**10X 单细胞（15个样本）**

1. 测序平台： 能提供两种及以上的测序平台；

测序参数：

测序平台：BGISEQ平台

测序读长：PE100 Q30> 85%；

1. 流式细胞分选平台：

能提供流式细胞分选服务；

1. 已发文章：

拥有单细胞方向相关文章。IF＞10分 5篇以上；

1. 技术路线：技术路线：

10X Genomics平台单细胞文库pooling制备——文库构建——上机测序——生物信息学分析。

1. 信息分析条款：

1. 测序结果统计

2. 数据质控统计

3. 比对结果统计

4. 基因表达定量分析

5. Marker基因鉴定

6. 细胞类型注释

7. 单样本/多样本细胞聚类分析

8. 特异marker基因差异分析

9. 样本间相同cluster基因差异分析

10. cluster差异表达基因GO功能分析

11. cluster差异表达基因Pathway功能分析

12. cluster差异表达基因TF编码能力预测

13. cluster差异表达基因蛋白互作分析

14. cluster基因相关性网络分析

五、 使用分析软件：使用cellranger、Seurat3.0、Monocle2等分析软件进行生物信息分析

质量体系：

配备有严格的质量控制体系及获奖情况，按出具的资质认证文件等级进行打分。

拥有ISO 9001质量管理体系认证； ISO 14001环境管理体系认证；ISO 27001信息安全管理体系认证；OHSAS 18001职业健康与安全管理体系认证；ISO 15189 CNAS 中国合格评定国家认可委员会实验室认可；

**全转款组（33个样本）**

1、文库构建

1）构建两种文库测序： L ncRNA Seq + Small RNA

✓ 大 R NA 研究：采用 L ncRNA Seq 测序模式，即采用 去核糖体链特异性建库模式，进行 P E10 0 测序模式， 1 0G Clean data ；实现 lnc RNA 、 m RNA 、 c ircRNA 鉴定和定

量 以及功能分析；

✓ 小 R NA 研究：采用富集小 R NA 片段建库方法，进行有方向性的 S E50 测序模式，2 0M clean reads ，实现 mi RNA 鉴定和定量，以及功能分析等 。

2、生物信息分析

2.1 **lncRNA、mRNA、circRNA分析**

1、基本数据统计

①去除接头序列、低质量序列得到 reads 信息

②样品相关性

③表达量分布

④RNA 分类

2、参考基因组比对

3、lncRNA、mRNA、circRNA鉴定

4、lncRNA、mRNA、circRNA定量分析

5、lncRNA、mRNA、circRNA差异表达分析（样本间、组间）

6、lncRNA、mRNA、circRNA表达/差异基因聚类

7、mRNA差异基因GO分类、富集

8、mRNA差异基因KEGG分类、富集

9、mRNA结构分析

①可变剪切分析

②融合基因分析（仅限人）

**2.2 small RNA信息分析**

1、数据产出统计，对原始信息采集数据去接头污染，去低质量reads

2、small RNA 信息采集结果的长度分布

3、small RNA在选定的参考基因组上的分布(只能选定一个参考基因组)

4、small RNA分类统计

5、miRNA定量分析

6、miRNA差异表达分析

7、miRNA表达/差异表达聚类分析

8、miRNA靶基因分析

9、差异miRNA 靶基因GO 注释和KEGG 通路分析

一）数据库注释

1. 转录因子注释（AnimalTFDB/PlantTFDB）

2. GSEA分析

3. Rfam、Pfam、Reactome、COG、EggNOG和InterPro数据库注释

二）互作网络分析

1、靶基因分析

①miRNA-mRNA靶向关系分析

②lncRNA-mRNA靶向关系分析

2、ceRNA互作网络分析

3、蛋白互作网络分析

4、共表达互作网络分析

**2.3 提供多组学在线数据挖掘分析系统的应用**