取、PCR 预实验、正式实验	



## 高分辨率熔解曲线 (HRM)

### HRM (High Resolution Melting Analysis)

#### 服务简介

高分辨率熔解曲线分析技术 (High Resolution Melting), 简称 HRM, 是近年来兴起的一种检测基因突变、进行基因分型和 SNP 检测的新方法。基本原理是基于核酸分子由于片段长短、GC 含量、GC 分布及单个碱基差异等物理性质不同而造成 DNA 分子在加热变性时都会有不同的熔解曲线的形状和位置, 并配合运用高浓度的饱和荧光染料, 可以迅速的检测出核酸片段中 GC 含量和单碱基的突变。

#### 客户提供

提供样品

- 血液样品: 样品为 EDTA 抗凝或枸橼酸钠抗凝, 样品量大于 0.5 ml, 样品采集后于 -20°C 或 -80°C 保存, 低温 ( $\leq 4^{\circ}\text{C}$ ) 运输。
- 组织样品: 样品可以为新鲜组织 (最好 -80°C 保存) 或石蜡包埋的组织, 也可以是 95% 乙醇中固定的组织, 组织量大于 500 mg。
- DNA 样品: 纯度  $\text{OD}_{260/280}$  比值为

1.8~1.9, 浓度  $\geq 20 \text{ ng}/\mu\text{l}$ , 体积  $\geq 20 \mu\text{l}$ 。

提供信息

基因信息: 提供甲基化待测序列、外显子序列 ( $\leq 300 \text{ bp}$ ), 或 SNP 位点。

#### 最终交付

交付报告

实验报告 (包括实验方案、实验过程、HRM 图片、实验结果)

#### 基本流程



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
高分辨率熔解曲线 (HRM) 技术服务	包括甲基化状态检测、外显子突变位点筛选、已知 SNP 位点检测和 Cold-PCR & HRM 检测低水平基因突变体	5~10 日

## 基因焦磷酸测序检测

### Gene Pyrosequencing Detection

#### 服务简介

焦磷酸测序 (Pyrosequencing) 技术是由 4 种酶 (DNA 聚合酶 (DNA polymerase)、ATP 硫酸化酶 (ATP sulfurylase)、荧光素酶 (luciferase) 和三磷酸腺苷双磷酸酶 (Apyrase) 催化的同一反应体系中的酶级联化学发光反应。每一轮测序反应体系中只加入一种脱氧核苷酸三磷酸 (dNTP)。如果该 dNTP 与模板配对, 则会在 DNA 聚合酶的作用下, 添加到测序引物的 3' 末端, 同时释放出一个分子的焦磷酸 (PPi)。掺入的 dNTP 和释放的 PPi 是等量的。CpG 甲基化焦磷酸测序检测法基于引物延伸的 Pyrosequencing 技术, 通过将链合成过程中释放出的焦磷酸 (PPi) 转化成光信号来监

测链的合成过程。该测序平台可应用于各种遗传多态性标记的分析检测, 如 SNP、突变、插入 / 缺失、甲基化、基因拷贝数等; 等位频率分析; 此外, 还可应用于各种微生物的鉴定、分型、耐药性评估, 并可对多种亚型或野生株及突变株、耐药株组成的复杂群体中的各个组分含量直接加以定量评估。

#### 客户提供

提供样品

- 血液样品: 样品为 EDTA 抗凝或枸橼酸钠抗凝, 样品量大于 0.5 ml, 样品采集后于 -20°C 或 -80°C 保存, 低温 ( $\leq 4^{\circ}\text{C}$ ) 运输。
- 组织样品: 样品可以为新鲜组织 (最好

-80°C 保存) 或石蜡包埋的组织, 也可以是 95% 乙醇中固定的组织, 组织量大于 100 mg。

- DNA 样品: 纯度  $\text{OD}_{260/280}$  比值为 1.8~1.9, 浓度  $\geq 20 \text{ ng}/\mu\text{l}$ , 体积  $\geq 50 \mu\text{l}$ 。

提供信息

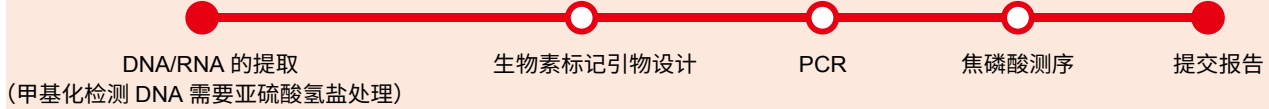
基因信息: 提供甲基化待测序列和微生物分型及耐药基因 ( $\leq 60 \text{ bp}$ ) 及上下游保留 300 bp、SNP 位点的 RS 号。

#### 最终交付

交付报告

实验报告 (包括实验过程、方法、耗材试剂等)、焦磷酸测序 Word 文件

基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
基因焦磷酸测序检测	直接上机测序、CpG 甲基化位点定量检测、转录组 mRNA 水平突变点定量检测、基因组 DNA 水平 SNP 位点检测和微生物分型及耐药基因检测	1~6 周

## Southern Blot 印迹杂交

### Southern Blot

服务简介

Southern 印迹杂交 (Southern blot) 是进行 DNA 特定序列定位的通用方法。1975 年由英国人 Southern 创建。其基本原理是：具有一定同源性的两条核酸单链在一定的条件下，可按碱基互补的原则形成双链，此杂交过程是高度特异的。其过程是利用琼脂糖凝胶电泳分离经限制性内切酶消化的 DNA 片段，将胶上的 DNA 变性并在原位将单链 DNA 片段转移至尼龙膜或其他固相支持物上，经干烤或者紫外线照射固定，再与相对应结构的标记探针进行杂交，通过底物显色或化学发光法检测目的基因。从而检测特定 DNA 分子的含量。

客户提供

提供样品

客户提供的样品必须干冰或带冰袋运送。如提供 DNA 样品必须要达到以下条件：

- DNA 完整性好，无降解或 RNA 污染，客户需提供电泳图；
- DNA 纯度高，客户需提供分光光度检测 OD 值在 1.8 左右；
- 勿用 TE 溶解 DNA，DNA 浓度不低于 0.8 μg/μl，DNA 总量在 80 μg 左右；
- 长途运输至乙方，可将检测合格的 DNA 溶液编号密封，注意切勿泄漏，低温快递。

提供信息

- 待杂交目标基因序列和引物序列（公司可以提供引物设计扩增，费用另计）。
- 请注明酶切方案，如果项目中需要用到非常规的限制性内切酶，需额外加收酶切费用或由客户提供相应的限制性内切酶。

最终交付

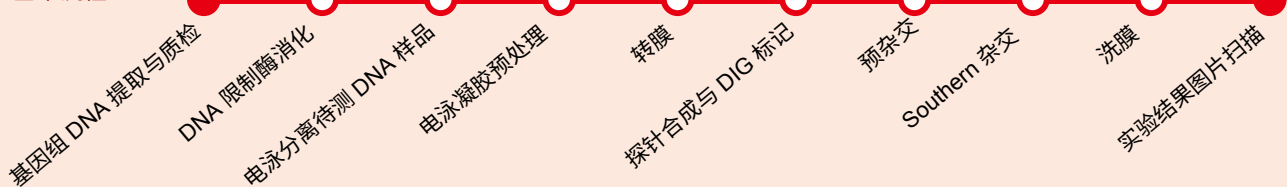
交付成品

剩余模板和引物

交付报告

实验报告（详细操作步骤和结果图片）

基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
基因组 DNA 提取	获得高纯 80 μg 基因组 DNA	1 周
DNA 探针设计合成	引物设计、合成及验证	1~2 周
DIG 探针标记	标记一条探针	2 日
Southern Blot 检测	杂交一张膜，每张膜（1~7 个样品）	3~4 周
重复杂交	标记一条探针，杂交已有的膜。	1~2 周

## Northern Blot 印迹杂交

## Northern Blot

## 服务简介

Northern blot 在 1977 年由斯坦福大学 James Alwine, David Kemp 和 George Stark 发明。因为其基本原理和操作过程与 Southern blot 十分类似, 所以称为 Northern blot, 主要用于分析基因的 mRNA 的表达。虽然检测基因表达方法还有 qPCR、基因芯片、RNA 酶保护实验等, 但 Northern blot 由于其灵敏度要好于基因芯片; 与 qPCR 相比有较高的特异性, 可以有效的减少实验结果的假阳性, Northern blot 实验仍然被认为是检测基因表达的准确方法。

## 客户提供

## 提供样品

客户提供的动植物样品必须干冰运送。如提供 RNA 样品必须要达到以下条件:

- RNA 完整性好 (28S, 18S 条带清晰可见), 无降解或 DNA 污染, 客户需提供电泳图;
- RNA 纯度高 ( $OD_{260}/OD_{280} = 1.9\sim 2.1$ ), 客户需提供分光光度检测数据;
- RNA 请溶解于双蒸水中, RNA 浓度不低于  $0.8 \mu\text{g}/\mu\text{l}$ , 最好能提供 2 次实验的量;
- 长途需要带干冰运输, 或 RNA 溶于乙醇中带普通冰袋。

## 提供信息

- 填写 Northern blot 服务订单
- 待杂交目标基因序列和引物序列 (公司可以提供引物设计扩增, 费用另计)
- 其它我们认为实验必须的相关资料

## 最终交付

## 交付成品

剩余模板和探针

## 交付报告

实验报告 (详细操作步骤和实验结果图片)

## 基本流程



## 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
RNA 提取	获得高纯 RNA	1 周
DNA 探针设计合成	引物设计、合成及验证	1~2 周
DIG 探针标记	标记一条探针	2 日
Northern Blot 检测	杂交一张膜, 每张膜 (1~7 个样品)	3~4 周

## FISH 荧光原位杂交

## FISH (Fluorescence in Situ Hybridization)

## 服务简介

荧光原位杂交技术 (Fluorescence in situ hybridization), 简称 FISH, 是利用荧光标记的特异核酸探针与细胞内相应的靶 DNA 分子或 RNA 分子杂交, 通过在荧光显微镜或共聚焦激光扫描仪下观察荧

光信号, 来确定与特异探针杂交后被染色的细胞或细胞器的形态和分布, 或者是结合了荧光探针的 DNA 区域或 RNA 分子在染色体或其他细胞器中的定位。与传统的放射性标记原位杂交相比, 荧光原位杂交具有快速、检测信号强、杂交特异性高

和可以多重染色等特点, 目前这项技术已经广泛应用于动植物基因组结构研究、染色体精细结构变异分析、病毒感染分析、人类产前诊断、肿瘤遗传学、基因组进化研究、环境菌样分析等许多领域。

**客户提供**

提供样品

- 组织样品：4% 的多聚甲醛固定（石蜡切片），或放入液氮，-80° C 保存，干冰运输（冰冻切片）样品不少于 100 mg；
- 细胞样品：用 6 孔板制好的细胞爬片，每孔细胞量不少于  $2 \times 10^6$ ；
- 环境菌样：污泥样本或者污泥颗粒以及其他可以用于涂片或者切片的样本形式。

提供信息

- 填写原位杂交检测服务订单
- 其他实验必须的相关资料

**最终交付**

交付报告

- 实验报告（实验步骤，杂交后拍照）

交付成品

- 实验剩余探针和杂交后的切片以及剩余样品

**基本流程**



**主项订购信息**

服务名称	服务内容	服务周期
样本包埋与切片	对客户样本制成有效切片	1 周
探针设计合成	探针设计与合成	2~3 周
FISH 杂交	进行变性、杂交、洗脱、信号放大、封片等实验步骤	1~2 周
荧光显微镜观察与图片处理	选择效果最好的图片	1 日

**双荧光素酶报告基因检测**

*Dual-luciferase Reporter Gene Assay*

**服务简介**

本公司报告基因检测实验系统采用萤火虫荧光素酶 (Firefly Luciferase) 和海肾荧光素酶 (Renilla Luciferase) 组成双荧光素酶报告基因实验系统 (Dual-Luciferase Reporter Assay)。实验中萤火虫荧光素酶与基因表达的特定实验条件相关，海肾荧光素酶用来做转染的内参，以校正不同样品之间转染的转染效率。萤火虫荧光素酶和海肾荧光素酶不需要翻译后修饰即具有生物活性，一旦翻译完成即具有报告基因的功能。通过加入特定的荧光素酶底物，

荧光素酶与底物反应过程中会发出生物荧光，然后通过荧光测定仪测定反应过程中释放的生物荧光。报告基因检测技术可以用于：

- a. 启动子活性分析及检测基因转录后调控状态。
- b. 结合定点基因突变等方法确定 miRNA 与靶基因 3' UTR 的作用位点。
- c. 信号通路活性分析，通过检测某个信号通路的下游转录因子的活性来监测信号通路的活性。

**客户提供**

提供样品

- 构建好的含目的调控元件的报告基因质粒，并确保样品的有效性

提供信息

- 报告基因质粒的全部相关信息
- 目的调控元件序列及相关信息

**最终交付**

交付成品

- 真实的实验原始数据，结果分析报告，或按客户需求提供构建好的载体等实验结果。

基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
报告基因载体构建	根据客户提供的调控元件序列及相关信息，将其克隆到相应的报告基因质粒上。	1~2 周
双荧光素酶基因检测	目的细胞培养、质粒转染、通过加入特定的荧光素酶底物，荧光素酶与底物反应过程中会发出生物荧光，测定反应过程中释放的生物荧光，数据分析等。	2~3 周

» VIII 分子生物学服务 — 病毒包装与 RNA 干扰

病毒包装 (腺病毒、慢病毒、腺相关病毒)

*Adenovirus, Lentivirus, Adeno-associated virus (AAV) Package*

服务简介

腺病毒 (Adenovirus, AdV) 是一种非整合型双链 DNA 病毒。由于其可以感染呼吸道和消化道，不仅可以静脉注射，还可以通过口服经肠道吸收或通过喷雾、滴注经呼吸道吸收，使得它所介导的基因治疗易于推广应用，并且腺病毒易于制备、纯化和浓缩、外源基因装载容量大，所以重组腺病毒已越来越广泛地被应用于基础研究和临床试验中，并列为基因治疗载体之一。

慢病毒 (Lentivirus) 是逆转录病毒的一种，具有逆转录病毒的基本结构和特性，是目前应用广泛的另一种病毒表达系统。载体是以

HIV-1 (人类免疫缺陷 I 型病毒) 为基础发展起来的，该载体可以将外源基因有效地整合到宿主染色体上，达到持久性稳定表达的效果。重组慢病毒比逆转录病毒具有更高的滴度，可有效地感染神经元细胞、肝细胞、心肌细胞、肿瘤细胞、内皮细胞、干细胞等多种类型的细胞。

客户提供

可选样品

客户若有目的基因，可提供相应的质粒或菌液。

提供信息

- 目的基因名称、种属、序列、GeneBank

ID;

- 对启动子和标记基因的要求信息。

最终交付

交付成品

- 慢病毒:  $1 \times 10^8$  TU 总量，滴度大于  $1 \times 10^8$  TU/ml，送等量阴性对照；
- 腺病毒:  $1 \times 10^{10}$  PFU 总量，滴度大于  $1 \times 10^{10}$  PFU/ml，送等量阴性对照。

交付报告

病毒包装报告: 为客户提供构建载体的测序报告、病毒鉴定数据，滴度测定报告等实验数据和详细的实验资料。

基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
表达 mRNA 重组慢病毒包装	提供 $1 \times 10^8$ TU 总量，滴度大于 $1 \times 10^8$ TU/ml，送等量阴性对照；	4~6 周
表达 shRNA 重组慢病毒包装	提供 $1 \times 10^8$ TU 总量，滴度大于 $1 \times 10^8$ TU/ml，送等量阴性对照；	3~4 周
表达 shRNA 重组慢病毒包装套餐	提供 $1 \times 10^8$ TU 总量，滴度大于 $1 \times 10^8$ TU/ml，送等量阴性对照；	4~5 周

## 主项订购信息

表达 microRNA 重组慢病毒包装	提供 $1 \times 10^8$ TU 总量, 滴度大于 $1 \times 10^8$ TU/ml, 送等量阴性对照;	3~4 周
表达的 miRNA 抑制剂 (miArrest) 慢病毒包装	提供 $1 \times 10^8$ TU 总量, 滴度大于 $1 \times 10^8$ TU/ml, 送等量阴性对照;	3~4 周
表达 mRNA 重组腺病毒包装	提供 $1 \times 10^{10}$ PFU 总量, 滴度大于 $1 \times 10^{10}$ PFU/ml, 送等量阴性对照;	4~5 周
表达 microRNA 重组腺病毒包装	提供 $1 \times 10^{10}$ PFU 总量, 滴度大于 $1 \times 10^{10}$ PFU/ml, 送等量阴性对照;	4~5 周
表达 shRNA 重组腺病毒包装	提供 $1 \times 10^{10}$ PFU 总量, 滴度大于 $1 \times 10^{10}$ PFU/ml, 送等量阴性对照;	4~5 周
表达 mirshRNA 重组腺病毒包装	提供 $1 \times 10^{10}$ PFU 总量, 滴度大于 $1 \times 10^{10}$ PFU/ml, 送等量阴性对照;	4~5 周
表达的 miRNA 抑制剂 (miArrest) 腺病毒包装	提供 $1 \times 10^{10}$ PFU 总量, 滴度大于 $1 \times 10^{10}$ PFU/ml, 送等量阴性对照;	4~5 周
复制型 AdV (溶瘤腺病毒)	包装具有复制能力的增值型腺病毒 (即溶瘤腺病毒), 其它情况不变	4~5 周
Ad5/F35 型腺病毒包装	仅 Ad5 的 Fiber 为 35 型, 其它与 Ad5 相同, 费用增加 50%。	4~6 周
腺相关病毒包装	根据客户要求包装 AAV, 提供包装流程及相关实验资料, 病毒包装基因的检测结果等, 主要包装 1 型和 2 型的 AAV, 其它类型的流程相同, 价格有所不同, 具体情况请咨询。	4~6 周
双链腺相关病毒包装	双链腺相关病毒 (scAAV) 绕开了病毒 DNA 第二条链合成这一限速步骤, 能显著提高 AAV 的转导效率	4~6 周

## siRNA/miRNA 载体 (质转) 构建服务

## siRNA/miRNA Vector (Plasmid) Construction Services

## 服务简介

siRNA: 小或短干扰 RNA (small / short interfering RNA, siRNA) 是一类 20~25 个核苷酸长度的双链 RNA 分子, 其主要在 RNAi 通路中起作用, 通过降解目标基因 mRNA 干扰特异基因的表达。此外 siRNA 在 RNAi 相关的通路中也起作用, 如抗病毒机制, 基因组染色体结构的塑造等。其结构是一段完全互补的 RNA 双链, 两端各有两个未互补的碱基。

MicroRNA (miRNA) 为长度为 22 nt 左右的非蛋白编码的调控小 RNA, 类似于 siRNA。广泛存在于真核生物中, 成熟的 miRNA 通过碱基配对结合到与其互补的

mRNA 位点调控基因表达。与靶 mRNA 不完全互补的 miRNA 在蛋白质翻译水平上抑制其表达。然而, 也有证据表明, 这些 miRNA 也有可能影响 mRNA 的稳定性, 使用这种机制的 miRNA 结合位点通常在 mRNA 的 3' 端非翻译区。每个 miRNA 可以有多个靶基因, 而几个 miRNAs 也可以调节同一个基因。这种复杂的调节网络既可以通过一个 miRNA 来调控多个基因的表达, 也可以通过几个 miRNAs 的组合来精细调控某个基因的表达。随着 miRNA 调控基因表达的研究的逐步深入, 将帮助我们理解高等真核生物基因组的复杂性和复杂的基因表达调控网络。

## 客户提供

提供信息

目的基因名称、种属、序列、GeneBank ID

## 最终交付

交付成品

每个表达载体提供 50  $\mu$ g 质粒 (经纯化和去内毒素), 提供阴性对照一个

交付报告

载体构建报告: 为客户提供 siRNA/miRNA 序列, 载体构建测序报告, 质粒浓度和纯度测定数据, 以及相关的实验步骤和实验资料。

## 基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
shRNA 表达载体构建	构建 1 个目的基因的 shRNA 载体 50 µg (加 NC 对照 1 个)	1~2 周
shRNA 表达载体构建套餐	构建 3 个目的基因的 shRNA 载体套餐 50 µg / 个 (加 NC 对照 1 个)	2~3 周
mirshRNA 表达载体构建	构建 1 个目的基因的 mirshRNA 载体 50 µg / 个 (加 NC 对照 1 个)	2~3 周
micoRNA 表达载体构建	构建 1 个表达 micoRNA 载体 50 µg / 个 (加 NC 对照 1 个)	2~3 周
miRNA 抑制剂 (miArrest) 表达载体构建	构建 1 个目的表达 miRNA 抑制剂 (miArrest) 载体 50 µg / 个 (加阴性对照 1 个)	2~3 周

## RNA 干扰

### RNA Interference

#### 服务简介

RNA 干扰 (RNA interference, RNAi) 技术, 是将与内源 mRNA 编码区同源的小片段 (19~23 bp) 外源双链 RNA (siRNA) 导入细胞中, 引发细胞中相应 mRNA 高效特异性降解, 从而导致特定基因表达沉默 (knock down) 的一种实验技术。其中通过构建载体表达 siRNA 是多种 siRNA 制备

方法中唯一有可能进行长期基因沉默研究的方法, siRNA 载体可以在细胞内直接转录出 shRNA, 其干扰效果等同于 siRNA, 而且能够解决 siRNA 干扰时间短的缺点。

#### 客户提供

可选样品

客户可选择自己提供载体

可选信息

靶基因名称、序列或 GeneBank ID 及希望插入载体的名称等

#### 最终交付

交付报告

实验报告: 包括 siRNA 序列、构建载体的测序报告、荧光定量 PCR 检测报告、Western Blot 图片及全部实验数据和详细的实验步骤。

#### 基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
慢病毒介导 siRNA 实验服务	分为慢病毒介导的 siRNA 筛选和有效干扰稳定细胞系建立两个项目, 包括细胞培养、shRNA 载体构建、慢病毒包装和感染、qPCR 及 WB 检测等。	7~10 周
腺病毒介导的 siRNA 实验服务	包装干扰病毒、细胞感染、qPCR、WB 等	8~10 周
脂质体介导的 siRNA 实验服务	构建脂质体介导载体、转染细胞、qPCR、WB 等	6~8 周

## VIII 分子生物学服务 — 基因组改造

### 微生物基因组改造

#### Microbial Genomes Reconstruction

##### 服务简介

生工生物采用经典的自杀质粒方法和高效率的噬菌体 Red 重组系统, 经过多年的技术和资源积累, 微生物基因组改造是通过打断、缺失或替换基因组上目的基因, 达到研究和利用基因功能和性状的目的, 已成功地在以下种类的微生物中实现了基因改造: 大肠杆菌 (实验室菌株和野生菌株)、沙门氏菌、奇异变形杆菌、阪崎肠杆菌、阴沟肠杆菌、葡萄球菌、链球菌、乳酸菌、

假单胞菌等。

##### 客户提供

提供样品

带有单菌落的平板、斜面或甘油菌。

提供信息

- 客户需要提供详细的菌株基因型、抗性情况或 ATCC NO. 等情况;
- 细菌生活所必需的基因一般无法进行改造, 客户实验前需要确认目的基因是否会影响菌株的正常生长, 若由于目的基

因为细菌生长必需基因使实验失败所造成的一切损失由客户承担。

##### 最终交付

交付成品

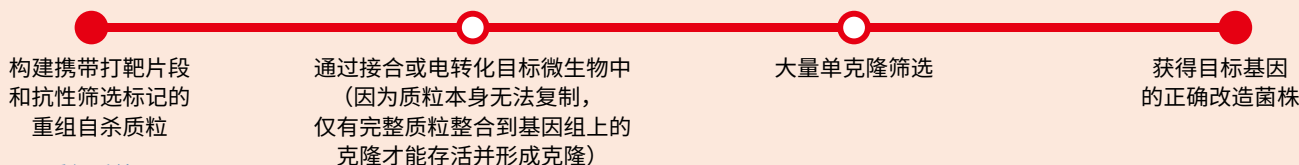
经过改造后甘油菌、引物等

交付报告

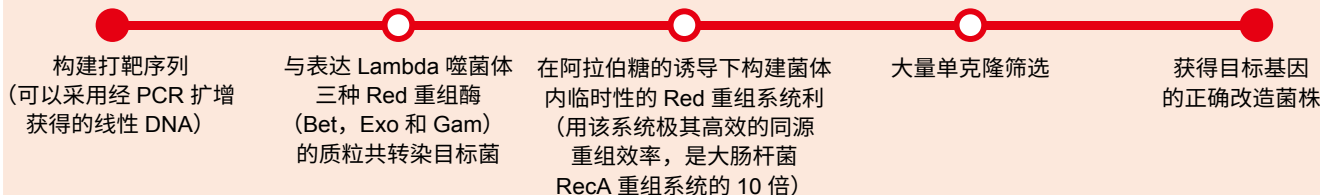
实验报告 (包括 PCR 产物照片、测序结果等)、测序彩色波形图、测序方向图、碱基序列图、电子版结果

##### 基本流程

###### 自杀质粒方法:



###### Red 重组系统:



##### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
微生物基因改造	包括插入抗性基因打断目的基因、插入抗性基因缺失目的基因、目的基因插入或替换原有基因和改造菌株的无痕处理。	1~3 个月

### 植物转基因服务

#### Plant transgenic technology services

##### 服务简介

随着高等植物的细胞培养、组织分化和再生, 以及基因组重组技术发展的日趋成熟, 植物转基因技术应运而生。植物转基因技术是运用科学的手段从植物体中提取所需要的基因, 将其转入另一种植物中, 使其与另一种植物的基因组进行重组, 再从结果中进行数代的人工选育, 从而获得特定

的具有变异遗传性状的物质。

##### 客户提供

提供样品

- 客户可直接提供构建好的转化载体, 也可以委托公司进行基因克隆和表达、沉默、敲除 (CRISPR/Cas9)、VIGS 等各类载体构建。

提供信息

- 填写《植物转基因服务订单》
- 其它我们认为实验必须的相关资料

##### 最终交付

交付报告

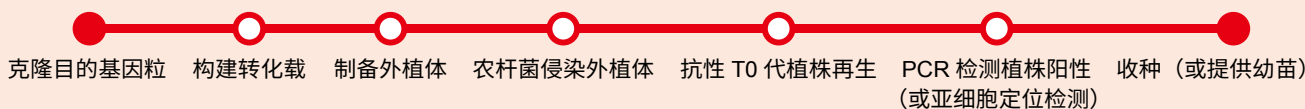
实验报告

交付成品

植株或种子



基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期	
过表达载体	目的基因调取装到表达载体	2-3 周	
载体构建	RNAi 沉默载体	根据目的基因 mRNA 或 miRNA 设计干扰靶点构建到干扰载体	2-3 周
	miRNA 沉默载体		
	CRISPR/Cas9 编辑载体		
植物转化	亚细胞定位	目的基因带荧光蛋白标签转染植物后共聚焦拍照	4-6 周
	启动子验证	验证启动子对下游基因的表达影响	4-6 周
	稳定转化	不同的载体转染植株筛选不同的稳定植物, 有成熟转染体系的植株有拟南芥、烟草、番茄、水稻、棉花、枸杞、黄瓜等, 其他植株需要进行新转化体系开发。	咨询

## Cas9 系统基因敲除

### Cas9 Gene Knockout

服务简介

原核生物规律成簇的间隔短回文重复 (Clustered regularly interspaced short palindromic repeats, CRISPRs) 适应性免疫系统是细菌和古细菌一种不断进化适应的免疫防御机制, 其中内切核酸酶 Cas9 属于研究最深入的 II 型 CRISPR/Cas 系统。微生物通过这一机制剪切并破坏病毒和质粒。这种 Cas9 系统结合其它的基因工程

技术, 用于对基因组中目标 DNA 进行改造, 必将在生物、农业、环境研究及医学领域有着广泛的应用前景。

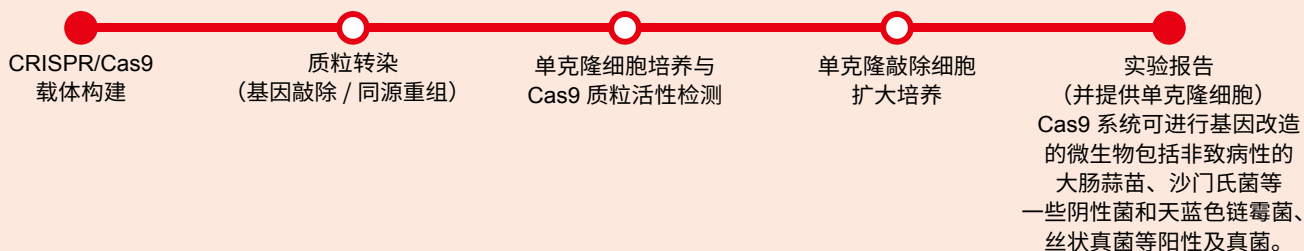
客户提供

- 提供样本
- 目的细胞株
- 提供信息
- 目的基因名称、种属、序列或 GeneBank ID

最终交付

- 交付成品
- 目的细胞株
- 经过改造后的细胞
- 交付报告
- 实验报告 (包括实验过程、耗材试剂、测序结果等)、测序彩色波形图、测序方向图、电子版结果

基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
CRISPR/Cas9 质粒构建	针对目标基因构建 Cas9 质粒 (提供质粒 50 µg 和测序报告)。	1 周
活性 Cas9 质粒	针对目标基因的活性基因敲除 Cas9 质粒 (提供质粒 50 µg 和 293T 细胞)。	2 周
CRISPR/Cas9 基因敲除细胞系	提供经单克隆测序验证, 至少单等位基因敲除的细胞系。	8~10 周
CRISPR/Cas9 细菌基因敲除	提供经单克隆测序验证, 保证基因发生移码突变敲除的细菌单克隆。	3~5 周
CRISPR/Cas9 细菌基因定点突变	提供经单克隆测序验证, 达到定点突变的目的	4~6 周

## VIII 分子生物学服务 — 基因芯片

## 基因芯片

## Gene Chip

## 服务简介

基因芯片 (Gene Chip) 也称 DNA 芯片或微阵列 (Microarray)。20 世纪 90 年代中叶 DNA 芯片技术出现前, 传统分子生物学技术通常只能同时对少数几个基因的表达情况进行研究。决定生物形态或某种生物现象通常是成百上千的基因共同作用的结果, 作为一种能够获得大量基因表达图谱的高

通量技术, 基因芯片应运而生。基因芯片技术系指将大量探针分子固定于支持物上后与标记的样品分子进行杂交, 通过检测每个探针分子的杂交信号强度进而获取样品分子的数量和序列信息。上海生工为客户提供稳定而系统的芯片实验服务及全面解决方案, 可为客户提供芯片杂交、洗涤、扫描和数据分析等服务。

## 客户提供

提供样本  
细胞、新鲜组织、DNA 或 RNA 样品  
提供信息  
物种信息、订购的芯片名称、样本数量等

## 最终交付

交付报告  
样本质检报告、芯片扫描原始数据、数据分析报告

## 基本流程



## 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
样本抽提及质检	采用 Nanodrop ND-2000 和 / 或 Agilent 2100 Bioanalyzer 系统对总 RNA 进行定量和 / 或质量检测	5 日
芯片检测	标记、杂交、洗涤, 用激光共聚焦扫描仪对杂交后的芯片进行扫描	10 日
数据分析	数据归一化、差异分析、聚类分析及功能分析等	5 日

## 芯片类型及型号参数

芯片类型	芯片型号	物种	规格
表达谱芯片	Agilent SurePrint G3 Human Gene Expression 8x60K V2	人	8
	Agilent SurePrint G3 mouse Gene Expression 8x60K	小鼠	8
	Agilent SurePrint G3 rat Gene Expression 8x60K	大鼠	8
	Affymetrix GeneChip® Human Genome U133 Plus 2.0 Array	人	1
	Affymetrix GeneChip Human Transcriptome Array 2.0	人	1
	Affymetrix GeneChip Human Gene 2.0ST Array	人	1
	Affymetrix GeneChip Mouse Gene 2.0 ST Array	小鼠	1
	Affymetrix GeneChip Mouse Genome 430 2.0 Array	小鼠	1
miRNA 芯片	Affymetrix GeneChip Rat Genome 230 2.0 Array	大鼠	1
	Agilent Human miRNA Array V21.0	人	8
	Agilent mouse miRNA Array V21.0	小鼠	8
	Agilent rat miRNA Array V21.0	大鼠	8
甲基化芯片	Affymetrix miRNA 4.0 Array	203 个物种	1
	HumanMethylation450K	人	12
SNP 芯片	HumanMethylation850K	人	8
	HumanOmnizhonghua-8	人	8
	Global Screening Array	人	24

## VIII 分子生物学服务 —— 核酸与蛋白相互作用研究

### SELEX 适配体文库筛选

SELEX (Systematic Evolution of Ligands by Exponential Enrichment) Aptamer Library Screening

#### 服务简介

SELEX 技术即指数富集的配基系统进化技术 (Systematic Evolution of Ligands by Exponential Enrichment, SELEX)。利用该技术可以从随机单链核酸序列库中筛选出特异性与靶物质高度亲和的核酸适配体 (Aptamer)。SELEX 技术的基本思想是体外化学合成一个单链寡核苷酸库, 用它与靶物质混合, 通过重复的筛选与扩增, 洗去与靶物质不结合或与靶物质有高亲和力外的核酸分子, 分离纯化与靶物质高度亲和的核酸适配体。SELEX 技术及核酸适配体具有库容量大, 适应范围广泛; 分辨率高, 实用性强; 亲和力高; 筛选过程相对简便、快速、经济; 适配子体积小等优势。该技术体外诊断和体内治疗及药物的开发等方面都具有应用。

#### 客户提供

提供信息

- 蛋白质类靶标——可为蛋白质溶液 / 冻干粉 / 表达在细胞表面的蛋白质分子;
- 如为蛋白质溶液提供 50 μg 纯度 >99% 的蛋白质;
- 告知蛋白质的确切名称, 并附上该蛋白相关说明及生物或环境安全的相关信息;
- 如为表达在细胞表面的蛋白质分子, 请提供表达该蛋白的细胞和空宿主细胞; 由于筛选过程中需要活细胞, 我们将为此种样品提供短时的细胞培养服务 (另收费), 客户可提供可配制 500 ml 培养基所需的材料。
- 其它小分子物质靶标:
- 提供 50 μg 小分子与载体的偶联物 (附偶联率检测报告);
- 小分子的确切名称, 并附上生物或环境

安全的相关信息;

- 提供游离的小分子物质 (溶液或固体, 视具体物质而定)。

#### 最终交付

交付成品

- 能够与靶标结合, 序列各异且亲和力 (Kd) 在  $10^{-8}$ ~ $10^{-10}$  nmol/L 的核酸适配体单克隆若干 (视最终测序结果)
- 带有核酸适配体 (载体) 单克隆的大肠杆菌菌液

交付报告

- 核酸适配体亲和力检测 (毛细管电泳法) 结果
- 对应核酸适配体单克隆测序的峰图
- 完整的实验报告 (实验步骤、筛选过程中的富集率数据及相关的照片等)

#### 基本流程



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
SSDNA 文库合成	合成两段固定序列随机序列的 DNA 单链文库	3 日
SSDNA 与靶标蛋白结合筛选	通过亲和力结合与洗脱重复筛选, 得到亲和力最高适配体	2~3 个月
NGS 测序	NGS 测序结果进行分析得到适配体序列	2~3 周

## EMSA 凝胶阻滞迁移电泳检测

EMSA (Electrophoretic Mobility Shift Assay) Gel Block Migration Electrophoresis Detection

### 服务简介

凝胶迁移或电泳迁移率实验 (EMSA, Electrophoretic Mobility Shift Assay) 是一种研究 DNA/RNA 结合蛋白和其相关的 DNA/RNA 结合序列相互作用的技术, 可用于定性和定量分析, 当检测如转录调控因子一类的 DNA/RNA 结合蛋白, 可用纯化蛋白, 部分纯化蛋白或核蛋白提取物。在检测 RNA 结合蛋白时, 依据目的 RNA 结合蛋白的位置, 可用纯化或部分纯化的

蛋白, 也可用细胞核或胞质提取物进行检测。

### 客户提供

提供样品

- 纯化的蛋白、DNA 样品及序列
- 目的蛋白一抗及相关试剂盒
- 阳性对照样品 (尽量提供)

提供信息

- 预测核酸作用基因序列
- 有相关文献请提供

### 最终交付

交付报告

- 探针设计合成信息
- 预实验、正式实验的胶片曝光及扫描图片
- 完整的实验报告 (含实验步骤、流程及试剂耗材厂家)

### 基本流程



### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
荧光标记探针	利用近红外荧光标记探与蛋白结合在凝胶板上通过近红外扫描仪直接测定电泳位置	3~5 工作日
蛋白标准样品的制备与浓度精确测定	蛋白样品制备要现配现用	1~2 周
EMSA 凝胶电泳迁移检测	1 个探针和 1 个蛋白做一个 EMSA 反应 (4 条泳道, 包括 1 条 free probe 泳道, 3 条蛋白梯度泳道)	3~5 日

## DNase I 足迹分析实验

### DNase I Footprinting Assay

#### 服务简介

DNase I footprinting 是一种精确鉴定 DNA 结合蛋白（如转录调控蛋白）在 DNA 分子上的结合位点的检测方法。转录调控蛋白通过与启动子区域结合来调控靶标基因的转录。目前，凝胶阻滞实验 (EMSA) 和 DNase I 足迹分析实验是重要的一套体外研究工具：凝胶阻滞实验可以确定转录因子是否与 DNA 直接结合，而 DNase I 足迹分析实验则可以精确鉴定其结合的 DNA 序列，从而帮助我们研究基因转录调控的机制。经典的 DNase I 足迹分析实验需要使用同位素进行标记，不仅危险，而且费

时、对操作者的技术要求高、成功率低。针对这种情况，本公司利用“荧光标记”结合 ABI 测序仪的方法来进行 DNase I 足迹分析实验。优点是：由于可以进行 DNA 的精确定量，并可以在常规的实验台上面操作；可重复性要远远好于同位素操作；ABI 测序仪的操作体系非常成熟，灵敏度高，重复性好。因此，荧光标记法更灵敏度，获得的保护区域更清晰，图片的质量更好。

#### 客户提供

提供样品

- 纯化的蛋白
- DNA 样品及引物序列

提供信息

- 提供 EMSA 结果图及实验参数以便于接下来的 DNase I 足迹分析实验

#### 最终交付

交付报告

- 原始数据、结果图片
- 数据处理：确定检出的蛋白保护序列并提供可发表图片
- 撰写实验报告

#### 基本流程



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
探针制备及与蛋白结合	客户提供准确的 DNA 结合蛋白的序列范围序列，或根据文献设计探针合成。	1~2 周
DNase I 梯度酶切	需要进行反复摸索条件达到对 DNA 部分酶切的效果。	1~2 周
ABI 测序仪检测	检测结果进行图片与数据处理，确定检出的蛋白保护序列，并提供可发表图片。	3~5 日

## 沉降技术

### Pull Down Assay

#### 服务简介

#### GST-pull-down

利用 GST 融合蛋白沉降技术，将靶蛋白与 GST 标签蛋白进行融合表达，纯化获取融合表达蛋白。靶蛋白 -GST 融合蛋白亲和固化在谷胱甘肽亲和树脂上，作为与目的反比亲和的支撑物，充当诱饵蛋白，目的蛋白溶液裹住纯化，即可捕获与之相互作用的捕获蛋白，洗脱结合物，通过

SDS-page 电泳分析，或联用 WB 和 MS 检测，可验证蛋白间的相互作用或筛选获取相应的目的蛋白。

#### 客户提供

提供样品

- 构建表达纯化靶蛋白与相关诱饵蛋白（也可由公司构建）或含诱饵蛋白的细胞样品
- 可用于 WB 检测和 IP 实验的 GST

标签抗体

#### 最终交付

交付报告

- 原始数据、结果图片
- 标准实验报告（含实验步骤、流程及试剂耗材厂家）
- SCI 标准 Result Figure

#### 服务简介

#### RNA/DNA pull-down

Pull down 是检测 RNA/DNA 结合蛋白与其靶 RNA/DNA 之间相互作用的主要实验手段之一。用生物素标记 RNA/DNA 探针，与胞浆蛋白提取液孵育，形成 RNA/DNA- 蛋白质复合物。该复合物可与链亲和素标记的磁珠结合，从而与孵育液中的其他成分分离。复合物洗脱后，通过 Western Blot 实验检测特定的 RNA/ DNA 结合蛋白是否与 RNA/DNA

相互作用，还可以对该蛋白进行质谱（MS）鉴定蛋白质类型。

#### 客户提供

提供样品

- 需检测的细胞样品
- 提供信息
- 目的基因信息
- 目的蛋白信息
- 一抗及其说明书

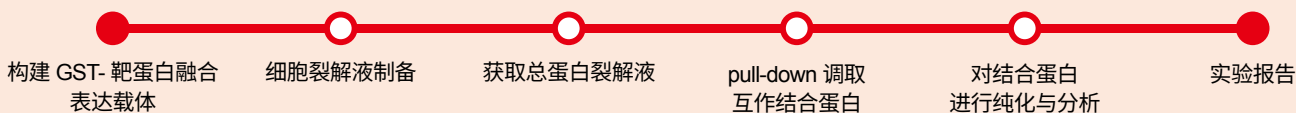
#### 最终交付

交付报告

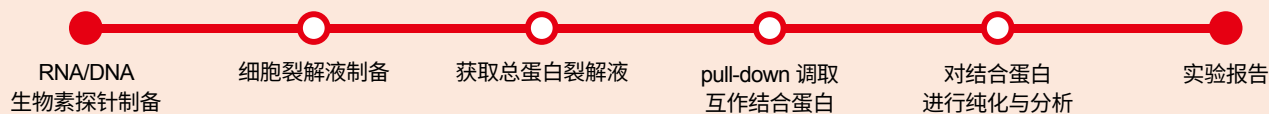
- 原始数据、结果图片
- 标准实验报告（含实验步骤、流程及试剂耗材厂家）
- SCI 标准 Result Figure

#### 基本流程

##### GST-pull-down



##### RNA/DNA pull-down



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
GST-pull down	通过磁珠结合捕获，形成复合体形式，更加灵敏和针对性获取结合蛋白：磁珠与 GST 抗体孵育结合，通过与样品裂解液孵育，形成磁珠 -GST 抗体 - GST 融合蛋白 - 互作结合蛋白复合体，进而纯化获取目的结合蛋白。	8~10 周
RNA pull down	需要相关文献及客户的要求，根据基因序列进行 DNA 序列 T 克隆，做外转录成 RNA，再进行生物素标记，与细胞裂解液结合分离结合蛋白。	8 周
DNA pull down	可以直接合成生物素标记 DNA 探针，与细胞裂解液结合，磁珠法筛选分离结合蛋白。	8 周

IX 蛋白、代谢与免疫学分析服务 — 蛋白质解析

技术服务之 IX 蛋白、代谢与免疫学分析服务

### 氨基酸 N 端测序

Amino Acid N-terminal Sequencing

#### 服务特色

- 方法经典
- 准确

#### 服务简介

蛋白质和多肽 N 端测序技术是以 Edman 化学降解法为基础，其基本原理包括通过异硫氰酸苯脂与蛋白质或多肽的 N 端残基的偶联，苯氨基硫甲酰酐 (PTC- 肽) 环化裂解，和噻唑啉酮苯氨 (ATZ) 转化为苯异硫尿氨基酸 (PTH- 氨基酸) 三个主要化学步骤，每个循环从蛋白质或多肽裂解一个氨基酸残基，同时暴露出新的氨基酸进行下一个 Edman 降解，最后用 HPLC 法鉴定 PTH-

氨基酸，实现蛋白质序列的测定。公司引进的 PPSQ-31A 蛋白序列测序系统可完成全程工作。

#### 客户提供

提供样品

蛋白样品，要求如下：

- 状态：干粉、溶液或固定于 PVDF 膜上；
- 浓度及纯度：总量 ≥200 μg，纯度 >90%，浓度 >0.5 mg/ml；
- 含盐量：挥发无极盐 <20 mM，不挥发无机盐 <5 mM。

提供信息

- 样品表观分子量范围

- 如已知序列，请尽可能提供理论序列信息
- 样品需要转膜制备时，提供相应电泳方法与带有 Marker 的电泳照片
- 样品制备方法、纯度检测方法 & 结果图谱数据
- 样品如被修饰，请详细告知修饰方法

#### 最终交付

交付报告

- 完整的报告与测定的序列

#### 基本流程

##### 方法一



##### 方法二



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
蛋白转膜	蛋白转至 PVDF 膜	1 周
氨基酸 N 端测序	使用 PPSQ-31A 蛋白序列测序系统完成全程工作	2~3 周

## 蛋白分子量测定

### Determination of Protein Molecular Weight

#### 服务简介

分子质量作为蛋白质样品的主要特征参数之一，蛋白质和多肽分子量测定是通过基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱 (5800 MALDI-TOF/TOF) 对供试品的相对分子质量进行分析，提供确定蛋白质相对分子质量的试验数据。MALDI-TOF 的核心技术就是依据样品的质荷比 (m/z) 的不同来进行检测，并测得样品的相对分子质量。

#### 客户提供

提供样品

蛋白样品，要求如下：

- 状态：干粉、溶液；
- 浓度及纯度：总量 30 μg，纯度 >90%，样品应尽量保持其纯度，不要添加任何保护剂或其他物质；
- 含盐量：挥发无盐 <20 mM，不挥发无机盐 <5 mM。

提供信息

- 样品表观分子量
- 样品制备方法、纯度检测方法及其结果图谱数据

#### 最终交付

交付报告

- 分子量测定报告

#### 基本流程



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
分子量测定	使用 MALDI-TOF 质谱仪完成项目。	2~3 周

## 双向凝胶电泳及质谱鉴定

### 2D Gel Electrophoresis & Mass Spectrum Identification

#### 服务特色

- 高分辨率
- 有效的分离差异蛋白点

#### 服务简介

双向凝胶电泳是将不同种类的蛋白质按照等电点和分子量差异进行高分辨率分离的分析方法。成功的二维电泳可以将 2,000~3,000 种蛋白质进行分离，是目前常用且能连续在一块胶上分离数千种蛋白质的一种方法。通过对蛋白质双向电泳的图谱扫描，用相关软件 (ImageScanner 等) 进行图谱差异分析，找到差异点；然后把差异点切出，进行脱色、酶解；最后样品进入质谱测试，得到质谱原始数据文件，通过搜库可得到差异蛋白质的详细信息。

蛋白质质谱鉴定是利用质谱仪进行检测并结合数据库检索的方法实现蛋白定性的一种技术；质谱仪以离子源、质量分析器和离子检测器为核心。样品在离子源内电离，产生的各种离子经过质量分析器按其质荷比 (m/z) 分离，依次被检测器检测并记录下来，采集放大离子信号，经计算机处理，绘制成质谱图，用检索软件选择相应的数据库对质谱数据进行分析，从而得到结果。MALDI 技术是将样品与化学基质混合后，点样于样品板上，通过激光轰击，基质吸收能量，将质子转移到肽段，从而被电离，进入质谱进行扫描。而 LC-MSMS 通常配合液相，从液相洗脱的多肽分子与溶剂一起喷雾形成带电液滴，去溶剂化后多肽分子离子化，进入质谱进行扫描。

#### 客户提供

提供样品

蛋白样品、组织、细胞、细菌，下载并填写《双向电泳及质谱鉴定服务订单》

#### 最终交付

交付报告

- 蛋白定量信息一份
- 胶图扫描结果图片
- 图像分析报告 (差异点列表，差异点对应位置图)
- 正式实验报告一份
- MALDI-TOF-TOF 鉴定报告 (成功率、库信息、蛋白查库结果等)



基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
双向凝胶电泳	包括样品制备和定量、IEF 及 2D (24 cm)、图像分析处理	4~8 周
Maldi tof-tof 质谱鉴定	对考染或银染双向电泳蛋白点进行检测	2~3 周

其他蛋白质谱检测订购信息

项目名称	内容	服务周期
Maldi-tof/tof 质谱鉴定	针对考染或银染蛋白条带进行质谱检测。	2~3 周
LC-MSMS 检测服务	针对考染或银染蛋白条带进行质谱检测，可选 30/60/90/120 min。	3~4 周

## 圆二色谱测定

### Circular Dichroism Spectrum

服务简介

利用蛋白质的圆二色性及不对称分子对左右圆偏振光吸收的不同来进行结构分析。圆二色谱在远紫外区的扫描图谱，反映的是蛋白质肽键的排布信息，计算所得的是蛋白质二级结构比例，即 $\alpha$ -螺旋、 $\beta$ 折叠、转角和不规则卷曲的比例；圆二色谱在近紫外区的扫描图谱，反映的是蛋白质侧链生色基团色氨酸、苯丙氨酸、酪氨酸等残基的排布信息和二硫键微环境的变化。

客户提供

提供样品

蛋白样品，要求如下：

- 远紫外：浓度 >0.5mg/ml，样本量 >200 $\mu$ g，纯度 >90%
- 近紫外：浓度 >5 mg/ml，样本量 >2 mg，纯度 >90%
- 不要添加任何保护剂或其他物质（透明性极好的磷酸盐可用作缓冲体系）。

提供信息

- 样品制备方法及缓冲液信息、纯度检测方法及其结果图谱数据
- 样品如被修饰，请详细告知修饰方法

最终交付

- 交付报告
- 服务报告

基本流程



主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
圆二色谱服务	使用圆二色谱仪完成项目。	20 日

## 质谱法多肽全序列分析服务

Mass Spectrometry for Peptides Sequence Analysis Services

### 服务简介

多肽在质谱中的碎裂有一定规律，通常最容易断裂的是肽键位置，得到分别命名为 b 离子（从 N 端）和 y 离子（从 C 端）的 M/Z 的图谱，从而进行多肽序列分析。

### 客户提供

提供样品

蛋白样品，要求如下：

- 状态：干粉、溶液
- 浓度及纯度：总量 >20 µg，纯度 >90%，样品应尽量保持其纯度，不要添加任何保护剂或其他物质
- 挥发性无机盐 <20 mM；不挥发性无机盐 <5 mM

提供信息

- 多肽理论序列
- 样品表观分子量范围
- 样品制备方法、纯度检测方法及其结果图谱数据
- 样品如被修饰，请详细告知修饰方法

### 最终交付

- 交付报告
- 服务报告

### 基本流程



### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
质谱法多肽全序列分析服务	使用 MALDI-TOF/ TOF 或者 LC-MS/MS 完成项目。	20 日

## 等电点测定服务

Isoelectric Point Determination Service

### 服务简介

平板法等电点测定：蛋白质分子在含有载体两性电解质形成的连续而稳定的线性 pH 梯度中进行电泳。蛋白质按照等电点不同被分离。

毛细管法等电点测定：

用两性电解质在毛细管内建立 pH 梯度，使具有不同等电点 (pI) 的蛋白质在电场作用下迁移到等电点的位置，形成窄的聚焦区带。然后分离好的各个不同等电点样

品在压力、电场或化学方法的作用下迁移经过检测窗口检测紫外吸收值，迁移时间与 pI 值成线性关系，据此建立 pI 标准曲线，测定样品 pI 值。

### 客户提供

提供样品

蛋白样品，要求如下：

- 状态：干粉、溶液
- 浓度及纯度：总量 >200 µg，浓度 1 mg/ml；纯度 >90%，样品应尽可能的

无盐或者低盐

提供信息

- 样品表观分子量范围及理论等电点
- 样品制备方法、纯度检测方法及其结果图谱数据
- 样品如被修饰，请详细告知修饰方法

### 最终交付

- 交付报告
- 完整的服务报告

### 基本流程



### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
等电点测定	平板法 or 毛细管法完成项目。	20 日

## 同位素标记相对与绝对定量技术 (iTRAQ / TMT)

iTRAQ(Isobaric Tag for Relative Absolute Quantitation) & TMT(Tandem Mass Tags)

### 服务特色

- 通量高
- 重复性好
- 定量准确
- 鉴定结果可靠
- 操作简单、蛋白检测范围广

### 服务简介

iTRAQ (TMT)<sup>TM</sup> 是目前运用广泛的一种标记定量蛋白质组技术，通过与氨基酸末端氨基以及赖氨酸残基的游离氨基结合，实现对多肽的标记，并通过不同分子量的试剂对不同来源样品进行标记的方式实现不同样品间蛋白质组比较的目的。

iTRAQ (TMT)<sup>TM</sup> 试剂结构由指该试剂结构由指示基团、中性平衡基团和反应基团三部分组成。不同指示基团及其相对应平衡基团的质量和都相同，而反应基团能与赖氨酸ε氨基和所有肽链的氨基末端连接。不同标记试剂与来源于不同样品胰酶消化后的肽段结合，经过色谱分离，并通过一级质谱和二级质谱。平衡基团在二级质谱时发生中性丢失，而指示基团在二级质谱低质量区域产生多个报告离子，其信号强度分别代表该标记样品的表达量，根据报告离子的峰面积计算同一蛋白质同一肽段在不同样品间的比值，从而实现蛋白的相对和绝对定量。

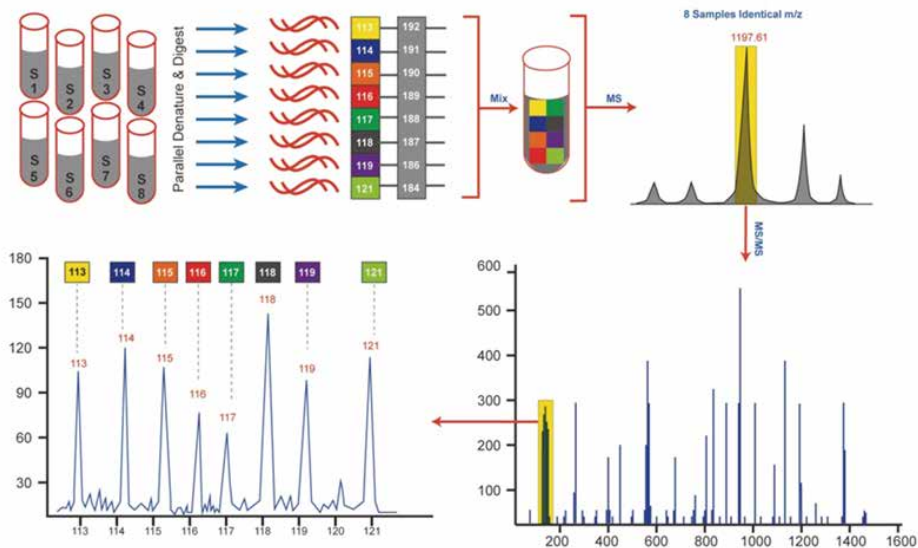
### 客户提供

- 提供样品  
待测样品，要求如下：
- 不同样品所需的量不同，详细请咨询本公司
  - 样品 -80℃ 保存，用干冰保存快递
- 提供信息
- 同位素标记服务订单登记表

### 最终交付

- 交付报告
- 原始图片、原始数据、服务项目结题报告

### 基本流程



### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
同位素标记相对和绝对定量	蛋白制备，酶解，标记，质谱分析，数据整理，蛋白组学分析。	2~3 个月

## IX 蛋白、代谢与免疫学分析服务 — 代谢组学

### 代谢组学

Metabonomics Detection

#### 服务简介

代谢物作为生物体表型的基础能够帮助我们更直观有效地了解生命现象揭示生命本质。代谢组学本质上是指从整体上研究生物体的代谢物，是对某一生物、组织或细胞中的所有低分子量代谢产物进行定性与定量分析的一门科学。代谢组学以指标分析为基础，高通量检测为手段，通过研究生物体内代谢物的种类与数量及其变化规律来阐述机体在正常生命状态及环境变化后的代谢过程。代谢组是系统生物学的分

支学科之一。目前，其研究内容主要包括对代谢物进行定性定量分析，不同基因型的生物体进行代谢组学表型研究，不同生长环境及加物理、化学或生物性刺激后个体代谢产物的应答，进行代谢途径或代谢网络解析。

#### 客户提供

提供样品

微生物和细胞样本、动物体液（如尿、血、组织、器官、唾液）、植物样本、血

清样品，尿液样品等

提供信息

代谢组学服务登记表、物种信息、分组比较要求

#### 最终交付

交付成品

总离子流色谱图、数据矩阵、多元统计分析、差异代谢物筛选、常规生物信息学分析、聚类热图分析

#### 非靶向代谢组学分析：



#### 靶向代谢组学分析：



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
非靶向代谢组学分析	样品组的差异代谢物的定性分析和相对定量	8~12 个工作周
靶向代谢组学分析	样品的靶向代谢物绝对浓度的测定	8~12 个工作周

## IX 蛋白、代谢与免疫学分析服务 — 免疫学相关服务

### 酶联免疫吸附实验 (ELISA)

Enzyme-Linked Immunosorbent Assays, ELISA

#### 服务特色

- 检测成功率高
- 周期短

#### 服务简介

酶联免疫吸附测定法 (ELISA) 是将已知抗原或抗体吸附在固相载体上, 通过抗原抗体特异性结合吸附待测样品中的抗体或抗原后, 加酶标抗体 (酶与抗体或抗原结合后, 既不改变抗体或抗原免疫反应的特异性, 又

不影响酶本身活性) 和底物后, 在相应酶底物的作用下生成有色物质, 其颜色深浅与标记物中相应的抗体或抗原的含量成正比, 由此可测定抗原或抗体的含量。

#### 客户提供

提供样品

液态类标本 (细胞培养上清、组织匀浆、血清、血浆、尿液、胸水、腹水、脑脊液等), 样本要求如下:

- 样本量: 每个样本收集体积 = 50  $\mu$ l x 检测指标数
- 客户收集样本后, 立即按要求保存, 切忌反复冻融

#### 最终交付

交付成品

检测实验数据

#### 基本流程



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
酶联免疫吸附实验 (ELISA)	间接法 / 夹心法 (根据试剂盒说明书而定)	2~4 周

### 免疫组化

Immunocytochemistry Service

#### 服务特色

- 专业的医学博士为您提供技术支持
- 经验丰富的免疫组化专家为您扫除障碍
- 提供一站式服务, 为您完成从切片到分析整个流程, 以及协助课题和项目后期的发表等工作

#### 服务简介

免疫组织化学 (Immunohistochemistry) 是一项以免疫学的抗原-抗体反应为理论基础, 应用理化方法显示细胞结构的物质成分, 进而分析研究细胞和组织的代谢、功能及其形态变化的实验技术。该方法利用抗原与抗体

特异性结合的原理, 通过化学反应使标记抗体的显色剂 (荧光素、酶、金属离子、同位素) 显色来确定组织细胞内抗原 (多肽和蛋白质), 对其进行定位、定性及定量的研究。

#### 客户提供

提供样品

- 固定好的组织或包埋好的蜡块、组织切片、细胞爬片等
- 对于要进行石蜡包埋的样品需要在手术切除样品的 2 小时内固定, 避免组织自溶及抗原变性等因素影响免疫组化检测效果
- 免疫组化试剂: 除一抗和荧光二抗外, 进行免疫组化检测试验所需的酶检测系

统由生工免费提供 (一抗和不常见二抗由客户自行购买或在生工购买)

提供信息

免疫组化 (IHC) 信息采集表, 提供详细的样品资料 (如组织来源等)

#### 最终交付

交付成品

组织切片

交付报告

完整的服务报告和图片

## 基本流程



## 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
石蜡包埋	将固定好的组织进行脱水等处理后用石蜡包埋骨组织需要进行脱钙处理	视具体个数而定
制片	可制作成石蜡切片或细胞爬片	视具体个数而定
组织 / 细胞染色	可选 HE 染色、IHC 染色和免疫荧光染色及其他常规染色	视具体实验进展而定
拍照	可选两种拍照方式，即光学显微镜或荧光显微镜拍摄	视具体实验进展而定
结果数据分析	阳性区光密度统计	视具体实验进展而定

## 免疫共沉淀

## Co-immunoprecipitation Service

## 服务特色

- 多位博士为您时刻提供技术支持；
- 专业的技术团队为您提供最优质、贴心的服务；
- 实验成功率高，周期短。

## 服务简介

免疫共沉淀 (Co-immunoprecipitation, Co-IP) 技术是检测蛋白质间相互作用的经典方法，其基本原理是以细胞内源性靶蛋白为诱饵，将靶蛋白抗体与细胞总蛋白进行共孵育，促进免疫复合物的形成；随后加入能够与抗体 Fc 段结合的 protein A/G (预先结合

固化在琼脂糖小珠上)，形成“结合蛋白 - 靶蛋白 - 靶蛋白抗体 - protein A/G 小珠”复合物，纯化该复合物后凝胶电泳分离蛋白，应用 Western blot 或者质谱技术鉴定靶蛋白的结合蛋白。

与其它研究方法相比，免疫共沉淀最大的优势在于该体系是在生理条件下检测蛋白质之间的相互作用，因此，不仅可以检测到体内形成的天然复合物，而且可排除过表达靶蛋白所带来的假阳性。其次内源性的靶蛋白质是完全加工、修饰和成熟的蛋白质，因此，依赖于修饰的蛋白质相互作用也能被检测到。

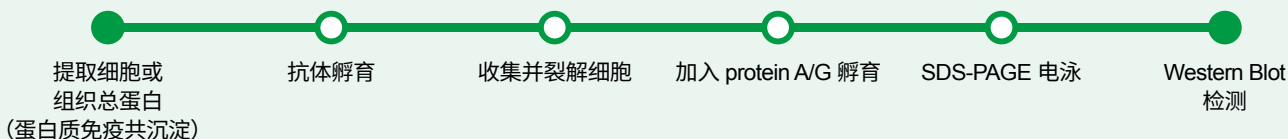
## 客户提供

- 提供样品
- 待检样本
- 构建好的目的基因表达质粒
- 免疫沉淀用抗体以及检测抗体

## 最终交付

- 交付报告
- 完整实验报告、检测结果图谱

## 基本流程



## 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
蛋白质免疫共沉淀 (Co-IP)		咨询
染色质免疫共沉淀 (Chip-IP)		咨询

## 常规 Western Blot

### Conventional Western Blot

#### 服务简介

Western Blot 是根据抗原抗体的特异性结合检测复杂样品中的某种蛋白的方法，它是在凝胶电泳和固相免疫测定技术基础上发展起来的一种新的免疫生化技术。由于免疫印迹具有 SDS-PAGE 的高分辨力和固相免疫测定的高特异性和敏感性，现已成为蛋白分析的一种常规技术。

#### 客户提供

提供样品

- 细胞或组织样本

提供信息

样本描述，目的蛋白相关资料，必要的相关实验设计内容如抗原、抗体的阴性对照等

#### 最终交付

交付报告

- 详细的实验报告
- 完整的 WB 图谱

#### 基本流程



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
蛋白提取、定量	客户提供提供细胞、组织样本	1 周
WB 预实验	客户提供蛋白信息、一抗（可由生工代购），从样本中选取 1~2 个进行预实验	1 周
WB 实验	所有样本进行实验，最终提供所有样本的 WB 实验结果	1~2 周

## » X 细胞分析与操作服务 — 细胞培养

### 细胞培养

#### Cell Culture

##### 服务特色

- 经验丰富的技术团队为您提供稳定可靠的细胞培养服务；
- 拥有完备的实验仪器设备。

##### 服务简介

代客户培养状态良好的细胞用于后续实验。负责将客户所购买的细胞冻存保种于本实验室，实验完成后客户可以要求回寄细胞。服

务完成后，生工免费为客户保存细胞 3 个月。

##### 客户提供

提供样品

- 客户需提供状态良好的细胞
- 生工提供常规细胞培养基，包括 RPMI 1640、DMEM 等（如需特殊培养基则由客户自行提供）

提供信息

如要培养的为具有确定目的基因的细胞株，需要提供其中相关目的基因的信息，以及后期实验用途以及培养要求。

##### 最终交付

交付报告

状态良好的细胞

##### 基本流程



##### 主项订购信息

服务名称	服务周期
细胞培养	1 周（具体时间根据客户要求细胞量而定）

### 细胞转染

#### Cell Transfection

##### 服务特色

- 多位博士为您时刻提供技术支持；
- 专业的技术团队免费提供技术指导，与您共同制定实验方案；
- 为您提供从方案制定、细胞培养到后期检测等一系列整体化的优质服务。

##### 服务简介

常规转染技术可分为两大类，一类是瞬时转染，一类是稳定转染（永久转染）。  
瞬时转染：外源 DNA/RNA 不整合到宿主染

色体中，因此一个宿主细胞中可存在多个拷贝数，产生高水平的表达，但通常只持续几天，多用于启动子和其它调控元件的分析。  
稳定转染：外源 DNA 既可以整合到宿主染色体中，也可能作为一种游离体（episome）存在。

##### 客户提供

提供样品

- 宿主细胞
- 真核表达载体（如无法提供真核表达载

体，可选择我们的载体构建服务）

- 目的蛋白抗体

##### 最终交付

交付报告

- 瞬时转染：完整的实验报告及剩余质粒
- 稳定转染：完整实验报告、剩余质粒、稳定表达目的蛋白的细胞株



基本流程

瞬时转染



稳定转染



主项订购信息

服务名称	服务周期
细胞瞬时转染	1~2 周
细胞稳定转染	7~9 周

» X 细胞分析与操作服务 —— 细胞检测

细胞增殖检测 (MTT/CCK-8)

Cell Proliferation Detection (MTT/CCK-8)

服务特色

- 为您量身定制实验方案及可靠的实验方法;
- 为您提供从方案制定、细胞培养到后期检测等一系列整体化的优质服务。

服务简介

四甲基偶氮唑盐比色法 (MTT 方法) 是通过快速简便的颜色反应来检测细胞存活数量。其原理是 MTT 可作为哺乳类动物细胞线粒体中琥珀酸脱氢酶的底物。当有活细胞存在时, 线粒体内琥珀酸脱氢酶可将淡

黄色的 MTT 还原成蓝紫色的针状甲瓩 (Formazan) 结晶并沉积在细胞中, 结晶物能被二甲基亚砷 (DMSO) 溶解, 用酶联免疫检测仪在 570 nm 波长处测定其吸光度 OD 值, OD 值的高低可间接反映活细胞的数量及其活性。

CCK-8 试剂中含有 WST-8, 它在电子载体的作用下被细胞线粒体中的一些脱氢酶还原生成橙黄色的 formazan。细胞增殖越多越快, 则颜色越深; 细胞毒性越大, 则颜色越浅。和 MTT 法相比, CCK-8 法检测灵敏度更高, 产物更易溶解, 检测结果更加稳定。

客户提供

- 提供样品
- 检测用细胞
- 处理试剂
- 提供信息
- 样品处理方法

最终交付

- 完整实验报告 (包含数据分析)
- 剩余试剂

基本流程



主项订购信息

服务名称	服务周期
MTT/CCK-8 细胞增殖检测	2~3 周

## 细胞凋亡检测 (TUNEL 法)

Cell Apoptosis Detection (TUNEL Assay)

### 服务特色

- 实验结果可靠稳定，实验周期短；
- 专业的技术团队为您提供优质、贴心的服务。

### 服务简介

细胞凋亡中，染色体 DNA 双链断裂或单链断裂而产生大量的粘性 3' -OH 末端，可在脱氧核糖核苷酸末端转移酶 (TdT) 的作用

下，将脱氧核糖核苷酸和荧光素、过氧化物酶、碱性磷酸酶或生物素形成的衍生物标记到 DNA 的 3' 末端，从而可进行凋亡细胞的检测。由于正常的或正在增殖的细胞几乎没有 DNA 的断裂，因而没有 3'-OH 形成，很少能够被染色。所以通过 TUNEL 法，即 DNA 片段末端标记 (Fragment End Labeling, FragEL) 从而可进行凋亡细胞的检测。

### 客户提供

提供样品

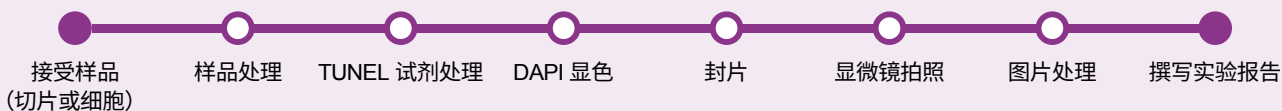
细胞或固定好的组织样本以及相关试剂

### 最终交付

交付报告

详细实验报告 (包含数据分析) 及原始图片

### 基本流程



### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
预实验	包括阳性及阴性对照	1 周
样品处理	包括组织石蜡包埋、切片或细胞爬片制备	1~3 周
TUNEL 检测	DAPI 显色 / 荧光 TUNEL 检测，显微镜成像分析	1~2 周
拍照及图片处理		1~3 日

## Transwell 细胞实验

### Transwell Experiment

#### 服务特色

- 实验结果可靠稳定，实验周期短；
- 专业的技术团队为您提供优质、贴心的服务。

#### 服务简介

Transwell 小室底层的一张有通透性的膜（一般为聚碳酸酯膜），将其放置于孔板中，小室内称上室，培养板内称下室。由于聚

碳酸酯膜有通透性，下层培养液中的成分可以影响到上室内的细胞。应用 Transwell 可研究下层培养液中的成分对细胞生长、运动等的影响。

#### 客户提供

提供样品  
生长状态良好的实验细胞

#### 提供信息

- 细胞培养条件
- 实验设计内容（如样本浓度等）

#### 最终交付

交付报告  
完整实验报告

#### 基本流程



#### 主项订购信息

服务名称	服务内容	服务周期
Transwell 细胞共培养	研究某一细胞分泌或代谢产生的物质对另一细胞的影响	1~2 周
Transwell 细胞趋化实验	研究某一细胞分泌产物或某个因子 / 蛋白对另一细胞迁移的影响	1~2 周
Transwell 肿瘤迁移实验	研究肿瘤细胞的迁移能力或特定情况下肿瘤细胞的迁移能力	1~2 周
Transwell 肿瘤侵袭实验	研究肿瘤细胞的侵袭能力或特定情况下肿瘤细胞的侵袭能力	1~2 周

## 联系我们

### 总部

地址：上海市松江区香闵路 698 号

邮编：201611

电话（总机）：400-821-0268；021-57072168

传真：400-821-0268 按 9

Email: sales@sangon.com（中国大陆）

order@sangon.com（国际及港澳台）

### 投诉与建议

电话：400-821-0268 按 3

Email: mbts@sangon.com

### 合成测序服务网点

地区	引物合成网点联系方式	测序网点联系方式
上海	电话：021-57072171/72/73/74 传真：021-57072170 邮箱：synth@sangon.com	电话：021-57072160/61/62 邮箱：shseq@sangon.com
北京	电话：010-81767585/86 传真：010-81767586 邮箱：beijing@sangon.com	电话：010-81767529/79 邮箱：bjseq@sangon.com
武汉	电话：027-65522298 邮箱：whsynth@sangon.com	电话：027-59355337 邮箱：whseq@sangon.com
广州	电话：020-38452026 传真：020-32207701 邮箱：gz_synth@sangon.com	电话：020-66310758/38452693 邮箱：gzseq@sangon.com
南京	电话：025-85383702 邮箱：njsynth@sangon.com	电话：025-85383701 邮箱：njseq@sangon.com
成都	电话：028-64259944 邮箱：cdsynth@sangon.com	电话：028-64259946 邮箱：cdseq@sangon.com
郑州	电话：0371-63313093、0371-61652655 邮箱：zzsynth@sangon.com	电话：0371-61171352 邮箱：zzseq@sangon.com
青岛	电话：0532-68012226 邮箱：qdsynth@sangon.com	电话：0532-68012178 邮箱：qdseq@sangon.com
长春		电话：13636536956 邮箱：ccseq@sangon.com
昆明		电话：15021124412 邮箱：kmseq@sangon.com
西安		电话：021-57072160/18602966712 邮箱：xaseq@sangon.com
厦门		电话：17602185336 邮箱：xmseq@sangon.com



网上订购，更多产品信息，请点击 [www.sangon.com](http://www.sangon.com)

## 生工生物全国销售网点联系方式 (按省份首字母排列)

省份	网点	手机	办公电话	邮箱	传真
安徽	合肥	18917713933	0551-62840782	anhui@sangon.com	
北京	北京	18917713568	010-53619788	bjorder@sangon.com	010-51626335
重庆	重庆	18917713833	023-81363286	chongqing@sangon.com	
福建	福州	18917713433	0591-83842900	fuzhou@sangon.com	
	厦门	18917713608	0592-2181892	xiamen@sangon.com	
甘肃	兰州	18917713818	0931-8310565	lanzhou@sangon.com	0931-8310565
广东	广州	13318781715	020-32206684	guangzhou@sangon.com	020-32207701
	深圳	18917713663	0755-86011411	shenzhen@sangon.com	0755-86011411
广西	南宁	18917713345	0771-3821595	nanning@sangon.com	
贵州	贵阳	18917714277		guiyang@sangon.com	
海南	海口	18917713368	0898-66862960	haikou@sangon.com	
河北	石家庄	18917713638	0311-85046606	shijiazhuang@sangon.com	
河南	郑州	18917713330	0371-56690353	zhengzhou@sangon.com	
黑龙江	哈尔滨	18917713822	0451-83331061	haerbin@sangon.com	
湖北	武汉	18917713883		wuhan@sangon.com	
湖南	长沙	17752882112	0731-84556676	changsha@sangon.com	
吉林	长春	18917710639	0431-88541636	changchun@sangon.com	0431-88541636
江苏	南京	18917713993	025-86667569	nanjing@sangon.com	
	苏州	13616278094		suzhou@sangon.com	
	无锡	18917713555	0510-85881640	wuxi@sangon.com	
	徐州	18917713668	0531-82951640	xuzhou@sangon.com	
江西	扬州	18917713633		yangzhou@sangon.com	
	南昌	18917713868	0791-86853779	nanchang@sangon.com	
辽宁	大连		0411-39759235	dalian@sangon.com	
	沈阳	18917713477	024-23412941	shenyang@sangon.com	
内蒙古	呼和浩特	18917713400		neimenggu@sangon.com	
青海	西宁	18917713848	0971-8814295	qinghai@sangon.com	
山东	济南	13953192492	0531-82951640	jinan@sangon.com	0531-82941640
	青岛	18053235633	0532-66012680	qingdao@sangon.com	
山西	太原	18917713299		taiyuan@sangon.com	
陕西	西安	18917713699	029-82497082	xian@sangon.com	
上海	上海	18917713773、18917713798	021-64746299	shanghai@sangon.com	
四川	成都	18180498155	028-87434681	chengdu@sangon.com	
天津	天津	18917713568	022-23431211	tianjin@sangon.com	
新疆	乌鲁木齐	18917713877		wulumuqi@sangon.com	
云南	昆明	18917713411	0871-65170776	kunming@sangon.com	
	杭州	18917713636	0571-88497313	hangzhou@sangon.com	
浙江	宁波	18758365134		ningbo@sangon.com	
	温州	18917713948		wenzhou@sangon.com	

向您介绍优惠的活动信息和最新的产品信息

▶▶ <http://www.sangon.com>

