



上海伯豪生物技术有限公司
SHANGHAI BIOTECHNOLOGY CORPORATION

新一代测序服务解决方案

—表观遗传学研究

服务科技创新，护航人类健康！



目录 CONTENTS

- 05 全基因组甲基化测序 (WGBS)
- 08 安捷伦甲基化捕获测序 (MC-seq)
- 12 甲基化DNA免疫共沉淀测序 (MeDIP-seq)
- 16 染色质免疫共沉淀测序 (ChIP-seq)

服务科技创新，护航人类健康！

公司介绍 Company profile

上海伯豪生物技术有限公司(以下简称“伯豪生物”)2008年12月成立,是一家以技术服务、疾病与健康检测、分子检测产品的开发和生产为主营业务的高新技术企业。公司形成了面向科研和临床的系统技术服务平台,提供全基因组测序、生物信息分析、标志物筛选和分子检测验证、基因功能验证科研一站式服务,同时提供试剂盒开发、生产以及检测应用的转化医学的临床一站式服务。伯豪生物携手各参控股子公司重庆伯豪医学检验所(临床医学检测专业子公司)、伯豪医药(医疗器械经营专业子公司)和迅伯生物(产品研发和GMP生产专业子公司)共同开启“专业服务成就科学发现,产业布局构筑精准医学”的新篇章。



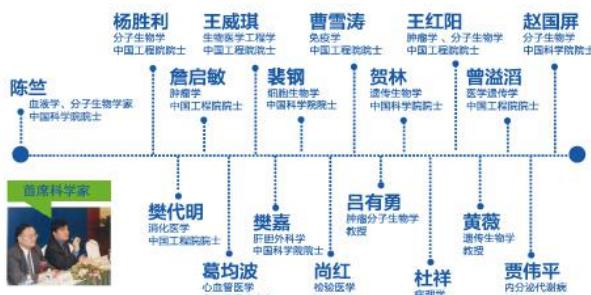
高新技术企业



国家基因检测技术应用示范中心



浦东新区企业研发机构



芯片中心专家委员会

国际一流质量标准

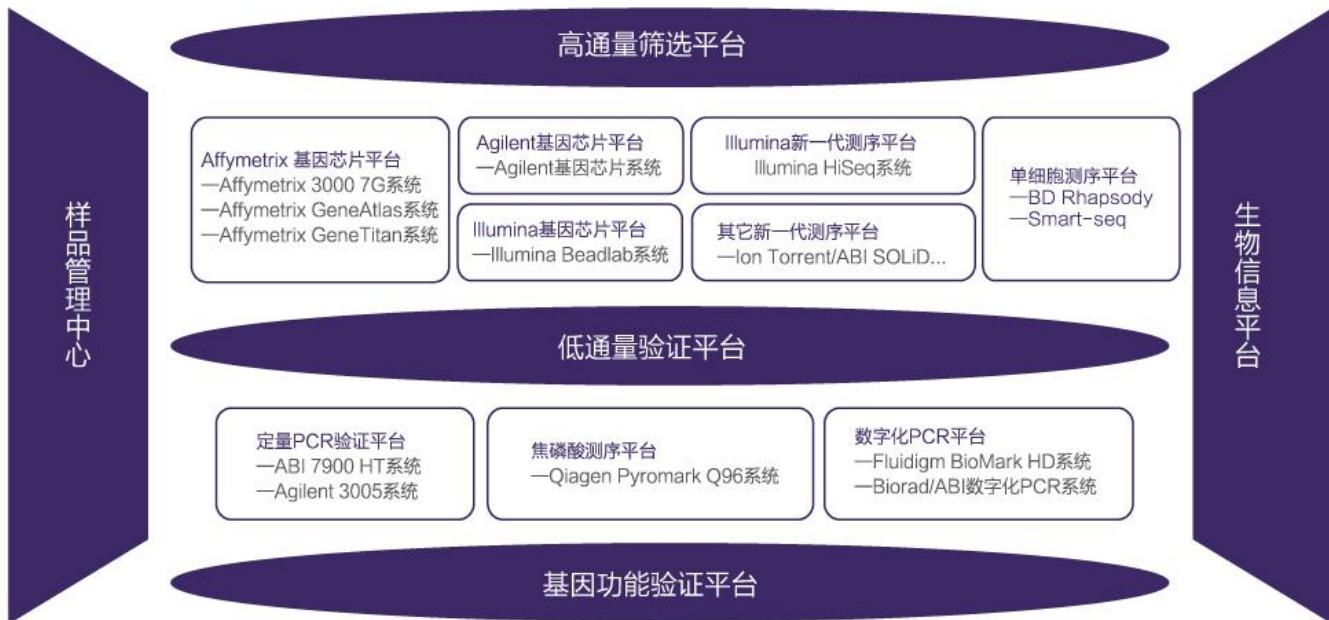
伯豪生物建立了规范化的质量控制体系,通过了ISO9001:2015质量管理体系的认证,并参照GLP-L的标准,通过156个SOP文件对项目、样品、实验过程、生物信息分析过程、数据信息管理、保密等进行严格质控。





多样化的服务平台

伯豪生物多样灵活的服务平台，系统的生物学研究解决方案，全力加速您组学研究的进程！

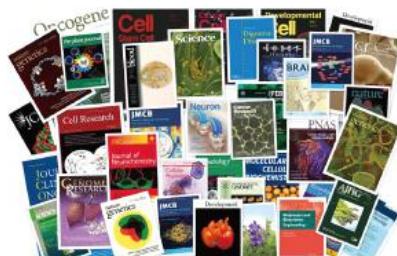


丰富的项目经验

伯豪生物从事技术服务15年，承接项目数超过15000个，用户单位5000家以上，协助客户发表SCI论文1500余篇（影响因子共计6700多分），全面推动中国基因组学服务产业的发展。



客户分布网络图



伯豪生物协助客户发表相关文章

上海伯豪新一代测序服务项目

基因组层次	转录组层次	表观遗传学层次
基因组 <i>de novo</i> 测序	转录组测序	全基因组甲基化测序
全基因组重测序	Small RNA测序	安捷伦甲基化捕获测序
全外显子组捕获测序	lncRNA测序	甲基化DNA免疫共沉淀测序
目标区域捕获测序	circRNA测序	染色质免疫共沉淀测序
单细胞全基因组测序	Rip-Seq	
单细胞外显子捕获测序	单细胞mRNA测序	
宏基因组测序	单细胞lncRNA测序	
16srDNA测序	原核转录组测序	

典型应用文章

1 Li CL , Li KC, Wu D, Chen Y, Luo H, Zhao JR, Wang SS, Sun MM, Lu YJ, Zhong YQ, Hu XY, Hou R, Zhou BB, Bao L, Xiao HS, Zhang X. Somatosensory neuron types identified by high-coverage single-cell RNA sequencing and functional heterogeneity. Cell Res.2015.(IF: 12.413) 使用服务种类: 单细胞测序

2 Kong Y, Si L, Li Y, Wu X, Xu X, Dai J, Tang H, Ma M, Chi Z, Sheng X, Cui C, Guo J. Analysis of mTOR Gene Aberrations in Melanoma Patients and Evaluation of Their Sensitivity to PI3K-AKT-mTOR Pathway Inhibitors. Clin Cancer Res. 2015. (IF: 8.722) 使用服务种类: Agilent haloplex Target gene panel Seq.

3 Tan GY, Peng Y, Lu C, Bai L, Zhong JJ. Engineering validamycin production by tandem deletion of γ -butyrolactone receptor genes in Streptomyces hygroscopicus 5008. Metab Eng.2015 (IF: 8.258) 使用服务种类: RNA-Seq

4 Qi W, Zhu J, Wu Q, Wang Q, Li X, Yao D, Jin Y, Wang G, Wang G, Song R. Maize rea1 mutant stimulates ribosome use efficiency and triggers distinct transcriptional and translational responses. Plant Physiol.2015.(IF: 6.841) 使用服务种类: RNA-Seq

5 Xiao YR, Jiang ZW, Li Y, Ye W, Jia B, Zhang MJ,Xu Y,Wu DH,Lai LX, Chen YY, Chang YJ,Huang XJ, Liu HD, Qing GL,Liu PT,Li YQ, Xu B,Zhong M, Yao Y, Pei DQ, Li P. ANGPTL7 regulates the expansion and repopulation of human hematopoietic stem and progenitor cells. Haematologica.2015.(IF: 5.868) 使用服务种类: RNA-Seq

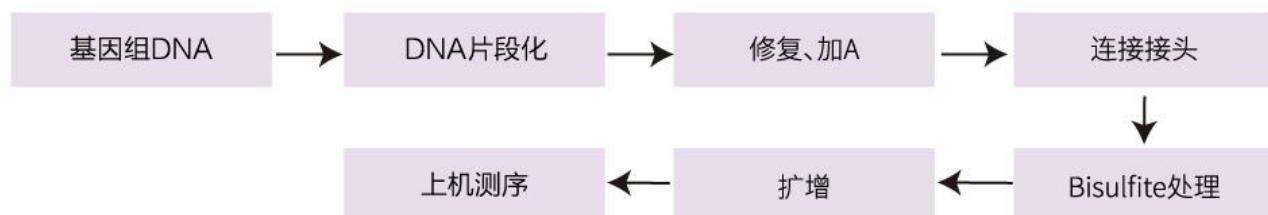
6 Yuan JH, Yang F, Wang F, Ma JZ, Guo YJ, Tao QF,Liu F,Pan W,Wang TT,Zhou CC,Wang SB,Wang YZ,Yang Y,Yang N,Zhou YP,Yang GS,Sun SH. A Long Noncoding RNA Activated by TGF- β Promotes the Invasion-Metastasis Cascade in Hepatocellular Carcinoma. Cancer Cell. 2014. (IF: 24.755) 使用服务种类: Rip-Seq

- 7 Cheng TL, Wang ZZ, Liao QM, Zhu Y, Zhou WH, Xu WQ, Qiu ZL. MeCP2 Suppresses Nuclear MicroRNA Processing and Dendritic Growth by Regulating the DGCR8/Drosha Complex. *Dev Cell*. 2014. (IF: 12.861) 使用服务种类: miRNA测序
- 8 Jiang JH, Liu YF, Ke AW, Gu FM, Yu Y, Dai Z, Gao Q, Shi GM, Liao BY, Xie YH, Fan J, Huang XW, Zhou J. Clinical significance of the ubiquitin ligase E3C in hepatocellular carcinoma revealed by exome sequencing. *Hepatology*. 2014. (IF: 12.003) 使用服务种类: 外显子组测序
- 9 Gao F, Xia Y, Wang J, Lin Z, Ou Y, Liu X, Liu W, Zhou B, Luo H, Zhou B, Wen B, Zhang X, Huang J. Integrated analyses of DNA methylation and hydroxymethylation reveal tumor suppressive roles of ECM1, ATF5, and EOMES in human hepatocellular carcinoma. *Genome Biol*. 2014. (IF: 10.465) 使用服务种类: 甲基化测序
- 10 Xu J, Wang YY, Dai YJ, Zhang W, Zhang WN, Xiong SM, Gu ZH, Wang KK, Zeng R, Chen Z, Chen SJ. DNMT3A Arg882 mutation drives chronic myelomonocytic leukemia through disturbing gene expression/DNA methylation in hematopoietic cells. *PNAS*. 2014. (IF: 9.737) 使用服务种类: MeDIP-seq
- 11 Wang G, Zhang JS, Wang GF, Fan XY, Sun X, Qin HL, Xu N, Zhong MY, Qiao ZY, Tang YP, Songa R. Proline responding1 Plays a Critical Role in Regulating General Protein Synthesis and the Cell Cycle in MaizeC. *Plant Cell*. 2014. (IF: 9.251) 使用服务种类: RNA-Seq
- 12 Zhang Y, Xie S, Zhou Y, Xie Y, Liu P, Sun M, Xiao H, Jin Y, Sun X, Chen Z, Huang Q, Chen S. H3K36 Histone Methyltransferase Setd2 Is Required for Murine Embryonic Stem Cell Differentiation toward Endoderm. *Cell Rep*. 2014. (IF: 7.207) 使用服务种类: RNA-Seq
- 13 Wu XH, Xu L, Gu W, Xu Q, He QY, Sun XS, Zhang G. Iterative Genome Correction Largely Improves Proteomic Analysis of Nonmodel Organisms. *J Proteome Res*. 2014. (IF: 5.001) 使用服务种类: 全基因组测序
- 14 Wang T, Cui Y, Jin J, Guo J, Wang G, Yin X, He QY, Zhang G. Translating mRNAs strongly correlate to proteins in a multivariate manner and their translation ratios are phenotype specific. *Nucleic Acids Res*. 2013. (IF: 8.026) 使用服务种类: RNA-Seq
- 15 Huang J, Deng Q, Wang Q, Li KY, Dai JH, Li N, Zhu ZD, Zhou B, Liu XY, Liu RF, Fei QL, Chen H, Cai B, Zhou B, Xiao HS, Qin LX, Han ZG. Exome sequencing of hepatitis B virus-associated hepatocellular carcinoma. *Nat Genet*. 2012. (IF: 35.532) 使用服务种类: 全外显子组测序
- 16 The Schistosoma japonicum Genome Sequencing and Functional Analysis Consortium. The Schistosoma japonicum genome reveals features of host-parasite interplay. *Nature*. 2009. (IF: 34.48) 使用服务种类: Roche 454 高通量测序

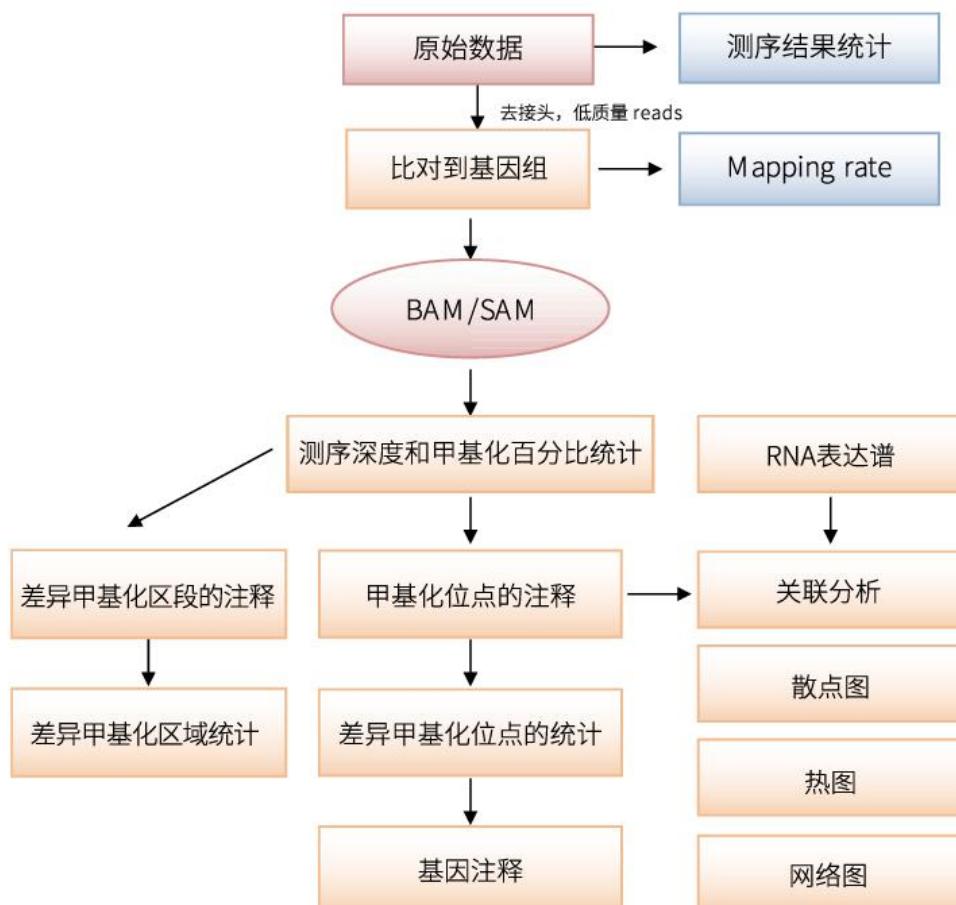
全基因组甲基化测序

全基因组甲基化测序结合了亚硫酸氢盐转化 (bisulfite conversion) 方法与新一代高通量测序技术, 可在单碱基分辨率水平上高效地检测全基因组DNA甲基化状态。亚硫酸氢盐处理可使DNA中未发生甲基化的胞嘧啶脱氨基转变成尿嘧啶, 而甲基化的胞嘧啶保持不变, PCR扩增所需片段, 则尿嘧啶全部转化成胸腺嘧啶。对PCR产物进行高通量测序, 与参考序列比对, 即可判断CpG/CHG/CHH位点是否发生甲基化。

实验路线



技术路线



样品需求(基因组DNA)

样品纯度:OD 260/280值应在1.8~2.0之间; RNA应去除干净;

样品浓度:最低浓度不低于50ng/ μ l;

样品总量:每个样品总量不少于1 μ g;

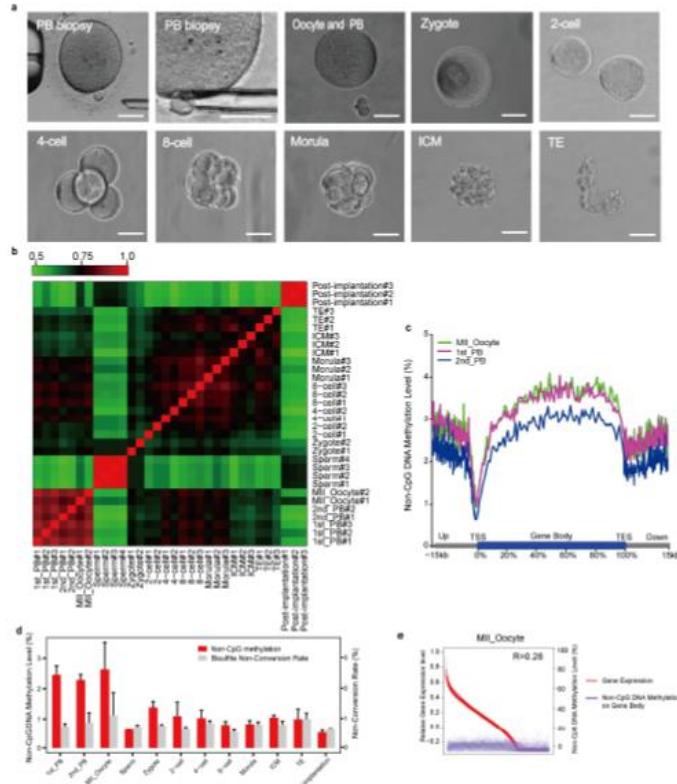
样品溶剂:应溶解在H2O或TE(pH 8.0)中;

样品运输:DNA低温运输(-20°C);在运输过程中用parafilm将管口密封好,以防出现污染。

案例解析

人类早期胚胎DNA甲基化图谱

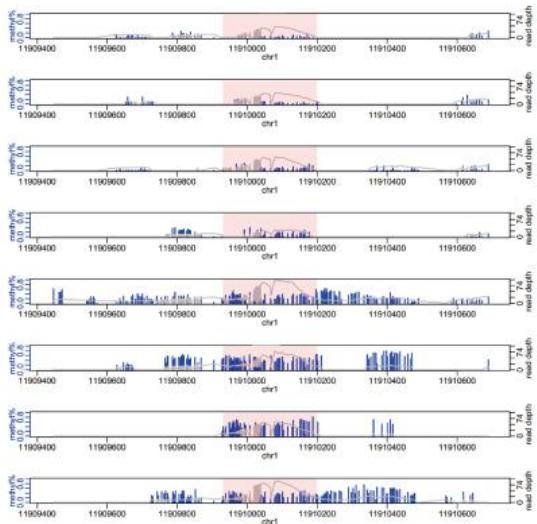
在哺乳动物胚胎的早期发育中,甲基化是表观调节的重要内容。但是,在人类全基因组范围内,胚胎的早期甲基化动态调节模式由于技术的困难和材料的缺乏并没有充分的研究分析。本研究中,通过全基因组的亚硫酸氢盐测序技术,系统的描绘了从受精卵到胚胎植入后甲基化的变化。研究发现,在2细胞时期全基因组发生了去甲基化波动。这与之前在小鼠中的研究结果相反。而且,来自父本染色体上的基因去甲基化显著快于母本,到受精卵时期结束的时候父本的前核甲基化状态已经低于母本的前核。在早期胚胎发育的过程中,启动子区甲基化与基因表达的负相关性逐渐加强,在胚胎移植后到达峰值。此外,本研究还指出活跃的基因在胚胎移植前的整个过程都没有被甲基化。早期胚胎往往保持更高的甲基化残留,在转座子进化上更活跃。这些研究对于研究人类早期胚胎的甲基化提供了新的视角。



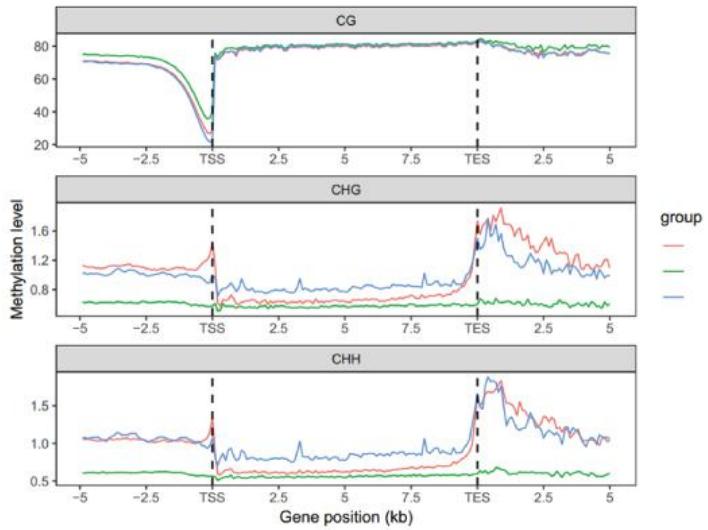
在人类胚胎早期发育中DNA甲基化的动态变化

原文出处:Guo H, Zhu P, Yan L, et al. The DNA methylation landscape of human early embryos. Nature.2014.

数据分析展示

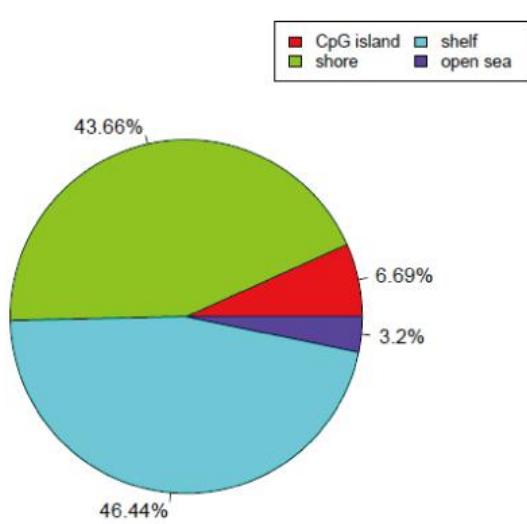


差异甲基化区域展示。

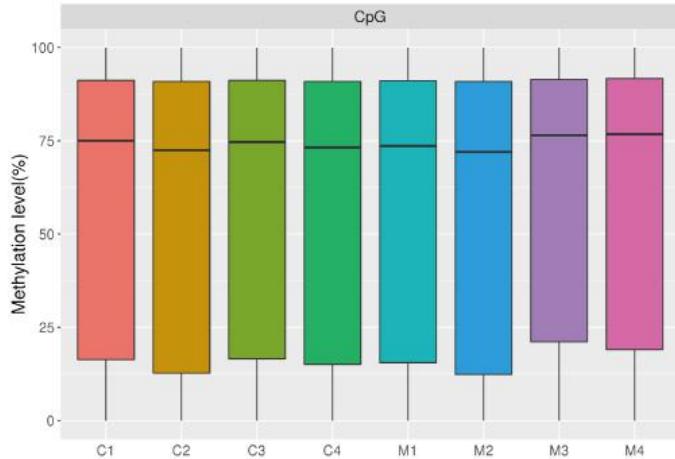


全基因组所有基因甲基化程度走势展示。

CGI features (total number: 23843)



差异甲基化位点分布与CpG岛的位置关系。



不同样本整体甲基化程度的箱盒图展示。

安捷伦甲基化捕获测序

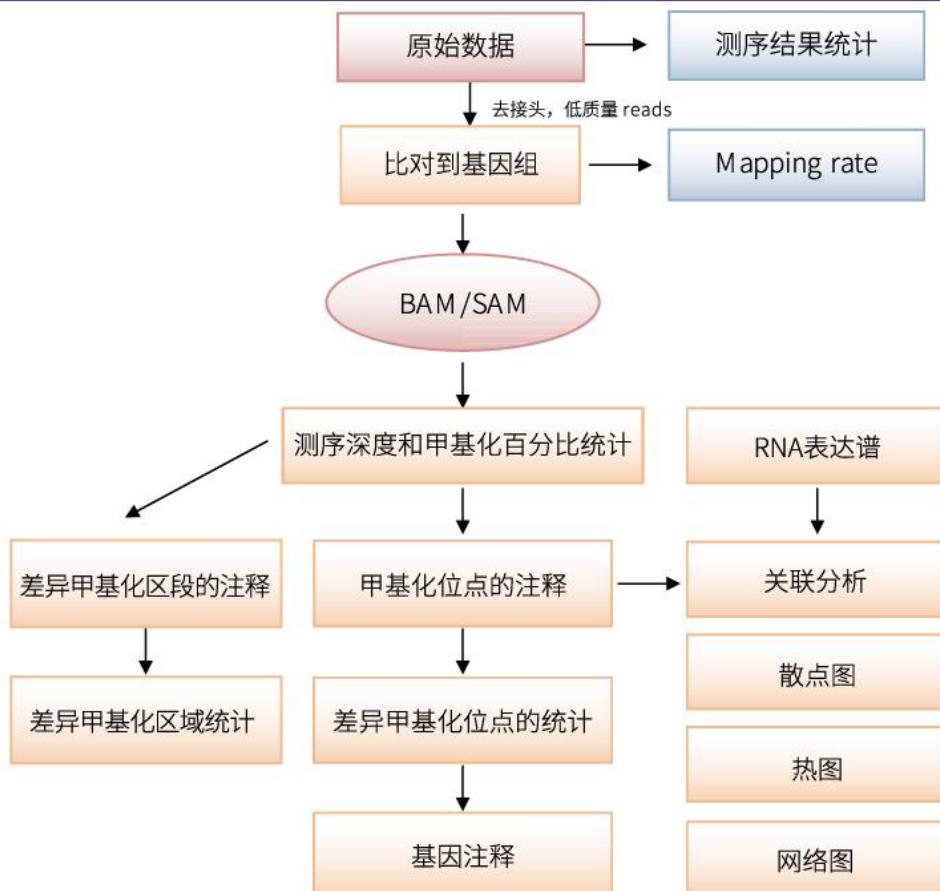
SureSelect^{XT}甲基化靶向序列捕获平台(Methyl-Seq)是安捷伦公司推出的首个全面的甲基化发现系统。该平台为甲基化基因组区域研究提供了具有单碱基分辨率的高效方法。现有目录化产品包括人、小鼠和大鼠的甲基化测序设计。该产品相比常见的甲基化检测平台具有独到的优势：

- 通过检测单独的 CpG 可独具特色地提供比甲基化芯片更多的信息
- 相比全基因组重亚硫酸盐测序，可提高通量并降低成本
- 可发现限制性内切酶及免疫沉淀所不能检测的差异甲基化区域

实验路线



技术路线



样品需求 (基因组DNA)

样品类型:人, 大小数

样品纯度:OD 260/280值应在1.8~2.0之间; RNA 应去除干净;

样品浓度:最低浓度不低于50ng/ μ l;

样品总量:每个样品总量不少于1 μ g;

样品溶剂:应溶解在H2O或TE (pH 8.0)中;

样品运输:DNA低温运输 (-20°C); 在运输过程中用parafilm将管口密封好, 以防出现污染。

案例解析

LETTER

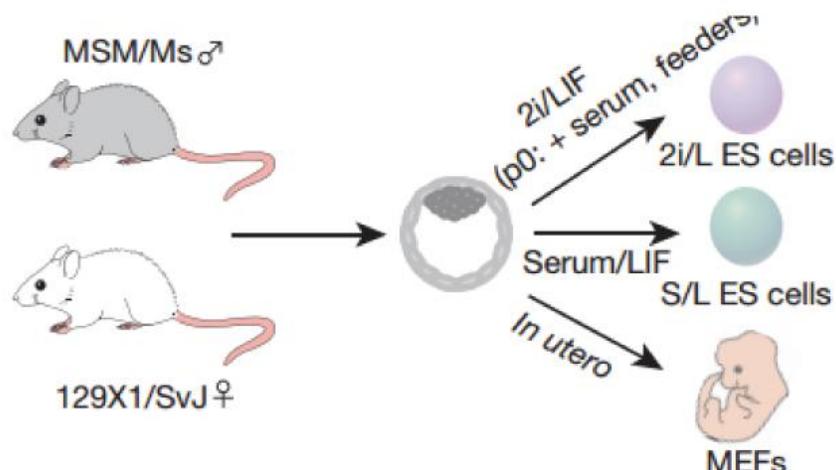
doi:10.1038/nature23286

Derivation of ground-state female ES cells maintaining gamete-derived DNA methylation

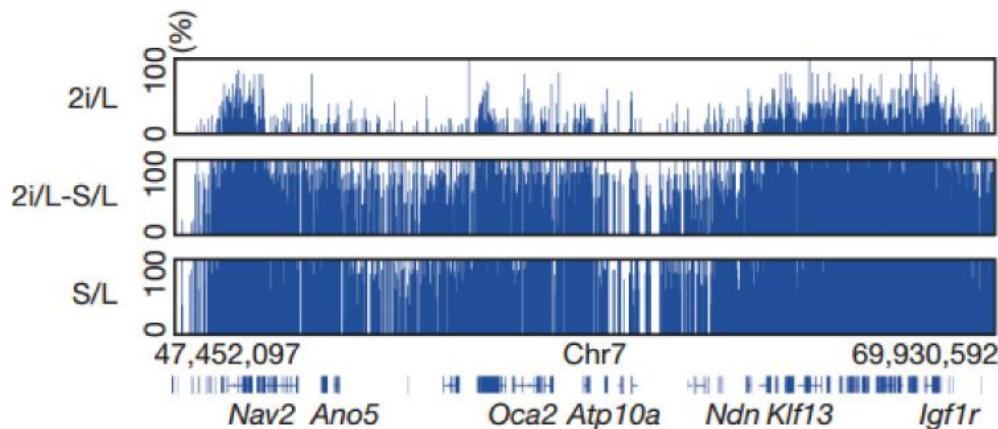
Masaki Yagi¹, Satoshi Kishigami², Akito Tanaka¹, Katsunori Semi¹, Eiji Mizutani^{2,3}, Sayaka Wakayama^{2,3}, Teruhiko Wakayama^{2,3}, Takuya Yamamoto^{1,4} & Yasuhiro Yamada¹

Derivation of ground-state female ES cells maintaining gamete-derived DNA methylation是安捷伦甲基化捕获测序的应用文献, 2017年东京大学发表在Nature主刊杂志上有关胚胎模型研究的文章。研究使用了 Mek1/2 和 Gsk3 β 抑制剂 (2i) 和白血病抑制因子 (L) 处理的 2i/L 胚胎干细胞 (ES 细胞) 发现会出现广泛的DNA甲基化缺失和胎盘发育受损, 但是早期 (P3) 雌性2i/L ES 细胞以回复配子中的DNA甲基化状态并具有分化发育潜能。早期雌性2i/L ES 细胞可能成为研究胚胎早期发育的新平台。

2i可促进动物中胚胎干细胞 (ES cell) 的分化和多样性分化。作者发现在经2i/L处理后的母系小鼠胚胎干细胞表现出全局DNA甲基化状态的缺失, 包括许多印记基因的擦除。



虽然全局DNA甲基化表现出缺失,但早期的2i/L ES cell还是会有效的分化到体细胞水平,而这个过程需要全基因组范围内的从头DNA甲基化。



然而,大部分的印迹基因区域 (ICR) 在2i/L-ES-driven differentiated cells中仍然维持未被甲基化的状态。紧接着,通过四倍体胚胎补充或核移植,2i/L ES细胞表现出胚胎和胎盘发育受损。但最后作者发现雌性来源的早期2i/L ES细胞可以回复配子中的DNA甲基化状态并具有分化发育潜能。然而,经过长时间培养后,无论培养条件如何,雌性胚胎干细胞均表现出ICR的去甲基化。雌性来源P3时期的2i/L ES细胞可能成为研究胚胎早期发育的新平台。

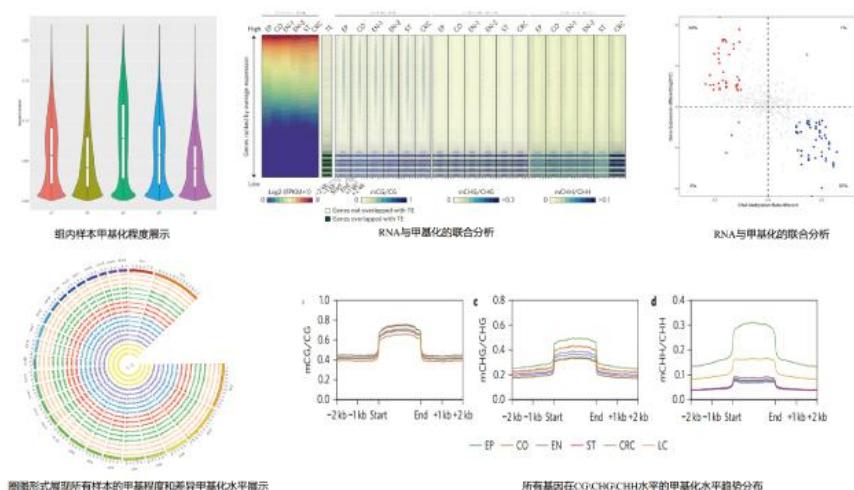
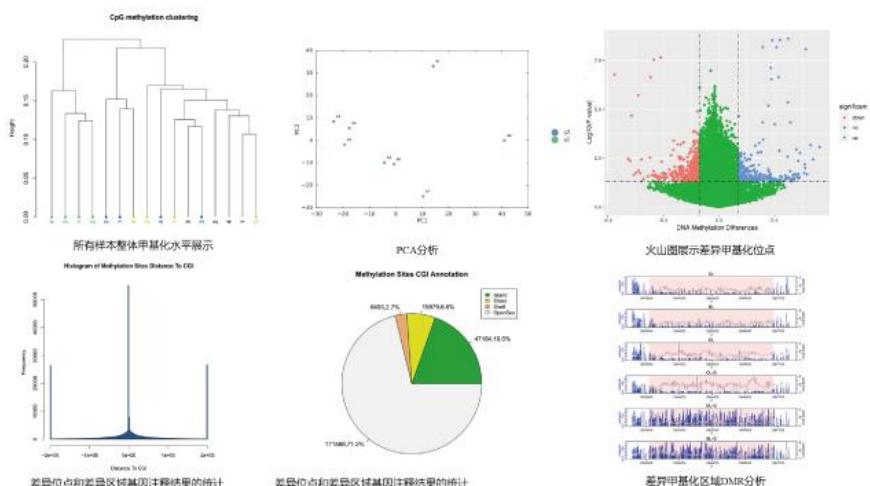
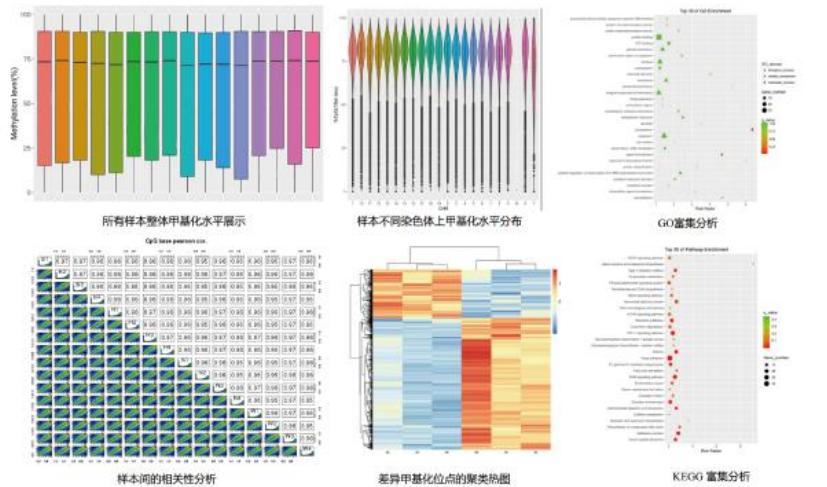
Cell Type	Culture Condition	Sample Name	Gender	Passage Number	Genetic Background	Method	Seq Type	Single or Pair	Read Number (Mb)	On targets (%)	Average. Depth
ES cell	2i/LIF	2i/L #2	XX	p3	129/MSM (♀/♂)	Methyl-seq	Hiseq	Pair	75.1 (*2)	89.5	64.8 (captured regions)
ES cell	2i/LIF	2i/L #15	XX	p3	129/MSM (♀/♂)	Methyl-seq	Hiseq	Pair	70.7 (*2)	89.5	59.4 (captured regions)
ES cell	2i/LIF	2i/L #23	XY	p3	129/MSM (♀/♂)	Methyl-seq	Hiseq	Pair	96 (*2)	89.3	83.1 (captured regions)
ES cell	Serum/LIF	S/L #8	XX	p3	129/MSM (♀/♂)	Methyl-seq	Hiseq	Pair	81 (*2)	88.8	67.7 (captured regions)
ES cell	Serum/LIF	S/L #36	XX	p3	129/MSM (♀/♂)	Methyl-seq	Hiseq	Pair	77.3 (*2)	89.6	66.1 (captured regions)
ES cell	Serum/LIF	2i/L-S/L #15	XX	p3+p14	129/MSM (♀/♂)	Methyl-seq	Hiseq	Pair	91.8 (*2)	89.3	78.2 (captured regions)
MEF	MEF medium	2i/L-MEFs	XX	p5+p1	129/MSM (♀/♂)	Methyl-seq	Hiseq	Pair	81.3 (*2)	88.9	68.1 (captured regions)
MEF	MEF medium	MEF#4	XX	p1	129/MSM (♀/♂)	Methyl-seq	Hiseq	Pair	90.8 (*2)	90.7	74.0 (captured regions)
MEF	MEF medium	MEF#2	XY	p1	129/MSM (♀/♂)	Methyl-seq	Hiseq	Pair	89.4 (*2)	88.5	74.2 (captured regions)
ES cell	2i/LIF	2i/L #15	XX	p3	129/MSM (♀/♂)	WGBS	Hiseq	Pair	117.3 (*2)	-	4.7
ES cell	2i/LIF	2i/L #23	XY	p3	129/MSM (♀/♂)	WGBS	Hiseq	Pair	116.9 (*2)	-	5.5
ES cell	Serum/LIF	S/L #36	XX	p3	129/MSM (♀/♂)	WGBS	Hiseq	Pair	117.6 (*2)	-	4.9
ES cell	Serum/LIF	2i/L-S/L #15	XX	p3+p14	129/MSM (♀/♂)	WGBS	Hiseq	Pair	107.9 (*2)	-	4.5

文献中作者甲基化研究的手段主要包括安捷伦甲基化捕获测序和全基因组甲基化测序。比较伯豪的内测数据与本次文章中的捕获测序数据,在小鼠的捕获测序分析中,测序深度,捕获效率来看,伯豪与文献的数据不相上下。文献中每个样本20G的测序数据量,CG位点的平均深度在59~78之间,伯豪生物技术公司最新内测数据显示,同样的20G的测序数据量,CG位点的平均深度在60~90之间。

原文出处:Yagi M , Kishigami S , Tanaka A , et al. Derivation of ground-state female ES cells maintaining gamete-derived DNA methylation[J]. Nature, 2017.

新一代测序服务解决方案

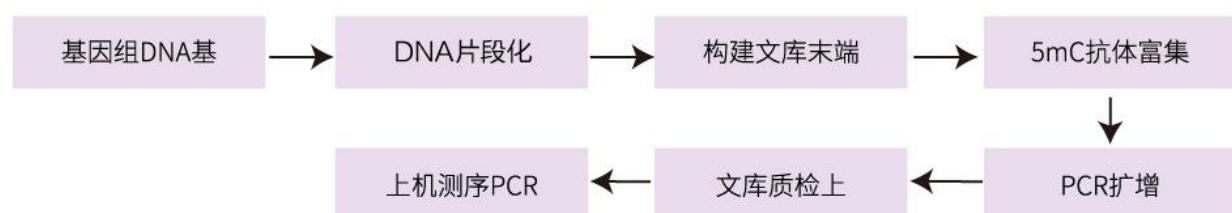
—表观遗传学研究



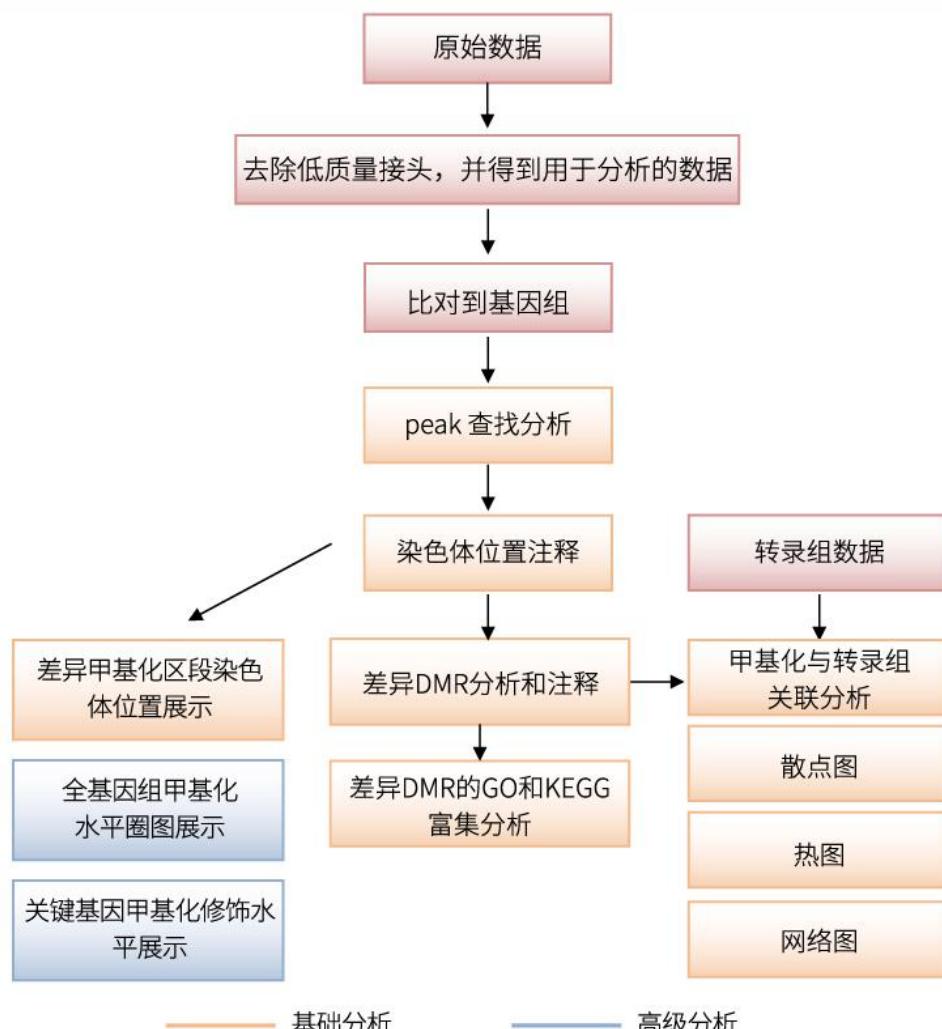
甲基化DNA 免疫共沉淀测序

MeDIP-Seq (Methylated DNA Immunoprecipitation Sequencing), 即甲基化DNA 免疫共沉淀测序。先用5'-甲基胞嘧啶抗体富集胞嘧啶甲基化的基因组片断, 然后对富集的片段进行高通量测序。该方法检测范围覆盖全基因组, 所需测序数据量较少, 但不能在单碱基分辨率水平上检测DNA胞嘧啶甲基化状态。

实验路线



技术路线



样品需求(基因组DNA)

样品纯度:OD 260/280值应在1.8~2.0之间;RNA应去除干净。

样品浓度:最低浓度不低于50ng/ul。

样品总量:每个样品总量不少于5ug。

样品溶剂:溶解在H2O或TE (pH 8.0)中。

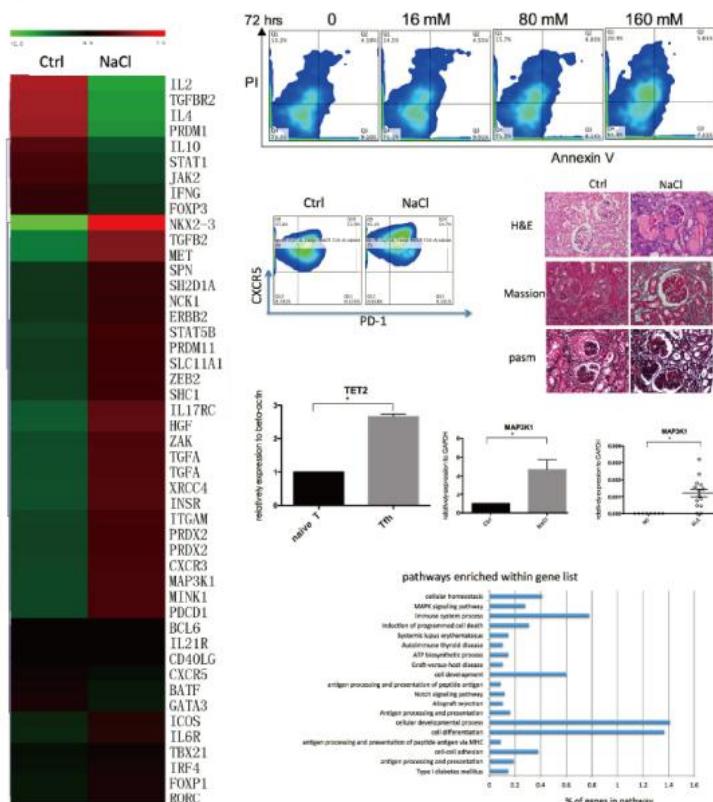
样品运输: DNA低温运输 (-20°C);且在运输过程中请用parafilm将管口密封好,以防出现污染。

案例解析

高盐条件下TET2诱发DNA去甲基化驱使Tfh细胞分化并促进自身免疫应答

Follicular helper T (Tfh) 细胞在自身免疫疾病(例如:系统性红斑狼疮)中起到重要的作用。生理状态下的高盐环境能够促进Tfh细胞的分化,并显著恶化MRL/lpr 小鼠的系统性红斑狼疮特性。研究发现,高盐环境诱发了TET2介导的DNA去甲基化。在经NaCl处理后, sh2d1a, map3k1, spn 和stat5b的表达显著升高,但只有spn受TET2的直接调控。该研究不仅解释了高盐诱发自身免疫应答的表观机制,而且为系统性红斑狼疮病人的临床干预提供了重要的靶标。

原文出处: Wu H, Huang X, Qiu H, et al. High salt promotes autoimmunity by TET2-induced DNA demethylation and driving the differentiation of Tfh cells. Sci Rep. 2016.

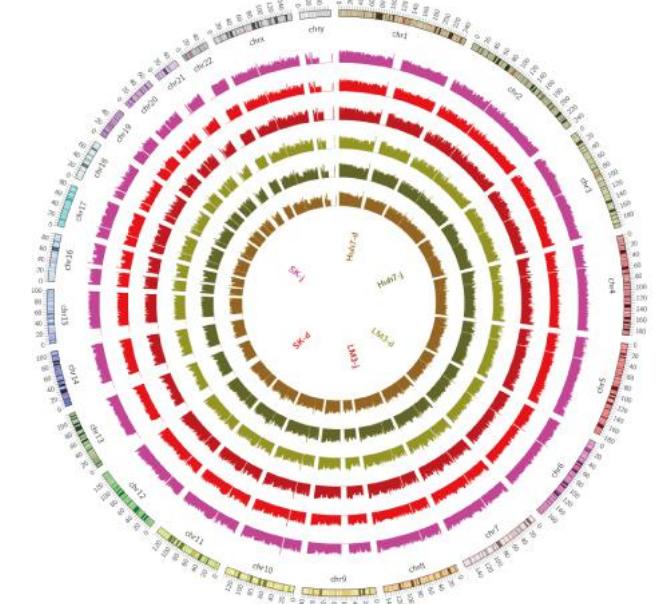


NaCl诱导的DNA去甲基化导致spn表达升高, 调控免疫应答信号通路

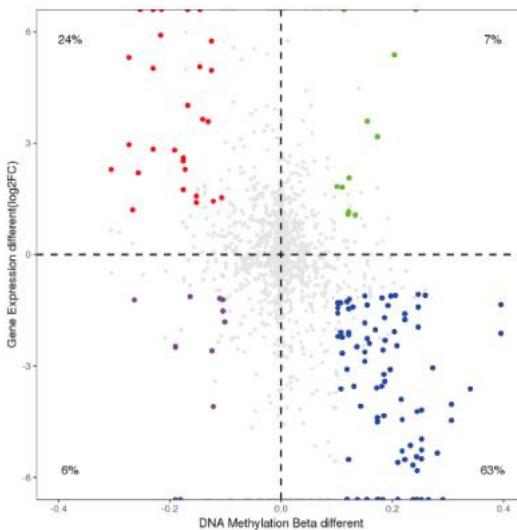
数据分析展示



差异甲基化区段分染色体注释。红色代表高甲基化，蓝色代表低甲基化。适合样本较少，用于整体展示差异甲基化区段在染色体上的分布。

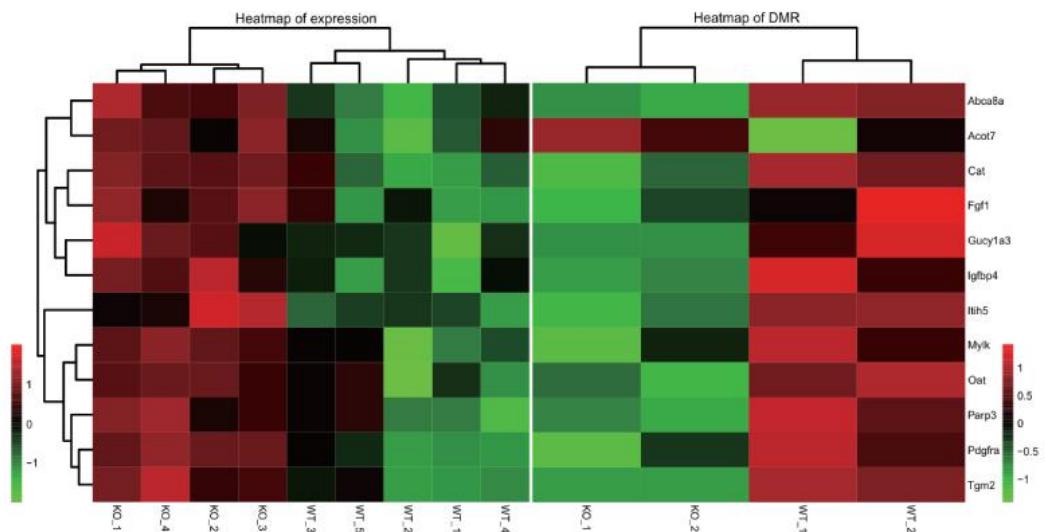


甲基化区域全基因组展示。最外面一圈代表染色体编号，由外向里逐层代表不同样本，用于展示样本的全基因组甲基化状态。

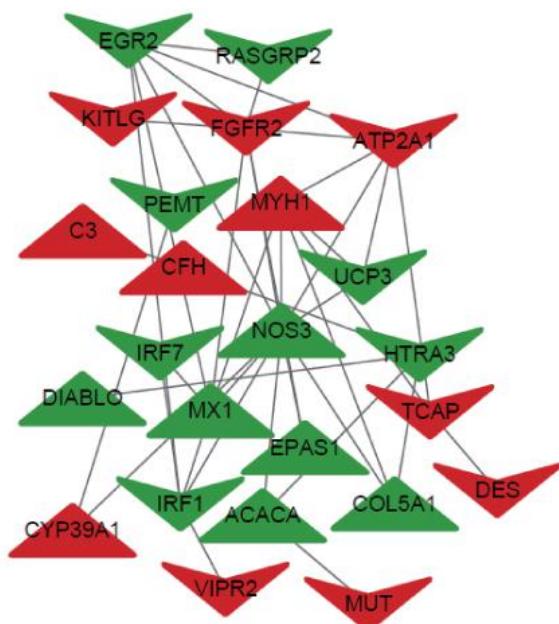


甲基化与表达谱关联分析。把有差异的基因分别在纵坐标上显示表达的差异，在横坐标上显示甲基化的差异。适合在整体上展示甲基化与表达的负相关性。

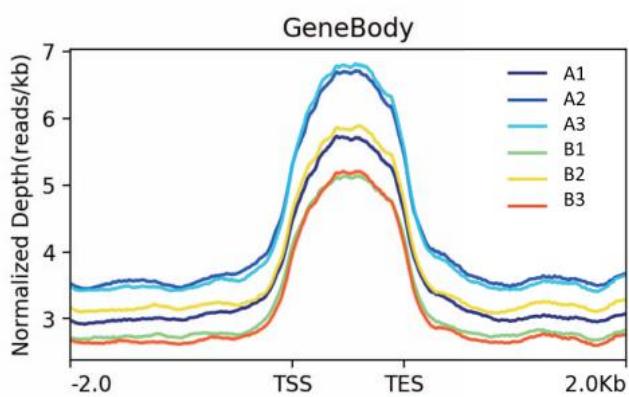
数据分析展示



基因甲基化状态与表达相关性分析。把相同的基因排在同一行上，热图展示各个基因的甲基化修饰与表达的水平及相关性。适用于对关键基因的展示。



用于展示甲基化与表达的相互作用及调控的相关性。其中高表达的基因为红色，低表达基因为绿色；高甲基化基因为正三角形，低甲基化基因为倒三角形。



甲基化程度在不同基因功能领域的均一化分布图。纵坐标代表甲基化程度，横坐标代表基因的不同位置。

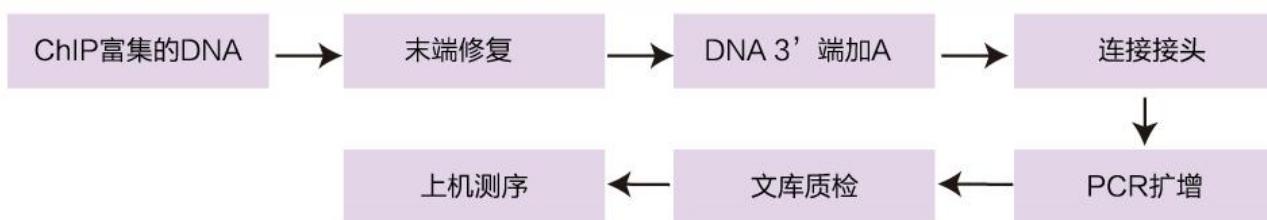


染色质免疫共沉淀测序

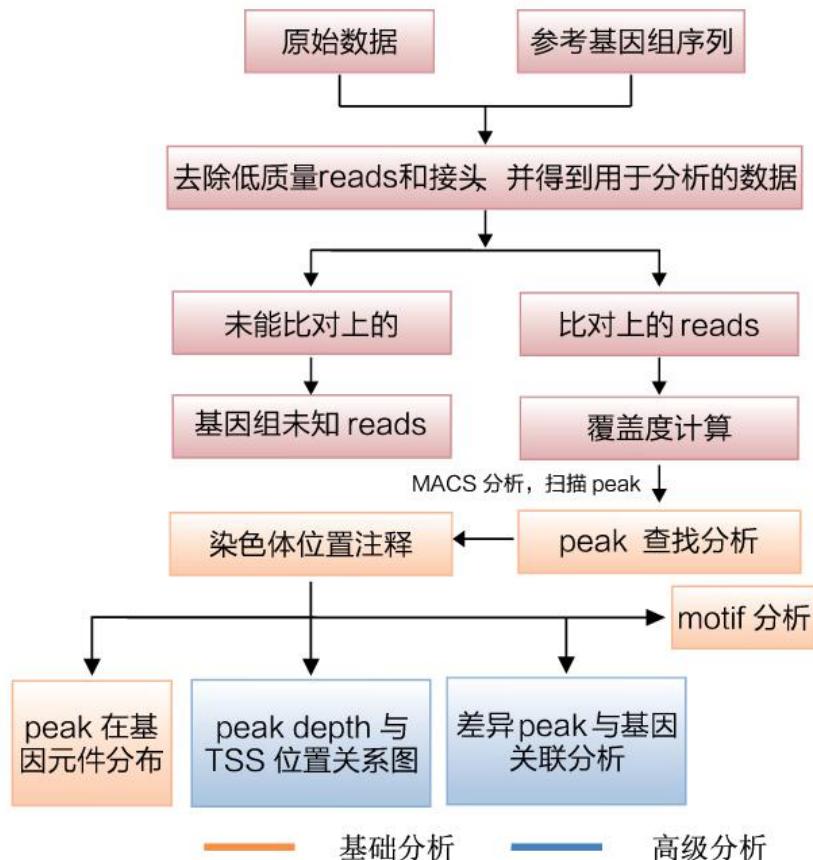
染色质免疫共沉淀技术（Chromatin Immunoprecipitation, ChIP）是研究体内蛋白质与DNA相互作用的有力工具，通常用于转录因子结合位点或组蛋白特异性修饰位点的研究。将ChIP与新一代测序技术相结合的ChIP-Seq技术，能够高效地在全基因组范围内检测与组蛋白、转录因子等互作的DNA区段。

ChIP-Seq首先通过染色质免疫共沉淀技术（ChIP）特异性地富集目的蛋白结合的DNA片段，并对其进行纯化与文库构建，然后对富集得到的DNA片段进行高通量测序。研究人员通过将获得的数百万条序列标签精确定位到基因组上，从而获得全基因组范围内与组蛋白、转录因子等互作的DNA区段信息。

实验路线



技术路线



—— 基础分析 —— 高级分析

样品需求(基因组DNA)

样品纯度:OD 260/280值应在1.8~2.0之间。

样品浓度:最低浓度不低于20ng/ul。

样品总量:每个样品总量不少于30ng。

DNA片段大小:长度分布小于500bp,峰在300bp左右。

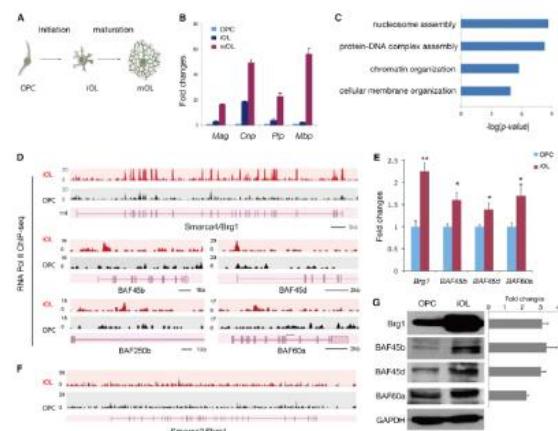
样品溶剂:溶解在H2O或low TE (pH8.0)中。

样品运输:低温运输(-20°C);建议用LoBind管,parafilm将管口密封好,以免污染。

案例解析

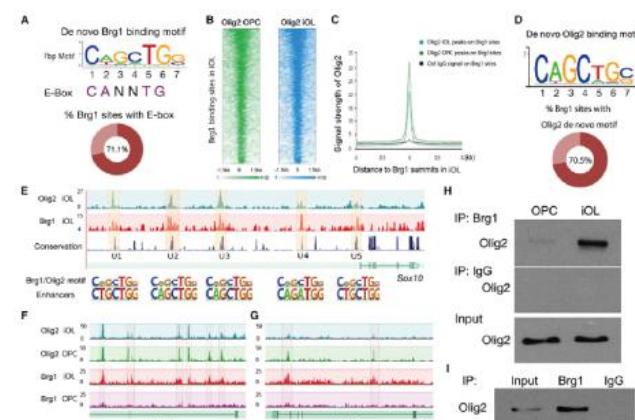
Olig2靶向染色质重塑到增强子并起始少突细胞的分化

少突细胞是一种中枢神经系统髓鞘形成中特殊的细胞类型,在大脑发育和神经元功能中起着重要作用。少突细胞的发育要经历OL祖细胞,前OL祖细胞,未成熟和成熟OL阶段。该研究中,研究人员发现ATP依赖的SWI/SNF染色质重塑酶Smarca4/Brg1的活化对于少突细胞的分化是必要的,并足以起始和促进少突细胞世系进程和成熟。通过ChIP-seq对少突细胞进行全基因组范围研究,揭示了少突细胞世系决定因子Olig2指导Smarca4/Brg1结合到少突细胞特异的增强子上。功能性分析Smarca4/Brg1和Olig2并结合染色质的遗传标记,揭示了阶段特异的顺式调节元件。综上研究结果显示,Olig2活化功能特异的Smarca4/Brg1依赖的染色质重塑调节与转录相关的染色质修饰,这对于精确地起始和建立转录的程序至关重要。这个过程促进了少突细胞的分化以及随后的髓鞘形成。



在OPC分化的起始阶段,Brg 1基因主要被RNAP II调控。

Olig2 阻碍Brg1结合到E-box增强子元件

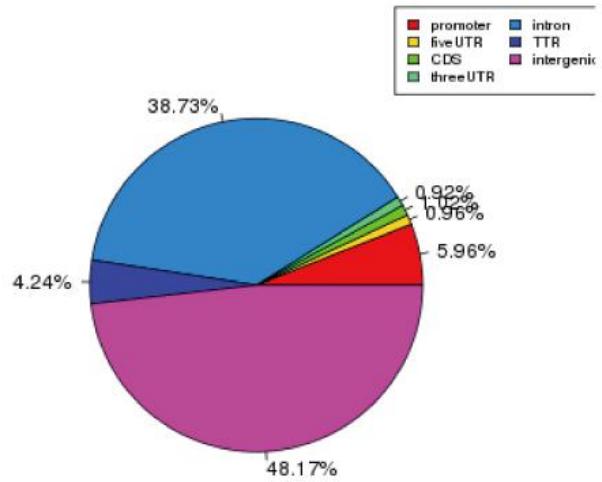


原文出处:Yu Y, Chen Y, Kim B, et al. Olig2 targets chromatin remodelers to enhancers to initiate oligodendrocyte differentiation. Cell. 2013.



数据分析展示

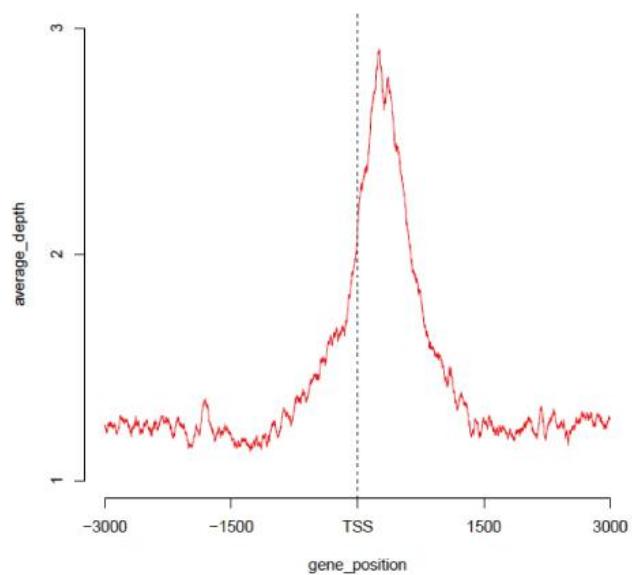
genetic features (total number: 10624)



Peaks Distribution within each Chromosome



peak在染色体上的分布。适合样本较少，用于整体展示peak区段在染色体上的分布。



peak depth 与 TSS距离分布展示。



peak在基因元件上的分布。

Motif Found	Discovery/Enrichment Program	E-value	Known or Similar Motifs	Distribution	SpaMo & FIMO
	DREME	5.7e-031		Not Centrally Enriched	<ul style="list-style-type: none"> Motif Spacing Analysis Motif Sites in GFF
Reverse Complement: = 	DREME	8.9e-025		Not Centrally Enriched	<ul style="list-style-type: none"> Motif Spacing Analysis Motif Sites in GFF
Reverse Complement: = Show 3 More					
	DREME	5.7e-022		Not Centrally Enriched	<ul style="list-style-type: none"> Motif Spacing Analysis Motif Sites in GFF
Reverse Complement: =					

motif分析，找到蛋白与DNA结合的模式序列。



上海伯豪生物技术有限公司
SHANGHAI BIOTECHNOLOGY CORPORATION

技术服务热线 : 800-820-5086/400-880-5086 技术服务网站 : <http://www.shbio.com>
地址 : 上海张江高科技园区李冰路151号 邮编 : 201203
电话 : +86-21-51320288-8136 传真 : +86-21-51320266
网址 : <http://www.shbio.com> 邮箱 : market@shbio.com
