

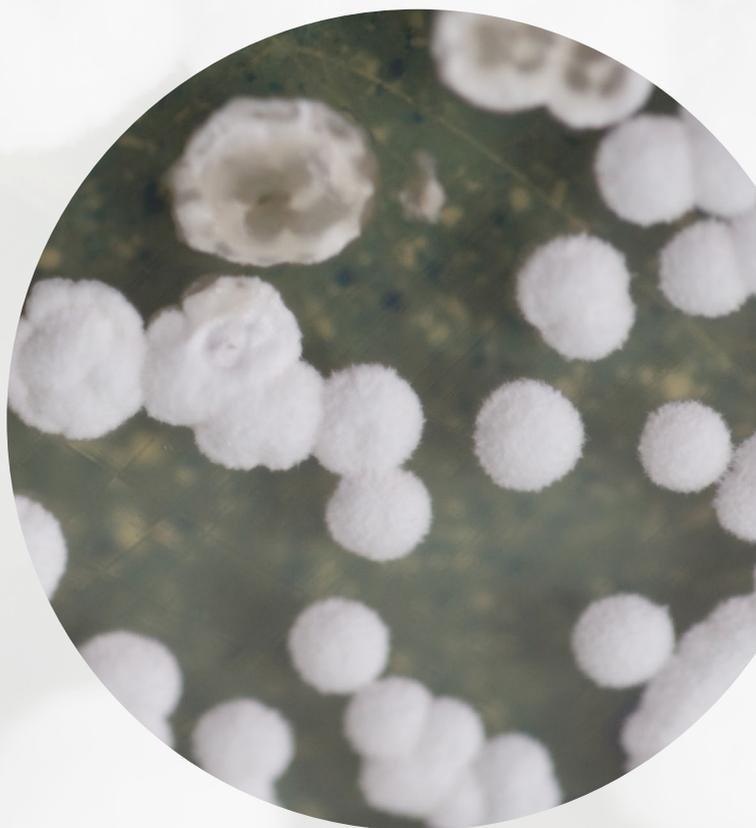


专业 服务 助力 科技



ATCC®

微生物组标准品 研究解决方案



 400-8100-881



提高微生物组研究的标准

虽然已经有了大量关于人类微生物组的信息，但仍有很多未知领域。随着科学家开始转向下一波方法，如宏转录组学和代谢组学，管理迅速增长的数据集和解析海量的数据对转化研究是不小的挑战。通过使用已认证的标准品对分析过程的每一步进行优化，对研究结果的有效性和可重复性至关重要。只有通过认证的标准品和优化后的工作流程，科学家才能清楚地了解人体微生物组是如何随着时间的推移而变化和发展的，最终与人类生理学的更深层次的知识相关联。

可靠的标准品 惊人的实验结果

微生物组研究的复杂性使得检测标准化具有挑战性。为此，ATCC 给出了解决方案：微生物组标准品。在微生物组工作流程的每个阶段，ATCC 微生物组标准品有信心让您优化不同的研究应用程序，并提高一次又一次数据的一致性和可重复性。从样本收集到数据分析，ATCC 提供了各种分析优化和质量控制工具，以支持您的微生物组研究，包括以下方面：

- 模拟微生物群落
- 环境菌和病原体混合物
- 人体特定位置标准品
- spike-in 对照
- 病毒组和真菌组标准品
- 先进的生物信息学分析

ATCC 微生物组由多种标准品组成，全部由高质量的、经过认证的和测序的 ATCC 培养物组成，具有多相测试的特点，因此您放心用此产品用于研究。



可靠的标准品 助力全球研究

ATCC 微生物组标准品可以广泛应用在从方法学优化到数据解析的过程中，并且其可以作为任何平台上微生物群落测试和分析开发的高级对照。为了更好地支持您的研究，ATCC 将提供各种形式和复杂度的标准品产品：

- 全菌株和核酸组分
- gDNA 丰度平均或非等量混合
- 人体整体和特定位置标准品
- 低、中、高三种复杂度
- 每个标准品包含 3~20 种菌株不等
- 平行组和 spike-in 对照组

由于 ATCC 标准品良好的适用性，且经 ATCC 认证和鉴定，使 ATCC 的微生物组标准品成为用于标准化各种来源的数据，促进微生物组应用和分析之间达成共识的理想工具。

更多详情 请浏览 WWW.ATCC.ORG/MICROBIOME



提高检测的一致性

在进行微生物组研究时，您选择的实验方法和材料会显著影响您的结果。通过使用 ATCC 微生物标准品并结合 One Codex 数据分析模块，您可以比较您的方法的性能和整体准确性，并确保结果的有效性。

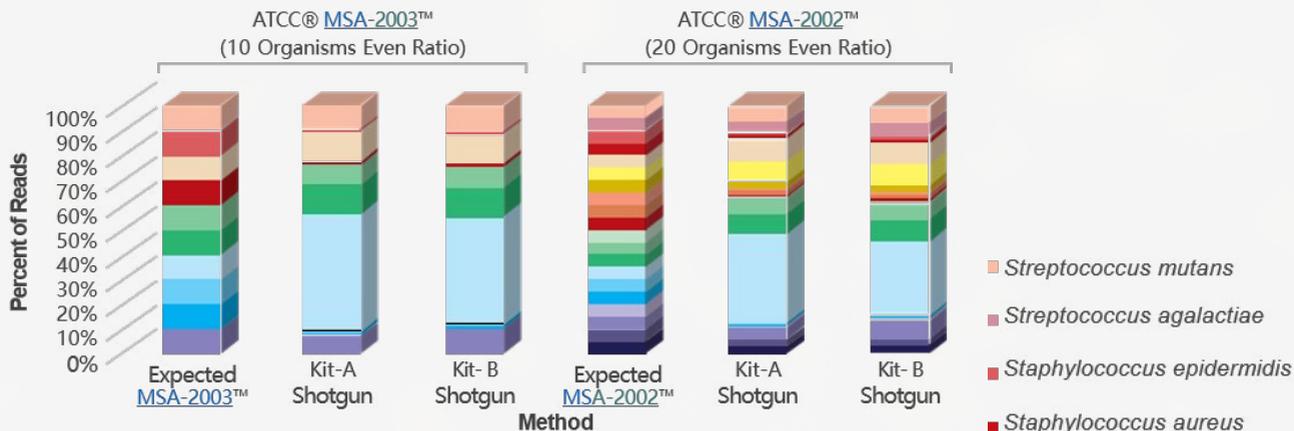


图 1: 全菌株模拟微生物群落可用于比较不同的 DNA 提取试剂盒。

在这里，我们展示了一个概念验证研究。使用两种商品化提取试剂盒从全菌株微生物组标准品的两个等分样中提取总 DNA。提取后，在 Illumina® MiSeq® 平台上使用鸟枪基因组测序分析基因组 DNA，并使用 One Codex 中的 ATCC 生物信息学工具分析结果数据。

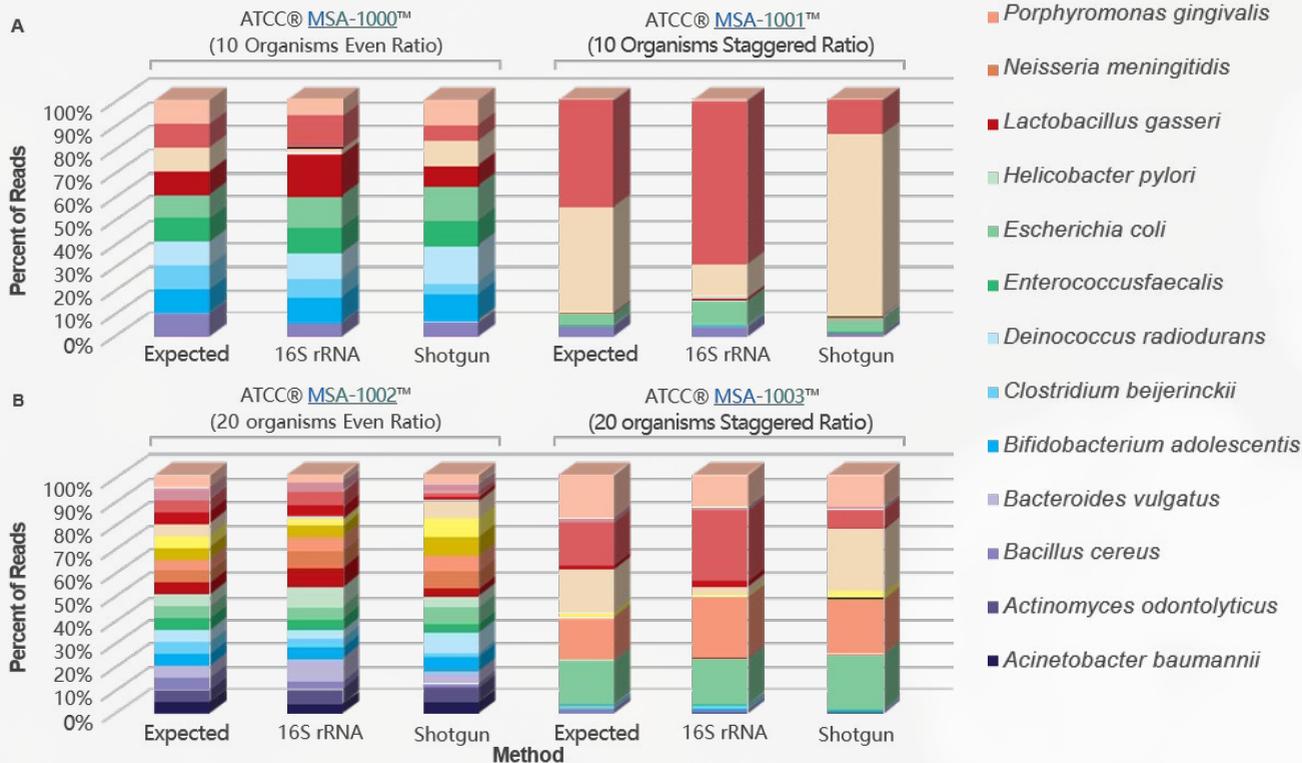


图 2: 基因组 DNA 模拟微生物群落标准品可用于比较 16S rRNA 和鸟枪宏基因组学分析。

(A, B) 使用 Illumina® MiSeq® 平台测试定量基因组 DNA 模拟微生物群落的性能和总体准确性，并使用 One Codex 中的 ATCC 生物信息学工具分析所得数据。

根据不同人体部位区分的标准品

虽然我们对于人类微生物群落的已经有了丰富认知，但其中大部分仍然是一个谜。ATCC 致力于通过创建口腔、皮肤、肠道和阴道等特定位置所需的前沿研究的微生物群标准品来支持这一不可思议的研究领域。有了这些标准品，我们可以：

- 模拟正常和非典型菌群的微生物菌群
- 经过 ATCC 认证和全基因组测序的基因组 DNA 或菌株组合
- 厌氧和好氧菌株
- 革兰氏阳性和阴性细菌的组合

这些微生物标准品非常适用于作为对照去研究混合菌群的物种组合和微生物失调对人健康的研究。

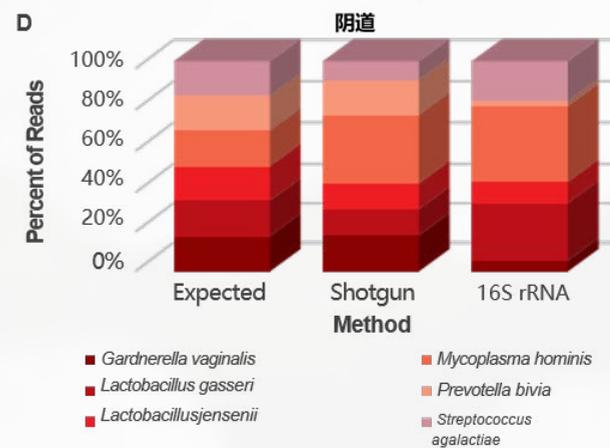
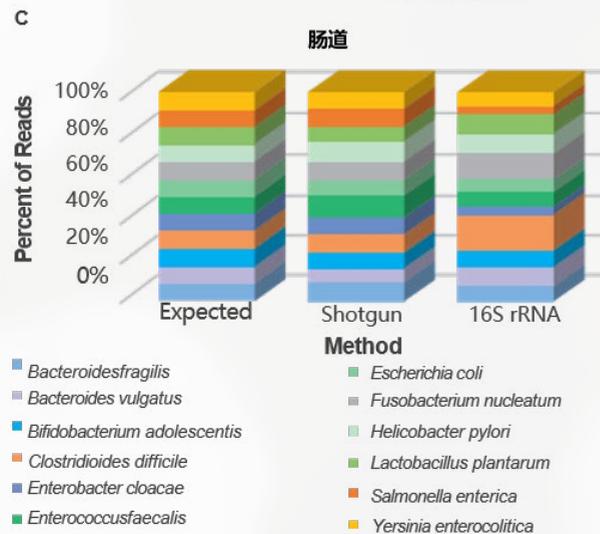
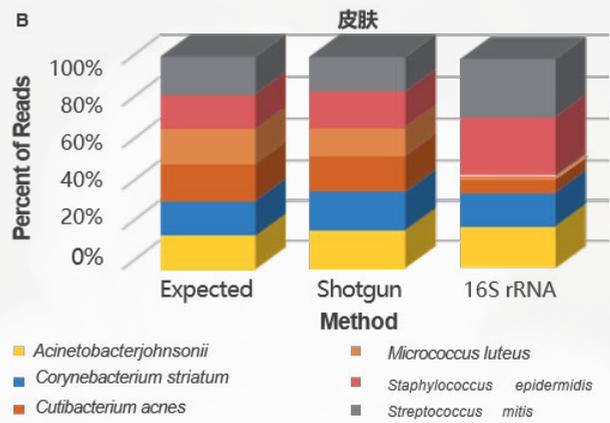
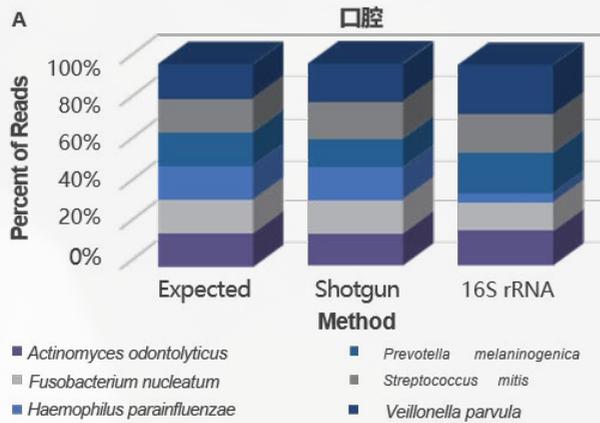
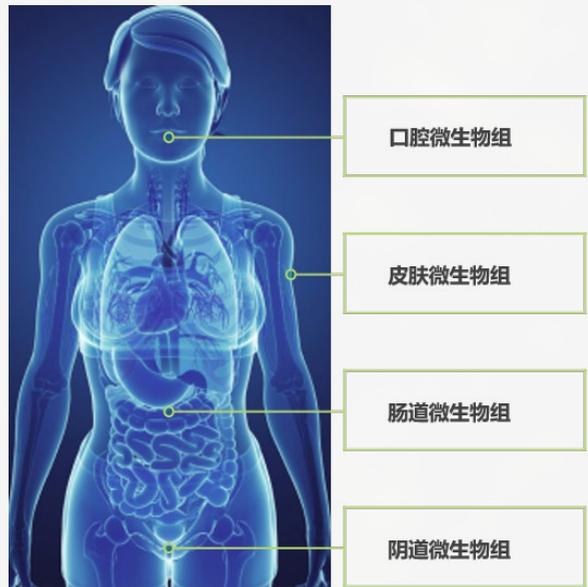


图 3: 通过 16S rRNA 和鸟枪宏基因组测序方法分析基因组 DNA 模拟微生物群落。基因组 DNA 混合标准品有 (A) 口腔菌群基因组 DNA 混合物 (ATCC® MSA-1004™), (B) 皮肤菌群基因组 DNA 混合物 (ATCC® MSA-1005™), (C) 肠道菌群基因组 DNA 混合物 (ATCC® MSA-1006™), and (D) 阴道菌群基因组 DNA 混合物 (ATCC® MSA-1007™) 以上数据均在 One Codex 生信分析平台进行数据分析。



标准品在特定方面的应用

病原学检测

ATCC 与 LGC 合作开发了一个用于临床相关病原体检测的模拟微生物群落。LGC (Laboratory of the Government Chemist, 英国政府化学家实验室) 是分析、法医和诊断科学服务及标准物质方面的市场领导者, 集实验室服务、测量标准、标准物质、及实验室能力验证于一体, 是一个不断进步和创新的企业。使用 ATCC 宏基因组控制材料用于病原体检测 (ATCC®MSA-4000™), 您可以:



- 基因组 DNA 由经完全测序的 ATCC® 正品培养物制备而成
- 临床感染中观察到的菌种组合, 包括抗菌素耐药微生物
- 使用 Droplet Digital™ PCR 对基因组 DNA 进行绝对定量并按基因组拷贝数分配, 以提高分析精度

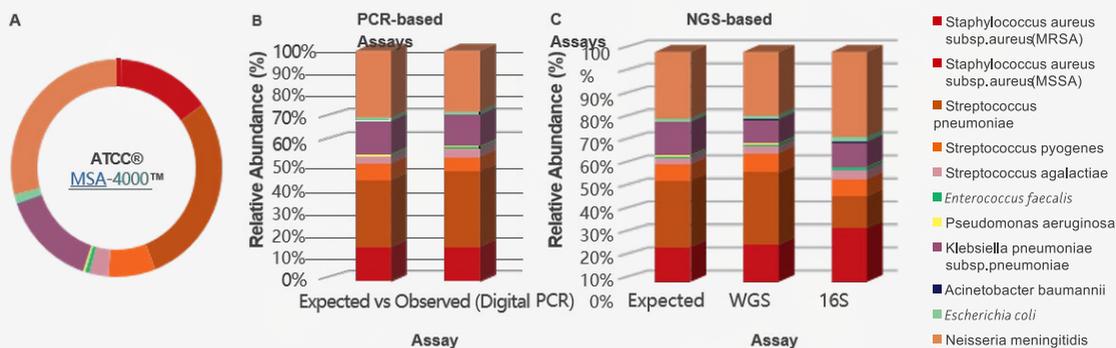


图 4: ATCC 病原体检测宏基因组质控材料 (ATCC® MSA-4000™) 可以用来比较各种分子诊断方法。在此, 我们使用 (A) 质控材料来评估 (B) 数字 PCR 并且比较 (C) 16S rRNA 和鸟枪宏基因组学分析方法。* 金黄色葡萄球菌的相对丰度百分比包括 MRSA 和 MSSA。

环境测试

ABRF-MGRG 宏基因组标准品是 ATCC 与生物分子资源设施协会宏基因组学研究组 (ABRF-MGRG) 作为极端微生物组项目 (XMP) 的一部分合作开发的。通过使用 ABRF-MGRG 宏基因组学参考标准品 (ATCC® MSA-3000™, MSA-3001™, MSA-3002™), 您可以:



- 基因组 DNA 由经完全测序的且代表极端环境的 ATCC 培养物菌株制备而成
- 模拟的微生物组是无人源 DNA 和 RNA 的群落, 且通过测序测试以确保纯度
- 使用 One Codex, 领先的微生物基因组学生物信息学平台

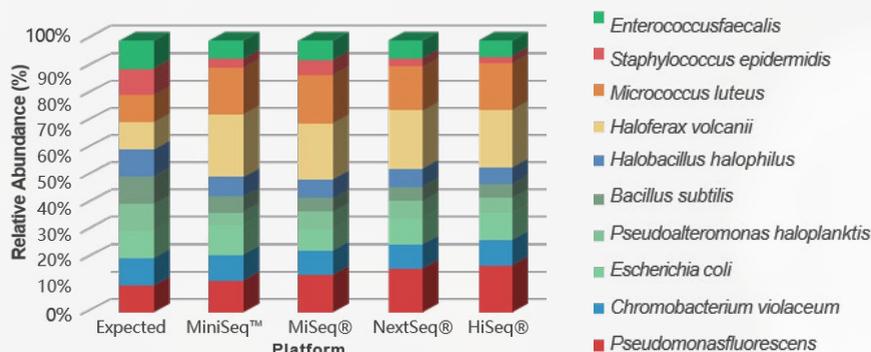


图 5: ABRF-MGRG 宏基因组参考标准品可用于不同测序平台的比较。作为概念验证, 使用 ATCC® MSA-3001™ 作为对照材料来比较 Illumina® MiniSeq™, MiSeq®, NextSeq®, 和 HiSeq® 平台的性能。以 ATCC 生物信息学工具作为对照材料对数据进行分析。ABRF-MGRG 宏基因组学参考标准品也可用于评估实验重现性 (图中未列出)。

微生物组标准品是平台的校正物

虽然二代测序技术的广泛应用显著增强了微生物组和宏基因组的分析可行性，但在微生物组研究中的许多常见测序方法仍面临着重大挑战。ATCC 微生物组标准品可以通过优化测序平台上执行的 16S rRNA 测序和鸟枪法宏基因组学测序分析来帮助解释这些偏差。

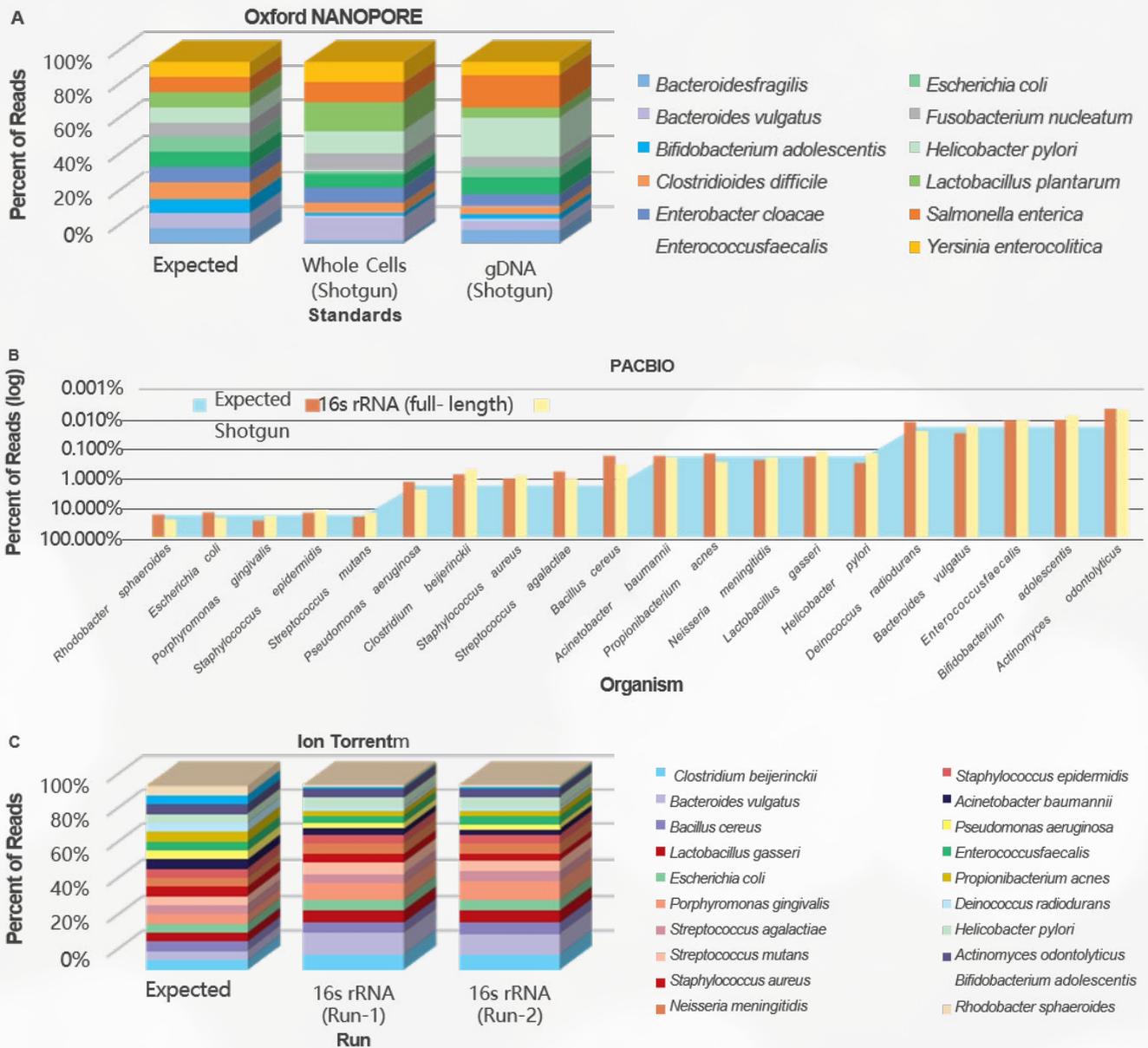


图 6: 用 ATCC 微生物组标准品评估不同的测序平台。(A) 在 Nanopore MinION 上通过鸟枪法对微生物组标准品 (ATCC® MSA-1006™ and MSA-2006™) 进行测序分析。结果表明, 在足够的基因组覆盖深度 (读长 N50 > 5 kb 和 平均覆盖深度 = 5 x) 情况下, 测序时长 1 小时可以完全识别混样中的微生物物种。(B) 在 PacBio Sequel 平台使用微生物标准品 (ATCC® MSA-1003™, 20 种菌株不等量混合) 对 16S rRNA (全长扩增子) 和鸟枪法从测序数据进行对比。结果两者结果 100% 一致, 因此使用长读长测序平台进行全长扩增子 16S 测序可以减少测序过程中引物问题, 提高微生物物种鉴定准确度。(C) Ion Torrent Ion PGM 测序平台上分析微生物标准品 (ATCC® MSA-1002™, 20 种菌株等量混合) 16S rRNA (V1V2) 的两个区域。结果显示, 混合物中微生物均被检测到 (100% 真阳性)。



探索人类真菌群落

大多数对人类微生物组的初步研究主要集中在细菌群落上。鉴于真菌无处不在，并与人体共生共存，研究人员现在正在积极研究真菌群落在人类健康和疾病中的作用。最近测序技术的进步使真菌的群落分析成为可能；然而，宏基因组测序分析的复杂性突出了对参考材料的要求。为了解决这个问题，ATCC 开发了基因组和全菌株两类真菌群落标准品，包括 10 种不同的临床相关真菌。

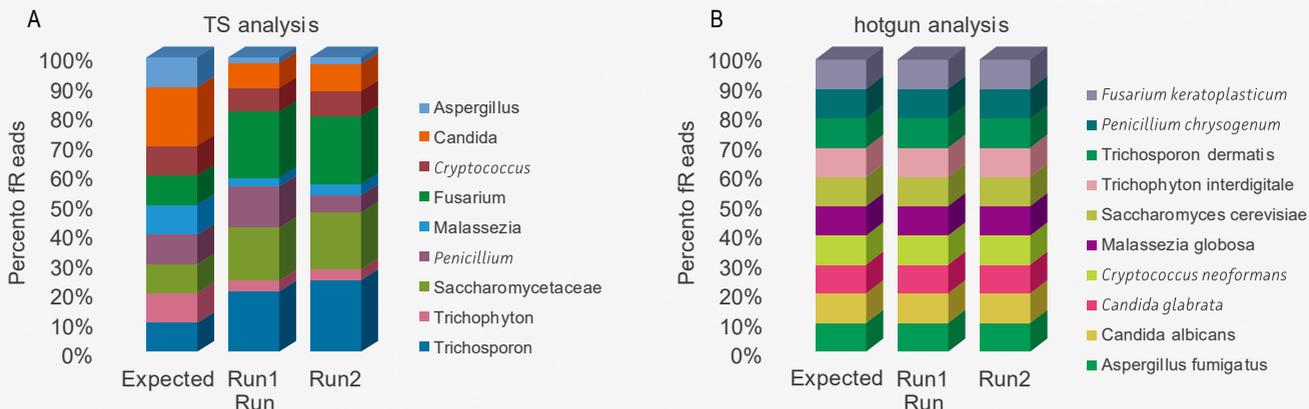


图 7: 真菌组标准品可用于转录间隔区 (ITS) 和鸟枪法宏基因组学测序研究。使用 Illumina 平台对真菌组 DNA 标准品 (ATCC® MSA-1010™) 进行 (A) ITS 和 (B) 鸟枪法宏基因组分析，并使用 OneCodex 进行数据分析。ITS 可以在属水平上对混合样中的真菌进行分析，而鸟枪宏基因组则可以在种水平上鉴别真菌。结果同时验证了两种测序方法测序数据的再现性。

探索人类病毒组

疾病和人体内环境稳态期间，病毒群在调节宿主反应中起着关键作用。通过更好地了解这个独特的群落，研究人员可以确定影响传染性的因素，并发现这些生物体如何影响人类健康。为了支持这一蓬勃发展的研究领域，ATCC 创建了代表遗传多样性和临床相关病毒的模拟微生物群落。这些标准品是检测开发或作为分子诊断的日常运行控制的理想工具。

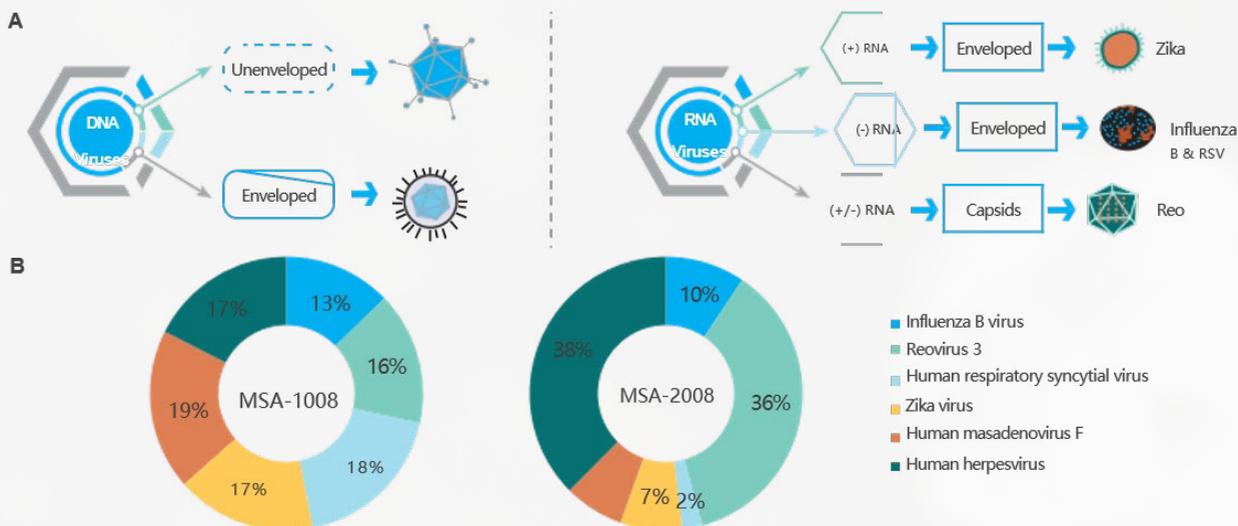


图 8: 病毒组标准品 DNA 组成和毒株组成 (A) ATCC 病毒标准品有基因组核酸和毒株两种形式，两者来源毒株经过完全测序，特征鉴定，根据基因组大小、DNA 病毒还是 RNA 病毒，是否有包膜和其他特征选取毒株。(B) 病毒组标准品中每种病毒基因拷贝数均经过数字 PCR 测定。ATCC® MSA-2008™ 中毒株含量变化可以归因于萃取效率。

通过加入 SPIKE - IN 对照优化和验证实验

评估方法的准确性和可重复性，并确保整个微生物组研究的标准是至关重要的。为了满足这些需求，ATCC 开发了两种微生物组 spike-in 标准品，包括三种基因工程细菌菌株（大肠杆菌、产气荚膜梭菌和金黄色葡萄球菌）的基因组 DNA 或全菌株的均匀混合物，其中含有独特的合成 DNA 标签，可以通过 16S rRNA 谱分析和鸟枪宏基因组测序测定来检测。这些微生物组标准品为评价微生物组 NGS 数据分析的准确性和再现性提供了一种有价值的方法。另外，全菌株标准品可以作为样品储存在到数据分析全流程运行对照。

标准品应用包括以下：

- 评价 DNA 提取方法的效率
- 比较和验证 NGS 测序平台
- 优化 16SrRNA 引物设计和鸟枪法文库制备
- 评估序列覆盖度和测序深度
- 标准化 16S 测序和宏基因组鸟枪法数据

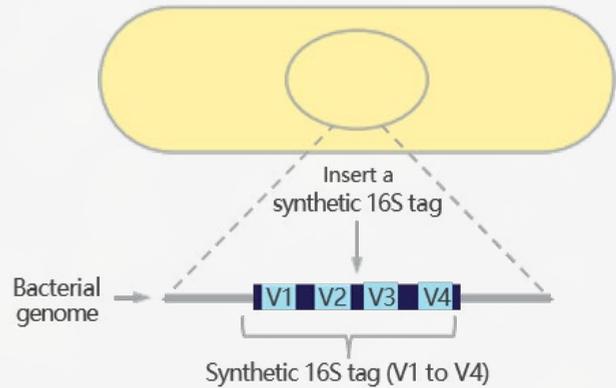
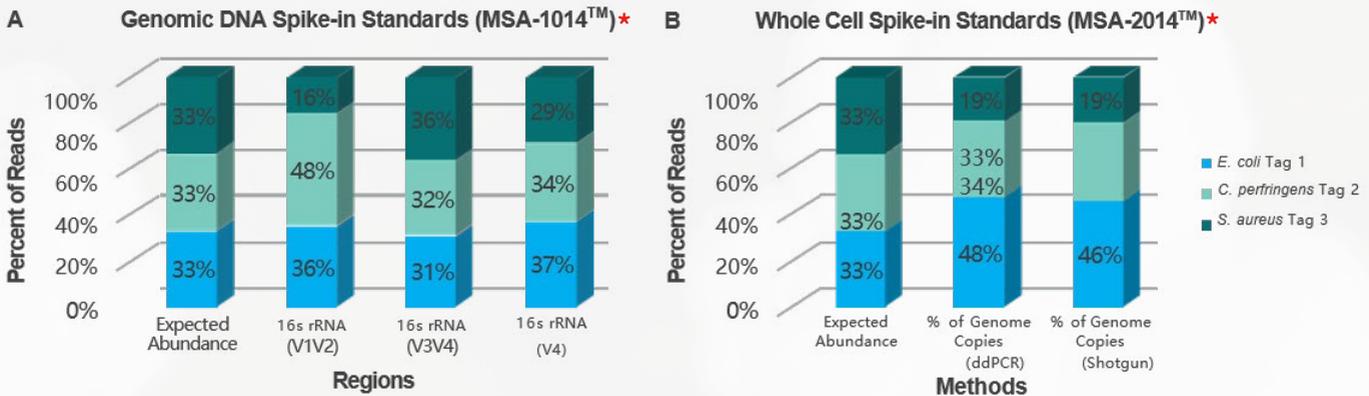


图 9: 合成标签的设计和产生标签菌株。每个标签由 16S rRNA 基因上的 V1-V4 中四个合成可变区组成。每个可变区两侧有用于 PCR 扩增的保守区。每个标签序列被整合到其同源菌株的基因组中，形成 3 个重组菌株。



* 受美国出口管理条例 (EAR) 约束，此产品无法出口中国

图 10: 在 Spike-in 标准品中检测和测量三个独特的合成标签。(A) 单个标签的序列回收率表明，合成标签可以通过使用三组针对 16S rRNA 基因可变区域的商业引物进行识别和量化。(B) 微生物全菌株标准品中单个序列标签的基因组拷贝百分比 (ddPCR) 和序列数百分比 (shotgun)。

数据分析解决方案

ATCC 与 One Codex 合作，将物理实验室标准的力量与领先的微生物基因组学和宏基因组学生物信息学平台相结合，将微生物组研究提升到一个全新的水平。更多详情，请登录 www.atcc.org/bioinformatics。

1. 拖放 Fastq 文件或通过云导出
2. 通过 One Codex 数据库 (全基因组) 或靶向位点数据库 (16S rRNA) 准确识别参考生物
3. 通过使用基因组大小或 16S rRNA 拷贝数将读数转换为相对丰度





满足您需求的产品组合

95 多年来，ATCC 一直是微生物研究的核心，为可靠的数据提供了稳定的质控。无论是测试新微生物组试验的敏感性或特异性，执行二代测序实验，或为临床样本开发耐药基因引物，ATCC 都有您需要的产品，来确保您研究的准确性和可重复性，产品类型包括以下：

- 单个与致病相关的菌株型
- 抗菌素耐药菌株
- 环境来源菌株
- 核酸标准品
- 在 ATCC 基因组门户网站上的 ATCC 全基因组测序

访问我们的网站了解更多的二代测序和宏基因组分析相关知识

更多 ATCC 微生物组研究解决方案，请访问以下地址

WWW.ATCC.ORG/MICROBIOME

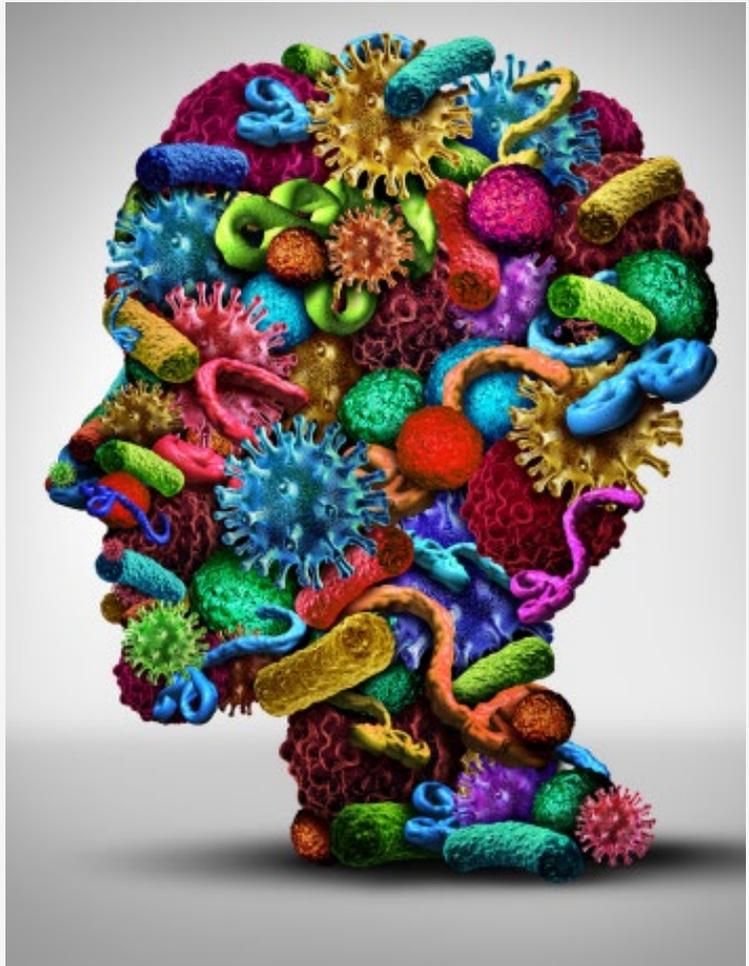



Table 1: ATCC® 微生物组学标准品

| Collaboration | Preparation | ATCC® No. | Number of organisms | Composition | Complexity | Importance |
|---|---------------------|-----------------------------|---------------------|-------------|------------|---|
| Mock Microbial Communities | Genomic DNA | MSA-1000™ | 10 | Even | Medium | Mock microbial communities comprising diverse strains selected on the basis of diversity, genome size, GC content, Gram stain, and other special features |
| | | MSA-1001™ | 10 | Staggered | Medium | |
| | | MSA-1002™ | 20 | Even | High | |
| | | MSA-1003™ | 20 | Staggered | High | |
| | Whole Cells | MSA-2003™ | 10 | Even | Medium | |
| | | MSA-2002™ | 20 | Even | High | |
| Mock Viral Communities | Genomic DNA/ RNA | MSA-1008™ | 6 | Even | Medium | Mock viral communities comprising diverse strains selected on the basis of genomic size, DNA/RNA genome, envelope/non-envelope, and other special features - New! |
| | Whole Virus | MSA-2008™ | 6 | Even | Medium | |
| Mock Fungal Communities | Genomic DNA | MSA-1010™ | 10 | Even | Medium | Mock fungal communities comprising diverse strains selected on the basis of genome size, ITS variability, and other special features - New! |
| | Whole Cells | MSA-2010™ | 10 | Even | Medium | |
| Metagenomic Control Material for Pathogen Detection | Genomic DNA | MSA-4000™ | 11 | Staggered | Medium | Metagenomic control material (MCM) encompassing pathogenic bacterial species commonly observed in clinical infections |
| ABRF-MGRG Metagenomics Reference Standard | Genomic DNA | MSA-3000™ | 6 | Even | Low | Genomic DNA microbiome standards comprising strains observed in soil, freshwater, seawater, feces, and high salinity ecosystems |
| | | MSA-3001™ | 10 | Even | Medium | |
| | | MSA-3002™ | 10 | Staggered | Medium | |
| Site-Specific Microbiome Standards | Genomic DNA | MSA-1004™ | 6 | Even | Medium | Oral mock community DNA standard |
| | | MSA-1005™ | 6 | Even | Medium | Skin mock community DNA standard |
| | | MSA-1006™ | 12 | Even | Medium | Gut mock community DNA standard |
| | | MSA-1007™ | 6 | Even | Medium | Vaginal mock community DNA standard |
| | Whole Cells | MSA-2004™ | 6 | Even | Medium | Oral mock community whole cell standard |
| | | MSA-2005™ | 6 | Even | Medium | Skin mock community whole cell standard |
| | | MSA-2006™ | 12 | Even | Medium | Gut mock community whole cell standard |
| | | MSA-2007™ | 6 | Even | Medium | Vaginal mock community whole cell standard |
| Microbiome Spike-in Controls | Genomic DNA | ★ MSA-1014™ | 3 | Even | Medium | Spike-in controls for optimizing assay development and metagenomics-based profiling - New! |
| | Whole Cells | ★ MSA-2014™ | 3 | Even | Medium | |

★ 受美国出口管理条例 (EAR) 约束, 此产品无法出口中国

公司地址：北京市朝阳区亮马桥路 32 号高澜大厦 16 层

电话：400-810-0881、010-8441 5678

传真：86-10-8441 5679

网址：www.sinozhongyuan.com

视频号：中源合聚生物

抖音号：sinozhongyuan

B 站：中源生物



中源生物微信公众号



中源生物视频号



中源生物抖音号



中源生物B站

©2023 American Type Culture Collection. The ATCC trademark and trade name, and any other trademarks listed in this publication are trademarks owned by the American Type Culture Collection unless indicated otherwise. Illumina, MiniSeq, MiSeq, NextSeq, and HiSeq are trademarks or registered trademarks of Illumina. Ion Torrent is a trademark of Thermo Fisher Scientific. MinION is a trademark of Oxford Nanopore Technologies. PacBio is a trademark of Pacific Biosciences.

These products are for laboratory use only. Not for human or diagnostic use. ATCC products may not be resold, modified for resale, used to provide commercial services or to manufacture commercial products without prior ATCC written approval.