

Full-Length 16S Sequencing



Analyse mikrobieller Gemeinschaften mittels Long-Read-Sequenzierung

Das ribosomale 16S RNA-Gen (rRNA) ist etwa 1,5 kb lang und enthält mehrere konservierte und hypervariable Regionen (V1-V9), die sich zwischen verschiedenen Bakterien unterscheiden. Diese hypervariablen Sequenzen können zur Identifizierung und Charakterisierung der mikrobiellen Vielfalt verwendet werden. Daher ist das 16S rRNA-Gen ein gängiger Marker zur Charakterisierung mikrobieller Gemeinschaften in verschiedensten Proben.

Mit der PacBio Single-Molecule-Real-Time (SMRT)-Technologie sequenzieren wir das 16S rRNA-Gen in voller Länge und decken dabei alle variablen Regionen mit einer durchschnittlichen HiFi-Readlänge von etwa 1,5 kb ab. Die außergewöhnliche Genauigkeit und Länge der PacBio HiFi-Reads, die im so genannten circular consensus sequencing (CCS)-Modus generiert werden, ermöglichen eine taxonomische Bestimmung mit hoher Auflösung.

Die Anwendungen von Full-Length 16S Sequencing sind vielfältig und umfassen:

- ✗ Die Charakterisierung von diversen mikrobiellen Gemeinschaften
- ✗ Den Nachweis von mikrobiellen Biomarkern
- ✗ Die Überwachung von Erkrankungen
- ✗ Die Entwicklung von Arzneimitteln



Unser Produkt für Full-Length 16S Sequencing

	Full-Length 16S Sequencing
Spezies	Bakterien
Probenart	Isolierte DNA und verschiedene andere Probenarten auf Anfrage
Ziel	Vollständiges 16S rRNA-Gen (Regionen V1-V9)
Read-Länge	Ca. 1,5 kb
Sequenzierplattform	PacBio
Output	15.000 HiFi-Reads pro Probe
Beinhaltete Leistungen	Projektbericht & FASTQ-Dateien

Möchten Sie mehr erfahren?
Für weitere Informationen besuchen Sie unsere Website.
www.cephbase.com/full-length-16s-sequencing





Über uns

CeGaT wurde 2009 in Tübingen, Deutschland, gegründet. Unsere Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter sind spezialisiert auf Next Generation Sequencing (NGS). Neben der genetischen Diagnostik bieten wir eine Vielzahl von Sequenzierdienstleistungen für Fragestellungen aus der Forschung und der Pharmabranche an. Unser Serviceportfolio umfasst Sequenzierdienstleistungen, die sich auch für Mikrobiom-, Epigenom-, Immunologie- und translationale Onkologie-Projekte eignen.

Unser engagiertes Team arbeitet eng mit Ihnen zusammen, um die beste Strategie für Ihr Projekt zu entwickeln sowie dieses zu betreuen. Wir wählen mit Ihnen die am besten geeignete Vorbereitung der Library, die optimalen Bedingungen für die Sequenzierung sowie das Level der bioinformatischen Leistungen für Ihr Projekt aus.

Wir freuen uns, Ihnen unseren exzellenten Service anbieten zu können. Kontaktieren Sie uns noch heute, um mit der Planung Ihres nächsten Projekts zu beginnen.



Akkreditiert nach
DIN EN ISO/IEC 17025:2018



CLIA CERTIFIED ID: 99D2130225

CeGaT GmbH
Research & Pharma Solutions
Paul-Ehrlich-Str. 23
72076 Tübingen
Deutschland

Phone: +49707156544-333
Fax: +49 707156544-56
Email: rps@cegat.com
Web: www.cegat.de/rps