

MGI 16S rDNA 测序产品方案

快速、精准、便捷，为微生物组学研究提供强力工具

■ 产品特点

- 产品设计覆盖V3-V4区域，可以提供属到种级别的物种分类分辨率
- 在6小时内用两步PCR即可完成文库制备，操作简单快捷
- DNBSEQ-G99测序仪能在30小时内完成PE300测序，为您的研究提速
- 软件功能丰富，如OTU分析、分类水平识别、 α 多样性分析、 β 多样性分析，PCA/PCoA和聚类热图分析
- 可提供多达4608个条形码用于文库准备，满足高通量测序要求

■ 简介

微生物在海洋、土壤、家庭、医院和人体等环境中无处不在，它们在不同的生态系统中发挥着至关重要的作用。分析不同微生物群落中微生物的多样性对于全面了解生命至关重要，并对人类健康、环境科学和工业具有重要意义。

DNBSEQ-G99是世界上速度最快的中小型测序仪，能够在30小时内完成PE300测序，提供高质量的数据。同时还集成了生物信息学模块，可以在机器上自动分析数据。

文库制备试剂是基于ATOPlex技术开发的，覆盖16S rDNA的可变区V3-V4。利用两步PCR完成文库制备，首先扩增靶向16S rDNA的V3-V4区域，然后进行第二步PCR以添加测序接头。

HGT 16S/18S/ITS宏基因组软件包括多个功能模块，如OTU分析、分类水平鉴定、 α 多样性分析、 β 多样性分析，PCA/PCoA和聚类热图分析。

MGI 16S rDNA测序产品方案包括试剂、测序仪和数据分析软件，覆盖从样本到报告的全流程。可应用于微生物群落结构、进化关系和人类健康的研究。

表 1. 产品参数

预期用途	测序读长	推荐数据量
16S V3-V4 测序	PE300	≥0.1 M Reads

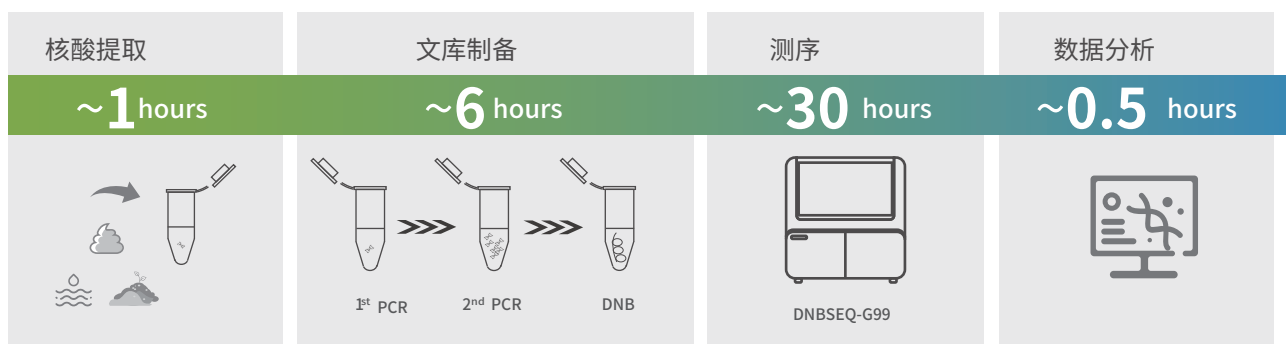


图 1. 工作流程图

■ 产品性能

使用MGI 16S rDNA测序产品方案对四例样本进行测试，系统对数据进行了OTU分析和聚类，并计算了每种类型OTU的丰度，结果如表2所示（注意，仅显示部分结果）

表 2. OTU丰度数据

Otu_id ↓↑	Total_tags ↓↑	S1_tags ↓↑	S4_tags ↓↑	S2_tags ↓↑	S3_tags ↓↑	S1_relative_abundance ↓↑	S4_relative_abundance ↓↑	S2_relative_abundance ↓↑
OTU000001	451462	116529.0	114848.0	115712.0	104373.0	17.711593	17.318373	17.749090
OTU000002	401718	99355.0	106746.0	98309.0	97308.0	15.101265	16.096641	15.079640
OTU000003	340328	80540.0	81211.0	83439.0	95138.0	12.241517	12.246120	12.798727
OTU000004	330073	80996.0	84430.0	82018.0	82629.0	12.310826	12.731525	12.580760
OTU000005	318537	79911.0	75670.0	79455.0	83501.0	12.145913	11.410571	12.187621
OTU000006	247936	59665.0	67397.0	58174.0	62700.0	9.068663	10.163053	8.923323

随后，基于OTU的物种注释信息，统计每个分类级别（界、门、纲、目、科、属、种）在每个样本中的标签序列数量，并生成直方图和克朗图

表 3. 不同分类级别的标签数量

	Domain	Phylum	Class	Order	Family	Genus	Species
S1	657901	657872	657872	657205	656320	653759	494244
S2	651913	651892	651892	651204	650342	647811	492473
S3	660263	660228	660228	659658	658844	656497	503129
S4	663126	663097	663097	662454	661685	659223	498926

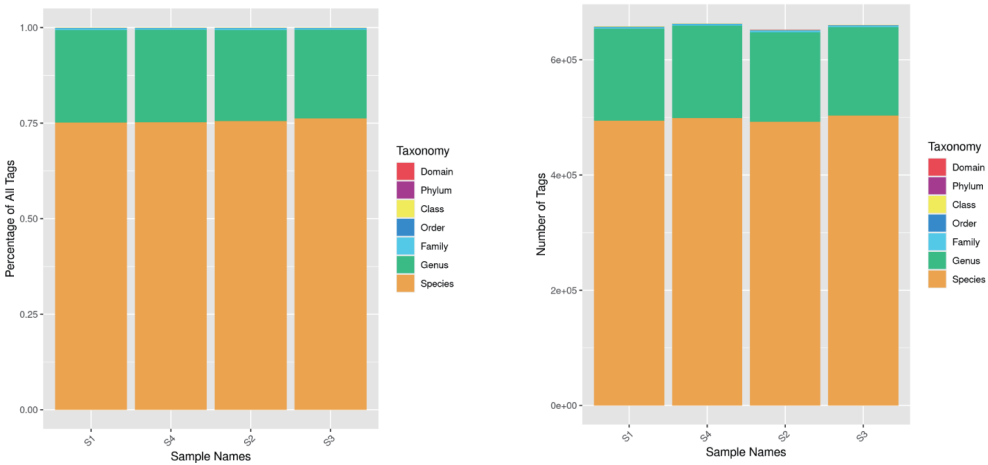


图 2. 每个分类级别的百分比柱状图

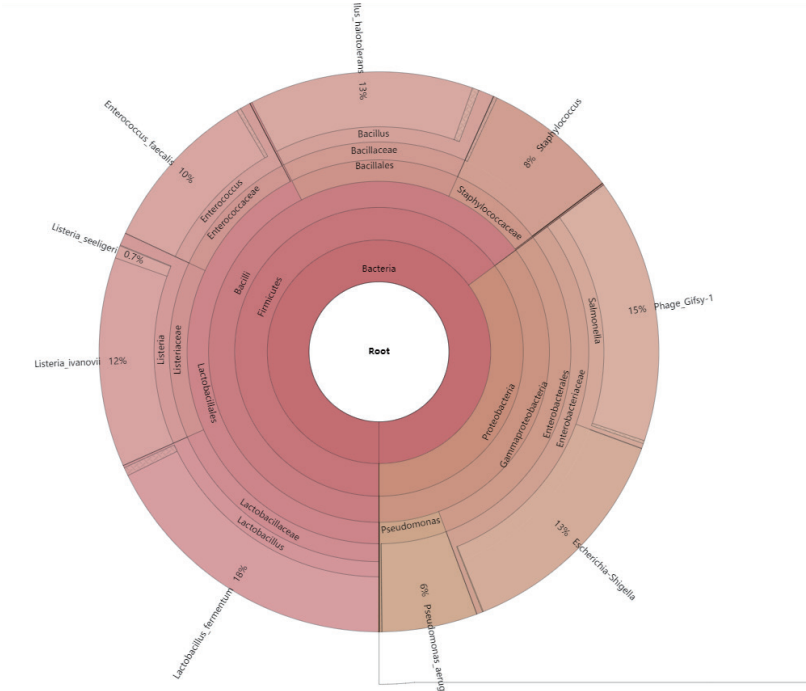


图 3. K克朗图

表 4. 与不同目相关联的标签数量

Order	Family	Genus	Species	S1_tags	S4_tags	S2_tags	S3_tags	S1_relative_abundance	S4_relative_abundance
Lactobacillales				281901	282890	278789	275430	42.8471	42.6590
Enterobacterales				191663	202483	191475	190885	29.1315	30.5337
Bacillales				88724	89403	92132	104369	13.4855	13.4817
Staphylococcales				56725	54319	51438	48304	8.6218	8.1912
Pseudomonadales				37999	33160	37157	40493	5.7756	5.0004
Burkholderiales				86	112	100	89	0.0131	0.0169

微生物群落通常由少数优势物种和少数稀有物种组成，优势物种在决定群落功能方面发挥着重要作用。系统会确定每个样本在每个分类级别的分类组成，并生成一个堆叠条形图，用于将不同样本之间物种丰度的差异进行可视化。图表中显示了在至少一个样本中相对丰度 $\geq 2\%$ 的前10个物种，所有其他物种都被归类为“Others”。未按规定进行分类级别进行注释的OTU将显示为“Unclassified”

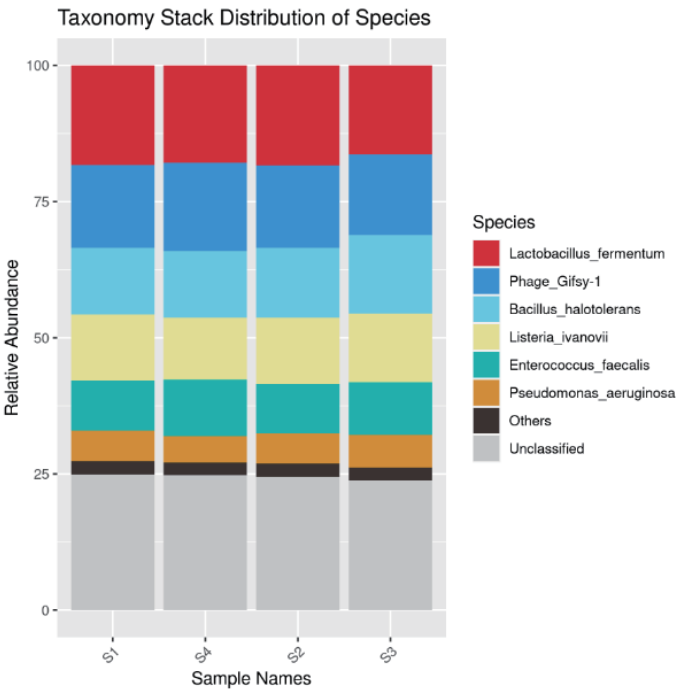


图 4. 各种样本的物种分布堆积条形图

下面的聚类热图显示了每个样本中不同物种的丰度。热图上反映的聚类关系可以帮助理解样本中的物种层次关系

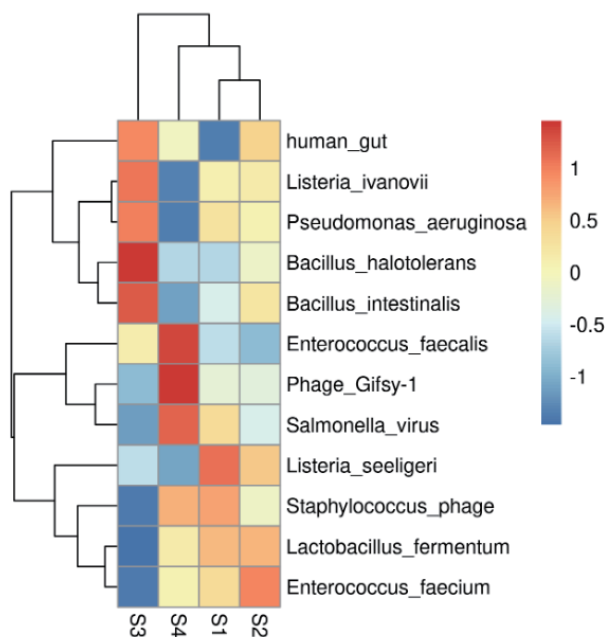


图 5. 不同样本物种丰度的聚类热图

阿尔法多样性指标提供了样本中微生物群落的多样性（反映分类类群的数量）和均匀性（反映类群丰度的分布）的信息。结果如下图所示

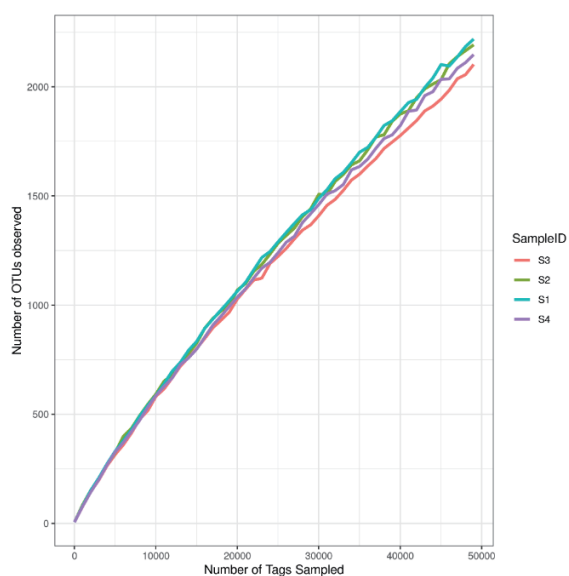


图 6. 稀疏曲线

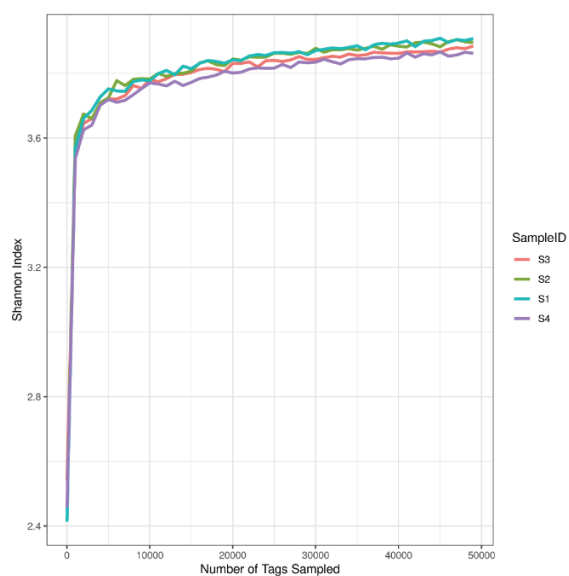


图 7. Shannon稀疏曲线

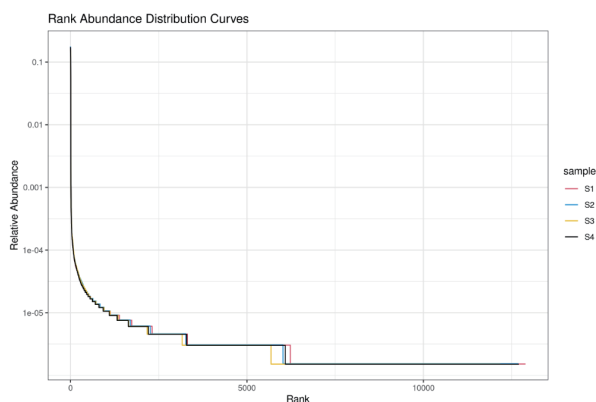


图 8. 不同细菌群落群的丰度分析

系统利用Unifrac距离（加权或未加权），通过考虑基于序列相似性估计的进化树来测量样本之间的系统发育差异。结果以热图的形式呈现，将样本之间系统发育组成的差异可视化，如下图所示



图 9. 未加权和加权Unifrac指数的热图

主成分分析（PCA）、主坐标分析（PCoA）和非度量多维标度（NMDS）分析结果如图10所示。在这些图中，具有相似组成的样本的点距离较近。理论上，相似环境中的样本通常表现出聚类。

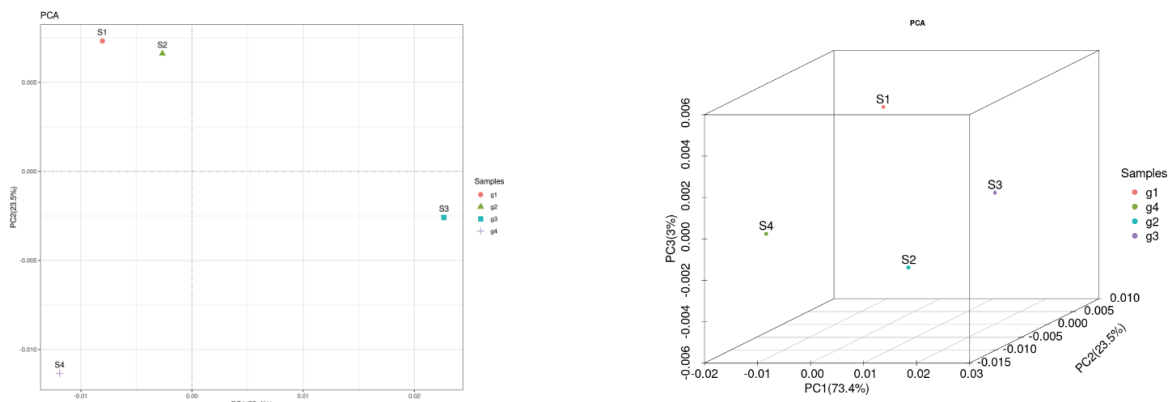


图 10. OTU主成分分析图

算术平均未加权组法（UPGMA）分析是一种简单的分层聚类方法，可用于研究样本之间的相似性。UPGMA分析基于加权和未加权的Unifrac数据，并使用Mothur软件进行。生成的UPGMA分类树可将样本之间的相似性可视化，更相似的样本由树上较短的公共分支表示。分析结果如下图所示

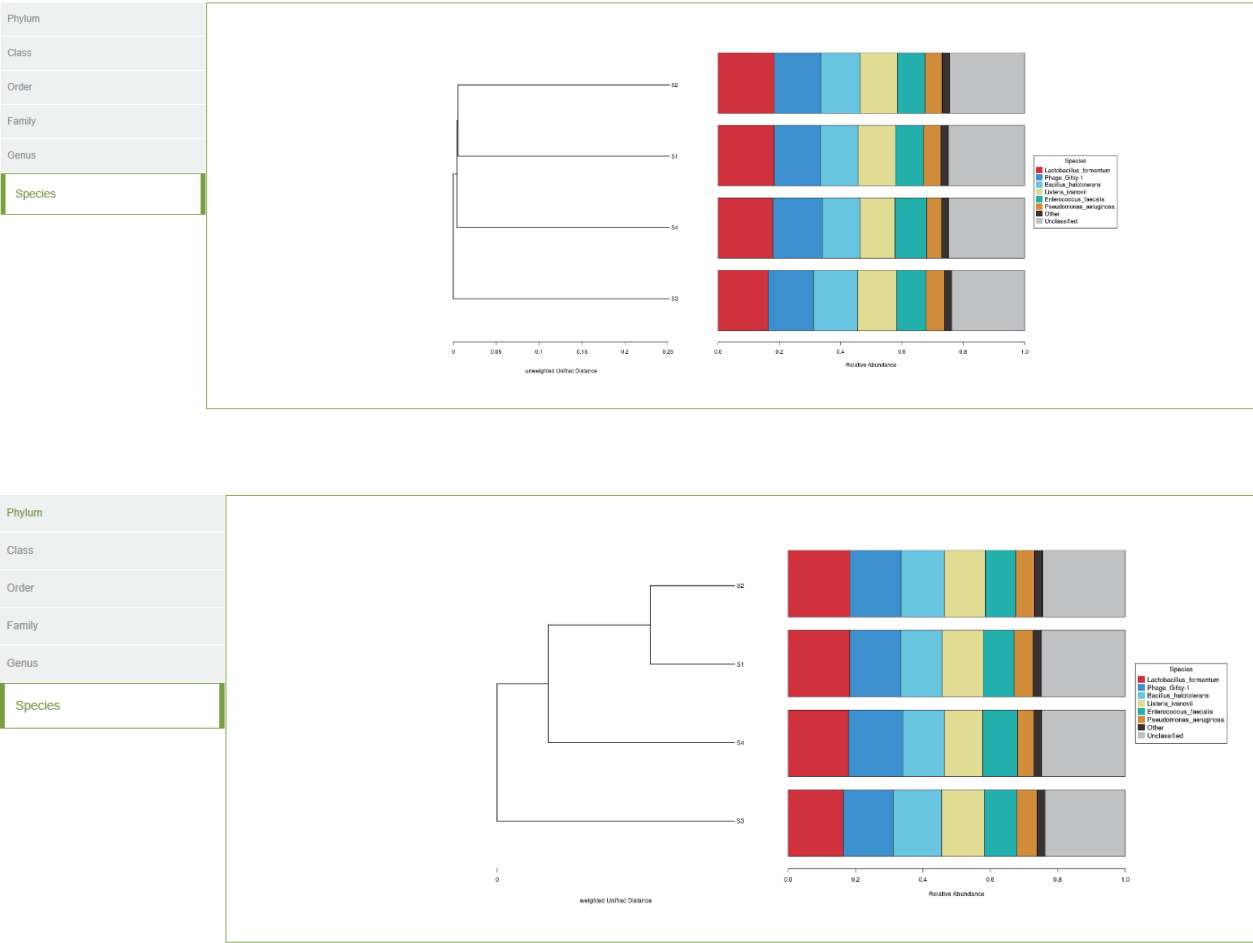


图 11. UPGMA分类树

■ 订购信息

产品名称	规格	货号
仪器		
基因测序仪DNBSEQ-G99ARS	高配	900-000608-00
试剂		
MGIEasy 粪便基因组DNA (meta) 提取试剂盒	96 人份	940-000122-00
ATOPlex 16SV3V4 rDNA建库试剂盒套装	576 人份	940-000725-00
ATOPlex 16S V3V4 rDNA建库试剂盒套装	96人份	940-001261-00
ATOPlex E450 双标签平衡文库试剂	40ng/tube	940-000637-00
MGIEasy双barcode环化试剂盒	/	1000020570
MGIEasy 环化试剂盒V2.0	/	1000005259
DNBSEQ-G99RS高通量测序试剂套装	G99 SM FCL PE300	940-000415-00
软件		
HGT 16S/18S/ITS 宏基因组软件	/	970-000333-00



股票简称：华大智造
股票代码：688114

深圳华大智造科技股份有限公司

✉ MGI-service@mgi-tech.com

🌐 www.mgi-tech.com

☎ +86-4000-688-114



官方微信



官方中文网站