

myBaits Expert 16S-Hyb panel , 16S基因捕获探针

产品名称	myBaits Expert 16S-Hyb panel , 16S基因捕获探针
公司名称	蓝景科信（北京）技术有限公司
价格	.00/件
规格参数	
公司地址	北京市海淀区高里掌路3号院15号楼2单元1层101
联系电话	400-6187099 15632249798

产品详情

myBaits Expert 16S-Hyb panel

鉴别样本中微生物种类并定义微生物群落内关系，在人类健康、环境调查、动物保护和农业改良等方面均有重要的应用。16S rRNA 测序，经常用于鉴定和分析样本的微生物群落组成。

myBaits Expert 16S-Hyb Panel 运用杂交捕获技术，可以富集整个 16S 基因，而不仅仅是一两个高变区（hypervariable regions）。与 16S 扩增子测序相比，具有更好的分类分辨率和更少的偏差。此试剂盒结合宏基因组方法，还可以有效鉴别全新表型的稀有微生物，并降低单个样本的测序深度。将 16S-Hyb rRNA 基因富集测序与低覆盖度鸟枪法测序相结合，可以更高效地鉴别宏基因组样本中的微生物种群，比单独的鸟枪法测序成本低，并且比 16S 扩增子测序更准确。

myBaits Expert 16S-Hyb Panel 为完整试剂盒，包含各种 blockers、杂交探针和验证过的操作流程。此外，我们也提供全流程的技术服务。

产品特点

快捷 – 可直接使用鸟枪法的 NGS 文库进行捕获测序

低成本 – 可用较少的测序量鉴别宏基因组样本中的稀有类群

低偏差 – 有效避免 16S 扩增子测序引入的扩增偏差

高分辨率 – 检测全部保守和高变区域

开放平台 – 与各种 NGS 文库平台兼容，包括长读长测序

组分齐全 – 试剂盒包括 NGS 文库捕获所需的所有试剂

产品应用

宏基因组学

环境采样

古 DNA

微生物组分析

长读长测序

与扩增子测序法相比，16S-Hyb 准确性更高

在人造模拟群落、鼠粪便和鼠结肠的样本中，比较 myBaits 16S 捕获测序、16S 扩增测序和枪法宏基因组测序法。未经富集的宏基因组测序（鸟枪法）收集到的数据，16S 约占总数据量的 0.1-0.2%；与之相比，myBaits 16S-Hyb 捕获测序中，60-70% reads 可以比对到 16S 区域，在模拟群落样本中富集了 350 倍，鼠粪便和鼠结肠样本中富集了 450 倍。myBaits 16S-Hyb 捕获测序与扩增子测序法相比，无论用 MiSeq 或 HiSeq 测序，样本富集图谱更接近于模拟群落组成和鸟枪法图谱。

图1 模拟样本类群分析

样本“BEI Resources 模拟群落”包含已知含量的细菌群（第5列），分别使16S扩增测序- MiSeq PE 300（第1列）、myBaits 16S-HybMiSeq PE 300（第2列）、myBaits 16S-Hyb-HiSeq PE 150（第3列）和枪法宏基因组测序-HiSeq PE 150（第4列）。杂交捕获和鸟枪法测序的 reads 过滤后，使 bbmap 比对到GreenGenes 数据库分析。扩增子测序的 reads 用 Dada2 pipeline 处理后比对到GreenGenes 数据库。

图2. 16S 扩增子测序 vs 16S Hyb vs 鸟枪法

从鼠粪便和鼠结肠中提取的DNA样本，分别使用 16S 扩增测序- MiSeq PE 300（第1,5 列），myBaits 16S-Hyb- MiSeq PE 300（第 2,6列），myBaits 16S-Hyb-HiSeq PE 150（第3,7列）和枪法宏基因组测序-HiSeq PE 150（第 4,8 列）进行分析。杂交捕获和鸟枪法测序的 reads 过滤后，使 bbmap 比对到 GreenGenes 数据库分析。扩增子测序的 reads 用 Dada2 pipeline 处理后比对到 GreenGenes 数据库。

产品列表