



简石官网



简石视频号



简石公众号

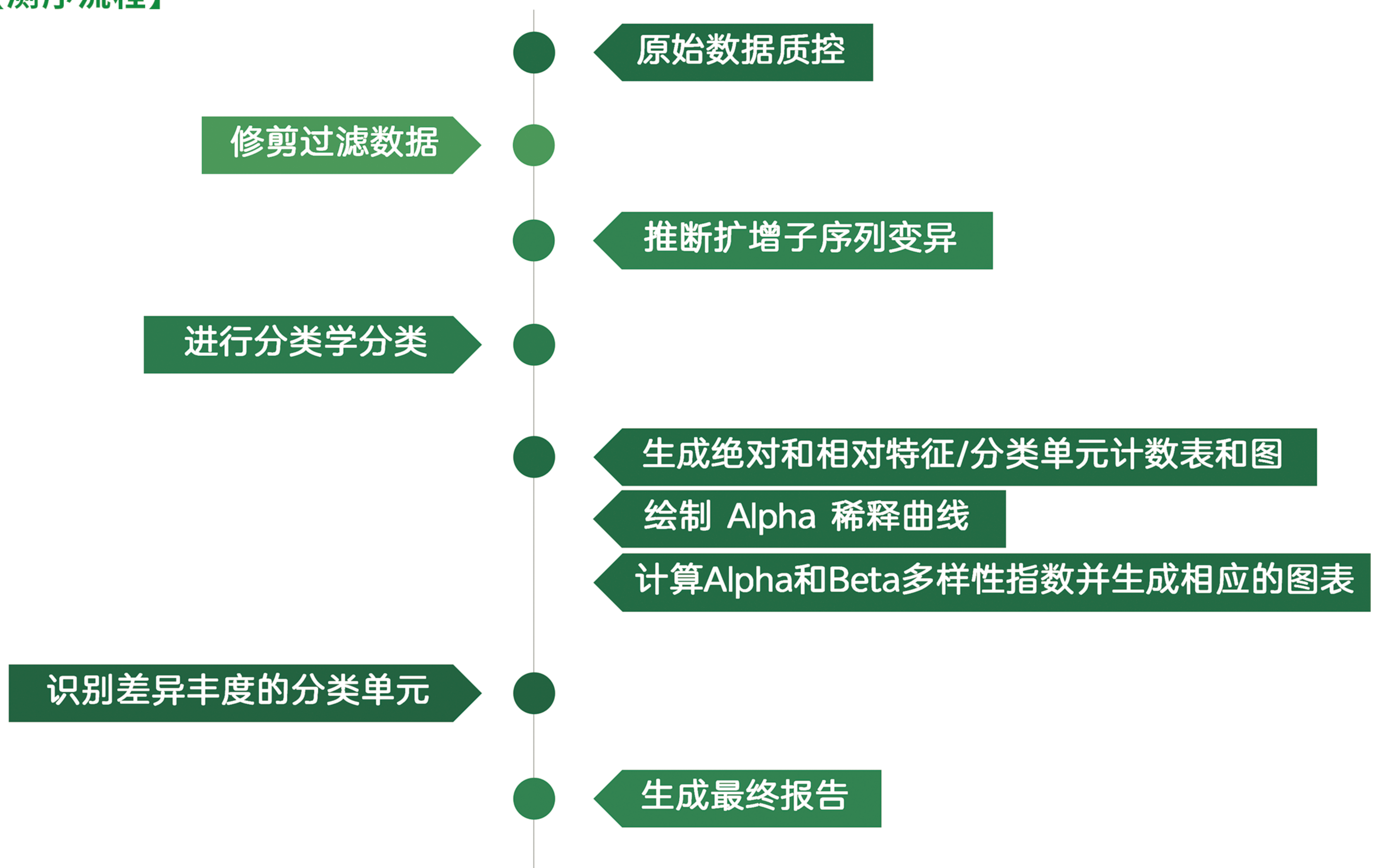


微生物多样性分析

16S rRNA基因测序

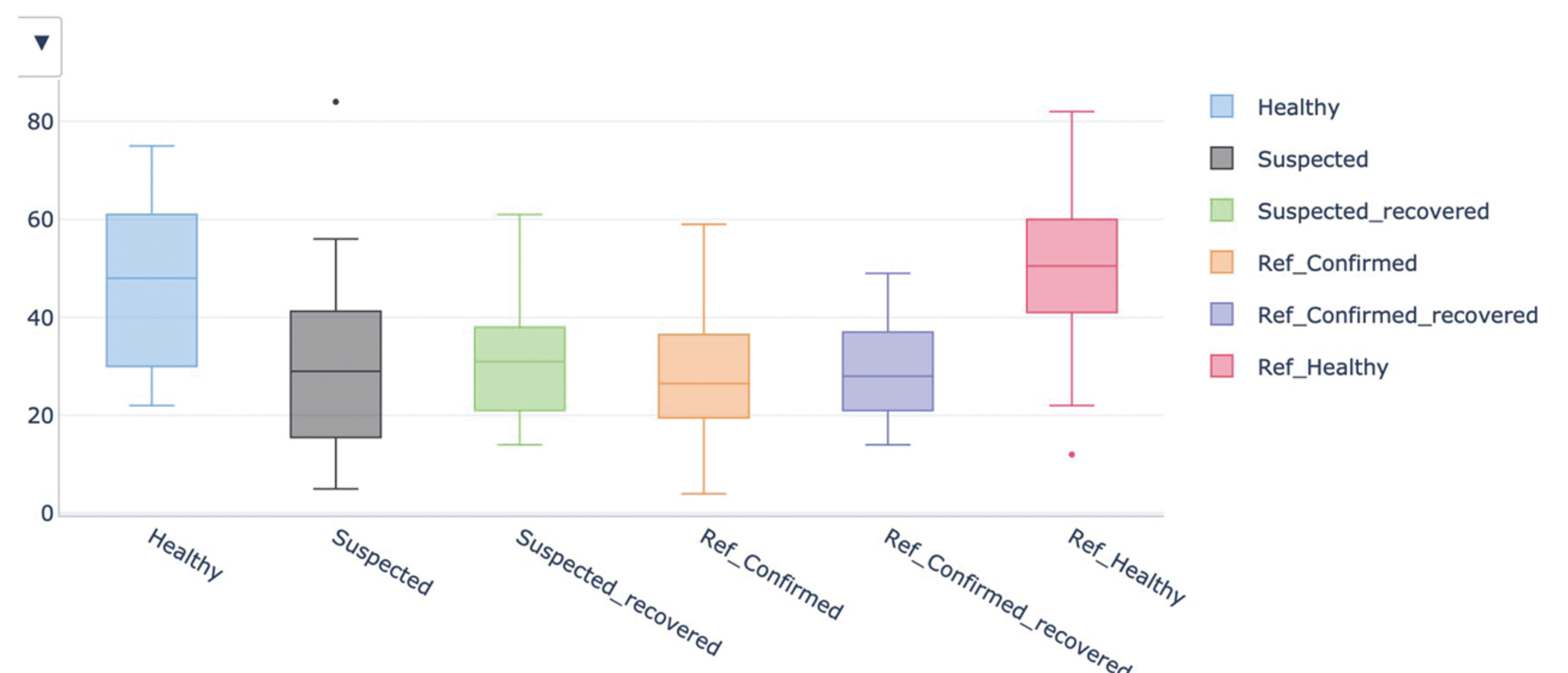
- **原理:** 16S rRNA基因是原核生物（如细菌和古细菌）基因组中存在的一种保守基因。该基因的不同区域有保守序列和可变序列，保守序列适用于设计通用引物，而可变序列可以区分不同种类的细菌。
- **应用:** 通过16S测序，可以分析环境样本（如土壤、水、人体肠道等）中的细菌和古细菌群落组成及其多样性。
- **流程:** 首先提取样本中的总DNA，然后扩增16S rRNA基因的目标区域，进行高通量测序，最后通过生物信息学分析进行分类鉴定。

【测序流程】



Alpha Diversity (Alpha多样性)

本部分展示了通过观察到的特征（Observed Features）和Shannon多样性指数（Shannon Diversity Index）指标确定的用户数据和参考数据的Alpha多样性。点击图例中每个组的图标可以隐藏或显示相应的样本。





简石官网



简石视频号



简石公众号



简石生物 GENSTONE BIOTECH

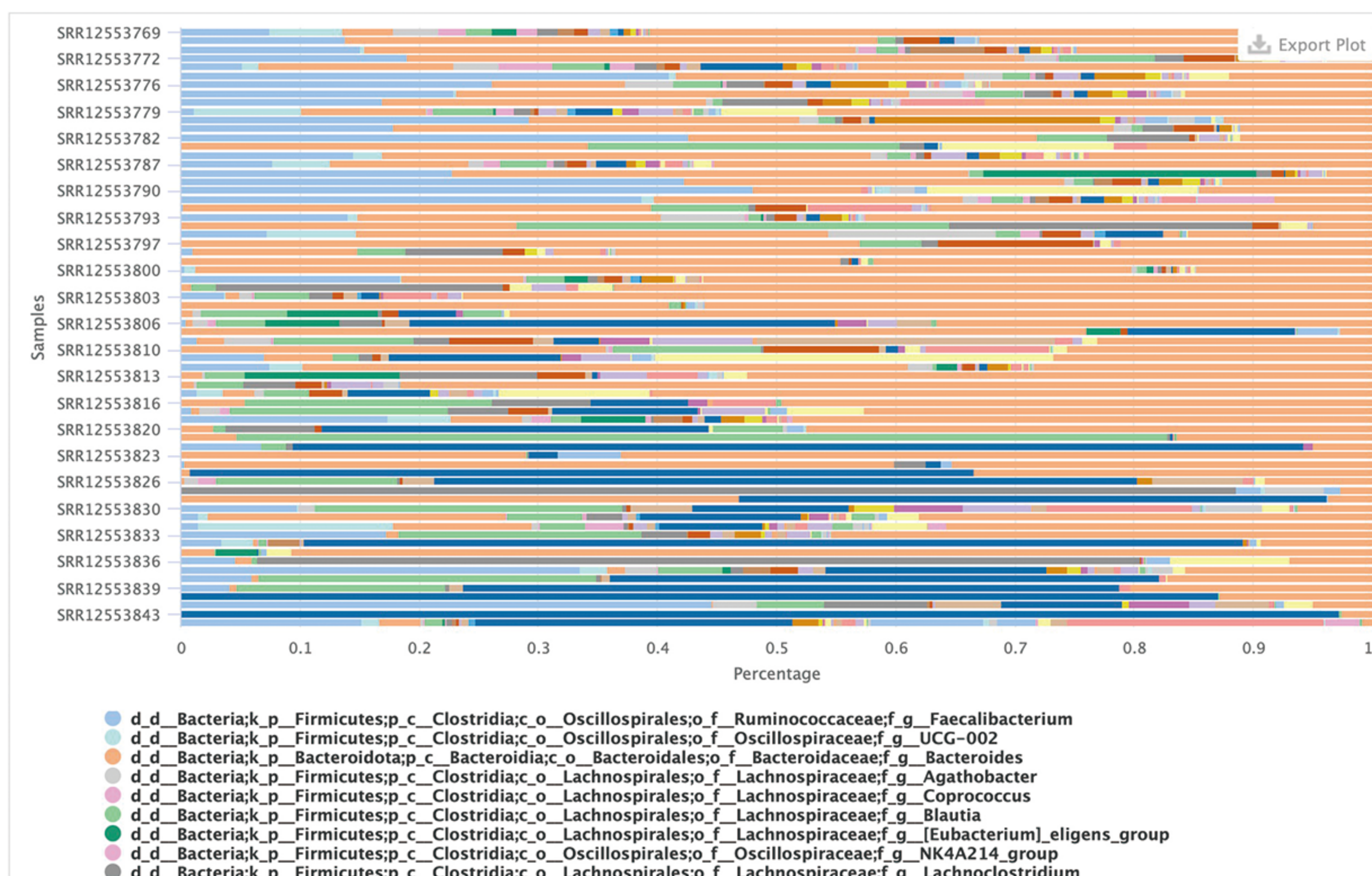
16S 微生物测序科技服务

16S微生物测序科技服务是一种高效的高通量测序技术，用于分析样本中的微生物群落组成和多样性。16S rRNA基因测序主要用于细菌和古细菌的鉴定。这项技术具有高灵敏度、特异性强、通量大等优点，广泛应用于环境、医学、农业等领域，帮助深入研究微生物生态系统及其与健康和环境的关系。

【报告内容摘要】

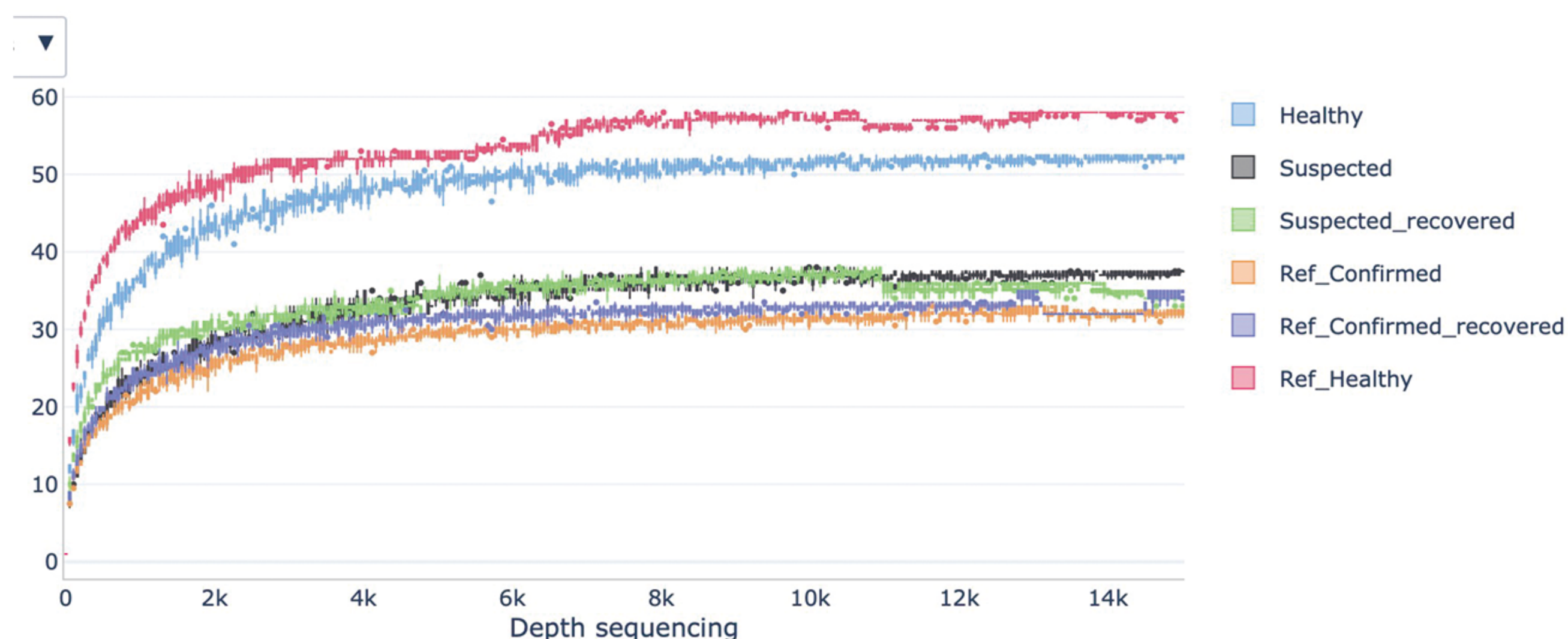
Composition Barplots (组成柱状图)

分类组成图展示了从界 (Kingdom) 到种 (Species) 不同分类水平的微生物组成。下方的交互式图形默认显示种水平的微生物组成，较低丰度的分类群可归入“其他 (Others)”类别以简化可视化。通过点击图表上方的按钮可以访问其他组成柱状图，并可通过工具箱 (Toolbox) 下载丰度表。



Alpha Rarefaction (Alpha稀释曲线)

本部分展示了一个交互式的Alpha稀释曲线图，它表示了Alpha多样性 (物种丰富度) 与采样深度 (测序读段数) 之间的关系，图中包含了用户数据和参考数据。参考数据可以通过在组名之前添加前缀"Ref_"来与用户数据区分，组名在图表右侧的图例中显示。通过点击图表左侧的下拉菜单，可以查看通过不同指标计算的曲线。



Beta Diversity (Beta多样性)

本部分展示了通过Bray-Curtis和Jaccard指标确定的用户数据和参考数据的Beta多样性。点击图例中每个组的图标可以隐藏或显示相应的样本。

