



转录组分析(mRNA-seq)

【产品介绍】

转录组分析(mRNA-seq)，转录组测序是一种用于研究生物体内所有转录本（mRNA）的技术。它通过测量细胞或组织中的RNA序列来揭示在特定条件下哪些基因被表达，以及它们的表达水平如何变化。目前第二代高通量测序技术已经在转录组的研究上被广泛应用，其全面性、高通量、定量精度、动态性、功能注释的特性，为生物学研究提供了重要的支持和推动。

- 样本类型：动物组织、细胞、血液、细菌、还有植物组织。



技术路线

Clean Data

参考序列对比分析

基因表达水平分析

相关性分析

基因差异表达分析

技术参数 (举例)

实验策略150bp

测序量 <8G

项目周期 21天

GO富集分析

KEGG富集分析



简石官网



简石视频号



简石公众号

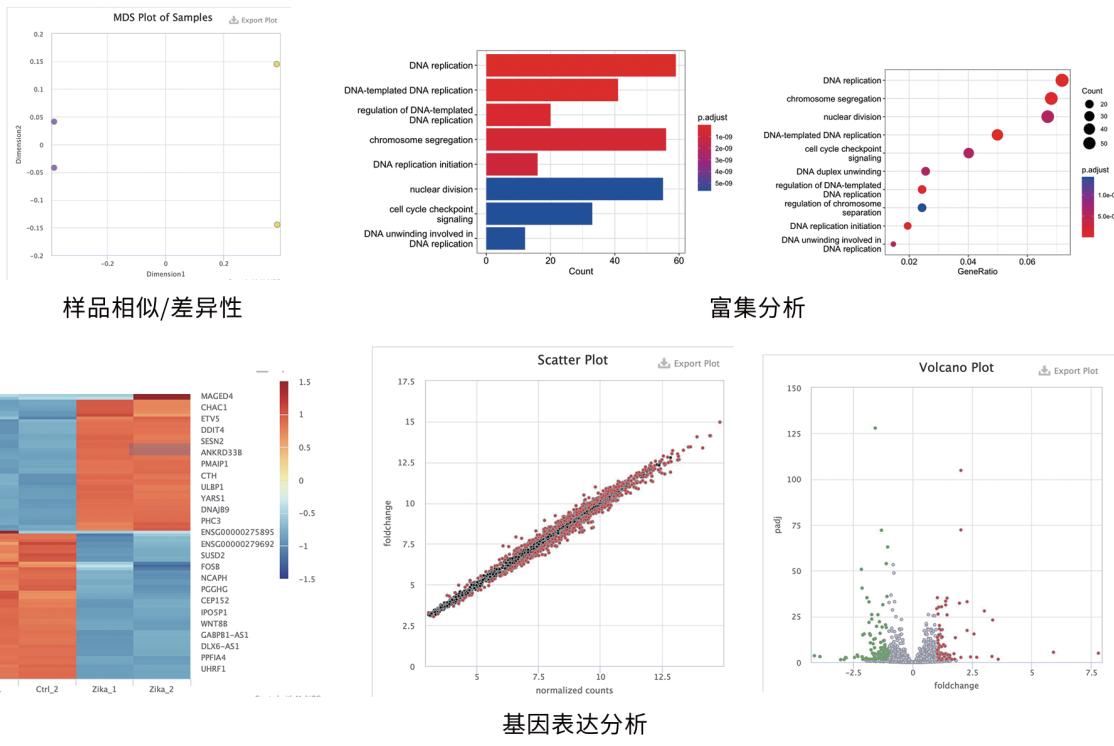
简石生物

GENSTONE BIOTECH

转录组	分析内容	备注
基因/转录本总体表达分析	基因表达总表 转录本表达总表 基因和转录本表达量分布盒形图 基因和转录本表达量区间分布统计 转录本覆盖深度统计 基因和转录本表达量分布密度图 差异表达基因和转录本统计柱状图 差异表达基因和转录本表达谱 差异表达基因和转录本火山图 差异表达基因和转录本聚类热图	
差异表达基因/转录本分析(样本数≥2)	差异表达基因GO富集分析 差异表达基因KEGG富集分析 差异表达基因Reactome富集分析 差异表达基因DO(疾病注释数据库)富集分析	包含GO富集柱状图、散点图、雷达图等 包含KEGG通路富集散点图、通路图、雷达图等 包含Reactome富集散点图、柱状图等 包含DO数据库富集散点图、柱状图等

转录组测序特指对具有编码蛋白质功能的信使RNA(mRNA)进行序列测定及分析，以获得转录本信息，发现和鉴定新基因等。根据研究物种是否具有参考基因组以及注释信息。转录组主要研究的物种需要具注释完整的参考基因组信息，并对样本中mRNA的表达量以及组间差异mRNA进行分析。

简石生物转录组测序服务可以为研究人员提供从样本提取、建库测序、数据分析等一系列完整的服务流程提供高质量的数据结果。



【分析示例】