



博淼生物
BIOMIAO BIOLOGICAL
-SINCE2009-

Your own Laboratory
您的专属实验室

博淼免疫组库测序研究方案

全国统一服务电话：400-6506-908

网址：www.biomiao.com

邮箱：marketing@biomiao.com

地址：北京市丰台区丰管路优橙创新中心三层



目 录
CONTENTS

1

免疫组库研究背景介绍

2

博淼免疫组库测序项目

3

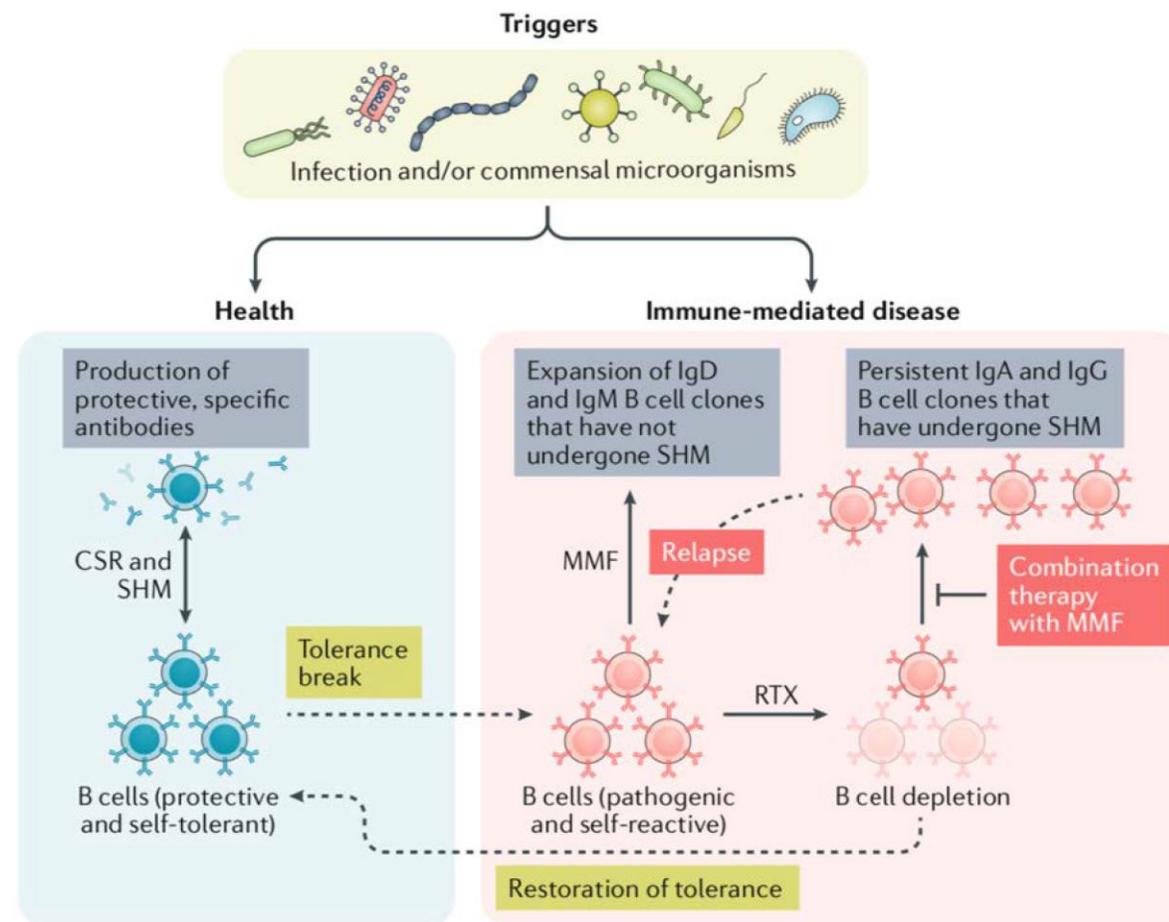
免疫组库科研应用场景

人体3道防线:

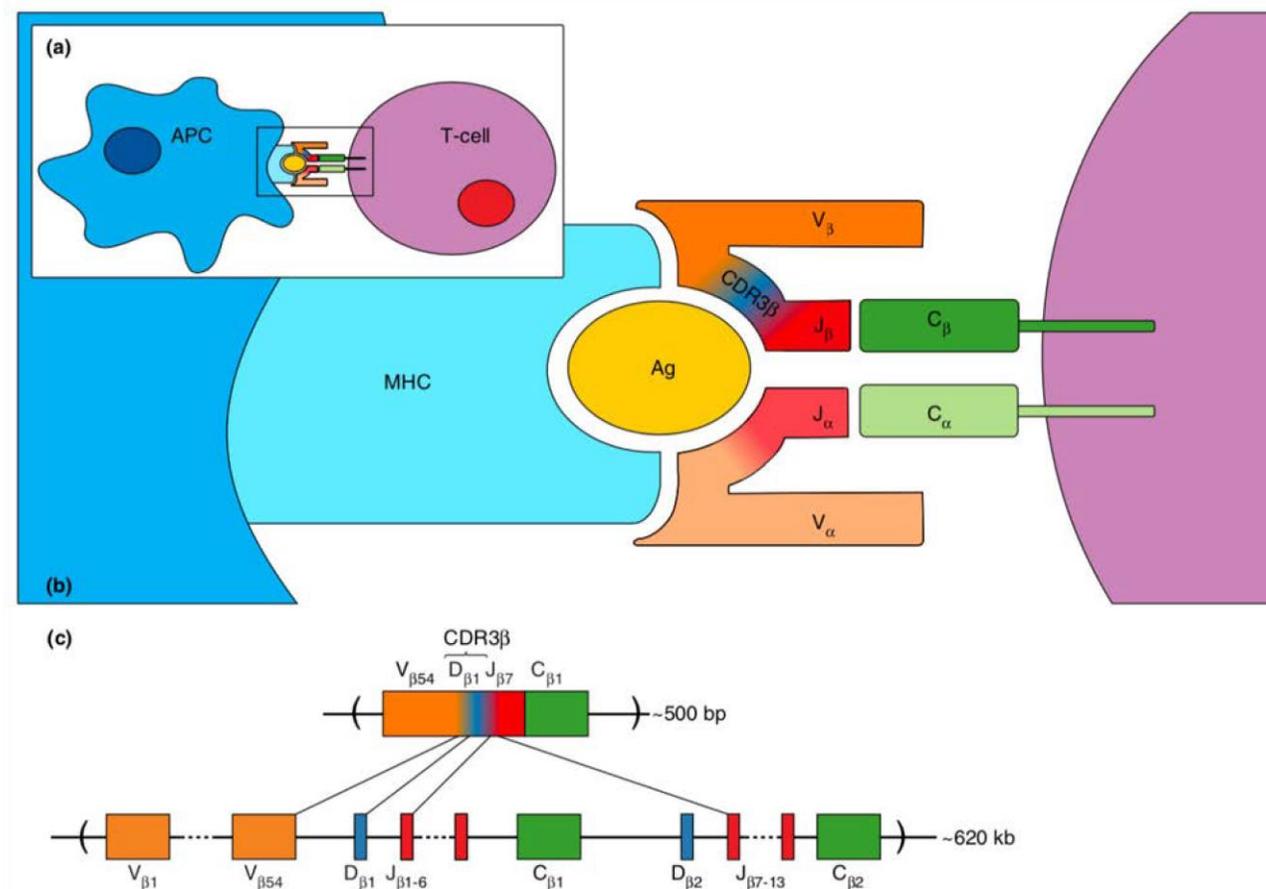
第一道防线: 物理屏障 (我们通常认为皮肤是我们最主要的第一道防线)。病毒、细菌、寄生虫和真菌等抗原若想对机体造成实质性伤害时需要先突破这道物理屏障;

第二道防线: 固有免疫系统。 固有免疫系统是人体中已经进化了数百万年 (相当于先天) 的免疫系统, 通过识别机体有害的病原体、细菌等, 同时对各类抗原起到快速而强力的清除作用, 从而保护人体不受侵袭, 如巨噬细胞等。

第三道防线: 适应性免疫系统。 这是一种可以适攻击机体的几乎所有抗原的防御系统, B细胞和T细胞是其重要的成员。个体所有细胞起源于干细胞, 因此来自于固有免疫系统的巨噬细胞和来自于适应性免疫系统的T细胞和B细胞具有相同的起源。

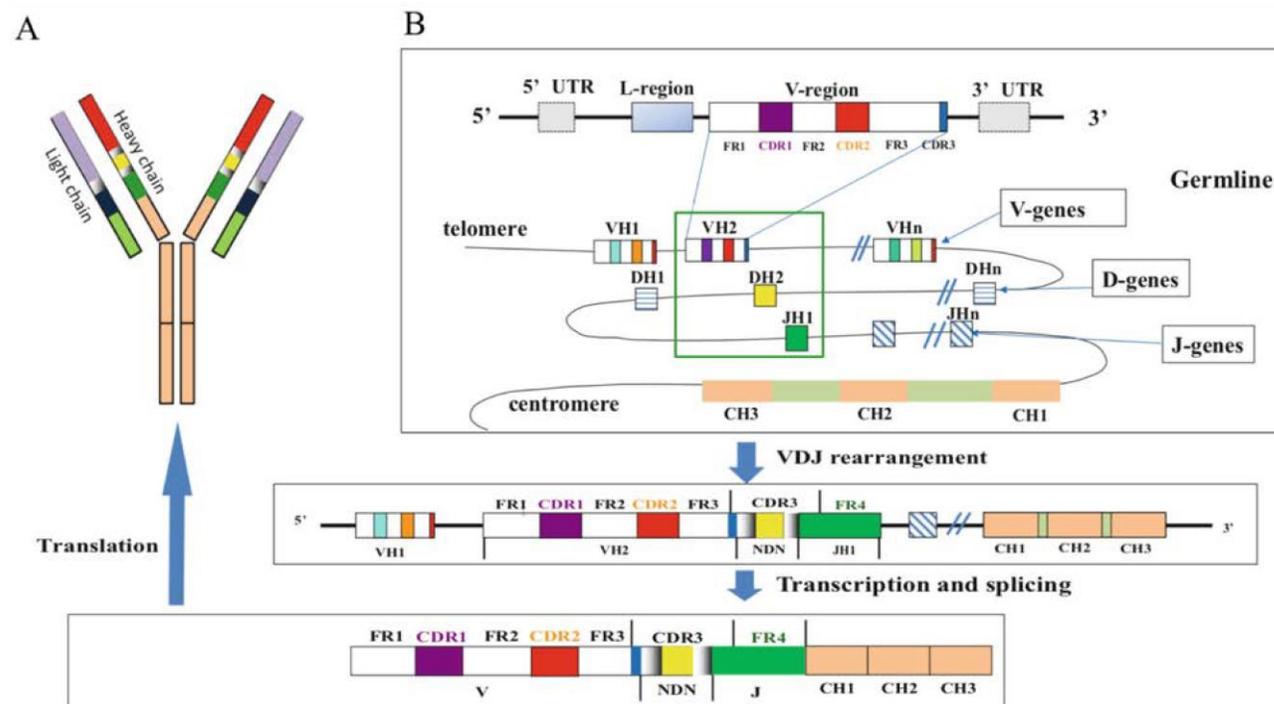


T细胞（抗原）受体（T cell receptor, TCR）为所有T细胞表面的特征性标志，作用是识别抗原。TCR每条肽链的细胞膜外区各含1个V区和1个C区，V区中V有3个互补决定区（CDR1、CDR2、CDR3），是TCR识别pMHC的能区。



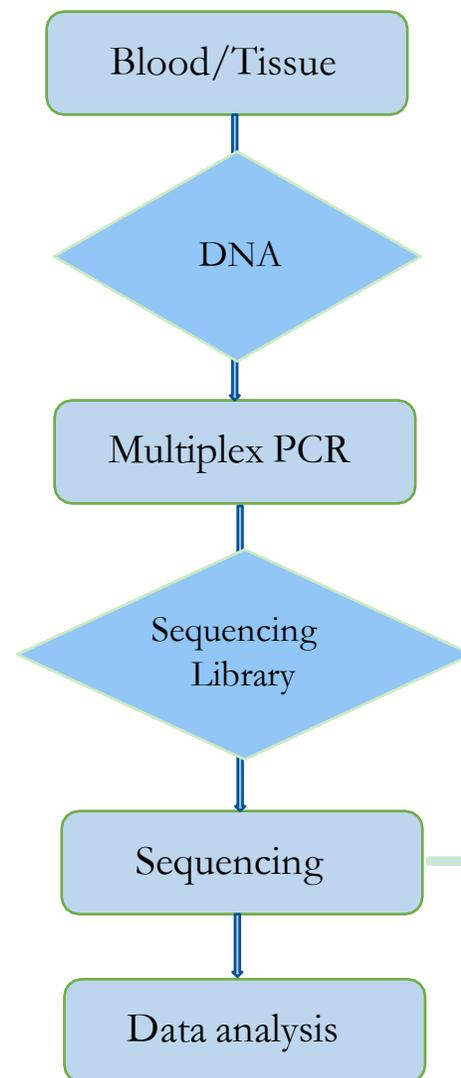
B细胞抗原受体(BCR) 是一种位于B细胞表面的负责特异性识别及结合抗原的分子，其本质是一种膜表面免疫球蛋白。

BCR的重链(IgH)由编码可变区(V区)的V基因片段、D基因片段和J基因片段以及编码恒定区的(C区)C基因片段组成。BCR的轻链(IgL)V区只有V基因片段和J基因片段。



免疫组库 (Immune Repertoire, IR): 是指在任何指定时间, 某个个体的循环系统中所有功能多样性 B/T 淋巴细胞的总和。

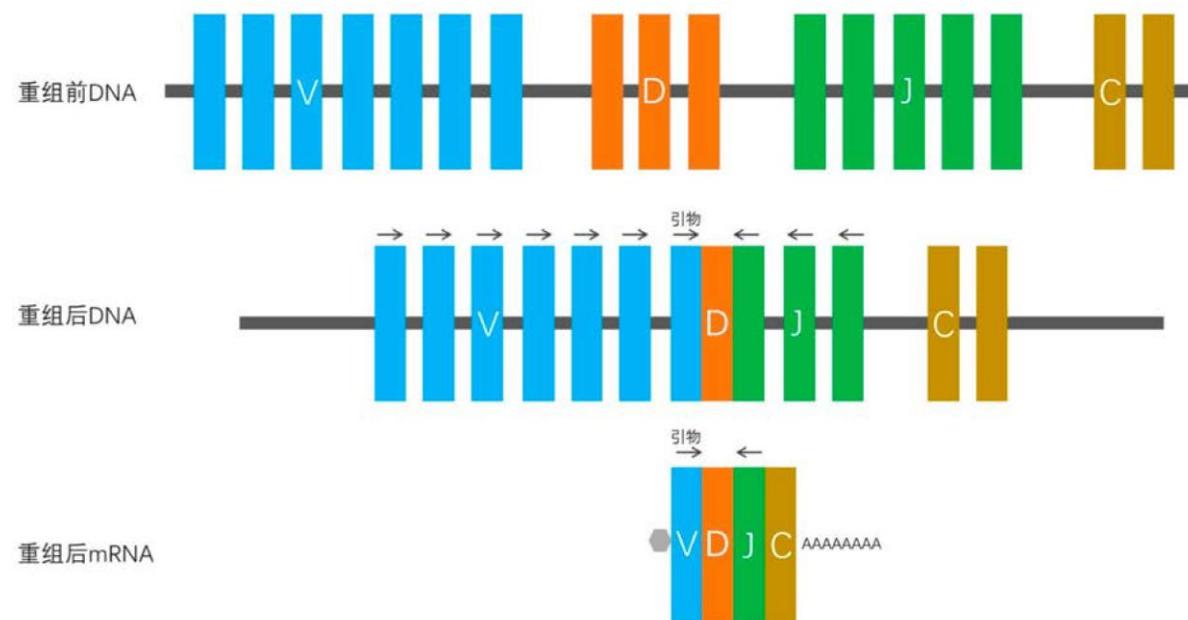
免疫组库测序 (Immune Repertoire Sequencing): 是以 T/B 淋巴细胞受体或者所分泌的特异性抗体的核酸序列为研究目标。用多重 PCR 技术扩增 BCR 和 / 或 TCR 多样性的互补决定区 (CDR3 区), 再结合高通量测序技术进行组库测序。



B细胞和T细胞多样性产生于四种机制：

- 不同VDJ基因片段组合的多样化；
- 不同基因片段连接时随机插入删除造成连接的多样化；
- 不同重链和轻链组合的多样化；
- B细胞受体特有的随机高频突变；

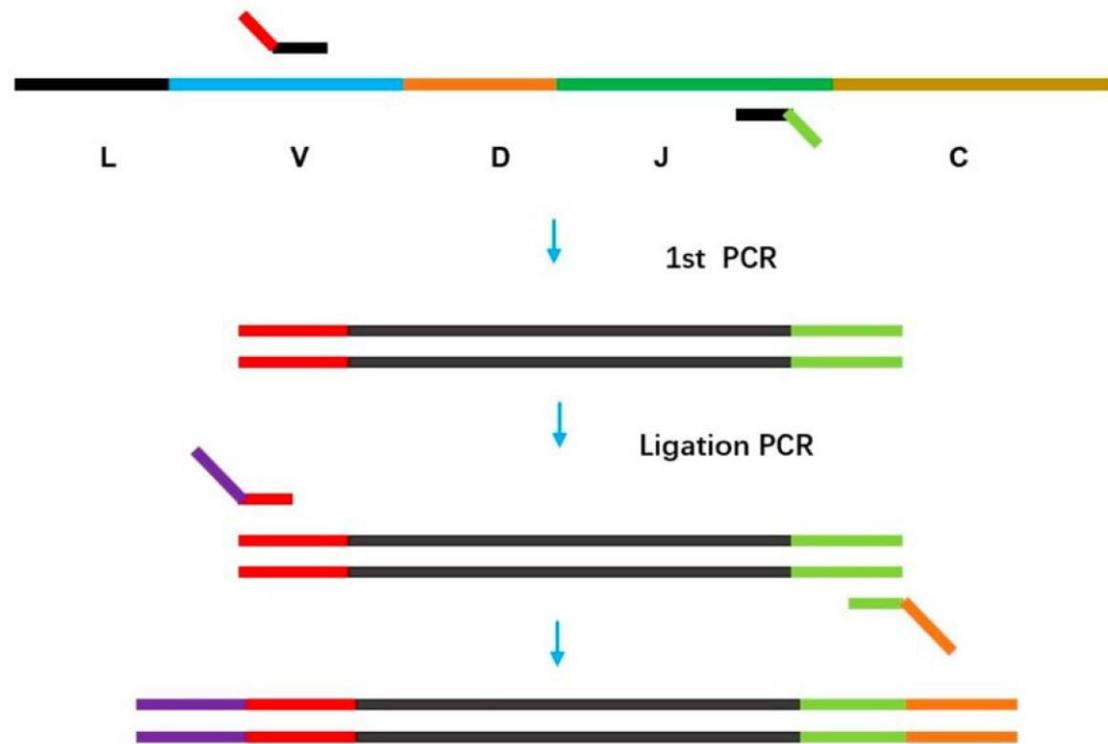
以上机制可分别造成至少 10^{13} 种B细胞和T细胞



基因重排示意图

| | 多重PCR NGS技术 | 5'RACE NGS技术 |
|----------|---|-----------------------------------|
| 原理 | 多对引物对CDR3区进行扩增 | 单对引物快速扩增cDNA的5'末端 |
| 灵敏度 | $1 \times 10^5 - 1 \times 10^6$ | $1 \times 10^5 - 1 \times 10^6$ |
| 适用样本类型 | DNA、RNA、组织、细胞 | RNA、组织、细胞 |
| 扩增区域 | 由于J区和C区之间有很大的intron区，受测序长度的局限，缺少特异性扩增引物来扩增CDR全长 | J区和C区之间无intron，可用C区进行引物设计，扩增全长CDR |
| 样本要求 | 低 | 高 |
| PCR扩增偏好性 | 高 | 低 |

- ✓ **整体解决方案：**提供从CDR3的扩增、建库、测序等一系列全方位的服务
- ✓ **稳定的测序平台：**可根据数据量和速度的要求选择Novaseq等测序平台，测序策略PE150
- ✓ **全面深度的研究方法：**专门针对CDR3的V区及J区两端设计引物，目的扩增CDR3区域（见右图）
- ✓ **高保真的扩增技术：**采用多重PCR技术，实现不同克隆等效扩增
- ✓ **产品覆盖全面：**TCR产品包含 α 链， β 链， γ 链和 δ 链；BCR产品包括IgH，IgL和IgK



Multi-IR免疫组库多重PCR建库操作流程

| 组织类型 | 建议送样量 |
|----------|----------------------|
| 分选细胞 | $\geq 1 \times 10^6$ |
| 新鲜动物组织干重 | $\geq 200\text{mg}$ |
| 全血 | $\geq 2\text{mL}$ |
| DNA | $\geq 500\text{ng}$ |
| RNA | $\geq 1\mu\text{g}$ |

➤ TCR和BCR各条链有什么区别？

TCR Beta链和BCR重链由V、D、J基因编码的，TCR alpha链和BCR轻链由V、J基因编码的。目前研究TCR beta链和BCR重链的文章较多。

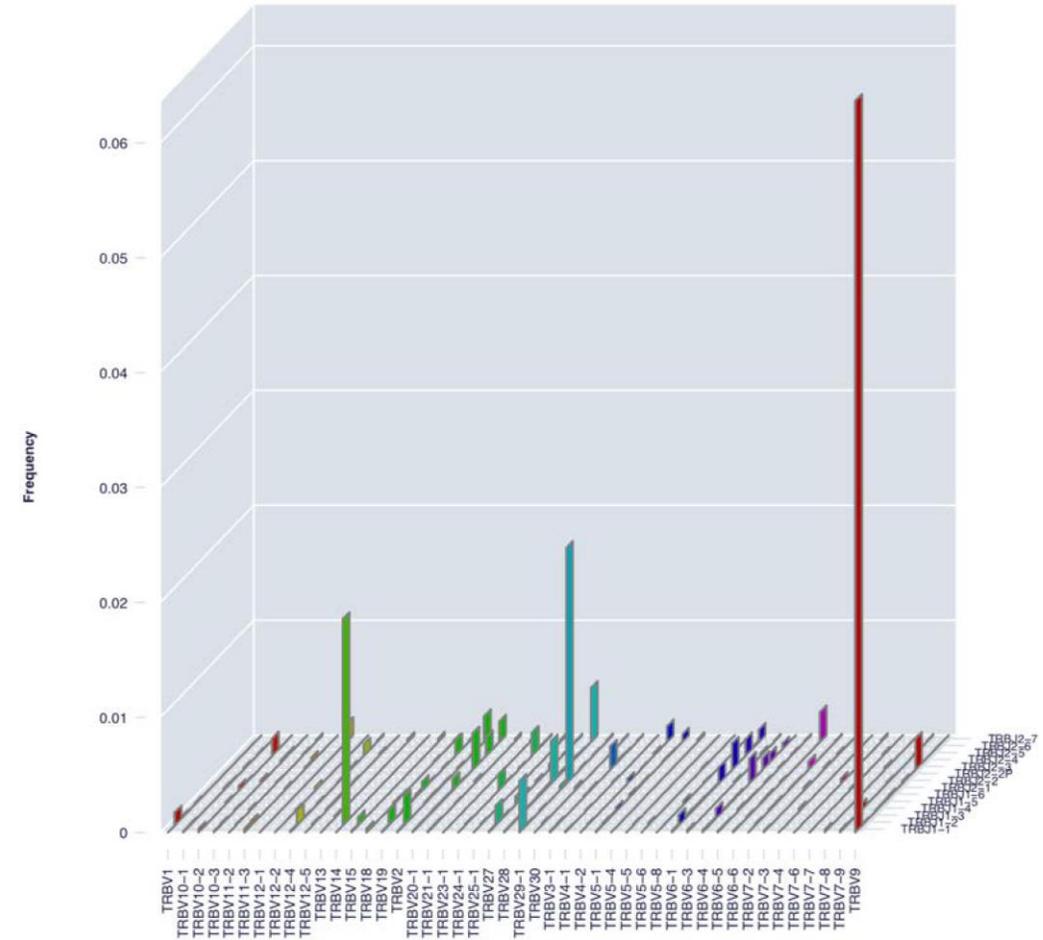
➤ 免疫组库测序推荐数据量是多少，是否需要高数据量测序？

推荐起始数据量1-2G raw data，如果想关注更多低频克隆，可以加大测序数据量。

数据量的增加，主要影响低频克隆，并且这些克隆的排序在一于以上，目前文献中往往只关注top100的克隆和疾病的关系。

| cloneId | doneCount | doneFraction | targetSequences | targetQualities | allVHitsWithScore | allDHitsWithScore | allJHitsWithScore | aallVAlignments | allDAlignments | allJAlignments |
|---------|-----------|--------------|-----------------|-----------------|--------------------|--------------------|-------------------|------------------------|---------------------------|---------------------------|
| 0 | 336134 | 0.063652677 | TGTGCCAGCAGCCX | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV9-00(503.1) | TRBD1-00(39) | TRBJ1-1-00(174.1) | 270 282 306 0 12 60.0 | 9 23 36 13 26 SG12TD | 19 40 68 27 48 105.0 |
| 1 | 108299 | 0.020508253 | TGCAGCGTTGATTTA | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV29-1-00(733.5) | TRBD1-00(30) | TRBJ2-2-00(179.3) | 276 287 310 0 11 55.0 | 15 21 36 14 20 30.0 | 26 43 71 28 45 85.0 |
| 2 | 94778 | 0.017947823 | TGTGCCAGCAGCCX | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV14-00(566.1) | TRBD1-00(25) | TRBJ1-2-00(208.3) | 273 286 310 0 13 65.0 | 16 21 36 18 23 25.0 | 21 40 68 26 45 SA23C 81.0 |
| 3 | 24849 | 0.00470558 | TGTGCCAGCAGCCCT | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV28-00(617.2) | TRBD1-00(30) | TRBJ2-7-00(213) | 270 281 307 0 11 55.0 | 3 9 36 11 17 30.0 | 21 39 67 24 42 90.0 |
| 4 | 23583 | 0.004465841 | TGCAGCGTTGAAGG | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV29-1-00(744.1) | TRBD1-00(30) | TRBJ1-1-00(189.4) | 276 292 310 0 16 SA289 | 17 23 36 20 26 30.0 | 18 40 68 30 52 110.0 |
| 5 | 19485 | 0.003689815 | TGTGCCACTAGTGAC | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV28-00(597.1) | TRBD2-00(25) | TRBJ2-2-00(185.6) | 270 277 307 0 7 35.0 | 8 13 48 7 12 25.0 | 27 43 71 14 30 80.0 |
| 6 | 16763 | 0.003174359 | TGCAGTGTAGAGA | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV20-1-00(680.8) | TRBD2-00(40) | TRBJ2-3-00(202.7) | 279 293 313 0 14 70.0 | 20 28 48 14 22 40.0 | 20 41 69 22 43 105.0 |
| 7 | 14206 | 0.002690147 | TGTGCCACCCAGAC | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV9-00(479.3) | TRBD2-00(65) | TRBJ2-3-00(210.7) | 270 277 306 0 7 35.0 | 17 30 48 18 31 65.0 | 19 41 69 37 59 110.0 |
| 8 | 13692 | 0.002592813 | TGTGCCAGCAGTAC | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV6-6-00(564) | TRBD2-00(30) | TRBJ2-7-00(213.3) | 270 285 307 0 15 75.0 | 16 22 48 15 21 30.0 | 18 39 67 21 42 ST21G 91.0 |
| 9 | 13376 | 0.002532973 | TGTGCCAGCAGTGA | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV2-00(845.9) | | TRBJ1-2-00(226.9) | 273 292 310 0 19 95.0 | | 20 40 68 22 42 100.0 |
| 10 | 12999 | 0.002461581 | TGTGCCAGTAGTATT | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV19-00(524.1) | | TRBJ2-5-00(172.9) | 270 284 307 0 14 70.0 | | 21 40 68 23 42 SA28G 81.0 |
| 11 | 12548 | 0.002376177 | TGTGCCAGCAGTGA | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV6-4-00(580.7) | | TRBJ2-2-00(182.5) | 270 285 307 0 15 75.0 | | 19 43 71 16 39 DA23 103.0 |
| 12 | 12087 | 0.002288879 | TGTGCCAGCAGTGA | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV6-1-00(553.1) | TRBD1-00(40) | TRBJ2-3-00(189.5) | 270 284 307 0 14 70.0 | 15 23 36 16 24 40.0 | 23 41 69 27 45 90.0 |
| 13 | 11840 | 0.002242105 | TGTGCCAGCAGTGA | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV2-00(823.3) | TRBD2-00(40) | TRBJ2-7-00(190.2) | 273 287 310 0 14 70.0 | 15 23 48 14 22 40.0 | 25 39 67 25 39 70.0 |
| 14 | 11526 | 0.002182644 | TGTGCCAGCAGCCCT | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV3-1-00(528.3) | TRBD1-00(28) | TRBJ2-3-00(201) | 270 283 307 0 13 65.0 | 2.2 14 23 36 17 25 DA17 2 | 21 41 69 25 45 100.0 |
| 15 | 11471 | 0.002172229 | TGTGCCAGCACCGA | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV6-4-00(557.1) | | TRBJ2-2-00(184.3) | 270 280 307 0 10 50.0 | | 25 43 71 27 45 90.0 |
| 16 | 10673 | 0.002021114 | TGTGCCACAGTGA | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV24-1-00(636.1) | TRBD1-00(35), TRBD | TRBJ2-5-00(170.1) | 270 285 308 0 15 75.0 | 15 22 36 17 24 35.0.2 | 25 40 68 28 43 75.0 |
| 17 | 10660 | 0.002018652 | TGTGCCAGCAGCCA | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV3-1-00(553.5) | TRBV3-2-00(514.3) | TRBJ2-3-00(186.9) | 270 288 307 0 18 90.0 | 2.70 288 307 0 18 90.0 | 24 41 69 20 37 85.0 |
| 18 | 9436 | 0.001786867 | TGCAGTGTAGAGA | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV20-1-00(696) | TRBD2-00(35) | TRBJ2-7-00(196.7) | 279 293 313 0 14 70.0 | 23 30 48 14 21 35.0 | 24 39 67 21 36 75.0 |
| 19 | 9058 | 0.001715286 | TGTGCCAGCATCATT | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV27-00(646.2) | TRBD1-00(30) | TRBJ1-2-00(211.9) | 270 280 307 0 10 50.0 | 16 22 36 16 22 30.0 | 23 40 68 25 42 85.0 |
| 20 | 8595 | 0.001627609 | TGCAGTGTAGCGG | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV20-1-00(676.2) | TRBD2-00(25) | TRBJ2-5-00(162) | 279 290 313 0 11 55.0 | 23 28 48 13 18 25.0 | 24 40 68 18 34 SA26G 66.0 |
| 21 | 8294 | 0.00157061 | TGTGCCAGCAGCTCC | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV12-1-00(583.1) | TRBD2-00(35) | TRBJ2-7-00(217) | 273 286 310 0 13 65.0 | 21 28 48 18 25 35.0 | 20 39 67 26 45 95.0 |
| 22 | 8021 | 0.001518912 | TGCCCCAGCAGTGT | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV10-2-00(536.9) | TRBD1-00(30) | TRBJ2-5-00(175.8) | 270 283 307 0 13 65.0 | 18 24 36 14 20 30.0 | 24 40 68 29 45 80.0 |
| 23 | 7674 | 0.001453202 | TGTGCCAGCAGTGA | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV6-1-00(576) | TRBD1-00(55) | TRBJ2-5-00(174.7) | 270 288 307 0 18 90.0 | 12 23 36 21 32 55.0 | 24 40 68 32 48 80.0 |
| 24 | 7545 | 0.001428774 | TGTGCCACCAAGAG | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV24-1-00(631.7) | TRBD1-00(25), TRBD | TRBJ2-1-00(179.3) | 270 280 308 0 10 50.0 | 17 22 36 12 17 25.0.2 | 30 42 70 17 29 60.0 |
| 25 | 7531 | 0.001426123 | TGTGCCAGCAGTGA | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV6-1-00(578.9) | | TRBJ2-2-00(184.3) | 270 289 307 0 19 95.0 | | 25 43 71 24 42 90.0 |
| 26 | 7245 | 0.001371964 | TGTGCCAGTAGTATG | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV19-00(524.5) | TRBD2-00(55) | TRBJ2-5-00(171.9) | 270 284 307 0 14 70.0 | 19 30 48 20 31 55.0 | 25 40 68 39 54 75.0 |
| 27 | 7204 | 0.0013642 | TGTGCCAGCAGCCA | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV4-2-00(521.1) | TRBD2-00(40) | TRBJ2-7-00(185.4) | 270 287 307 0 17 85.0 | 2.2 22 30 48 20 28 40.0 | 26 39 67 32 45 65.0 |
| 28 | 7021 | 0.001329545 | TGCAGTGTAGAGA | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV20-1-00(685.6) | TRBD2-00(28) | TRBJ2-1-00(191.8) | 279 293 313 0 14 70.0 | 19 27 48 17 26 24A 2 | 28 42 70 31 45 70.0 |
| 29 | 6865 | 0.001300004 | TGTGCCAGTACCCCT | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV19-00(504.1) | TRBD2-00(26), TRBD | TRBJ1-2-00(193.4) | 270 280 307 0 10 50.0 | 25 33 48 19 27 SG29T | 28 40 68 27 39 60.0 |
| 30 | 6596 | 0.001249065 | TGTGCCAGCAGTGG | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV12-4-00(518.6) | TRBD1-00(25) | TRBJ1-2-00(187.6) | 273 285 310 0 12 60.0 | 18 23 36 12 17 25.0 | 28 40 68 21 33 60.0 |
| 31 | 6030 | 0.001141883 | TGCACCAAGCAGCCA | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV1-00(546.7) | TRBD1-00(28) | TRBJ1-2-00(188.3) | 267 282 304 0 15 75.0 | 11 10 36 15 23 DT6 28 | 28 40 68 26 38 60.0 |
| 32 | 5644 | 0.001068787 | TGTGCCAGCAGTGA | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV6-1-00(557.8) | TRBD1-00(31) | TRBJ2-7-00(208.4) | 270 284 307 0 14 70.0 | 14 23 36 14 23 SA17G | 22 39 67 25 42 85.0 |
| 33 | 5340 | 0.00101122 | TGTGCCAGCAGTGA | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV6-4-00(574.9) | TRBD1-00(30) | TRBJ2-3-00(196.8) | 270 284 307 0 14 70.0 | 12 18 36 14 20 30.0 | 22 41 69 20 39 95.0 |
| 34 | 5295 | 0.001002698 | TGTGCCAGCAGTCCC | FFFFFFFFFFFFFF | TRBV12-4-00(517.4) | TRBD1-00(55) | TRBJ2-5-00(166.2) | 273 285 310 0 12 60.0 | 2.2 14 25 36 20 31 55.0 | 26 40 68 34 48 70.0 |

单样本克隆分析结果展示



肿瘤免疫机制研究

肿瘤免疫过程中的免疫系统的
功能和机制研究

01

自身免疫疾病

寻找优于现有标准的生物标记物、
研究免疫系统在自身免疫中的机制

02

抗体开发

获得特征性的BCR序列，
缩短抗体开发时间

03

感染性疾病

研究免疫系统在自身免疫中的机制，
获得疾病的特征性抗体序列

04

微小残留病-MRD

通过检测疾病特征性免疫组库序列图谱，
获得疾病治愈及复发的信息

05

免疫排斥、耐受及重建

根据免疫组库多样性和丰度判断
移植是否成功

06

07

用药及疫苗评估

评估是否激发免疫及其药效

Cell

Tumor and Microenvironment Evolution during Immunotherapy with Nivolumab

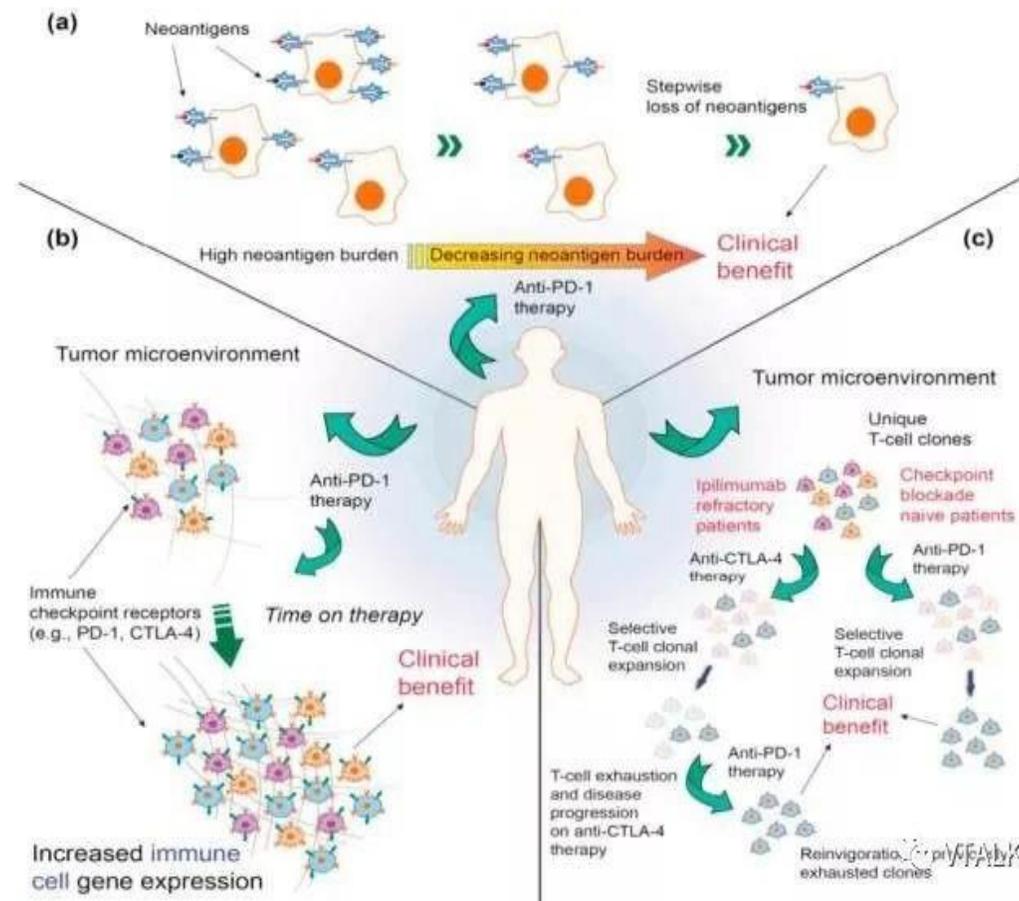
研究目的：揭示Nivolumab药物的作用机制和肿瘤-环境进化间的关系

测序策略：全外显子测序、转录组测序以及T细胞受体(TCR)测序

样本个数：68个患有晚期黑色素瘤患者

主要结果：用药前后肿瘤基因表达模式变化显著并与临床反应相关联。TCR测序分析确定T细胞克隆与新生抗原的数量成正比，在免疫检查点阻断之后，T细胞受体数目发生改变。

Article



Basic and translational research



OPEN ACCESS

EXTENDED REPORT

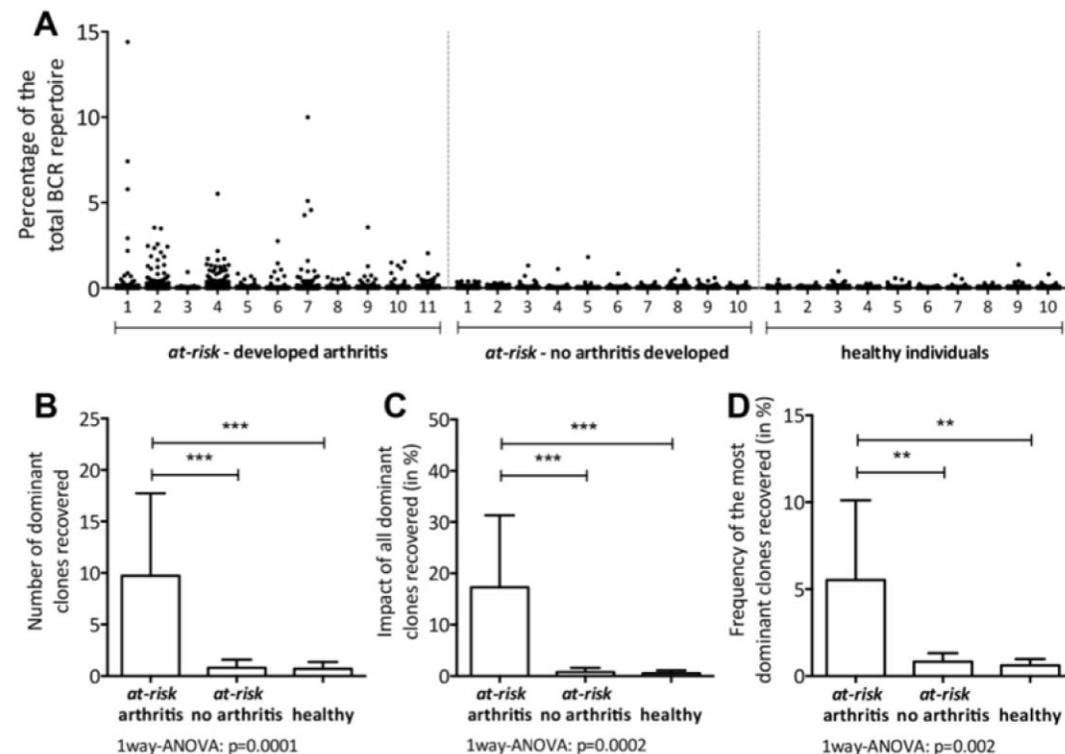
Dominant B cell receptor clones in peripheral blood predict onset of arthritis in individuals at risk for rheumatoid arthritis

研究目的：分析B细胞受体(BCR)的变化能否有效预测类风湿性关节炎的发生发展。

测序策略：B细胞受体(BCR)测序

样本类型：患者滑膜炎组织和外周血

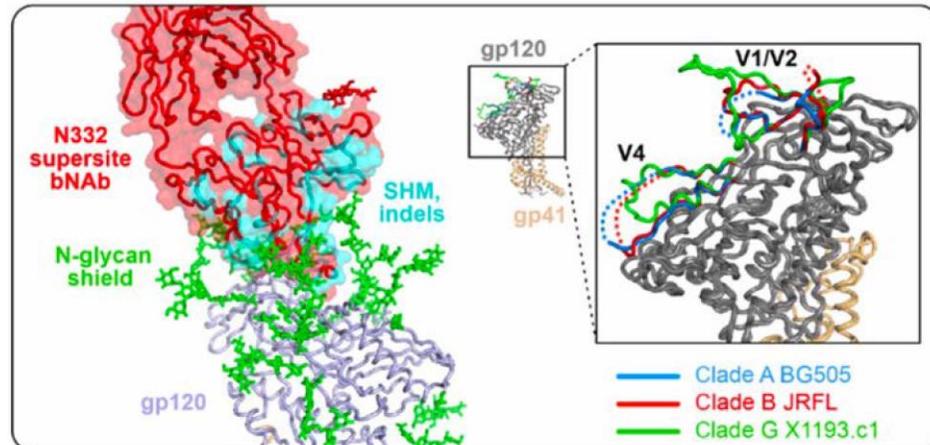
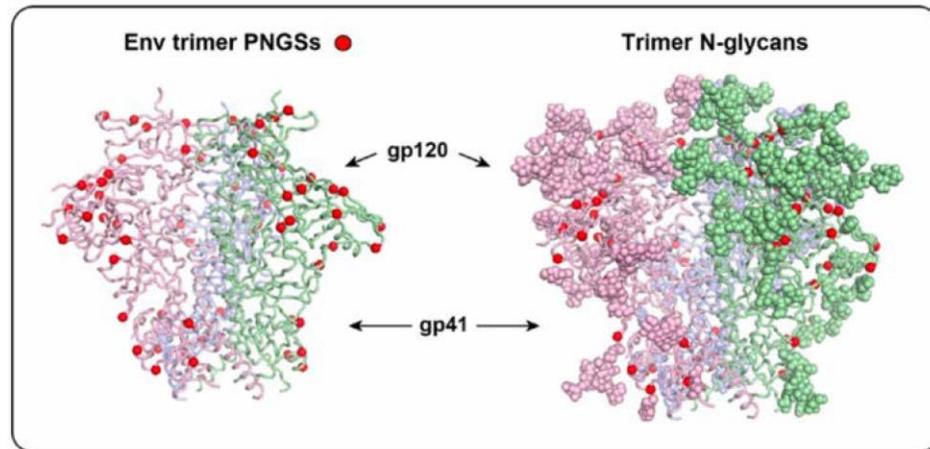
主要结果：当个体发生关节炎时，占优势的BCR克隆从外周血中消失同时出现在滑膜组织中，意味着这些BCR克隆在类风湿性关节炎发病过程中起到直接作用。



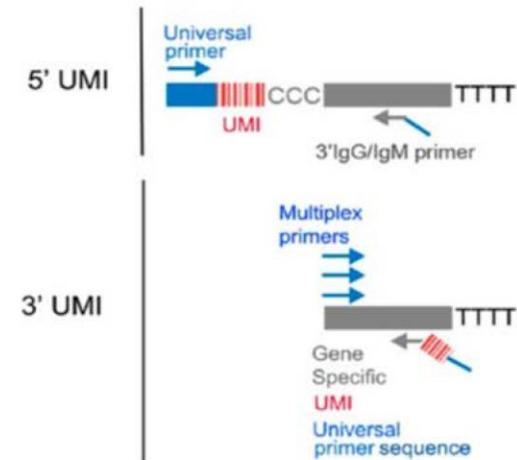
INVITED REVIEW

WILEY Immunological Reviews

Evolution of B cell analysis and Env trimer redesign

Gunilla B. Karlsson Hedestam¹ | Javier Guenaga² | Martin Corcoran¹ | Richard T. Wyatt^{2,3}

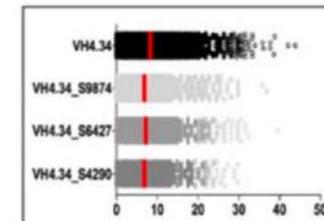
Error correction using unique molecular identifiers (UMIs)



CONSENSUS GENERATION

UMI - GGAGTCGATTGACTAGTA
 UMI - GTAGTCGATTGACTAGTA
 UMI - GGCGTCGATTGACTAGTA
 UMI - GGAGACGTCTGACTAGTA
 UMI - CGAGTCCATTGACTAGAA
 UMI - GGACTCGATTACGAGTA

CONSENSUS GGAGTCGATTGACTAGTA



Gene assignment accuracy of rhesus sequences using improved reference databases

IMGT rhesus database (52 segments)



VH segments

Sundling et al. rhesus database (65 segments)



VH segments

IgDiscover rhesus database (69 segments) "individualized" database



VH segments

ARTICLES

nature
genetics

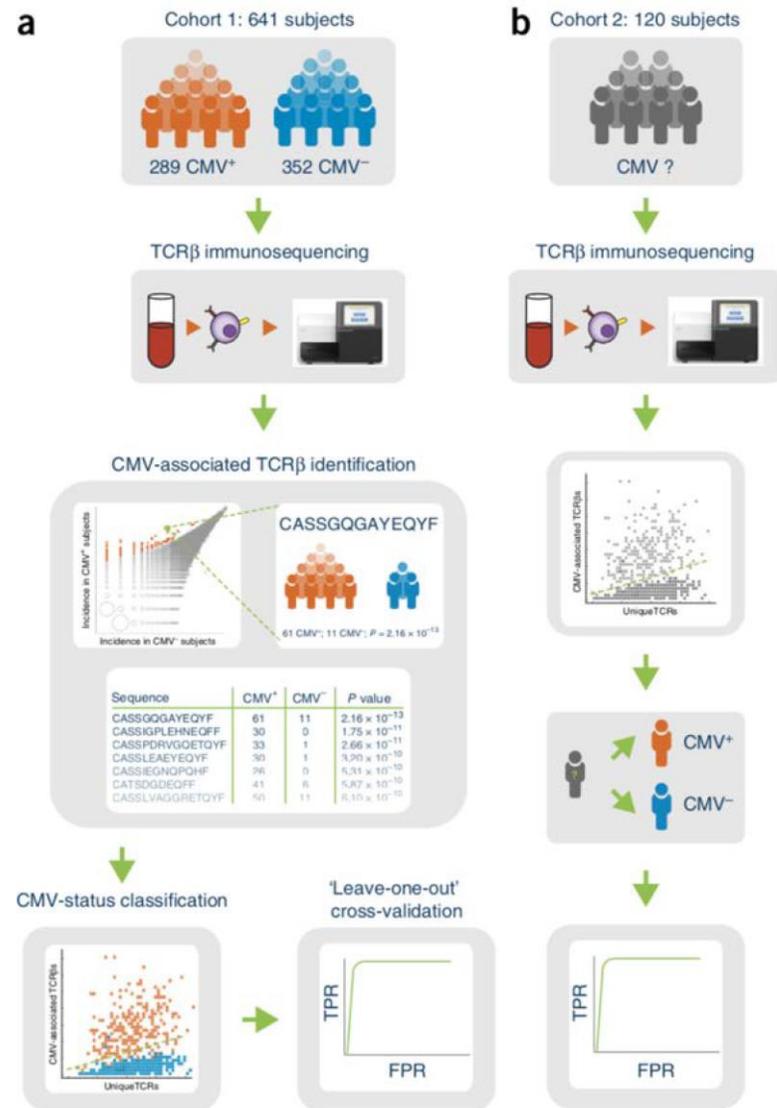
Immunosequencing identifies signatures of cytomegalovirus exposure history and HLA-mediated effects on the T cell repertoire

研究目的： 确定是否可以用TCR特征预测CMV(巨细胞病毒)感染状态。

研究样本： 666个研究样本和120个验证样本

研究方法： 免疫组库测序

研究结论： 发现了CMV相关的TCR β 序列特征，并且利用TCR β 可以准确鉴-样本中CMV感染状态。





Published in final edited form as:

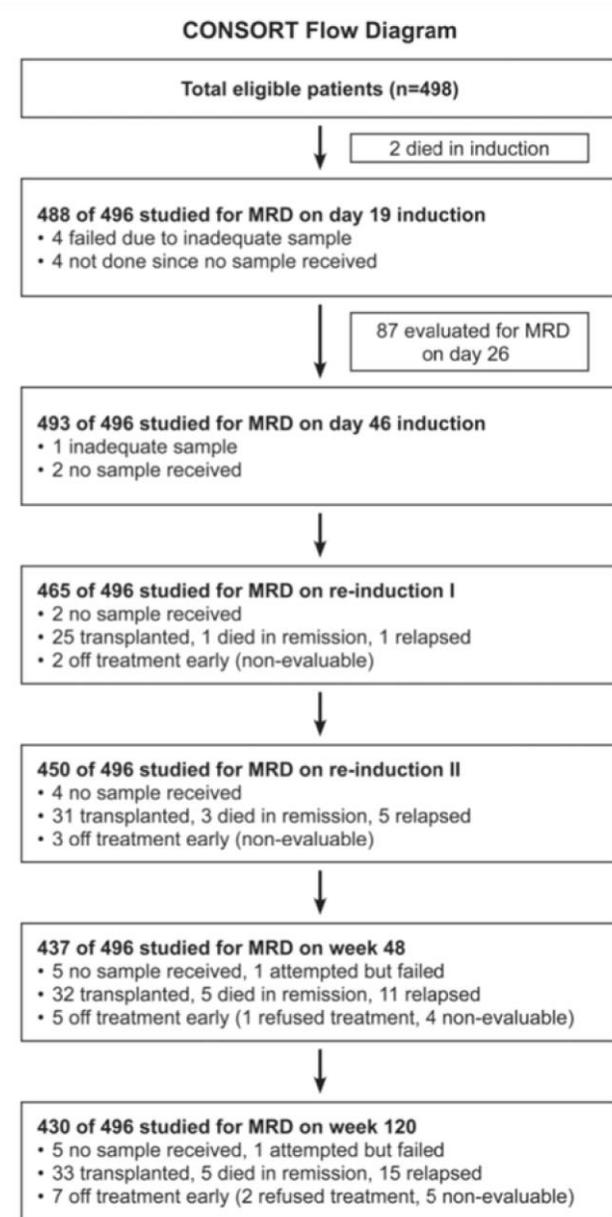
Lancet Oncol. 2015 April ; 16(4): 465–474. doi:10.1016/S1470-2045(15)70082-3.

研究背景: 微小残留病 (Minimal Residual Disease, MRD) 是指白血病/淋巴瘤/骨髓瘤患者经治疗缓解后, 体内仍残留少量癌细胞的状态, 其最终可能会引起疾病复发。因残留的癌细胞数量较少, 不易察觉, 所以需要有一个更灵敏的MRD检测手段。

研究目的: 利用连续的微小残留病测定的方法指导临床治疗, 以此建立诱导缓解和缓解后无进展生存期和患者微小残留病水平的关系

样本个数: 498名ALL初发患者

研究结论: 诱导缓解的微小残留病水平具有重要的预后和治疗意义。因此, 诱导缓解后, 对于存在可检测微小残留病的患者, 应进行连续微小残留病测定以提高ALL的预后



The Journal of Clinical Investigation

CONCISE COMMUNICATION

Distinct immune characteristics distinguish hereditary and idiopathic chronic pancreatitis

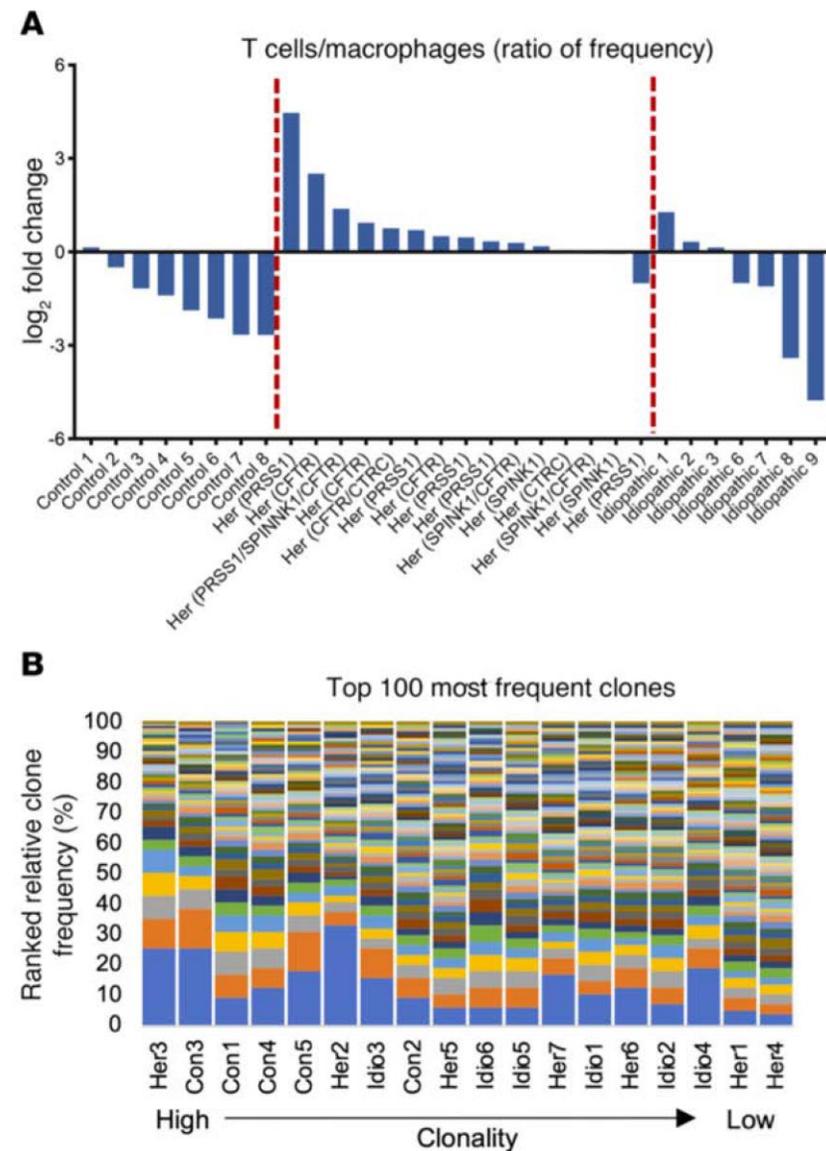
Bomi Lee,¹ Julia Z. Adamska,¹ Hong Namkoong,¹ Melena D. Bellin,^{2,3} Josh Wilhelm,² Gregory L. Szot,⁴ David M. Louis,⁵ Mark M. Davis,^{5,6,7} Stephen J. Pandol,⁸ and Aida Habtezion^{1,6}

研究目的： 了解慢性胰腺炎(CP)患者免疫特征

研究样本： 全胰切除术并进行自体胰岛移植的患者

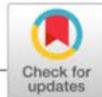
研究方法： 流式细胞术，TCR β 链测序

研究结论： 流式细胞术分析显示，散发CP样本中CD68+巨噬细胞的频率显著增加，而遗传性CP样本中CD3+ T细胞的频率显著增加。TCR测序显示，与对照组相比，两个CP组的TCR多样性显著增加，TCR重排与疾病严重程度评分呈正相关。



Received: 24 July 2020 | Revised: 21 September 2020 | Accepted: 25 September 2020

DOI: 10.1111/ace.13262



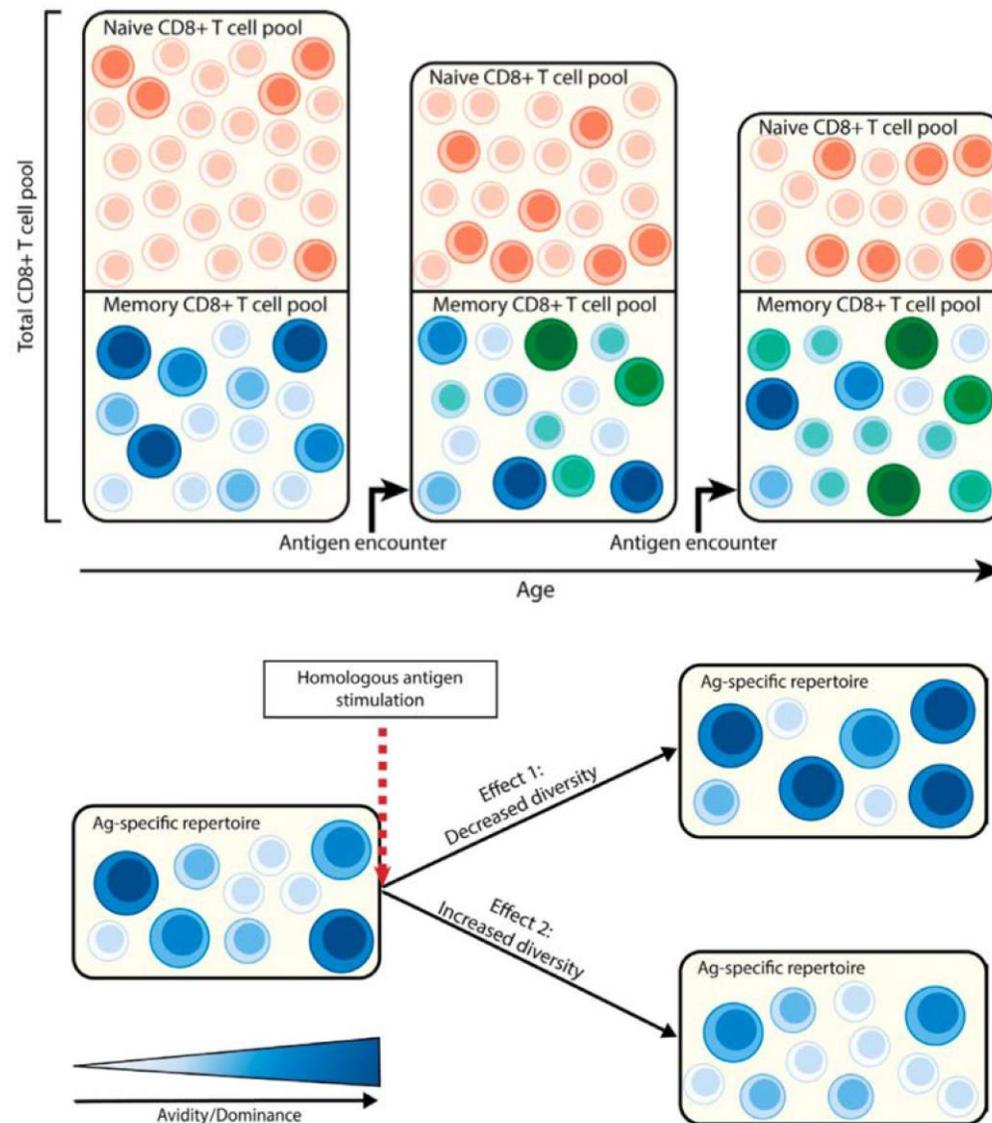
REVIEW

Aging Cell WILEY

How age and infection history shape the antigen-specific CD8⁺ T-cell repertoire: Implications for vaccination strategies in older adults

研究背景: 由于CD8⁺细胞免疫缺陷,老年人常常对外界感染和疫苗接种的反应减弱,机体对再次感染的保护能力也有所下降。这种免疫损伤被认为是细胞数量及受体多样性减少导致的。因此认为在年轻时通过疫苗的接种,进而诱导机体产生保护性记忆可预防老年传染性疾

研究方法: 作者回顾了CD8⁺细胞对抗急性和慢性感染的相关文献。综合论述了年龄、感染史和T细胞多样性等因素对记忆细胞形成的影响



HLA 基因位于人第 6 号染色体短臂 6p21.31，由 200 多个密集且高度可变的(多态)基因组成，发挥“区分敌我、识别自身、排除异己”的免疫作用。因此，进行准确的高分辨率 HLA 分型在移植配型、免疫应答及疾病易感性等研究中具有十分重要的意义。

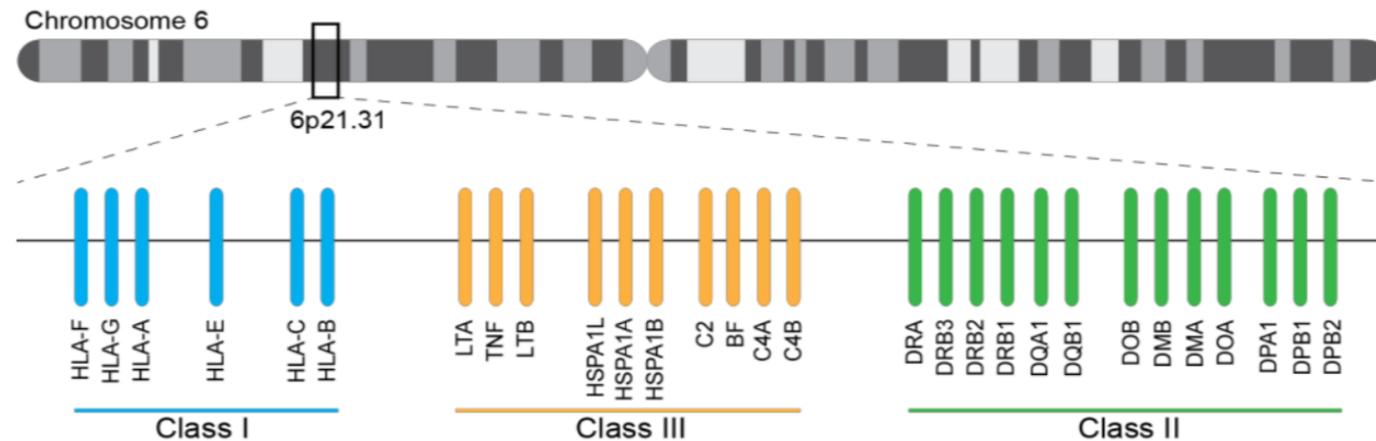
根据基因产物的结构，功能，细胞分布等因素，将 HLA 基因分成了 3 大类：

HLA-I 类基因，包括了 HLA-A，HLA-B，HLA-C 等经典的抗原基因；

HLA-II 类基因，包括 DR，DP，DQ 等基因，

HLA-III 类基因，包含了 C2，C4，BF 等补体基因，还包括其他一些基因，

分布图如下：



| 参数 | 序列特异性寡核苷酸探针 (PCR-SSO) | 序列特异性引物 (PCR-SSP) | 直接测序分型 (PCR-SBT) | NGS |
|------|-----------------------|-------------------|------------------|-----------|
| 原理 | PCR-探针杂交- 荧光检测 | PCR-探针杂交- 紫外检测 | PCR-测序 | 文库构建-测序 |
| 样本通量 | 低 | 低 | 中 | 高 |
| 时间 | 中(3-4 小时) | 短(2-3 小时) | 长(8 小时) | 长(>24 小时) |
| 分辨率 | 中高 | 低 | 高 | 高 |
| 劣势 | 不能发现新位点 | 不能发现新位点 | 模棱两可 | 周期长 |

| 项目名称 | HLA分型检测技术服务 | HLA全长检测技术服务 |
|--------|-------------------------------|-------------|
| 目标区域大小 | 15.65Kb | 4.97Mb |
| 检测范围 | HLA-A, B, C, DRB1, DQB1, DPB1 | HLA全长 |

技术优势:

- 主流TargetSeq®液相探针杂交捕获技术，兼具灵敏度、准确性、样本通量等性能；
- 高通量：适用于大样本量的分型检测，效率高；
- 检测全面：对PCR-SBT 法中忽略的其他外显子进行深度测序，NGS检测范围更广，可以帮助更好的确定等位基因的类型。一般 PCR-SBT检测部分外显子区域，I类分子的2, 3, 4 号外显子，及II类分子的 2, 3号外显子，该产品设计HLA-A, B, C基因全长，及DRB1, DQB1, DPB1基因全外显子区域，检测范围更全；
- 基于NGS高通量测序，检测分辨率高，最大限度的避免了模棱两可的数据出现，检测结果更准确。

博森技术服务项目一览图

基因组学服务

- GWAS 芯片/WES-seq/Target NGS-seq
- Massarray /Multi-PCR NGS/Taqman /KASP SNP分型
- 16S扩增子测序/宏基因组测序
- HLA-seq/TCR&BCR-seq

表观基因组学服务

- EWAS 芯片
- Multi-PCR NGS 靶向DNA甲基化定量
- Massarray 靶向DNA甲基化定量

代谢组学服务

- 非靶向代谢组
- 非靶向脂质组
- 靶向代谢组项目系列

转录组学服务

- 转录组NGS/表达谱芯片
- RT-qPCR 靶向转录本定量

蛋白质组学服务

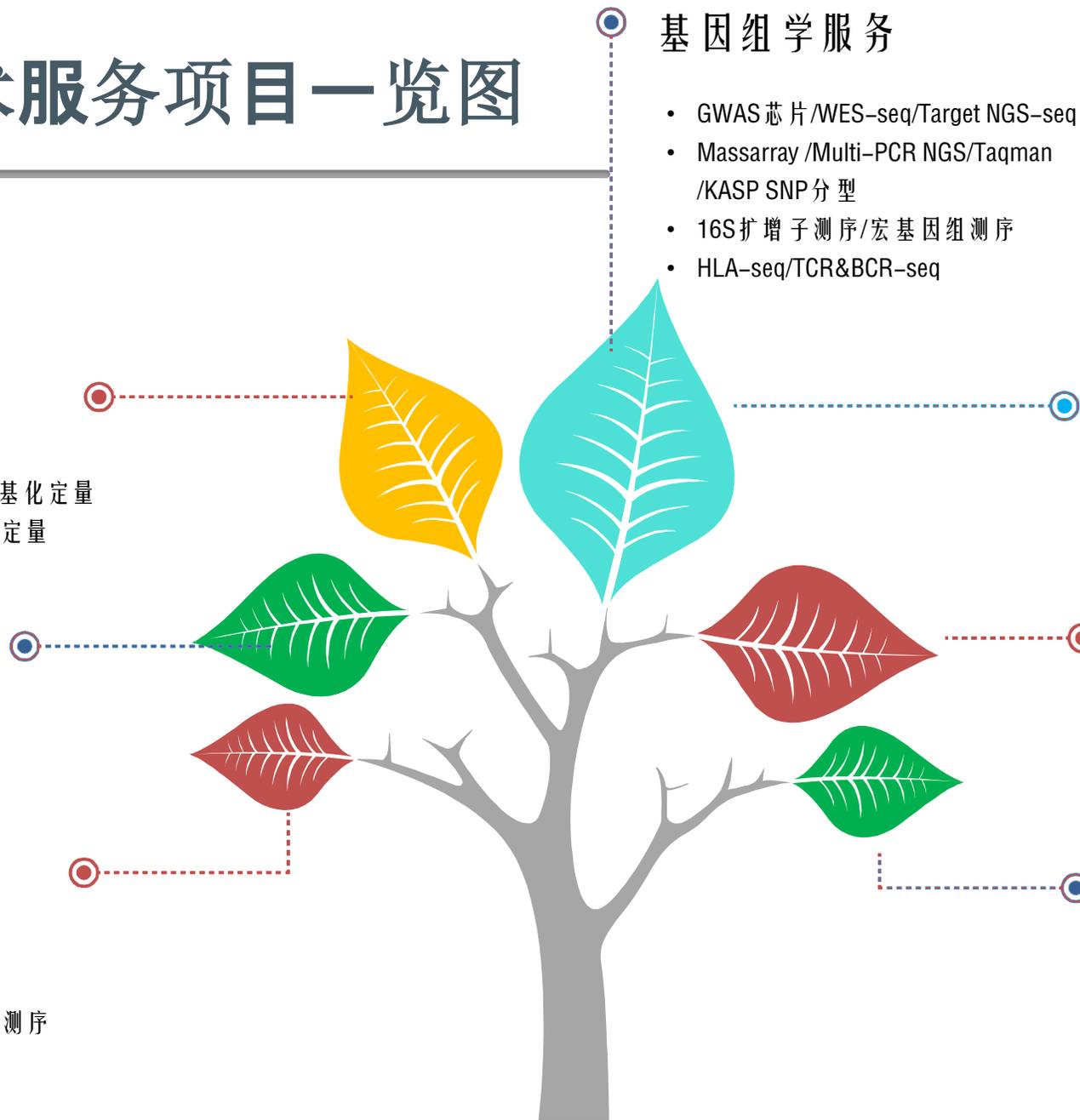
- DIA定量蛋白质组/iTRAQ&TMT定量蛋白质组/Label free定量蛋白质组
- PRM靶向蛋白/Olink蛋白定量/ELISA
- 修饰蛋白质组
- 高密度自身抗体蛋白芯片

单细胞组学服务

- 单细胞转录组测序
- 单细胞免疫组库测序
- 单细胞ATAC测序&转录组测序
- 空间转录组测序

多组学联合研究服务

- GWAS&多组学技术服务
- EWAS&多组学技术服务
- 微生物基因组&代谢组技术服务
- 蛋白质组&代谢组技术服务





博淼生物
BIOMIAO BIOLOGICAL
-SINCE2009-

Your own Laboratory
您的专属实验室

Thanks

Your own Laboratory

