

山西专注迈杰转化医学NGS平台郑重承诺

发布日期：2025-09-22

染色体STR不属于测序技术的，它是一类分子检测技术，例如Y染色体-STR一般通过PCR电泳凝胶结合来分析这段串联重复序列的存在或者多态性，常用来检测性别或亲子鉴定，而不能测出具体的DNA序列信息。测序技术是一代测序（Sanger测序）、二代测序（高通量测序）、三代测序（单分子测序）为基础的。二代测序的缺点主要是由其PCR边复制边读取的原理决定的，测序时间长，读长短，末端质量差。三代测序中PacBio实际上就是针对这些缺点的升级，通过巧妙的微孔设计实现单分子读取，而且可以屏蔽游离dNTP的信号，不用每读取一次就要清洗—添加一次dNTP所以读长比较长，测序速度快。就是样本—提DNA—打成小片段，然后就开始PCR啊末端修复啊加A啊片段选择啊一系列，***得到片段大小为300-500bp的DNAok文库搞定。虽然这行真的干的烦死了，不过离开了真的很想念。

迈杰转化医学获得了欧盟ISO 13485质量认证并通过了国家医疗器械GMP稽查。山西专注迈杰转化医学NGS平台郑重承诺

病理切片以及HE染色实验技术简介病理切片作为一种实验技术已广泛应用于科研、教学、病理检验等工作中，有较高的使用价值。实验的整个流程大致分为以下几个步骤：组织固定、包埋、切片、脱水、透明、封片、染色。病理切片的质量对病理诊断有一定影响HE染色（苏木素—伊红染色）的情况与制作切片的每一个过程都有着紧密的联系，包括时间的控制，切片的厚度等，每一个小环节都会严重影响病灶的呈现。操作流程案例展示石蜡切片机客户提供1、病理组织切片或组织，注意组织标本保存于固定液中，固定液选用10%福尔马林或4%多聚甲醛，组织块大小宜 $2\text{cm} \times 2\text{cm}$ 不同组织分开不同容器盛放3、完整的送检单结果交付1、完整的试验流程，操作步骤2、样本为病理切片，提供染色完成的切片及详细的解读报告3、样本为组织，提供石蜡块、病理染色切片以及详细的解读报告我们的优势技术优良的实验团队成熟的操作技术一站式综合服务咨询与订购感谢您选择我们的服务，如果您有任何问题，请联系我们，我们将竭诚为您解答和服务。山西专注迈杰转化医学NGS平台郑重承诺迈杰转化医学严格按照ISO13485标准规定建立质量体系。

2005年，罗氏推出了***款二代测序仪罗氏454，生命科学开始进入高通量测序时代。后续随着Illumina系列测序平台的推出，极大降低了二代测序的价格，推动了高通量测序在生命科学各个研究领域的普及。目前，高通量测序已经成为一种常规研究方法，大量科研工作中均会用到。然而，为什么二代测序能实现高通量？为什么二代测序读长如此之短？为什么reads末端测序质量会降低？应该如何选择测序读长与打断片段的长度？想要回答这些问题，都需要详细了解二代测序的基本原理。本篇文章以典型的Illumina双末端测序为例，详细解析二代测序的原理。第

二代测序[Next-generation sequencing]NGS又称为高通量测序[High-throughput sequencing]是基于PCR和基因芯片发展而来的DNA测序技术。我们都知道一代测序为合成终止测序，而二代测序开创性的引入了可逆终止末端，从而实现边合成边测序[Sequencing by Synthesis]。二代测序在DNA复制过程中通过捕捉新添加的碱基所携带的特殊标记（一般为荧光分子标记）来确定DNA的序列，现有的技术平台主要包括Roche的454FLX[Illumina的MiSeq/Hiseq等。由于在二代测序中，单个DNA分子必须扩增成由相同DNA组成基因簇，然后进行同步复制。

第三代测序技术以PacBio公司的SMRT技术和Oxford Nanopore Technologies公司的纳米孔单分子技术为**的新一代测序技术被称为第三代测序技术，与前两代测序技术相比，其比较大的特点就是单分子测序，测序过程无需进行PCR扩增，并且理论上可以测定无限长度的核酸序列[PacBio技术平台SMRT芯片是一种带有很多ZMW孔的厚度为100nm的金属片，将DNA聚合酶、待测序列和不同荧光标记的dNTP放入ZMW孔的底部。荧光标记的位置是磷酸基团，当一个dNTP被添加到合成链上的同时，它会进入ZMW孔的荧光信号检测区，根据荧光的种类就可以判定dNTP的种类，从而获得核酸的碱基序列信息]ZMW孔PacBio平台测序原理每个ZMW孔只允许一条DNA模板进入[DNA模板进入后DNA聚合酶与模板结合，加入4种不同颜色荧光标记4种dNTP]其通过布朗运动随机进入检测区域并与聚合酶结合从而延伸模板，与模板匹配的碱基生成化学键的时间远远长于其他碱基停留的时间，因此统计荧光信号存在时间的长短，可区分匹配的碱基与游离碱基。通过统计4种荧光信号与时间的关系，即可测定DNA模板序列。

迈杰转化医学拥有全技术平台及丰富的伴随诊断开发经验，为药企合作伙伴提供一体化开发服务。

3、主要平台提供方ABI公司三、二代测序简介1[Roche454测序:454测序是大规模平行测序的开始。2003年底，454公司推出了基于焦磷酸测序法的超高中量基因组测序系统—(GS)]2005年454公司被罗氏诊断公司收购，之后优化推

出Genome Sequencer FLX System(GSFLX)]罗森博格博士是该技术的创始人，也是Ion Torrent平台的创始人。454平台的突出优势是长读长(400nt)[但准确率低，成本高。是高通量测序的过渡。454测序技术的具体步骤为：（1）构建测序文库。将基因组DNA打碎成300~800个碱基片段后，在两端加上锚定接头[2]PCR扩增。扩增产生成千上万个拷贝；（3）焦磷酸测序。复制过程中如果发生碱基互补配对，就会释放1个焦磷酸，在一系列酶的催化下，释放出荧光信号，会被CCD捕获到。每个碱基反应都会捕获到1个荧光信号，由此一一对应，模板的碱基序列由此获得。
作者：心平气和链接：源：知乎著作权归作者所有。商业转载请联系作者获得授权，非商业转载请注明出处。

迈杰转化医学具备从样本制备到H&E[IHC[FISH][RNA scope及多重免疫组化等全套组织病理和分子病理检测能力。山西专注迈杰转化医学NGS平台郑重承诺

迈杰转化医学拥有丰富的伴随诊断开发经验，高质量的管理体系和高素质的研发团队。山西专注迈杰转化医学NGS平台郑重承诺

thermofisherscientific)等。研究发现，基于pcr-ce分型时，相同片段长度的等位基因中存在重复区域序列结构不一致的情况。二代测序技术(secondgenerationsequencing[ngs])又称为下一代测序技术(nextgenerationsequencing[ngs])具有测序通量高、速度快的优点[ngs]不仅能从长度多态性上对str基因座进行分析，还能从序列上发掘str基因座的遗传多态性。随着ngs测序成本越来越低、测序读长逐渐的增加[ngs]对str分型技术也越来越成熟。近年来[ngs]技术已经应用于法医学str分型研究。相比于pcr-ce分型[ngs]技术在y-str基因座的分析中具有很多优势：1、样本输入量低，使得微量样本及降解样本检材的分型研究变为可能；2、准确性高，能够全部覆盖基因座的每个碱基并通过产出高测序深度保证y-str基因座各等位基因的高概率精确判断的严谨性；3、能够获得y-str等位基因间的核苷酸差异信息，由于**重复结构存在差异或扩增区段内存在变异(侧翼序列的碱基突变或插入缺失)，序列长度相等的等位基因可能是具有遗传稳定性的完全不同的等位基因，这种y-str序列多态性是个体识别分析的宝贵资源；4、成本低，通过对每个样本检材添加标签一次可以同时对多个样本进行平行测序。

山西专注迈杰转化医学NGS平台郑重承诺

迈杰转化医学研究（苏州）有限公司于2013年成立，其前身为凯杰（苏州）转化医学研究有限公司。基于基因组学、蛋白组学、细胞组学及病理组学等综合性转化医学平台，丰富的伴随诊断开发经验，高质量的管理体系以及高素质的研发管理团队，迈杰转化医学为全球合作伙伴提供***生物标记物发现、靶点验证、新药临床试验病人的分型研究和入组筛选、伴随诊断开发与商业化、患者用药指导检测等一体化解决方案，并已迅速发展成为中国伴随诊断领头创新企业，致力于解决创新药物的研发痛点及患者的用药痛点，助力精细医疗！