

苏州帕诺米克生物医药科技有限公司

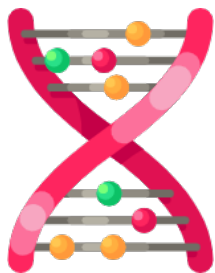


诺米代谢
PANOMIX
Suzhou PANOMIX Biomedical Tech Co., LTD

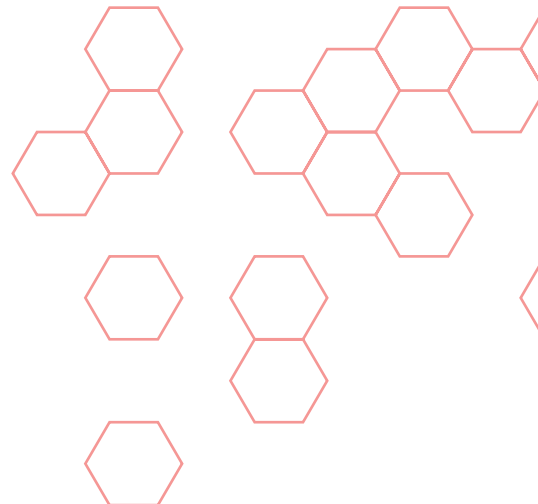
Sequencing
Research Solutions

诺米代谢

高通量测序研究整体解决方案



转录组学
微生物组学



诺米代谢简介

我们的客户



高校



医院



研究所



制药企业



乳品企业



生物公司



政府机构

产品应用方向



基础医学



临床医学



中医药



农林



畜牧



水产



轻工业



环境科学

销售网络



800+ 合作高校、医院、研究所、企业

10000+ 合作项目数

200+ 学术期刊上合作发表文章



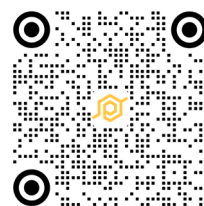
诺米代谢推出科研宝典

《代谢组学与多组学研究实用手册》

扫描二维码，关注公众号

回复“诺米代谢”

免费送 不限量



CMA 资质认证



测序主要组学平台



PacBio Sequel II



Illumina NovaSeq 6000

质谱主要组学平台



Thermo TRACE 1310-ISQ LT



LECO PEGASUS® BT



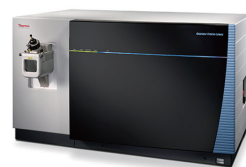
LECO Pegasus® BT 4D GCxGC-TOFMS



Thermo Q Exactive™ 系列



AB sciex 6500+



Thermo Orbitrap Fusion Lumos

转录组学

转录组 (transcriptome) 是特定的细胞、组织或个体在特定状态下所转录出所有 RNA。转录组学 (transcriptomics) 是高通量测序方法研究特定的细胞、组织或个体在特定时间状态下所转录出各类 RNA, 用于揭示不同功能状态下的基因表达、结构的差异, 阐明分子机制。

产品类型

1. 真核转录组测序
2. 原核转录组测序
3. Small RNA 测序
4. LncRNA 测序
5. CircRNA 测序
6. 全转录组测序
7. 全长转录组测序
8. 单细胞转录组测序

应用领域

临床诊断	病理机制研究, 疾病标志物筛查, 疾病诊断及分型, 疾病复发诊断
生物医药	临床药效评价、药物毒理学评价
农林业	抗逆胁迫机制、生长发育机制、育种保护研究
养殖业	病理研究、物种优化

检测平台

二代测序: Illumina NovaSeq 6000

三代测序: PacBio Sequel II

分析内容

以真核有参转录组测序分析内容为例:

数据质控	碱基质量分析、基因覆盖均一度
比对分析	测序数据比对到参考基因组
表达量分析	表达量分析、FPKM 密度分布、饱和度分析、PCA 分析
表达差异分析	基因组圈图、多组差异分析比较、聚类分析、趋势分析
差异基因富集分析	GO 基因富集分析、KEGG 基因富集分析、KO 分析
结构分析	新转录位点分析、UTR 优化分析、差异可变剪切分析、cSNP 和 InDel 分析、转录因子家族分析、外显子差异分析
蛋白网络互作分析	

样品要求

样本类型	mRNA	LncRNA	CircRNA	Small RNA	全转录组 (含 Small RNA)	全转录组 (不含 Small RNA)	全长转录组
细胞	10 ⁶ 个	5X10 ⁶ -10 ⁷ 个	5X10 ⁶ -10 ⁷ 个	10 ⁷ 个	10 ⁷ -10 ⁸ 个	5X10 ⁶ -10 ⁷ 个	10 ⁷ 个
高等或大型 动物组织	组织鲜重 0.1g	组织鲜重 0.2g	组织鲜重 0.2g	组织鲜重 0.5g	组织鲜重 0.5g	组织鲜重 0.2g	组织鲜重 0.5g
昆虫组织	组织鲜重 0.1g	组织鲜重 0.2g	组织鲜重 0.2g		组织鲜重 0.3-0.5g	组织鲜重 0.2g	组织鲜重 0.3-0.5g
人全血	哺乳动物: 2ml 非哺乳动物: 1ml	哺乳动物: 5ml 非哺乳动物: 3ml	哺乳动物: 5ml 非哺乳动物: 3ml	哺乳动物: 8ml 非哺乳动物: 5ml	哺乳动物: 8ml 非哺乳动物: 5ml	哺乳动物: 5ml 非哺乳动物: 3ml	哺乳动物: 8ml 非哺乳动物: 5ml
动物全血	≥ 2 管	≥ 3-5 管	≥ 3-5 管	≥ 5 管	≥ 5 管	≥ 3-5 管	≥ 5-8 管
血细胞	10 ⁶ 个	5X10 ⁶ -10 ⁷ 个	5X10 ⁶ -10 ⁷ 个	10 ⁷ 个	10 ⁷ -10 ⁸ 个	5X10 ⁶ -10 ⁷ 个	10 ⁷ 个
植物组织	嫩茎、嫩叶鲜 重 0.1g 根、花、果实、 种子等 0.2g	嫩茎、嫩叶鲜 重 0.1g 根、花、果实、 种子等 0.2g	嫩茎、嫩叶鲜 重 0.1g 根、花、果实、 种子等 0.2g		嫩茎、嫩叶鲜 重 0.1g 根、花、果实、 种子等 0.2g	嫩茎、嫩叶鲜 重 0.1g 根、花、果实、 种子等 0.2g	嫩茎、嫩叶鲜 重 0.1g 根、花、果实、 种子等 0.2g
小型真菌	菌体、菌丝、 孢子粉等 湿重 0.2g		菌体、菌丝、 孢子粉等 湿重 0.5g				菌体、菌丝、 孢子粉等 湿重 0.5g
大型真菌	幼嫩真菌 0.1g, 较老真 菌 0.2-0.3g		幼嫩真菌 0.2g, 较老真 菌 0.3-0.5g		幼嫩真菌 0.2g, 较老真 菌 0.3-0.5g		幼嫩真菌 0.5g
细菌	菌体湿重 0.2g						

| 转录组测序

转录组测序只是使用高通量测序手段研究特定的细胞、组织或个体在特定时间和状态下所转录出所有 mRNA，用于揭示不同功能状态下的基因表达、结构差异，阐明分子机制。

研究流程

RNA 提取 > RNA 质检 > 文库构建 > 文库质检 > 上机测序 > 数据质控 > 数据分析

项目文章

[项目文章] 利用全长转录组序列鉴定橄榄果实及叶片多酚生物合成的基因 Identification of putative genes for polyphenol biosynthesis in olive fruits and leaves using full-length transcriptome sequencing

期刊: *Food Biochemistry* | 影响因子: 6.306
发表单位: 中国林科院 | 发表日期: 2019年12月

研究背景:

橄榄树是橄榄树科的一员, 原产于地中海盆地和亚洲的部分地区, 其具有各种生物特性, 如抗氧化、抗病毒、抗炎、抗菌、抗致癌、抗高血压、抗血脂等。橄榄苦苷是橄榄苦味的主要来源, 也是生物多酚物质中主要的一员。羟基酪醇 (HT) 是橄榄中存在的另一种重要的化合物家族。HT 的生物合成产物已在欧洲用于细胞培养。而在橄榄油从酪氨酸到 HT 的确切生物合成途径尚未明确。

研究目的:

利用高通量测序手段探究类黄酮、油尿素和 HT 生物合成相关基因的在橄榄及叶片中的表达量及可剪切情况, 从而完成分子水平上导致橄榄中多酚类物质含量较高的关键基因及类黄酮、油尿素和 HT 生物合成的分子机制的预测。

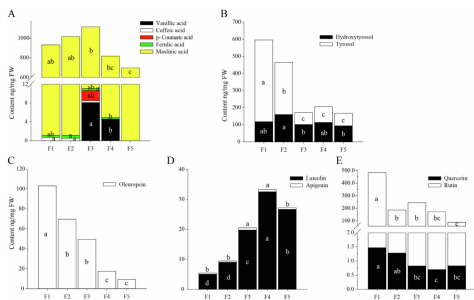


图 1. 不同多酚类物质在橄榄果实各个发育过程中的含量变化

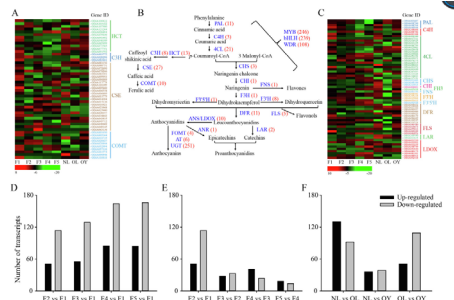


图 2. 参与类黄酮合成的基因在橄榄果实及叶片的发育过程中转录本的表达量

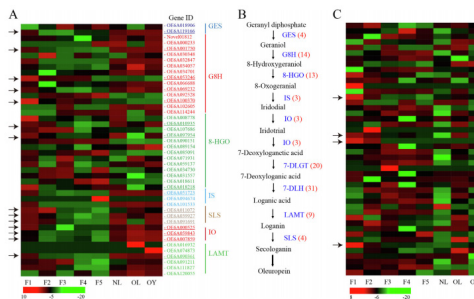


图 3. 参与油脂生物合成相关基因的转录本表达量

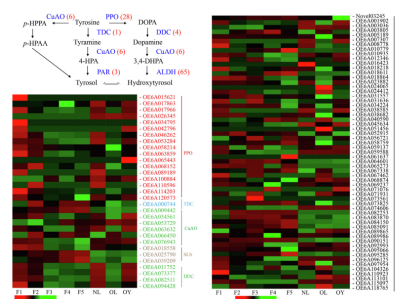


图 4. 参与羟基酪醇生物合成相关基因的转录本表达量

研究结论：

本研究测试了橄榄果实五个不同发育阶段和橄榄叶三种不同年龄的多酚含量。橄榄果实中发现的最丰富的多酚化合物是马斯林酸，浓度达到 1000ng/mg 鲜量。利用结合二代和三代测序方法，首次分析了三个主要的多酚（即类黄酮、油黄酮和羟基酪醇）生物合成途径的基因表达。我们的数据发现了比以往的研究更多的转录本，并表明二代和三代测序的结合可以提高数据获取率。本研究分别鉴定了 17 个基因家族的 122 个转录、9 个基因家族的 101 个转录和 6 个编码黄酮、油尿素和 HT 生物合成酶的基因家族的 106 个转录。本研究还鉴定了 18 个与多酚合成相关的基因的 232 个选择性剪接事件。这是第三代全长转录测序技术首次用于研究橄榄的多酚合成和相关基因表达的研究，为未来橄榄基因发现、分子育种和代谢工程的研究提供了宝贵的资源。

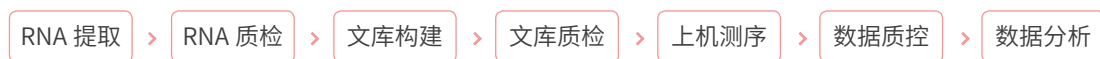
参考文献

Guodong Rao., Jianguo Zhang., Xiaoxia Liu., Ying Luo.(2019). Identification of putative genes for polyphenol biosynthesis in olive fruits and leaves using full-length transcriptome sequencing. Food Chem, 300(undefined), 125246. doi:10.1016/j.foodchem.2019.125246

| ncRNA 测序

ncRNA (non-coding RNA) 是指非编码 RNA，由基因转录而成的不编码蛋白质的 RNA 分子。非编码 RNA 除了在转录和转录后水平上发挥作用外，还在基因表达的表观遗传学调控中发挥重要作用。ncRNA 测序是指利用高通量测序技术研究特定组织、个体及细胞中在特定时间或状态下 small RNA、circRNA 和 lncRNA，用于标志物预测或转录调控研究。

研究流程



研究案例

探究 microRNA 相关的 ceRNA 互作网络对鸽乳产量的调节机制

Identification of microRNA-Associated-ceRNA Networks
Regulating Crop Milk Production in Pigeon (*Columba livia*)

期刊：Genes | 影响因子：3.759

发表单位：Garvan 医学研究所 | 发表日期：2020 年 12 月

研究背景：

作为幼鸟的唯一营养来源，雌雄鸽子分泌的嗉囊乳在孵化后的数周内具有极高的营养价值。含嗉囊乳的颗粒饲料会显著改善养殖鸡和断奶大鼠的生长状况。有研究表明嗉囊乳蛋白合成是由催乳素通过激活 IRS1/ACT/TOR 信号通路来调节的。miRNA 在小鼠、牛、猪和其他哺乳动物的乳腺中的表达谱非常丰富，有许多证据表明 miRNA 可以调节乳腺发育和乳汁成分合成的相关通路。然而，调节鸽子哺乳期的编码和非编码 RNA 之间的相互作用及嗉囊乳的生产机制尚不清楚。

研究目的:

探究哺乳期及非哺乳期 miRNA 的表达量差异, 并进一步结合 lncRNA、circRNA 和 mRNA 表达情况探索 miRNA 相关 ceRNA 互作网络在调节喙囊乳生产中的潜在机制。

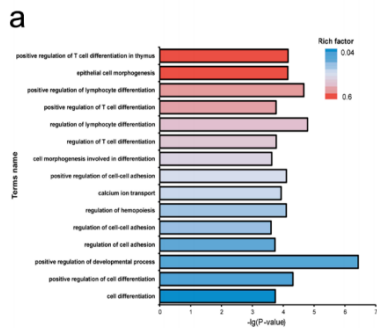


图 1. 哺乳期及非哺乳期鸽乳中差异表达 miRNA 的靶基因富集分析

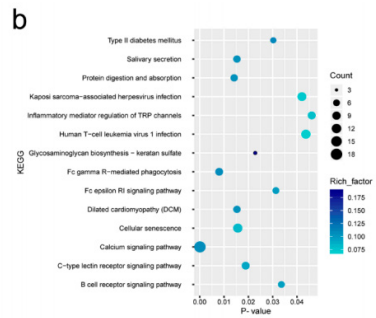


图 2. 哺乳期及非哺乳期鸽乳中差异表达 miRNA 的靶基因 KEGG 富集分析

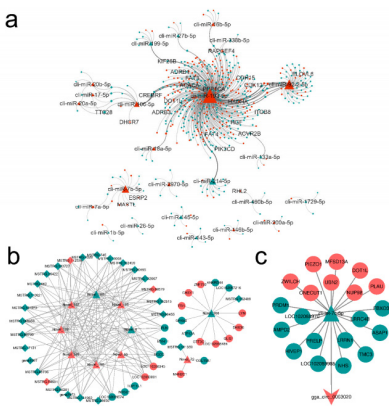


图 3. 哺乳期及非哺乳期鸽乳中差异表达 miRNA 的靶基因 ceRNA 网络图

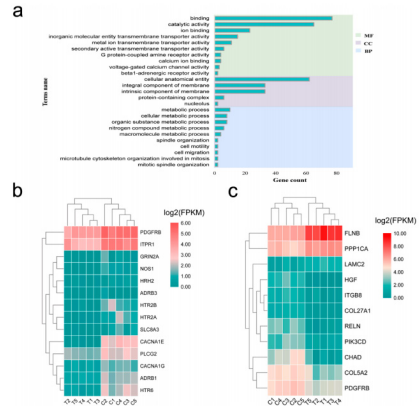


图 4. 哺乳期及非哺乳期鸽乳中差异表达 miRNA 的靶基因功能富集分析

研究结论:

miRNA 在喙囊乳中含量丰富。在 miRNA 调节下, 物质合成和细胞形态发生基因在哺乳期保持活跃。该研究丰富了鸽子 miRNA 的表达谱, 并为 miRNA 相关的 ceRNA 的表达模式和在喙囊乳生产中的调控作用提供了新的见解。

参考文献

Ge Pingzhuang., Ma Hui., Li Yunlei., Ni Aixin., Isa Adamu Mani., Wang Panlin., Bian Shixiong., Shi Lei., Zong Yunhe., Wang Yuanmei., Jiang Linlin., Hagos Hailai., Yuan Jingwei., Sun Yanyan., Chen Jilan.(2020). Columba liviaIdentification of microRNA-Associated-ceRNA Networks Regulating Crop Milk Production in Pigeon. Genes (Basel), 12(1), undefined. doi:10.3390/genes12010039

微生物组学

微生物组 (Microbiome) 是指一个特定环境或者生态系统中全部微生物 (Microorganism) 及其遗传信息, 包括其细胞群体和数量、全部遗传物质即基因组信息。微生物组学 (Microbiomics) 是指使用高通量测序手法研究动植物体上共生或病理的微生物生态群体的科学。

产品类型

1. 微生物多样性检测 (16S/18S/ITS)
2. 宏转录组测序
3. 宏基因组测序

应用领域

生态学	生态趋势研究、生态比较研究
食品科学	有益的微生物及其应用、微生物在食品变质过程中的作用机制
养殖业	病理研究、物种优化
农林业	抗逆胁迫机制、生长发育机制、育种保护研究
医学	基础医学研究, 临床诊断研究

检测平台

二代测序: Illumina NovaSeq

三代测序: PacBio Sequel II

分析内容

以微生物多样性检测分析内容为例:

	数据质控、序列组装拼接
物种注释	OTU 聚类分析、基因预测与功能注释、物种注释与组成谱分析、特定数据库的注释分析、三元相图、属水平物种进化树
Alpha 多样性	alpha 多样性指数计算、alpha 多样性组间差异分析、多样性曲线、累积曲线、Venn 图 / 花瓣图
Beta 多样性	beta 多样性指数计算、beta 多样性组间差异分析、排序分析 (PCoA/PCA/NMDS/simper)、聚类分析

组间差异显著性分析	T-test、Metastat、LEfSe
组间群落差异显著性分析	Anosim、MRPPA、Adonis、Amova
环境因子关联分析	spearman、Mantel test、CCA、RDA、dbRDA、VPA
Network 分析与模型预测	共发生网络图、RandomForest 模型
功能预测	PICRust、Tax4fun、FAPROTAX、FunGuild、BugBase

样品要求

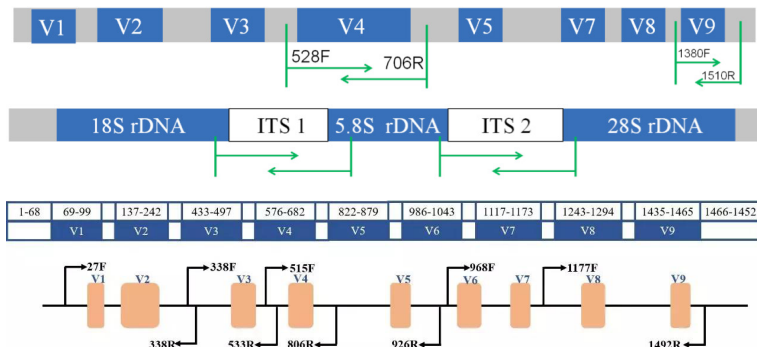
样本类型	16S/18S/ITS	宏基因组	宏转录组
粪便	鲜重 0.5-1g	鲜重 0.5-1g	鲜重 0.5-1g
水体	直径 3-5cm, 3-5 张	直径 3-5cm, 3-5 张	直径 3-5cm, 3-5 张
土壤	鲜重 0.5-2g	鲜重 1.5-2g	鲜重 1.5-2g
肠道内容物	鲜重 1.5-3g	鲜重 1.5-3g	鲜重 1.5-3g
瘤胃	1-3mL	1-3mL	1-3mL
植物内生菌	5-10g	5-10g	5-10g
物体表面	直径 3-5cm, 3-5 张	直径 3-5cm, 3-5 张	直径 3-5cm, 3-5 张

| 16S/18S/ITS 测序 - 微生物多样性检测

微生物多样性检测是指利用高通量测序手段，以 16S/18S/ITS 微生物特征序列为目的片段，来进行微生物组内物种及丰度多样性、组间多样性以及生物学功能的相关研究。

测序原理

16S rDNA 是细菌的系统分类研究中最有用的和最常用的分子钟，其种类少，含量大 (约占细菌 DNA 含量的 80%)，分子大小适中，存在于所有的生物中，其进化具有良好的时钟性质，在结构与功能上具有高度的保守性，素有“细菌化石”之称。16S rDNA 由于大小适中，既能体现不同菌属之间的差异，又能利用测序技术较容易地得到其序列。



研究流程

微生物组总 DNA 提取

核酸质检

文库构建

文库质检

上机测序

数据分析

项目文章

[项目文章] 氨、热应激对凡纳滨对虾肠道菌群、转录组和代谢组层面的毒性作用

Toxic effects of ammonia and thermal stress on the intestinal microbiota and transcriptomic and metabolomic responses of *Litopenaeus vannamei*

期刊: *Science of The Total Environment* | 影响因子: 6.551

发表单位: 中国水产科学研究院南海水产研究所 | 发表日期: 2020 年 8 月

研究背景:

在亚热带气候地区,特别是夏季,虾塘的水温经常超过 34°C。高温会引起应激反应,引起虾的生理不适。氨是水生环境中常见的污染物,主要由粪便、过量饲料等有机废物分解产生。氨应激影响虾的健康,导致高死亡率、免疫紊乱和易感性疾病。在密集培养池中,氨氮的浓度可提高到 46 mg/L。据报道,氨的浓度受水温的影响,随着水温的升高,氨对水生动物的毒性增大。

肠道是宿主健康的屏障,由肠道粘膜和功能稳定的微生物群组成,肠道屏障不仅对维持体内环境的稳定起着重要作用,而且能有效防止病原体的入侵和细菌内毒素的置换。因此,肠道菌群与宿主的免疫和代谢之间的相互作用对宿主的健康有着深远的影响。

研究目的:

研究氨-热应激对凡纳滨对虾肠道菌群群落的个体效应和综合效应。然后利用转录组学和代谢组学分别分析肠道免疫因子和血淋巴代谢物的变化,并探讨肠道微生物的变化与宿主免疫因子和代谢物的关系。

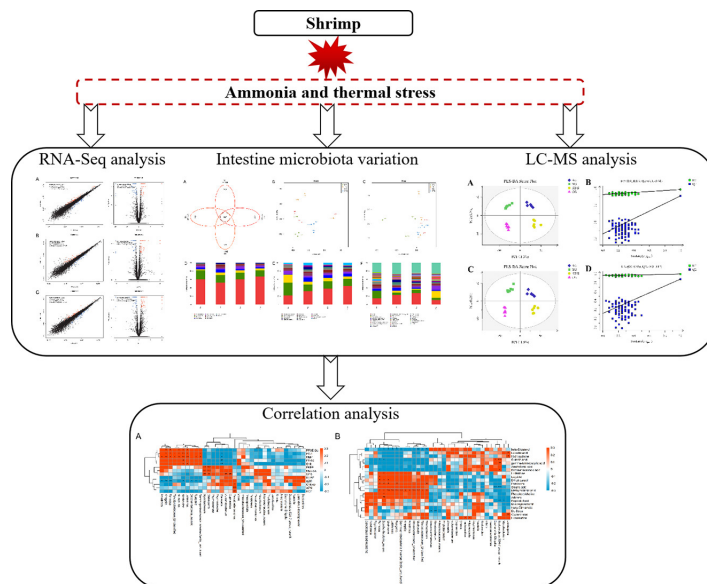


图 1. 研究思路

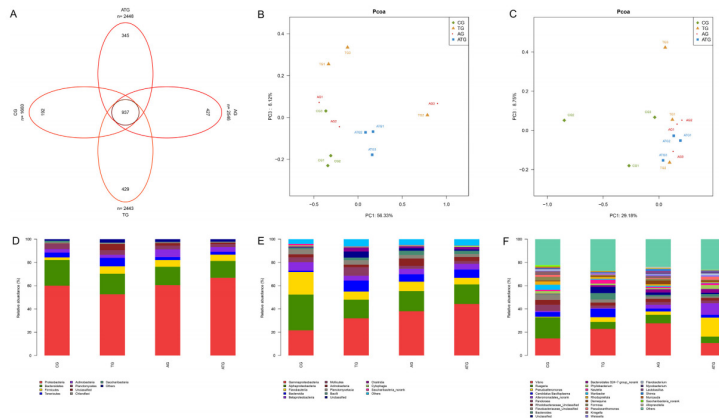


图 2. 氨应激及热应激对凡纳滨对虾肠道微生物多样性及组成的影响
CG: 对照组; TG: 热应激组; AG: 氨应激组; ATG: 热-氨应激组

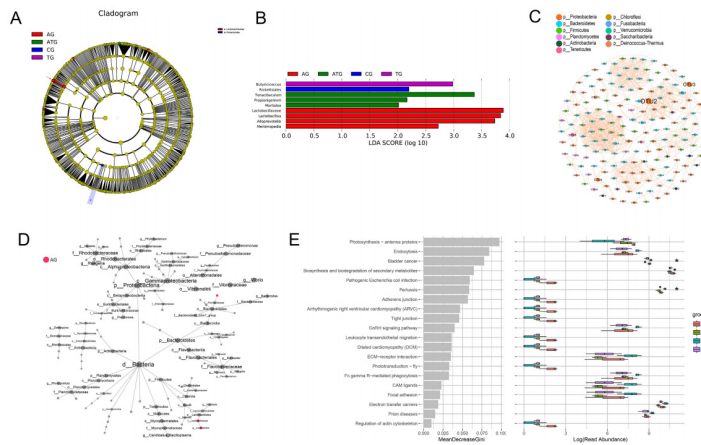


图 3. 凡纳滨对虾在氨、热应激后肠道微生物组间变异、互作网络和代谢分析

研究结论:

应激后肠道菌群变化明显，厚壁菌门升高，拟杆菌门降低。一些产生有益物质的细菌丰度降低了。单个应激下，弧菌属病原菌数量增加，复合应激下病原菌数量减少。肠道转录组结果显示免疫相关基因与围食膜和抗菌过程有关。在肠道细菌与宿主代谢产物的相关性中，Demequina 与甘油和 L- 乳酸的变化呈正相关。拟杆菌类与花生四烯酸的变化呈正相关，而 Lutimonas, Muricauda, Rhodopirellula, 和 Ruegeria 与甲基丙二酸的变化呈正相关，与谷甾醇的变化呈负相关。本文中选择的几种高度相关的细菌、基因和代谢产物可以作为对氨 - 热应激反应的生物标记物。

本研究揭示了在氨 - 热应激条件下凡纳滨对虾的肠道菌群、免疫和代谢机制；鉴定了 9 种与应激相关的代谢物标志物，几种肠道细菌属与宿主基因和代谢标志物均存在显著相关性，但其机制尚需进一步探讨。

参考文献

Duan Yafei., Xiong Dalin., Wang Yun., Li Hua., Dong Hongbiao., Zhang Jiasong.(2020). Toxic effects of ammonia and thermal stress on the intestinal microbiota and transcriptomic and metabolomic responses of *Litopenaeus vannamei*. *Sci Total Environ*, 754(undefined), 141867. doi:10.1016/j.scitotenv.2020.141867

| 宏基因组测序

宏基因组 (Metagenome) 是全部微小生物遗传物质的总和。目前主要指环境样品中的细菌和真菌的基因组总和。宏基因组测序是一种以环境样品中的微生物群体基因组为研究对象，以高通量测序分析为研究手段，以微生物多样性、种群结构、进化关系、相互协作关系及与环境之间的关系为研究目的的微生物研究方法。

研究流程

微生物组总 DNA 提取 > 核酸质检 > 文库构建 > 文库质检 > 上机测序 > 数据分析

| 宏转录组测序

宏转录组 (Metatranscriptome) 是指特定时间或状态下，样本中全部微小生物转录本的总和。宏转录组学测序是一种以高通量测序分析为研究手段，以微生物组物质分布、功能活性、协作关系为研究目的，从整体水平上研究某一特定环境，特定时期群体生命全部基因组转录情况以及转录调控规律的微生物研究方法。

研究流程

微生物组总 RNA 提取 > 核酸质检 > 文库构建 > 文库质检 > 上机测序 > 数据分析

研究案例

利用宏基因组测序快速检测感染患者体液中病原体微生物

Rapid pathogen detection by metagenomic next-generation sequencing of infected body fluids

期刊: *Nature Medicine* | 影响因子: 36.13

发表单位: University of California San Francisco | 发表日期: 2020 年 11 月

研究背景:

早期发现致病微生物对严重感染患者有至关重要的意义。对于病原微生物的失败或延迟诊断不仅会延长住院时间，死亡率和发病率也会增加。此外，这些诊断的患者总是需要经验性广谱治疗，这会导致副作用和抗菌药物耐药性的增加。然而致病微生物难以分离培养或生长缓慢等因素使得实现病原微生物的早期检验十分艰难。虽然针对保守的 16S 和 28S-ITS rDNA 的 PCR 检测提供了早期诊断的方法，但其检测灵敏度还是令人担忧。

研究目的:

探究使用宏基因组测序手法作为临床快速检验病原微生物的可行性。

研究结论:

临床宏基因组测序可能有助于至少四种其他情况：(1) 识别培养阴性或缓慢生长的病原体，(2) 诊断罕见或不寻常的病原微生物 (3) 作为危重病人的一线测试 (4) 作为早期预测替代大量检测，作为诊断工作的一部分。

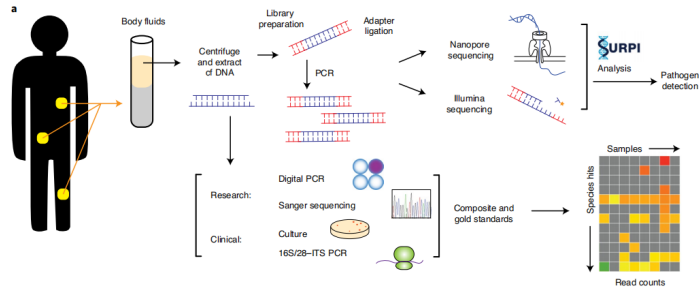


图 1. 研究思路

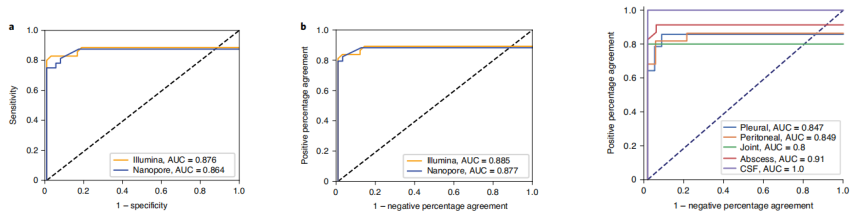


图 2. ROC 曲线

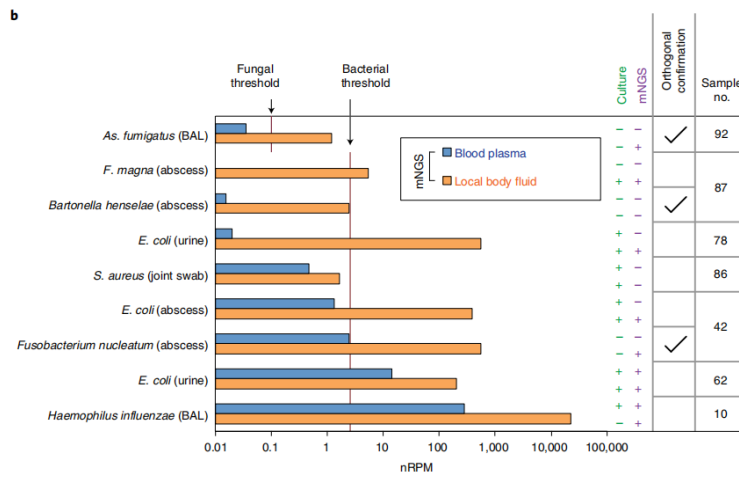


图 3. 体液和血浆样本中相对病原体负荷的比较

参考文献

Gu Wei., Deng Xianding., Lee Marco., Sucu Yasemin D., Arevalo Shaun., Stryke Doug., Federman Scot., Gopez Allan., Reyes Kevin., Zorn Kelsey., Sample Hannah., Yu Guixia., Ishpuniani Gurpreet., Briggs Benjamin., Chow Eric D., Berger Amy., Wilson Michael R., Wang Candace., Hsu Elaine., Miller Steve., DeRisi Joseph L., Chiu Charles Y.(2021). Rapid pathogen detection by metagenomic next-generation sequencing of infected body fluids. Nat Med, 27(1), 115-124. doi:10.1038/s41591-020-1105-z

产品管线

公司服务项目囊括非靶向代谢组学、靶向代谢组学、全靶、脂质组学、风味组学、空间及单细胞代谢组学、微生物组学、转录组学，应用领域包括农业、环境、肿瘤、心血管疾病、代谢类疾病及肠道微生物相关的研究领域，覆盖 80 余项细分检测分析服务内容，为客户提供个性化的多组学科研及临床解决方案。

01 代谢组学

- 空间代谢组学
- 非靶向代谢组学
 - GC-MS代谢组学
 - GCxGC全二维代谢组学
 - LC-MS代谢组学
 - 全局精准非靶向代谢组学
 - 全局精准花青素非靶向代谢组学
 - 全局精准黄酮非靶向代谢组学
 - 风味组学
 - 成分组学
- 靶向代谢组学
 - 短链脂肪酸定量分析
 - 脂肪酸定量分析
 - 胆汁酸定量分析
 - TMAO及相关代谢物定量分析
 - 氨基酸定量分析
 - 黄酮类代谢物定量分析
 - 神经递质定量分析
 - 有机酸定量分析
 - 糖类定量分析
 - 植物激素定量分析
 - 类胡萝卜素定量分析
 - 单宁类定量分析
 - 酚酸类定量分析
 - 花青素定量分析
 - 维生素定量分析
 - 花生四烯酸定量分析
 - 代谢流定量分析
 - 能量代谢定量分析
 - 色氨酸代谢定量分析

02 蛋白质组学

- 定量蛋白质组学
 - 标记定量蛋白质组学
 - TMT/iTRAQ蛋白质组学
 - 非标记定量蛋白质组学
 - Label free蛋白质组学 (DDA模式)
 - 非标记蛋白质组学 (DIA模式)
 - PRM定量靶向蛋白质组学
- 修饰蛋白质组学
 - 磷酸化修饰蛋白质组学
 - 乙酰化修饰蛋白质组学
 - 泛素化修饰蛋白质组学
 - 糖基化修饰蛋白质组学
 - 甲基化修饰蛋白质组学
 - 乳酸化修饰蛋白质组学
 - 巴豆酰化修饰蛋白质组学
 - 二羟基异丁酰化修饰蛋白质组学
 - 琥珀酰化修饰蛋白质组学
- 4D-蛋白质组学
- 宏蛋白质组学

03 脂质组学

04 转录组学

- 真核生物转录组学
- 原核生物转录组学
- LncRNA研究
- Small RNA 测序
- CircRNA 测序
- 全转录组测序
- 全长转录组测序
- 单细胞转录组测序

05 离子组学

- 多种物质离子组学研究

06 微生物组学

- 微生物多样性 (16S)
- 宏基因组
- 宏转录组

07 多组学整合

- 代谢组-蛋白质组研究
- 代谢组-转录组研究
- 代谢组-微生物组研究
- 代谢组-蛋白组-转录组-微生物组研究

08 脑肠轴研究

- 16S-非靶/全靶代谢组联合分析
- 16S-短链脂肪酸/胆汁酸/脂肪酸/TMAO/神经递质/氨基酸联合分析

09 外泌体研究

- 外泌体代谢组学
- 外泌体脂质组学
- 外泌体蛋白质组学
- 外泌体转录组学
- 外泌体提取
- 外泌体鉴定
 - WB鉴定
 - NTA鉴定
 - 电镜鉴定

10 数据分析

- 各组学数据分析
- 多组学整合分析
- 脑肠菌轴研究分析



代谢组学行业领跑者



苏州帕诺米克生物医药科技有限公司

电话：0512-62959105

地址：江苏省苏州市工业园区新平街 388 号 2 号楼

邮箱：info@bionovogene.com

网址：<https://www.bionovogene.com>

<https://www.biodeep.cn>