**福建中医药大学康复产业研究院询价工作单**

公司名称（盖章）：

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 项目 | 名称 | 参考型号 | 数量 | 价格  （万元） | 备注 |
| 1 | 动物样本高通量测序服务（8例Ribo-seq、8例mRNA-seq、8例m6A MeRIP-seq和350例宏基因组测序） |  | 1 |  | 详见附件 |
|  |  |  |  |  |  |
|  |  |  |  |  |  |
|  |  |  |  |  |  |
|  |  |  |  |  |  |
| 合 计 | | | |  |  |

联系人： 联系电话：

1、询价会报名截止时间为2024年 月 日 。

2、拟参与询价公司要提供详细的名 称、型号、技术指标及供货时间。

3、报价均为福州现场交货人民币价（**进口设备须注明含税价或免税价**）。

4、报价的产品必须提供原厂的彩页。

5、询价单需要一式四份

6、询价时间和地点:时间-- 2024年 月 日上午 ，地点----。

7、**询价材料须装订或胶装成**

技术规格偏离表

报价方名称（全称）：

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| 序号 | 技 术 要 求 | 响 应 情 况 | 偏 离 说 明 |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |

**附件：**

本项目为动物样本高通量测序服务，包括8例Ribo-seq、8例mRNA-seq、8例m6A MeRIP-seq和350例宏基因组测序，具体技术要求如下：

1、对待测样品进行核酸提取，文库构建，并完成上机测序，使用Illumina Novaseq 6000测序仪，测序模式为PE150。

2、对测序结果进行数据过滤，质量评估，去除接头引物、低质量序列。

3、Ribo-seq测20G数据，mRNA-seq测6G数据，m6A MeRIP-seq测10G数据，宏基因组测6G数据。

4、Ribo-seq测序数据分析包括：比对去除核糖体RNA、去除转运RNA、去除snoRNA, snRNA, miRNA, otherRNA；RFs统计；基因表达定量（表达丰度统计、PCA分析、相关性热图）；翻译暂停分析；功能注释（SwissProt注释、GO注释、KEGG注释）；组间差异分析（mORFs）；富集分析（GO富集、KEGG富集、GSEA富集）；翻译ORFs鉴定和表达；翻译ORF数据库注释；sORF数据库注释；翻译ORF蛋白结构域注释；翻译ORF差异分析；差异基因整体统计；差异比较火山图；差异基因聚类热图。

5、m6A MeRIP-seq测序数据分析包括：过滤 rRNA序列；参考基因组比对；mRNA m6A分析（m6A mRNA甲基化区域识别peak calling、甲基化区域注释、甲基化区韦恩图、甲基化区motif图、甲基化区基因组分布图、甲基化聚类热图、甲基化数目分析、甲基化峰circos图、甲基化区域分布可视化、差异表达火山图、甲基化区域识别、甲基化区域注释、甲基化区域GO分析、甲基化区域KEGG通路分析）；LncRNA m6A分析；环状RNA m6A分析；差异m6A甲基化基因与差异全转录组表达取交集。

6、宏基因组测序数据分析包括：①基因预测：将组装好的contigs进行CDS预测，随后根据预测结果进行过滤和去冗余；并进行相应的丰度计算；过滤低丰度表达后获得Unigenes；②物种注释：将Unigenes与NR\_mate库进行比对，获得物种注释信息；③功能注释：将Unigenes与GO、KEGG、COG、CAZy、CARD、PHI数据库比对，进行功能注释和丰度分析；④统计及比较分析：在物种、功能水平进行丰度统计分析及差异比较分析。

7、为满足发表文章要求，需提供免费售后返修图表及组学关联分析服务。