



君济生物®
GentleGen

君济生物 高通量测序技术服务

—
GentleGen
NGS Sequencing Services

GENGENTLEGEN

www.gentlegen.com



致力于打造自动化与智能化的生物技术应用

加速生命科学研究, 保障生物医药安全

君济生物致力于打造自动化与智能化的生物技术应用, 结合先进的自动化技术, 打造基因合成、寡核苷酸合成、Sanger测序、高通量测序、基因编辑和蛋白表达等智能化一站式基因服务技术平台, 加速生命科学研究进展, 赋能合成生物产业升级。同时, 君济生物建立了完善的生物药安全评价体系, 为核酸药物、细胞和基因治疗药物、基因编辑药物和蛋白药物等提供从早期研发到临床阶段药物安全评价检测, 为生物医药的安全保驾护航。君济生物致力于为全球健康和绿色发展贡献力量, 愿成为生物医药与合成生物学产业值得信赖的合作伙伴。

2⁺

苏州、天津实验室

6⁺

基因服务事业部

1000⁺

生物技术公司、科研院校等



愿景 VISION

致力于自动化与智能化的生物技术应用,加速生命科学研究,保障生物医药安全,促进全球健康和绿色发展。

使命 MISSION

建立全球领先的自动化与智能化生物技术平台,成为生物医药与合成生物学产业值得信赖的合作伙伴

价值观 VALUE

客户至上、合作共赢、诚信正直、持续创新



基因合成服务



寡核苷酸合成服务



Sanger测序服务



抗体蛋白服务



高通量测序服务

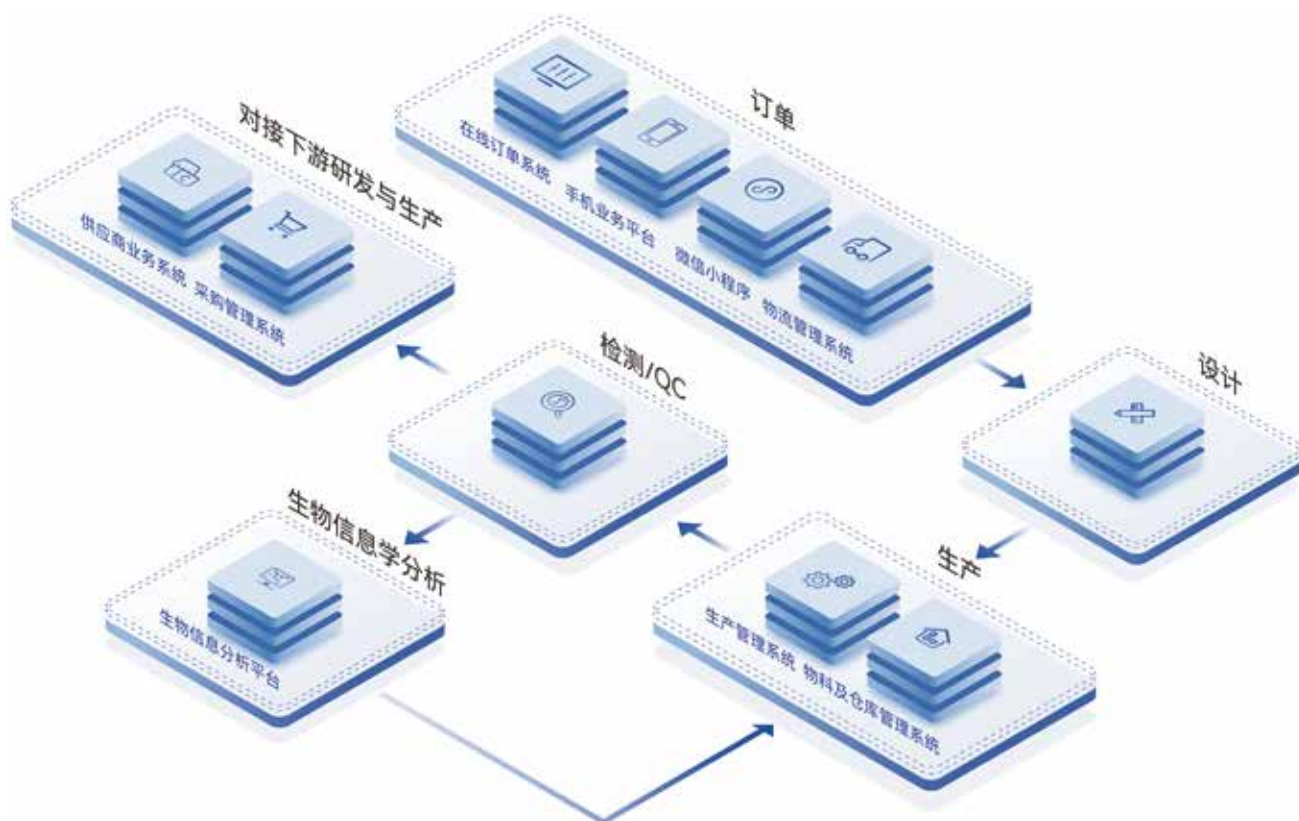


基因编辑服务

软件服务平台

Software Service Platform

技术模块





| 平台优势

便捷下单



拥有手机业务平台及基于Web3.0的跨平台客户下单系统,能满足不同用户下单习惯

稳定的生产



广泛用 AI 技术优化实验室流程:提高样本处理效率和准确性、智能调控实验参数、快速分析数据、有效控制质量

质量保障



利用机器视觉和边缘计算技术监控实验,前者以高分辨率摄像头捕捉实验细节,后者在边缘设备处理图像数据、实时分析,二者结合可及时发现并修正,提高交付质量。

生物学分析



基于大数据和云计算的生物信息学工具平台是生物科研突破。它汇聚大量生物数据,云计算增强其运算与资源调配能力。平台工具多样且强大,可助力生物科学发展。

自主设计

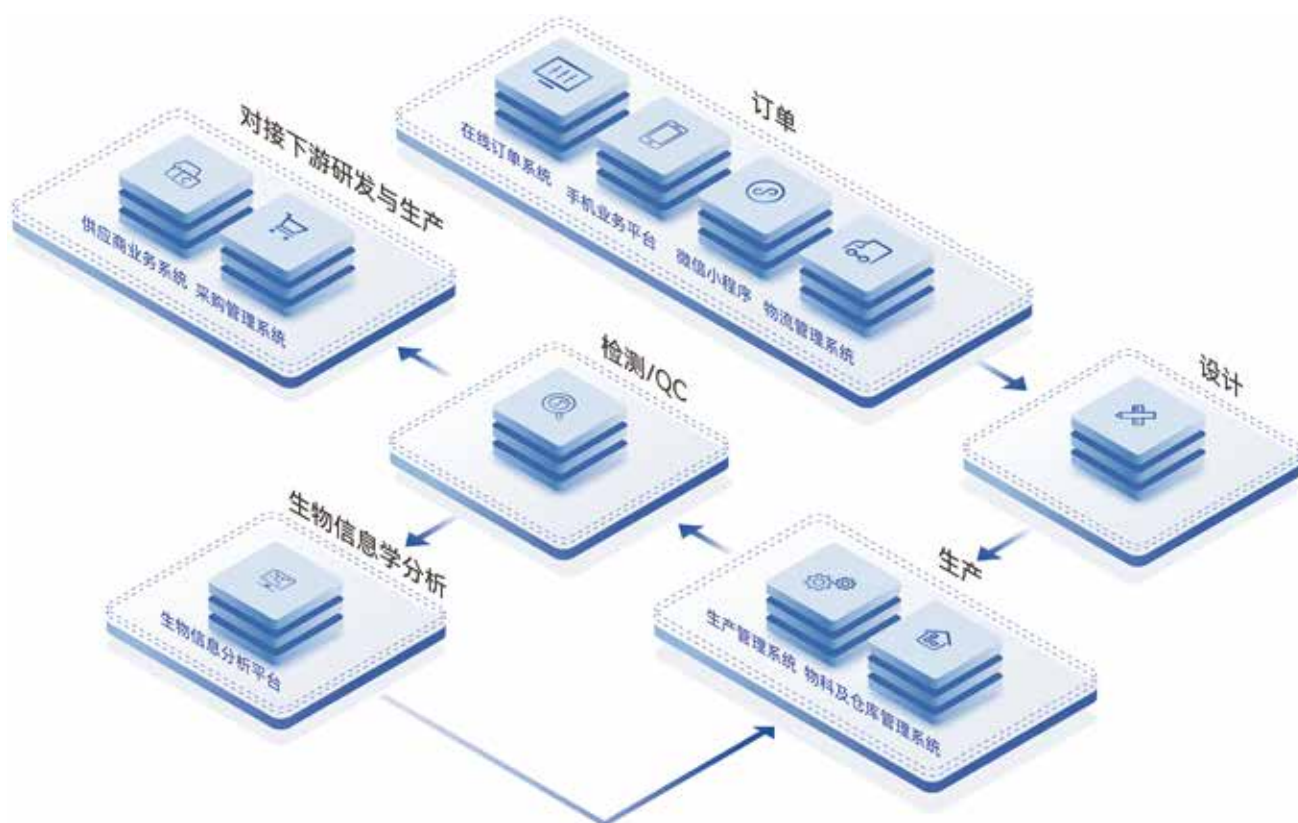


自有知识产权的自动引物设计平台,由专业团队构建,自动化高、处理数据快、识别区域准,精度卓越、界面友好且安全,推动生物科研发展。

软件服务平台

Software Service Platform

技术模块





| 平台优势

便捷下单



拥有手机业务平台及基于Web3.0的跨平台客户下单系统,能满足不同用户下单习惯

稳定的生产



广泛用 AI 技术优化实验室流程:提高样本处理效率和准确性、智能调控实验参数、快速分析数据、有效控制质量

质量保障



利用机器视觉和边缘计算技术监控实验,前者以高分辨率摄像头捕捉实验细节,后者在边缘设备处理图像数据、实时分析,二者结合可及时发现并修正,提高交付质量。

生物学分析



基于大数据和云计算的生物信息学工具平台是生物科研突破。它汇聚大量生物数据,云计算增强其运算与资源调配能力。平台工具多样且强大,可助力生物科学发展。

自主设计



自有知识产权的自动引物设计平台,由专业团队构建,自动化高、处理数据快、识别区域准,精度卓越、界面友好且安全,推动生物科研发展。

君济生物高通量测序科研服务

高通量测序效率极高,能在短时间内对大量 DNA 或 RNA 片段同时测序,提高测序速度和数据产出量。与传统方法相比,可快速获取大量遗传信息,为生命科学研究、医学诊断和生物技术产业提供有力工具。在生命科学研究中,可用于全基因组测序、转录组测序、表观遗传学研究等,了解遗传组成和变异情况、揭示基因表达模式、探索基因表达调控作用。在生物技术产业中,用于生物制药可筛选药物靶点、优化研发过程,用于农业生物技术可研究农作物基因组以提高产量和品质。君济生物拥有专业生物信息分析团队、严格质控标准,提供高质量服务满足科研需求。



全面的样本处理经验

已积累动植物组织、细胞、血液FFPE
及各类微生物上百种样本处理经验



交付速度快

自动提取+建库+分析
加速高通量测序数据分析



多元化测序平台

可提供多元化测序平台:一代、二代
和三代测序,并提供定制化分析解决方案

转录组测序服务

· 真核/原核转录组测序服务

真核/原核转录组测序,可全面快速地获得某一物种特定细胞或组织在某一状态下的几乎所有基因转录本,可用于研究基因结构和基因功能、可变剪接和新转录本预测等。

服务内容

样本类型	样本要求
真核RNA	样本总量:≥1.5μg 样本浓度:≥50 ng/μl
原核RNA	样本总量:≥2μg 样本浓度:≥100 ng/μl
组织样本	动植物组织、细胞样本、血液样本、微生物样本、FFPE样本

服务优势



灵活的项目定制以及生物信息学服务



测序数据质量: Q20>90%, Q30>85%



文库构建:兼容组织、细胞、FFPE、血浆、
外泌体等特殊样本的建库能力

· lncRNA测序服务

长链非编码 RNA (Long non-coding RNA, LncRNA) 是长度大于 200nt的RNA (不含 rRNA)。研究表明, LncRNA 在剂量补偿效应、表观遗传调控、细胞周期调控和细胞分化调控等众多生命活动中发挥重要作用, 成为遗传学研究热点, 也是一种新型的潜在药物形式。通过 LncRNA 测序, 可以快速获得与其生物学过程或者疾病相关的 LncRNA 表达变化, 促进深入研究其生物学机制。

服务内容

样本类型	样本要求
包含lncRNA 的 total RNA	样本总量: $\geq 2\mu\text{g}$ 样本浓度: $\geq 100\text{ng}/\mu\text{l}$ 体积: $20\mu\text{l} \leq V \leq 120\mu\text{l}$

应用方向



植物方向

植物逆境响应、器官发育、生殖生长和病毒侵染等研究



动物方向

人、小鼠、斑马鱼等胚胎发育、性腺发育、肌肉发育和免疫调控生命过程研究



癌症疾病

肿瘤、精神疾病、代谢病、心血管病、免疫病等疾病发生与诊治研究

服务优势



周期快、质量好, 稳定性高

MGI/Illumina平台与高性能计算平台结合
实现快速、稳定的测序数据分析及交付



方案设计专业, 质控严格

能够满足同时对lncRNA和mRNA的
差异表达水平的分析以及lncRNA靶基因预测



信息分析

lncRNA及关联数据分析结果,
多维度结果图片展示, 数据图表循环挖掘

·Small RNA测序服务

small RNA 是指长度在 18~30nt 的内源性 RNA, 目前广为研究的small RNA 主要是miRNA、siRNA和 piRNA 等。它们在 mRNA 的转录及转录后水平的调控中发挥重要的调控作用, 参与细胞生长、分化、代谢等各个生物学过程, 对生物体的正常发育和疾病过程起着关键作用。Small RNA测序采用Illumina测序平台, 可针对样本中的sRNA展开分析, 既能鉴定已知sRNA、也能预测新的sRNA并预测sRNA的靶基因, 为研究small RNA功能及调控机制提供有力手段。

服务内容

样本类型	样本要求
包含small的 total RNA	样本总量: ≥3μg 样本浓度: ≥100ng/μl 推荐数据量: ≥10M reads/ 样本

应用方向



植物方向

植物对环境的适应性、突发、个体发育、遗传性状



动物方向

农艺性状、适应性、个体发育、遗传性状、药物干预模式动物调控机制



微生物方向

机理性、应用性、药用食用性研究

服务优势



样本处理

超过 200 种样本的 RNA 抽提经验;
易降解样本、微量样本的抽提解决方案



文库构建

兼容组织、细胞、FFPE、血浆、
外泌体等特殊样本的建库能力



数据分析

全面的分析内容, 灵活的定制分析

基因组测序服务

全基因组重测序是对已知基因组序列的物种进行DNA测序,并在此基础上完成个体或群体分析。

· 人全基因组重测序服务

全基因组测序 (Whole Genome Sequencing, WGS) 是利用高通量测序平台对人类不同个体或群体进行全基因组测序,利用生物信息学手段得到全基因组序列,全面挖掘DNA水平的遗传变异,包括较大的结构变异。测序周期短,数据覆盖均一,可用于拷贝数变异和结构变异的检测、融合基因检测、病毒整合位点检测、非编码区突变检测。为筛选疾病的致病及易感基因,研究发病及遗传机制、人类进化和人类群体遗传学等提供重要信息。

服务内容

样本类型	样本要求
DNA样本	DNA 总量:DNA $\geq$ 400 ng 浓度:DNA $\geq$ 20 ng/ μ l
组织/细胞样本	新鲜培养细胞 (细胞数): $\geq 5 \times 10^6$ cell 新鲜动物组织干重: ≥ 100 mg 全血 (哺乳动物): ≥ 1 ml FFPE:12片

应用方向

- 遗传性疾病研究
- 癌症基因组学研究
- 个体基因组研究
- 人类进化和人类种群研究
- 药物治疗个体化
- 功能基因组学研究

服务优势

- 高质量:稳定的产出高质量测序数据,多层样本质量控制,保证数据质量
- 检测范围广:在全基因组范围内检测高精度和敏感度的变异信息
- 检测变异多样性:全面挖掘各种遗传变异,尤其是一些大的结构变异
- 均一覆盖度:有效数据覆盖度均一,能检测到病毒整合基因组区域
- 丰富的样本处理经验,涉及组织、细胞、全血、血清、血浆、FFPE 等各类实验样本;

· 动植物全基因组重测序服务

利用高通量测序平台对人类不同个体或群体进行全基因组测序,利用生物信息学手段得到全基因组序列,全面挖掘DNA水平的遗传变异,包括较大的结构变异。

服务内容

样本类型	常规DNA小片段文库	PCR free文库
DNA样本	DNA $\geq$ 1 μ g	DNA $\geq$ 3 μ g
新鲜培养细胞 (细胞数)	$\geq 5 \times 10^6$ cell	$\geq 1 \times 10^7$ cell
动物组织	≥ 300 mg	≥ 500 mg
植物组织	≥ 1 g	≥ 2 g
全血	≥ 1 ml	≥ 2 ml

服务优势

- 技术简单,稳定性好,高质量 (Q30) 的测序数据
- 检测变异类型丰富:可以检测SNP、InDel、SV和CNV等多种变异类型,并可用作分子标记
- 高密度标记:能够检测到全基因组范围的SNP信息,同时可检测低频SNP
- 高性价比:与全基因组从头测序相比,耗时更短,成本更低

· 外显子测序服务

针对目标区段的测序深度以及覆盖度都高于全基因组重测序,因此该技术对于发生在外显子区的常见和罕见的染色体变异具有很高的检测灵敏度。

服务内容

样本类型	样本要求
DNA样本	核酸 ≥ 500 ng以上 浓度 ≥ 10 ng/ μ l

交付结果



突变鉴定



实验结果类文件



测序原始数据



分析报告以及分析结果文件

应用方向

- 进行突变体相关研究
- 表征基因型-表型的关系
- 癌症、孟德尔疾病、复杂疾病、群体研究
- 表征群体水平上的多个低频基因型
- 发现外显子区域的突变, 寻找突变与遗传病、复杂疾病、肿瘤等疾病的关系

服务优势

- 周期快、稳定性高
- 提供一套全面的生物信息学解决方案
- Reads分布均匀性好, 改善测序偏好性
- 捕获效率高、覆盖度好, 确保精确的文库和高质量的数据
- 自主研发的基因组数据分析方法和算法, 提供多种遗传疾病及肿瘤方向的高级分析

微生物组测序服务

· 细菌WGS测序

基因组重测序是对已知的基因组进行测序, 并对个体或者群体样品进行分析的研究。特别地, 当应用于细菌时, 重测序能够揭示近源菌株之间的多种基因组变异类型, 如单核苷酸多态性 (SNP)、插入 (Insertion) 和缺失 (Deletion) 等。细菌重测序技术为筛查菌株的优良性状提供了有力的工具。通过比较不同菌株的基因组, 研究人员可以找出与优良性状相关的基因或基因组区域, 进而为菌株的改良和优化提供依据。同时, 该技术对于研究菌株的抗药性 also 具有重要意义。

服务内容

样本类型	样本要求
DNA样本	DNA 总量: DNA $\geq$ 400 ng 浓度: DNA $\geq$ 2ng/ μ l

应用方向



基因功能研究

预测重要基因和蛋白研究功能与机制
寻找关键功能基因



进化分析

研究细菌种内进化关系
研究细菌进化遗传机制



病原菌

鉴定病原菌致病机制、研究致病细菌致病机制、开发研究抗生素、疫苗、药物

产品优势

- 读长长, 周期短, 性价比高, 高效高质量的交付结果
- 方案设计专业, 流程严格
- 严格的数据质控: 严格的质量控制体系, 保证准确性
- 定制化分析方案: 定制实验方法, 个性化分析解决方案

· 真菌WGS测序

真菌基因组研究,是通过基因组测序和组装获得真菌全基因组序列,并对其进行结构和功能研究的方法。结合对个体或群体样品的深入分析,为研究者提供了强大的工具来探索遗传变异与性状之间的关系。在真菌研究中,重测序技术特别有用,因为它能够帮助研究者揭示真菌单核苷酸多态性位点 (SNPs)、插入、缺失等变异类型。这些变异类型不仅对于理解真菌的遗传多样性至关重要,而且也 为真菌育种、疾病控制等领域提供了宝贵的遗传信息。

服务内容

样本类型	样本要求
DNA样本	DNA 总量:DNA≥ 400 ng 浓度:DNA≥ 2ng/μl

应用方向



真菌研究
真菌基因组测序为真菌的研究提供强有力的支撑,可用于预测真菌的重要基因和蛋白以了解其功能和可能机制



植物致病性
真菌基因组测序的结果可以鉴定致病真菌与农作物互作及致病的相关基因,并可用于研究与其近缘物种的进化关系,比较基因组研究等



食用真菌和药用真菌的研究
真菌基因组的注释结果可以用于发现真菌复杂的代谢途径,鉴定其对人有益的代谢产物及物种进化关系的研究,比较基因组等。另外真菌还可用于生物防治真菌的研究,工业酵母菌的研究等

产品优势

- 多样化基因组解决方案,真菌精细图,Contig N50≥2M
- 快速、稳定的测序数据分析及交付
- 严格的数据质控:严格的质量控制体系,保证准确性

· 细菌De novo测序

细菌基因组de novo是对细菌基因组测序后从头组装。通过先将细菌的染色DNA随机切割成一定大小的片段,然后构建对应大小的文库进行大规模测序,最终将这些片段组装成完整的细菌基因组序列。已成为研究细菌进化遗传机制、关键功能基因的重要工具。它可以帮助我们预测和了解重要基因和蛋白的功能和机制,为研究病原菌的致病性、疾病的预防和治疗提供有力支持,如鉴定致病相关基因、开发和研究疫苗、开发新型抗生素等。

服务内容

样本类型	样本要求
细菌 De novo框架图	DNA 总量:DNA≥ 400ng 浓度:DNA≥ 2ng/μl
细菌 De novo完成图	DNA 总量:DNA≥ 5μg 浓度:DNA≥ 60ng/μl

产品优势

- 平台多样:多平台联合应用打造“极致完成图”
- 严格的数​​据质控:严格的质量控制体系,保证准确性
- 交付快速:有完善的分析流程,一键式交付,周期短
- 个性化分析方案:依据客户需求制定个性化信息分析方案

·真菌De novo测序

真菌基因组研究,通过结合短读长和长读长测序技术,实现真菌基因组的高级组装,甚至在某些项目中,能够达到接近完成图的水平。在植物致病性真菌的研究中,通过鉴定与农作物互作及致病的相关基因,我们可以更好地理解真菌如何感染植物,从而找到更有效的防治方法。除了植物致病性真菌外,食用真菌和药用真菌的研究也受益于这种高级组装技术。可以利用它来揭示真菌复杂的代谢途径,鉴定出对人体有益的代谢产物,从而为食品工业或药物研发提供新的候选物质。

服务内容

样本类型	样本要求
真菌 De novo框架图	DNA 总量:DNA $\geq$ 400ng 浓度:DNA $\geq$ 2ng/ μ l
真菌 De novo精细图	DNA 总量:DNA $\geq$ 5 μ g 浓度:DNA $\geq$ 60ng/ μ l

产品优势

- 平台多样:多平台联合应用打造“极致精细图”
- 优质服务:基于丰富的项目经验,针对客户需求提供最优的解决方案
- 交付快速:有完善的分析流程,一键式交付,周期短

·宏转录组测序

宏转录组测序 (Metatranscriptomics),能够深入探索环境样本中复杂微生物群落的转录活性。这种方法不仅限于研究单一物种的基因表达,而是着眼于整个微生物群落,包括那些难以培养的微生物。核心在于分析样本中的RNA转录产物。

服务内容

样本类型	样本要求
RNA样本	RNA 总量:RNA $\geq$ 3 μ g 浓度:RNA $\geq$ 100ng/ μ l

应用方向



环境微生物生态学

宏转录组测序可用于研究土壤、水体、空气等不同环境中微生物的转录活性



生态互作研究

通过分析微生物的转录活性,可以揭示微生物之间的相互作用、共生关系以及生态系统中的营养循环和能量流动



疾病与宿主微生物组关系

宏转录组测序可用于研究宿主与其共生微生物的相互作用



新药开发

通过分析微生物在不同条件下的基因表达, 可以寻找潜在的药物靶点或合成新的生物活性分子



生态学研究

宏转录组测序可用于研究特定生态系统中的微生物群体, 以揭示其对环境变化的适应性和响应机制



食品安全与质量控制

宏转录组测序可以用于食品微生物的研究, 有助于了解食品中微生物的代谢活性和潜在致病性

产品优势

- 价格优惠、交付周期短: 提供综合比价通道, 高效高质量的交付结果
- 严格的数据质控: 严格的质量控制体系, 保证准确性
- 定制化分析方案: 定制实验方法, 个性化分析解决方案

·宏基因组测序

宏基因组学 (Metagenomics), 不仅仅关注单一的微生物, 而是将特定生境中的整个微生物群落作为一个整体进行研究。这意味着我们可以获取到环境中所有微生物的遗传信息, 而不仅仅是那些可以在实验室条件下培养的微生物。直接从环境样品中提取DNA, 然后利用高通量测序技术对这些DNA进行测序。

服务内容

样本类型	样本要求
DNA样本	DNA 总量: DNA ≥ 50 ng 浓度: DNA ≥ 5 ng/ μ l
土壤/污泥	5-10g/50g
水体滤膜(孔径 0.22-0.45 μ m/直径 3-4cm)	2张
瘤胃液/发酵液/组织液(离心有明显沉淀)	3ml, 沉淀1g
粪便	3g黄豆粒大小/小鼠 0.5g (3粒)
肠道内容物	大中型动物0.2-1g/小型动物0.2-0.5g
全血	2ml

产品优势

- 读长长, 周期短, 性价比高, 高效高质量的交付结果
- 严格的数据质控: 严格的质量控制体系, 保证准确性
- 测序平台: 通量更高, 速度更快, 运行时间更短
- 经验丰富: 有丰富的宏基因组项目经验
- 策略多样: 不同来源样本采用不同提取方法和建库测序策略, 满足多种环境研究需求

· 16S/ITS/18S扩增子测序

全长扩增子测序是一种基于高通量测序技术的方法,通过扩增并测序特定的基因片段(如16S rRNA、18S rRNA或ITS区域),可以对微生物群落进行深入研究。

服务内容

样本类型	样本要求
DNA样本	DNA $\geq$ 30 ng 浓度:DNA $\geq$ 2 ng/ μ l (以扩增结果作为QC标准)
土壤/污泥	5-10g/50g
水体滤膜(孔径 0.22-0.45 μ m/直径 3-4cm)	2张
瘤胃液/发酵液/组织液(离心有明显沉淀)	3ml, 沉淀1g
粪便	3g黄豆粒大小/小鼠 0.5g (3粒)
肠道内容物	大中型动物0.2-1g小型动物0.2-0.5g
全血	2ml

应用方向

- 细菌多样性研究:16S全长
- 真菌多样性研究:ITS全长
- 真核微生物多样性研究:18S全长
- 功能基因研究:反硝化细菌nirS、固氮菌nifH等

服务优势

- 读长长,周期短,性价比高,高效高质量的交付结果
- 严格的数据质控:严格的质量控制体系,保证准确性
- 测序平台:通量更高,速度更快,运行时间更短
- 定制化分析方案:定制实验方法,个性化分析解决方案
- 策略多样:不同来源样本采用不同提取方法和建库测序策略,满足多种环境研究需求

扩增子测序

扩增子测序是分子生物学常用技术,利用特异性引物扩增目标核酸区域,如微生物 16S rRNA 基因特定可变区。流程涵盖核酸提取、PCR 扩增、产物纯化与建库测序。优势在于特异性强,能降低成本与数据分析难度。扩增子测序可被广泛应用于基因编辑、抗体文库、AAV文库、酶定向改造及其它目标区域等研究中。

测序类型	样本要求
常规扩增子测序	已纯化PCR扩增产物,片段大小控制在 250bp以内; 小片段直接建库:DNA 样品总量: $\geq$ 100ng; DNA 样品浓度: $\geq$ 2ng/ μ l
高通量快速扩增子	

· 动植物全基因组重测序服务

利用高通量测序平台对人类不同个体或群体进行全基因组测序, 利用生物信息学手段得到全基因组序列, 全面挖掘DNA水平的遗传变异, 包括较大的结构变异。

样本类型	常规DNA小片段文库	PCR free文库
DNA样本	DNA≥ 1 μg	DNA≥ 3 μg
新鲜培养细胞 (细胞数)	≥5×10 ⁶ cell	≥1×10 ⁷ cell
动物组织	≥300mg	≥500mg
植物组织	≥1g	≥2g
全血	≥1ml	≥2ml

服务优势

- 技术简单, 稳定性好, 高质量 (Q30) 的测序数据
- 检测变异类型丰富: 可以检测SNP、InDel、SV和CNV等多种变异类型, 并可用作分子标记
- 高密度标记: 能够检测到全基因组范围的SNP信息, 同时可检测低频SNP
- 高性价比: 与全基因组从头测序相比, 耗时更短, 成本更低

· 外显子测序服务

针对目标区段的测序深度以及覆盖度都高于全基因组重测序, 因此该技术对于发生在外显子区的常见和罕见的染色体变异具有很高的检测灵敏度。

服务内容

样本类型	样本要求
DNA样本	核酸≥500ng以上 浓度≥10ng/μl

交付结果



突变鉴定



实验结果类文件



测序原始数据



分析报告以及分析结果文件

抗体文库测序

抗体文库测序借助高通量测序平台测序并经生物信息学分析数据,其流程包括样本准备、文库构建、测序及后续处理与应用等环节,在抗体药物研发、免疫治疗、基础免疫学研究以及生物标志物发现等领域广泛应用。

测序类型	样本要求
抗体轻重链文库(抗体酵母文库、噬菌体文库)等	质粒DNA浓度20ng/μl, 总量300ng以上
羊驼VHH抗体重链文库测序	
杂交瘤一代测序-可变区序列测序	细胞:10 ⁶ 个细胞以上, 新鲜收集的杂交瘤细胞沉淀; 杂交瘤细胞裂解液, 用TRIzol Reagent 充分裂解的10 ⁶ 以上新鲜收集的杂交瘤细胞 RNA: 浓度不低于100ng/μL, 体积 20uL 以上, 总量2μg以上
杂交瘤一代测序-全长序列测序	

Nanopore全质粒测序

Nanopore 全质粒测序是基于纳米孔技术的测序法。其原理是 DNA 单链过孔致电流变, 依此分析得碱基序列。流程包括提取高质量质粒 DNA, 制备含特定接头与蛋白的文库, 将文库加入测序仪测序并记录电流信号转换为数据, 再对数据质控、识别、组装比对等。优势有超长读长、直接测序、快速便捷、准确性高; 可在短时间内对数百kb长度的质粒进行全长测序。

测序大小	样本要求	其他要求
<25k	DNA浓度 20ng/μl, 体积≥20μl; OD260/280 1.8-2.0, OD260/230>2.0	样本要求条带清晰, 无污染无降解, 无菌水或EB溶解, 避免使用含有EDTA的缓冲液(TE或者AE)
25-100k	DNA浓度 30ng/μl, 体积≥20μl; OD260/280 1.8-2.0, OD260/230>2.0	
>100k	DNA浓度 30ng/μl, 体积≥30μl; OD260/280 1.8-2.0, OD260/230>2.0	

包lane测序服务

建库测序产品是以自动化建库平台、自动化质控流程和高性能的计算平台为技术依托, 对提供的合格样品进行建库并运用二代测序平台测序, 或者提供的合格文库直接进行测序, 产出高质量的测序数据提供给客户进行生物信息学分析。

测序平台	测序策略及形式	数据产出	数据质量交付标准
Novaseq 6000	PE150纯测序散样/包lane	≥800G/lane	平均Q20≥90%, 平均Q30≥85%
Novaseq X Plus	PE150纯测序散样/包lane/包FC	≥1000G/lane	

多元化精准的产品类型

DNA文库	RNA文库	PCR-free文库	自建库
非常规小片段文库	普通转录组文库		
宏基因组文库	链特异性转录组文库	扩增子文库	自建库散样
人外显子文库	原核链特异性文库	PCR产物文库	自建库包lane
人重测序文库	宏转录组文库	基因组PCR-free文库	自建库包flow cell
全基因组DNA甲基化文库	lncRNA文库		
ChIP-seq文库	sRNA文库		
RAD文库	circRNA		

高通量测序生物药安全评价服务

随着细胞和基因治疗 (CGT) 在临床应用中的不断扩展, 对这些先进治疗产品的质量控制需求也日益增强。新一代测序 (Next-Generation Sequencing, NGS) 技术因其高通量、准确性和灵敏度, 正逐渐成为CGT领域的关键分析工具。NGS可以深入解析核酸序列, 从而识别基因组的结构变异、插入或删除突变、点突变、融合基因等, 全面评估细胞和基因治疗产品的安全性、稳定性和有效性。

君济生物围绕CGT产品的质量分析检测需求, 推出创新性NGSafety™ 技术平台, 包括mRNA-NGSafety™、CRISPR-NGSafety™、AAV-NGSafety™、Lenti-NGSafety™等, 以严格的质量控制体系、精密的样品制备流程和生物信息学分析能力满足监管机构的要求。君济NGSafety™平台已助力CGT领域多个客户研发管线成功进行中国或美国IND申报。



一站式分析检测平台

从合规要求、工艺开发、分析方法开发和
质量分析平台多维度满足不同类型
生物药检测要求



合规检测体系

严格按照监管机构和药典中分析方法
开发要求进行方法验证, 并定期优化工艺
检测体系数据完整性、准确性及合规性均
满足药物临床申报要求



多元化测序平台

可提供多元化测序平台: 一代、二代
和三代测序, 并提供定制化分析解
决方案

核酸药NGSafety™安全评价

君济生物推出了行业创新的mRNA分析检测方法, 利用新兴的高通量测序技术(NGS), 针对质粒模板和mRNA全长序列进行精确表征, 解决Sanger和LC-MS进行mRNA分析检测中的挑战。君济生物致力于推动高通量测序等新兴技术在生物医药质量和安全性评价中的应用, 加速核酸药物的研发和应用。

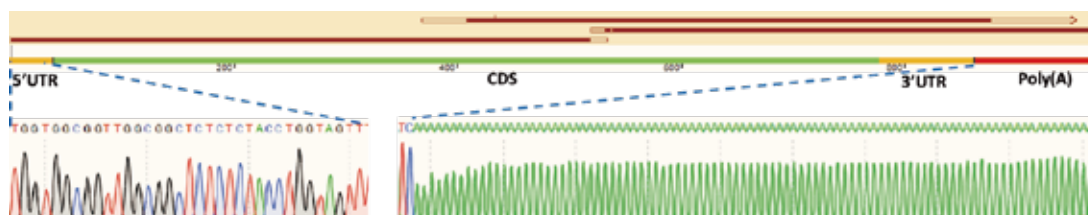
· mRNA全长序列确证 (Sanger法)

君济生物推出了创新的mRNA全长序列确证服务, 通过技术升级和独特样本制备方案, 可通过Sanger测序, 全面覆盖mRNA 5' UTR、CDS、3' UTR和Poly(A)尾序列, 为mRNA药物研发提供高效、准确和全面的序列确证解决方案

服务内容

服务内容	检测方法	样本要求	交付内容
普通mRNA序列确证(不含polyA)	Sanger测序	体外转录mRNA 浓度 $\geq 200\text{ng}/\mu\text{L}$, 体积 $\geq 25\mu\text{L}$	序列拼接结果、原始测序结果 实验报告(可选)
全长mRNA序列确证(含polyA)		LNP包封mRNA LNP送样要求: $\geq 0.3\text{mg}/\text{mL}$, $\geq 200\mu\text{L}$	

服务案例



服务优势

- 行业创新的mRNA全长序列确证技术, 综合性mRNA分析检测解决方案
 - mRNA序列覆盖全面, 一次测序可覆盖5' UTR、CDS、3' UTR和Poly(A)尾巴
 - 方案兼容, 检测含或不含poly(A), 完整实验记录和实验报告, 支持药物申报
- 精确性高, 使用金标准Sanger测序方法
 - 便捷和快速, 最快2-3个工作日

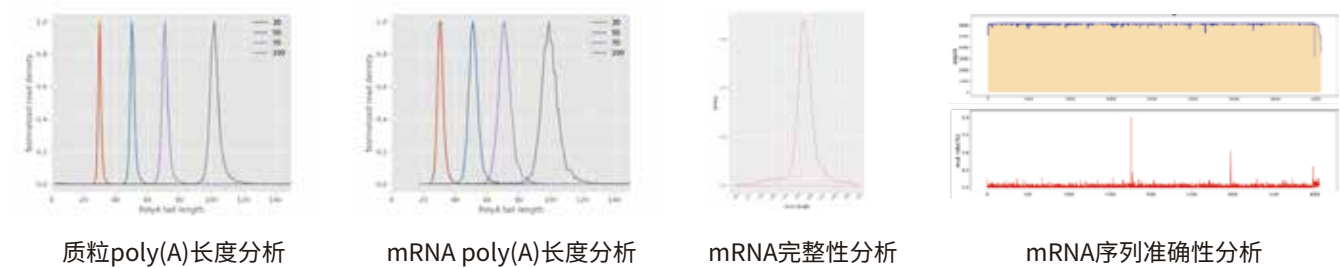
• mRNA全长序列表征 (高通量测序法)

君跻生物推出了行业创新的mRNA分析检测方法, 利用新兴的高通量测序技术(NGS), 针对质粒模板和mRNA全长序列进行精确表征, 解决Sanger和LC-MS进行mRNA分析检测中的挑战。

服务内容

服务内容	检测方法	样本要求	交付内容
mRNA序列准确性分析	二代测序	体外转录mRNA 浓度≥200ng/μl, 体积≥25μL	原始测序结果、分析检测报告
mRNA全长序列表征	三代测序	LNP封装mRNA LNP送样要求: ≥0.3mg/mL, ≥200μL	

服务案例



服务优势

- 行业创新的mRNA全长序列确证技术, 综合性mRNA分析检测解决方案
- 对mRNA poly(A)尾数量检测无偏好性, 能精确检测不含poly(A)尾的mRNA
- 可精确分析poly(A)尾中Linker序列、poly(A)长度分布以及非A碱基等信息
- 可同时表征mRNA分子poly(A)长度分布、完整性和序列准确性等多个关键参数
- 完善的方法学开发和验证, 支持药物申报

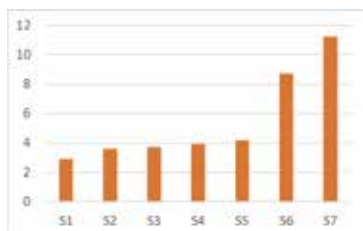
• IVT mRNA dsRNA残留分析检测 (高通量测序法)

君跻生物推出了行业独特创新的IVT mRNA dsRNA残留分析检测方法, 利用新兴的高通量测序技术(NGS)结合自主开发的生信分析流程, 针对体外转录mRNA中dsRNA产生的热点区域进行分析, 辅助mRNA序列设计优化和改进, 减少dsRNA的产生。

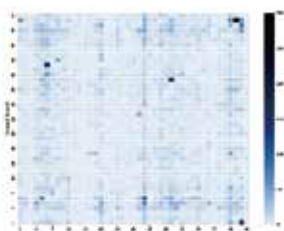
服务内容

服务内容	样本要求	交付内容
IVT mRNA dsRNA残留分析检测	体外转录mRNA浓度≥200ng/μl, 体积≥20μl	原始测序结果、dsRNA分析检测报告

服务案例



Antisense RNA比例



dsRNA热点区域分析(序列优化前)



dsRNA热点区域分析(序列优化后)

服务优势

- 行业创新的dsRNA分析检测技术, 综合性mRNA分析检测解决方案
- 清晰检测IVT mRNA中dsRNA产生的热点区域
- 针对dsRNA产生热点区域信息指导mRNA序列设计和优化

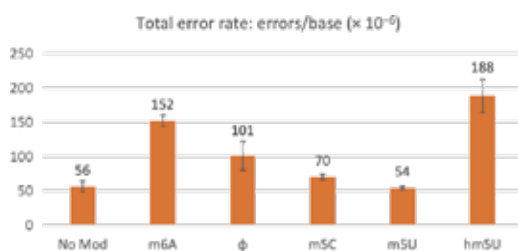
• T7 RNA聚合酶保真性分析

T7 RNA聚合酶是一种广泛应用于体外合成RNA的重要原料酶类, 是体外合成RNA常用且高效的途径。研究表明RNA修饰会改变RNA分子的结构和性质, 进而影响T7 RNA聚合酶的识别和体外转录效率。因此, 深入研究RNA修饰碱基对T7聚合酶保真性的影响将有助于进一步优化RNA体外合成的方法, 提高RNA合成的准确性和效率, 从而更好地满足科研和临床的需要。

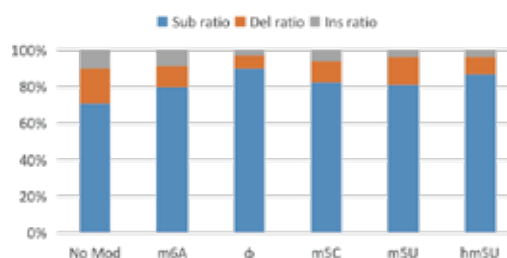
服务内容

服务内容	样本要求	交付内容
T7 RNA聚合酶保真性分析检测	体外转录mRNA浓度 $\geq 200\text{ng}/\mu\text{l}$, 体积 $\geq 25\mu\text{l}$	原始测序结果、聚合酶保真性分析检测报告

服务案例



不同RNA碱基修饰对T7聚合酶错误率影响



不同RNA碱基修饰对T7聚合酶错误率种类影响

服务优势

- 行业创新的RNA聚合酶保真性检测方法, 综合性mRNA分析检测解决方案
- 不引入PCR过程, 避免PCR导致的错误率
- 适合于研究不同RNA碱基修饰或不同RNA合成体系中RNA聚合酶的保真性

基因编辑NGSafety™安全评价

为了加速基因编辑药物脱靶位点检测验证速度、提高检测效率,君脐基因自主开发了一套全自动化PCR平台,可在一天内实现数千个位点从模板到产物的全流程自动化,极大加速基因编辑安全性评价。同时结合高通量NGS测序平台,为基因编辑药物脱靶评价提供了强大的技术支持。

服务内容

服务内容	检测方法	样本要求	交付内容
基因编辑效率检测-扩增子测序	二代测序	提供PCR产物, 或者基因组DNA; 基因组提供量 根据需要检测的位点数目决定	原始测序结果 分析检测报告
基因编辑脱靶验证-高通量扩增子测序			
体内基因编辑脱靶检测			
体外基因编辑脱靶检测			
CRISPR文库筛选NGS测序			

服务优势

- 一站式基因编辑检测服务,周期短,可视化项目分析报告
- 基于标准品的严格方法学验证,保证方法流程准确性、灵敏度和稳定性
- 根据FDA、EMA和ICH指南进行验证,保证方法符合药物研发不同阶段的监管要求
- 项目经验丰富:已与基因编辑行业多家头部客户合作,助力多个基因编辑药物临床申报

基因治疗NGSafety™安全评价

重组腺相关病毒 (rAAV) 因其安全性和高效性,已广泛应用于基因治疗。然而,在AAV病毒的包装及临床过程中,存在高空壳率、低完整性、高杂质DNA残留以及潜在基因组整合风险等问题,严重影响临床治疗的安全性和有效性。为此,君脐生物推出了AAV病毒高通量测序安全评估平台AAV-NGSafety™。该平台利用二代和三代测序技术,分析AAV病毒包装的纯度、AAV目标序列的完整性、ITR区域的准确性以及AAV基因组潜在插入位点,旨在帮助基因治疗药物研发的客户优化AAV生产工艺,表征AAV基因治疗载体的潜在安全风险,加速AAV基因治疗药物更快、更安全地造福患者。

服务内容

服务内容	检测方法	样本要求	交付内容
AAV病毒基因组纯度检测	二代测序	提供AAV病毒或者AAV基因组DNA	原始测序结果 分析检测报告
AAV序列准确性验证			
AAV病毒基因组完整性检测	三代测序		
AAV病毒基因组插入位点检测	二代测序	提供经AAV病毒治疗后的细胞、组织或对应的基因组DNA	

服务优势

- 根据FDA、EMA和ICH指南进行验证, 保证方法符合药物研发不同阶段的监管要求
- 基于标准品的严格方法学验证, 保证方法流程准确性、灵敏度和稳定性
- 项目经验丰富: 已与AAV基因治疗行业多家头部客户合作, 助力多个AAV基因治疗药物临床申报
- 一站式AAV质量检测服务, 周期短, 可视化项目分析报告

细胞治疗NGSafety™安全评价

病毒载体在进行外源基因的随机插入存在潜在风险, 因此急需开发普适的整合位点检测方法, 评估病毒载体在细胞治疗应用中的安全性风险。君济生物Lenti-NGSafety™技术平台提供全面、高灵敏和高准确性的慢病毒载体基因组整合位点检测, 致力于加速细胞治疗技术更快、更安全地造福患者。

服务内容

服务内容	检测方法	样本要求	交付内容
病毒载体整合位点检测	二代测序	提供经慢病毒载体治疗后的细胞、组织或对应的基因组DNA	原始测序结果 分析检测报告

服务优势

- 根据FDA、EMA和ICH指南进行验证, 保证方法符合药物研发不同阶段的监管要求
- 基于标准品的严格方法学验证, 保证方法流程准确性、灵敏度和稳定性
- 项目经验丰富: 已与细胞治疗行业多家头部客户合作, 助力多个细胞治疗药物临床申报
- 服务周期短, 提供可视化项目分析报告

蛋白类药物NGSafety™安全评价

稳转细胞株是重组蛋白与抗体生产关键, 稳定转染技术可将外源基因精准整合进细胞基因组, 实现稳定复制表达, 助力生物制品生产。全球主要监管机构 (NMPA、FDA、EMA、ICH) 出台指南, 对细胞株的稳定性、安全性和生产工艺严格规范, 其中基因载体整合位点检测是关键, 其结果关乎产品安全稳定有效, 对蛋白和抗体药物生产的稳定性至关重要。

服务内容

服务内容	检测方法	样本要求	交付内容
外源基因插入位点检测	WGS	适用于抗体等重组蛋白生产的单克隆细胞系 可提供细胞或基因组DNA DNA样品总量≥400ng; 样品浓度: ≥2ng/μl	原始测序结果 分析检测报告

致力于自动化与智能化的生物技术应用
加速生命科学研究, 保障生物医药安全, 促进全球健康和绿色发展



更多资讯
欢迎关注“君脐生物”公众号

苏州君脐基因科技有限公司

 www.gentlegen.com

 marketing@gentlegen.com

 0512-6799 8818

 苏州市吴中区吴淞江大道111号天运广场4号楼2层