## 肿瘤医院48例转录组数据分析技术服务

**1.1技术目标**

转录组是指特定组织或细胞在某个时间或某个状态下转录出来的所有RNA的总和，主要包括 mRNA和⾮编码RNA。转录组测序是基于Illumina测序平台，研究特定组织或细胞在某个时期转录 出来的所有mRNA，是基因功能与结构研究的基础，对理解生物体的:发育和疾病的发生具有重要作 用 。随着基因测序技术的发展以及测序成本的降低，RNA-seq凭借高通量、高灵敏度、应⽤范围 ⼴等优势，已成为转录组研究的主要方法。RNA-seq技术流程主要包含两个部分：建库测序和生物 信息分析。

**1.2采购明细：**

产品：转录组测序和数据分析

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| 序号 | 执行内容 | 数量 | 单价 |
| 1 | RNA提取与检测，文库构建与质检，上机测序，信息分析流程 | 48 | 1250 |
| 产品总价 | 60000 | 币种 | CNY |
| 周期（天） | 45 | | |
| 工序 | 工序类型 | 数量 | 单位 |
| 提取 | Total RNA样本检测 | 48 | /个 |
| 合成 | 双链cDNA合成 | 48 | /个 |
| 建库 | 文库检测 | 48 | /个 |
| 上机（按数据量报价） | illumina Novaseq™ 6000 (LC Bio Technology CO.,Ltd. Hangzhou, China | 960 | G raw data |

本产品数据交付形式：raw data

**1.3生物信息分析内容**

产品：转录组测序和数据分析

下机原始数据格式为fastq，使用fastp软件对下机原始数据进行质控，包括去除接头、重复序列和低质量序列，参数为默认参数。使用HISAT2将测序数据比对到基因组上，得到文件格式为bam。使用StringTie软件 对基因或转录本进行组装并用FPKM定量（FPKM = total\_exon\_fragments / mapped\_reads(millions) × exon\_length(kB)]），使用R包edgeR 对样本之间的差异基因进行分析，差异倍数>2倍或<0.5倍，且p value<0.05定义为。最后使用DAVID软件 对基因进行GO和KEGG富集分析。

**1.4技术要求**

|  |  |
| --- | --- |
| \*具体参数要求 | 1.供应商能够对样本进行蛋白提取和质检评估，完成测序数据质控，序列比对，基因表达定量，差异表达分析，功能通路富集分析。  2.使用Illumina NovaSeq6000测序平台，对采购单位提供的样本进行检测。  3.每个样本要求 rawdata数据与分析数据交付。  4.每个样本目标数据量不低于20Gb raw data  5.样本到位后45个自然日内完成服务，提供分析结题报告。 |
| 仪器设备要求 | 1.投标人有 10 台及以上相关实验设备设备；需提供设备型号和序列号， 要求配备实验人员不少于 2 名；  2.投标人需具有专项云分析平台的，提供相关证明。  3.投标人拥有智能化交付系统，并搭载自动化样本库。 |
| 团队要求 | 1.项目负责人负责整体项目的筹划、跟进和落实，必须为博士学历及以上或具有高级技术称务。须具有 5 年及以上高通量科研项目经验，且负 责并成功交付转录组项目不少于 5 个。 |
| 售后服务 | \*1.提供最终数据后需继续保留数据 3个月。  \*2.售后服务期不少于 12 个月。有专业的售后服务团队提供售后 支持服务，在接到采购人电话或邮件请求后，需在10小时内响应客户 需求或建议，并以电话或邮件方式同采购方取得联系，一般问题应在24小时内解决，遇到复杂的问题，48时内提出解决方案（特殊情况 和不可抗拒因素除外）。  3.拥有完善的质量保证措施和应急服务方案  4.具有针对性的数据检查、质量控制以及反馈纠错措施；具有切实有效地样本及数据安全保证机制，具备在线视 频监控系统，并提供相关证明。 |

**2.1成果交付**

1. 报告：项目结题报告（至少包括相关的质检报告）

2.本产品数据交付形式：raw data/结果文件