

# 广州齐凯基因科技有限公司

---



# 目录

01

公司简介

02

明星产品

03

定制化服务

04

公司总结



01

# 公司简介

---

# 公司介绍

★ 广州齐凯基因科技有限公司是一家集研发、生产和营销为一体的高科技企业。公司坐落广州市黄埔区国际企业孵化器，专注于高通量测序相关产品的研发、生产及营销，致力于实现高通量测序相关产品的国产化，为第三方医检所、医院和科研单位等提供文库构建试剂盒、杂交捕获配套试剂盒和靶向测序探针等产品。目前，杂交捕获试剂市场绝大部分被国外品牌占据，在数名海归博士和资深专家通过不懈努力，齐凯基因已成功研发出与国外品牌质量平齐的杂交捕获试剂盒。

# 1

## 公司目标

成为二代测序完整  
解决方案领导者

# 2

## 公司理念

做用户放心的产品，  
做国产的质量引领者

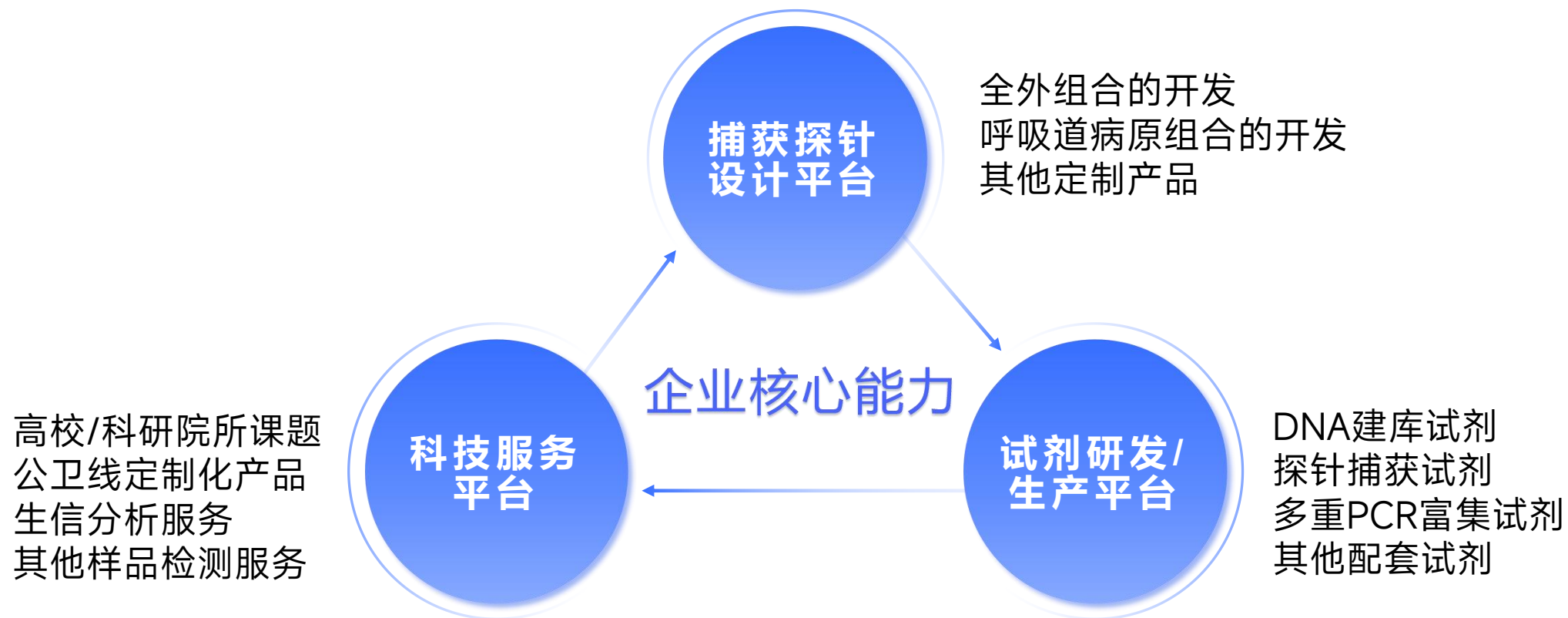
# 3

## 我们承诺

质量不亚于金标准  
是我们的标准

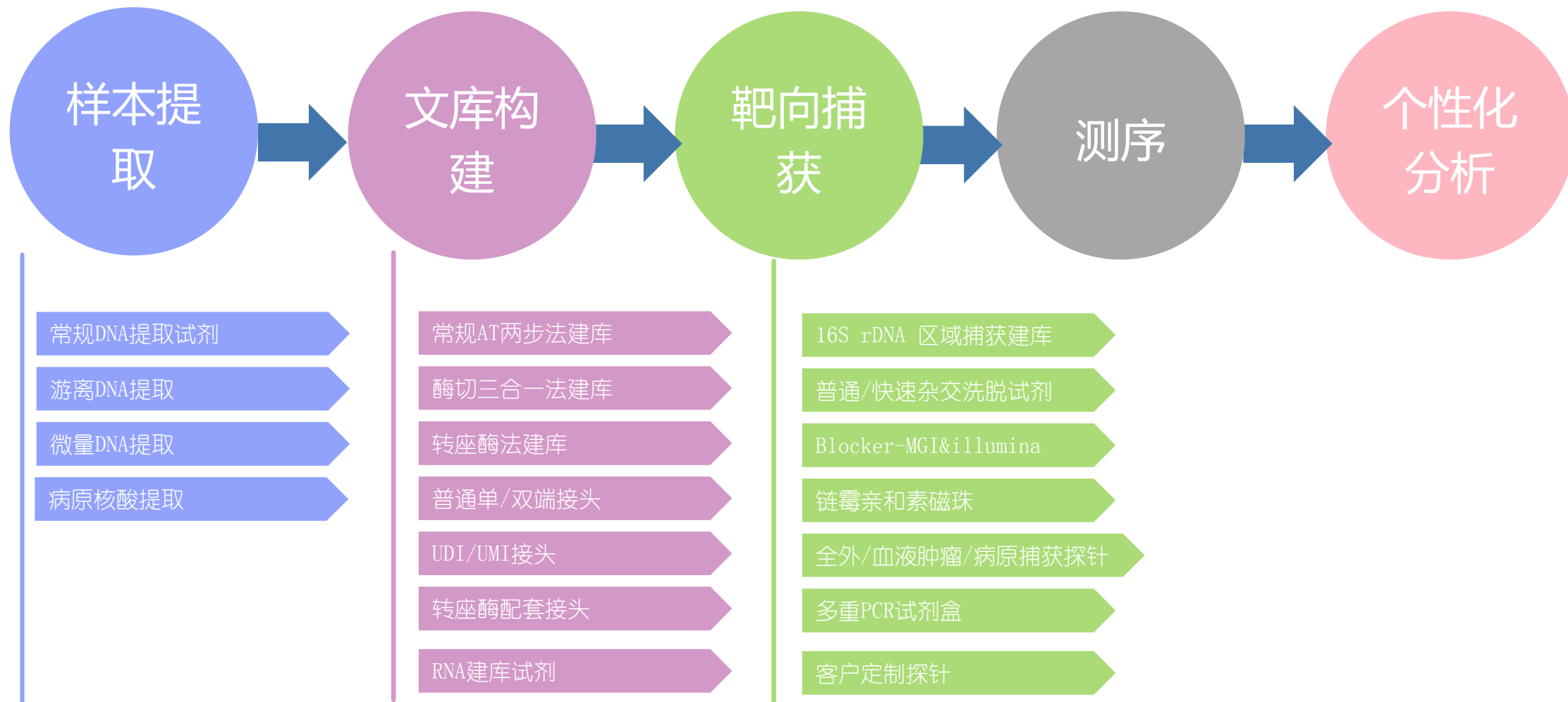


# 齐凯公司三大技术平台





# 丰富的公司产品线-二代测序完整解决方案





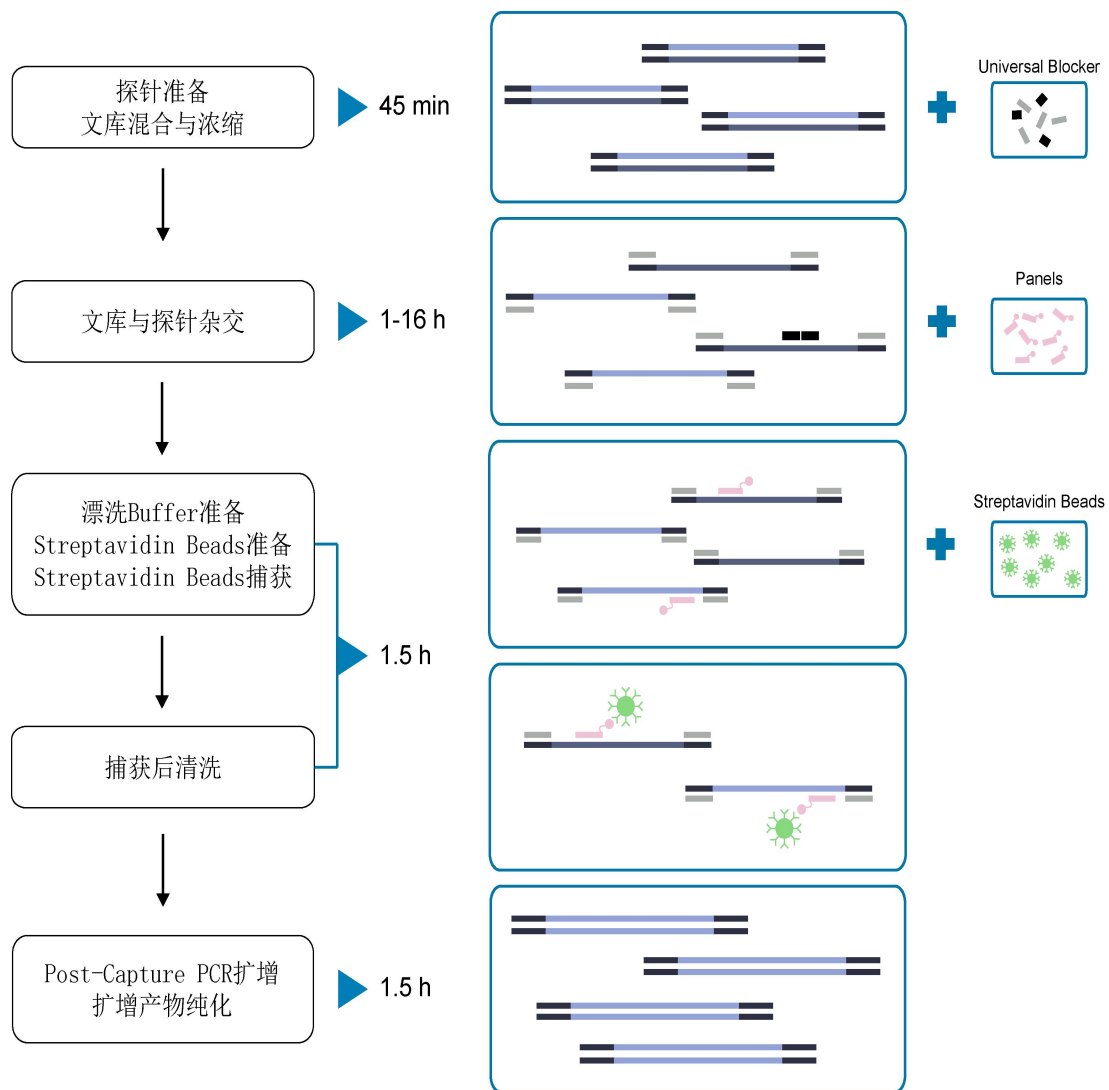
**02**

# 明星产品

---



# DNA杂交捕获配套试剂

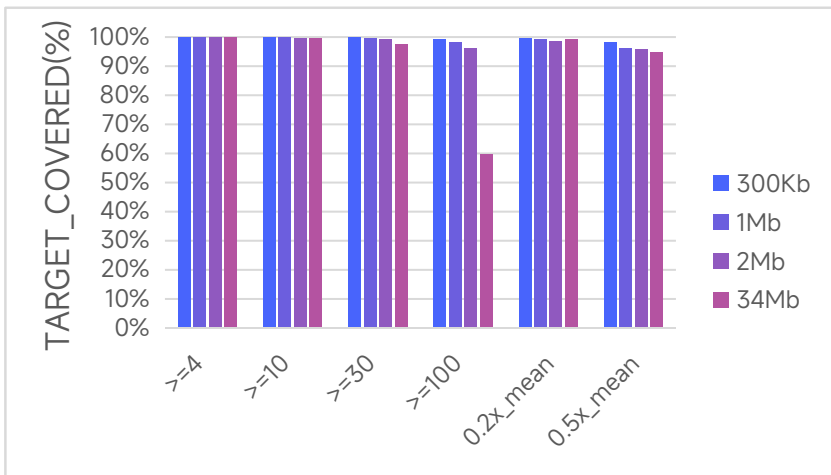


## 产品特点:

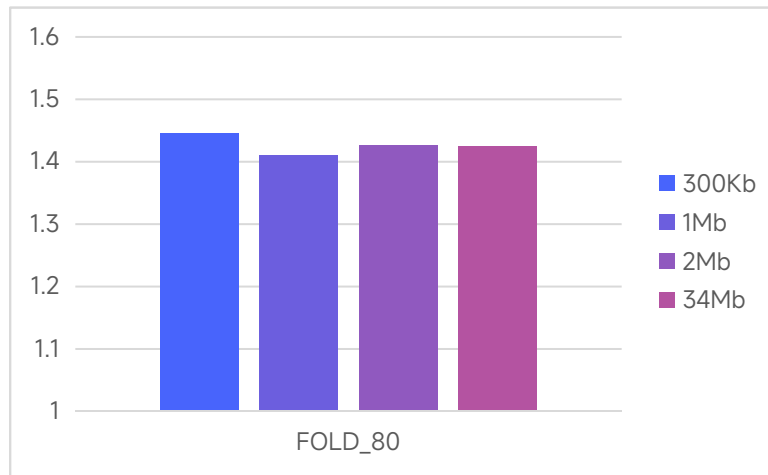
1. 普通杂交/快速杂交, 最短杂交时间可低至1小时!
2. 覆盖均一性高, uniformity (0.2x\_mean) >98%
3. 80倍碱基罚分低, 数据利用率高节省成本
4. 优异的捕获效率, 低重复率
5. 不同杂交重数数据表现优秀, 重复性好

# DNA杂交捕获配套试剂

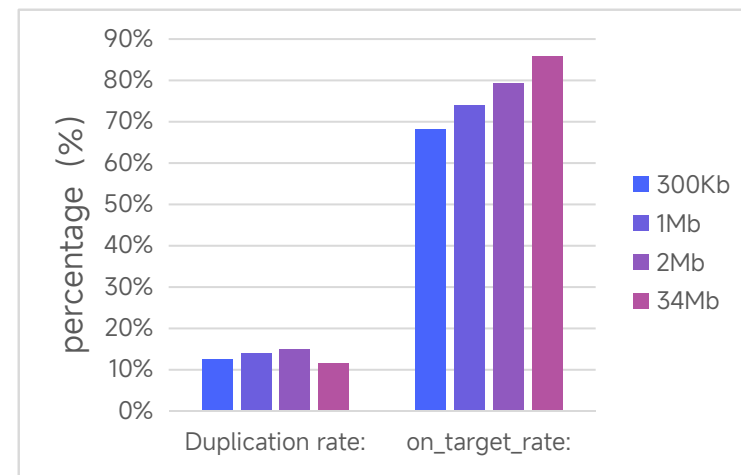
## 覆盖均一性



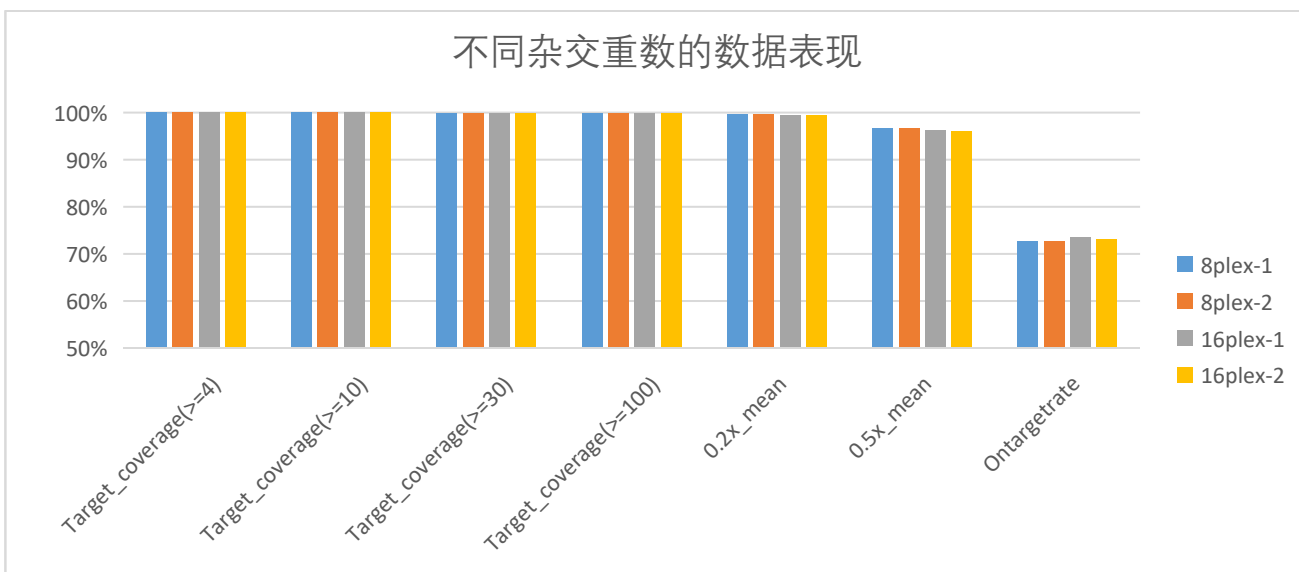
## 80倍碱基罚分



## 重复率与中靶率



## 不同杂交重数的数据表现



# QKGEN<sup>®</sup> Universal Blockers Kit (for MGI)

## 产品概述：

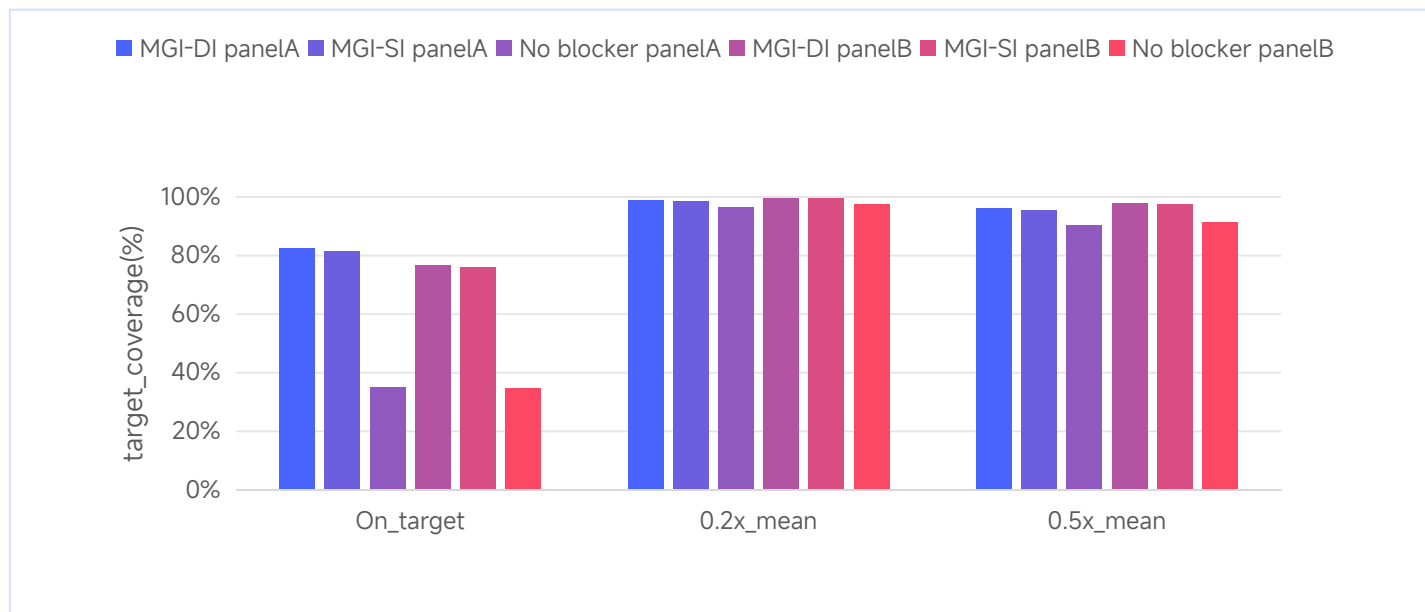
本产品是适用于MGI测序平台靶向捕获用的通用封闭序列，该产品与MGI测序平台的文库接头序列结合，避免接头与接头、探针与接头间的非特异性结合，确保探针与目的片段的特异性结合，从而提高杂交的捕获效率。

## 适用范围：

- **MGI-SI Universal Blockers:** 封闭单端 index 文库，可封闭多种 indexed-adapter 序列（单端、8nt/10nt/12nt、UMI (reads 内侧 UMI)）。
- **MGI-DI Universal Blockers:** 封闭双端 index 文库，可封闭多种 indexed-adapter 序列（双端、10nt、UMI (reads 内侧 UMI)）。

# QKGEN<sup>®</sup> Universal Blockers Kit (for MGI)

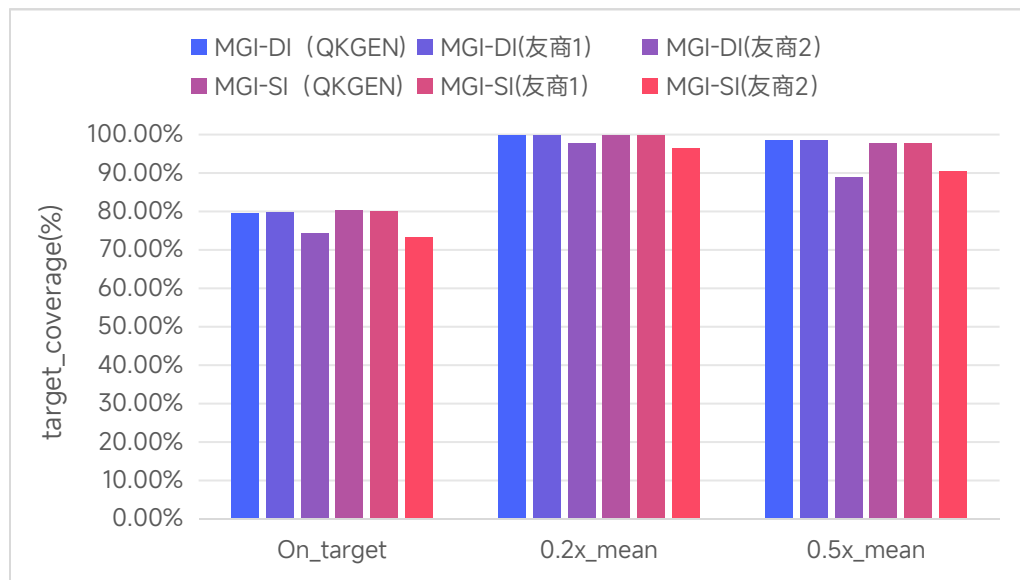
## ★ 1、封闭效率高，可显著提升捕获中靶率



**QKGEN<sup>®</sup> Universal Blockers Kit的捕获表现。** 使用QKGEN<sup>®</sup> 酶切三合一DNA文库构建试剂盒 (for MGI) 分别搭配QKGEN<sup>®</sup> Universal Blockers Kit (for MGI-SI) 和QKGEN<sup>®</sup> Universal Blockers Kit (for MGI-DI) 进行文库构建，并分别取500ng/文库投入量，使用QKGEN<sup>®</sup> DNA普通杂交捕获试剂盒 (for MGI) 搭配MGI-SI Universal Blockers和MGI-DI Universal Blockers进行4plex杂交捕获，panelA为2Mb大小，panelB为300多Kb大小，最后使用DNBSEQ- T7 PE150测序。结果显示，QKGEN<sup>®</sup> Universal Blockers Kit能够明显提高捕获效率。

# QKGEN<sup>®</sup> Universal Blockers Kit (for MGI)

## ★ 2、中靶率与均一性表现优异，媲美进口产品，优于国产同类产品



**QKGEN<sup>®</sup> Universal Blockers Kit与同类产品的对比。**在同等条件下，分别使用QKGEN<sup>®</sup>、友商1和友商2的单、双端blocker进行捕获实验，最后使用DNBSEQ- T7 PE150测序。结果显示，QKGEN<sup>®</sup> Universal Blockers Kit的中靶率和均一性与友商1相差不多，但均优于友商2。

# QKGEN<sup>®</sup> Universal Blockers Kit (for illumina)

## 产品概述:

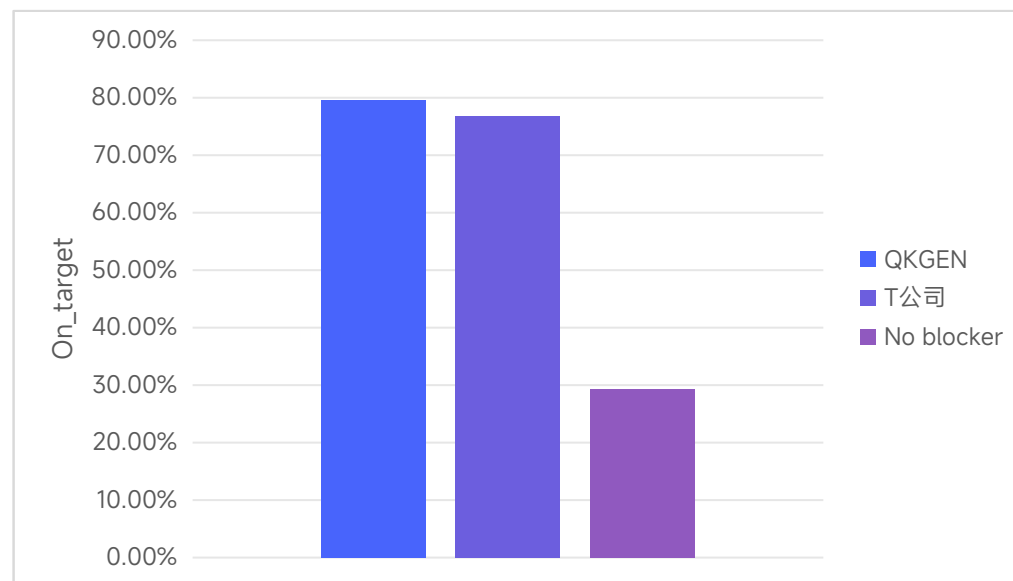
本产品是适用于Illumina测序平台靶向捕获用的通用封闭序列，该产品与illumina测序平台的文库接头序列结合，避免接头与接头、探针与接头间的非特异性结合，确保探针与目的片段的特异性结合，从而提高杂交的捕获效率。

## 适用范围:

□ 适用于Illumina<sup>®</sup> Truseq测序平台，可封闭多种标签接头序列（如单端或双端、6nt/8nt/10nt/12nt、以及UMI（reads 内侧 UMI））。

# QKGEN® Universal Blockers Kit (for illumina)

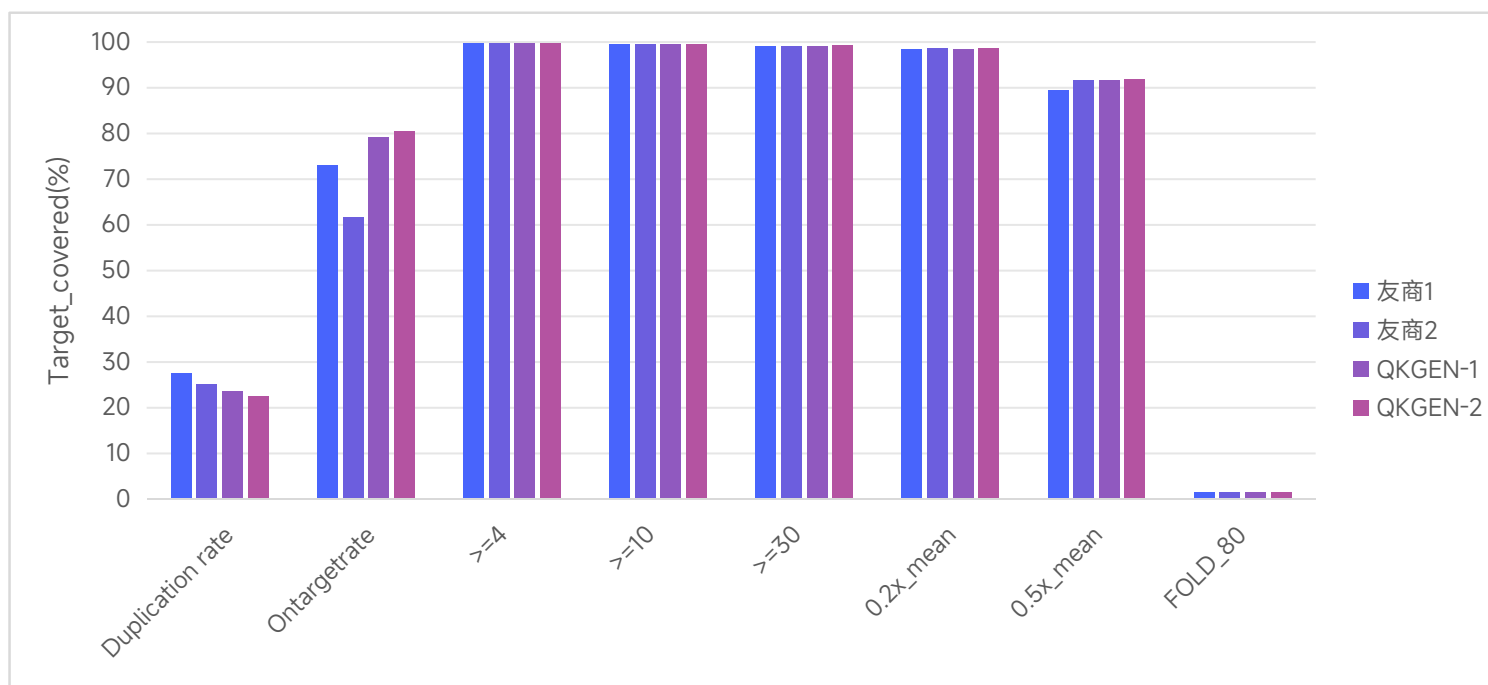
## ★ 1、封闭效率高，可显著提升捕获中靶率



**QKGEN® Universal Blocker在中靶率方面的表现。** 使用T公司的快速杂交和洗脱试剂盒、QKGEN® Universal Blocker及2Mb大小的T公司 customer panel进行200ng/文库投入量的8plex多重杂交捕获，对照组为T公司的Universal Blockers及不添加Blocker的阴性对照，最后使用Illumina NoveSeq™ PE150测序。结果显示，QKGEN® Universal Blocker在中靶率上的表现优于T公司的Universal Blockers。

# QKGEN<sup>®</sup> Universal Blockers Kit (for illumina)

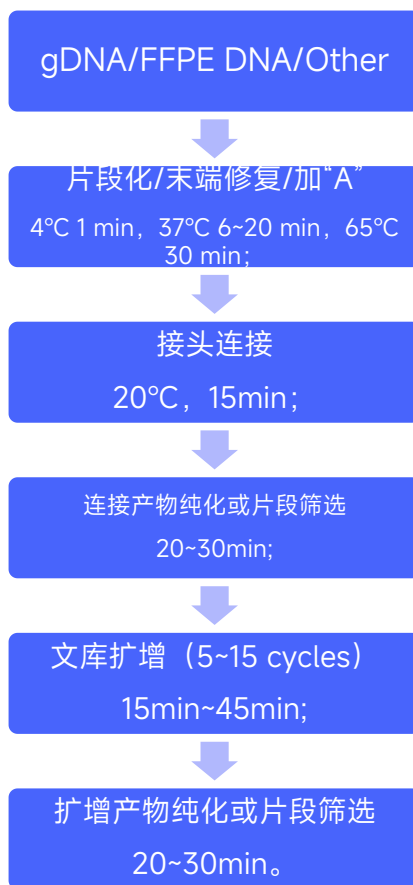
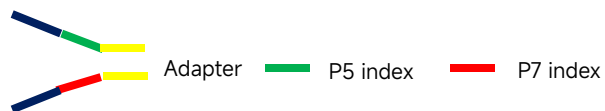
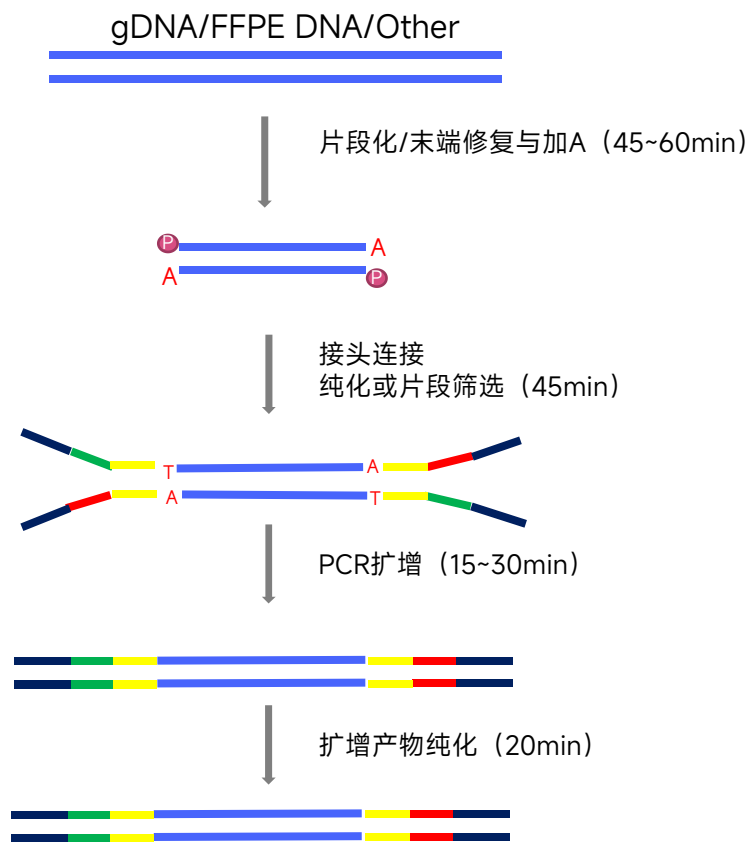
## ✦ 2、均一性表现优异，中靶率优于进口产品



**QKGEN<sup>®</sup> Universal Blockers Kit与同类产品的对比。**在同等条件下，分别使用QKGEN<sup>®</sup>（1和2）、友商1和友商2的blocker进行捕获实验，最后使用Illumina NovaSeq™ PE150测序。结果显示，QKGEN<sup>®</sup> Universal Blockers Kit的中靶率均优于友商1和友商2，均一性与两者相差不大。



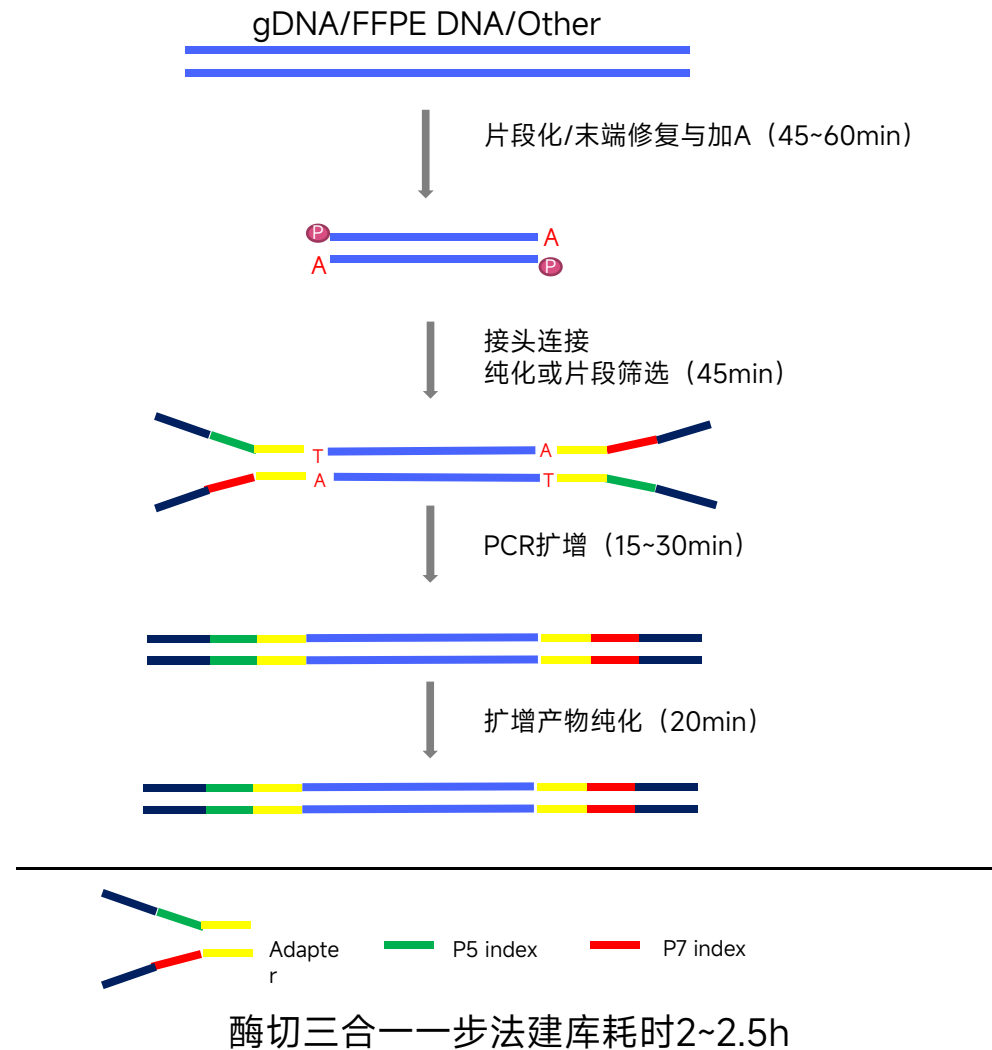
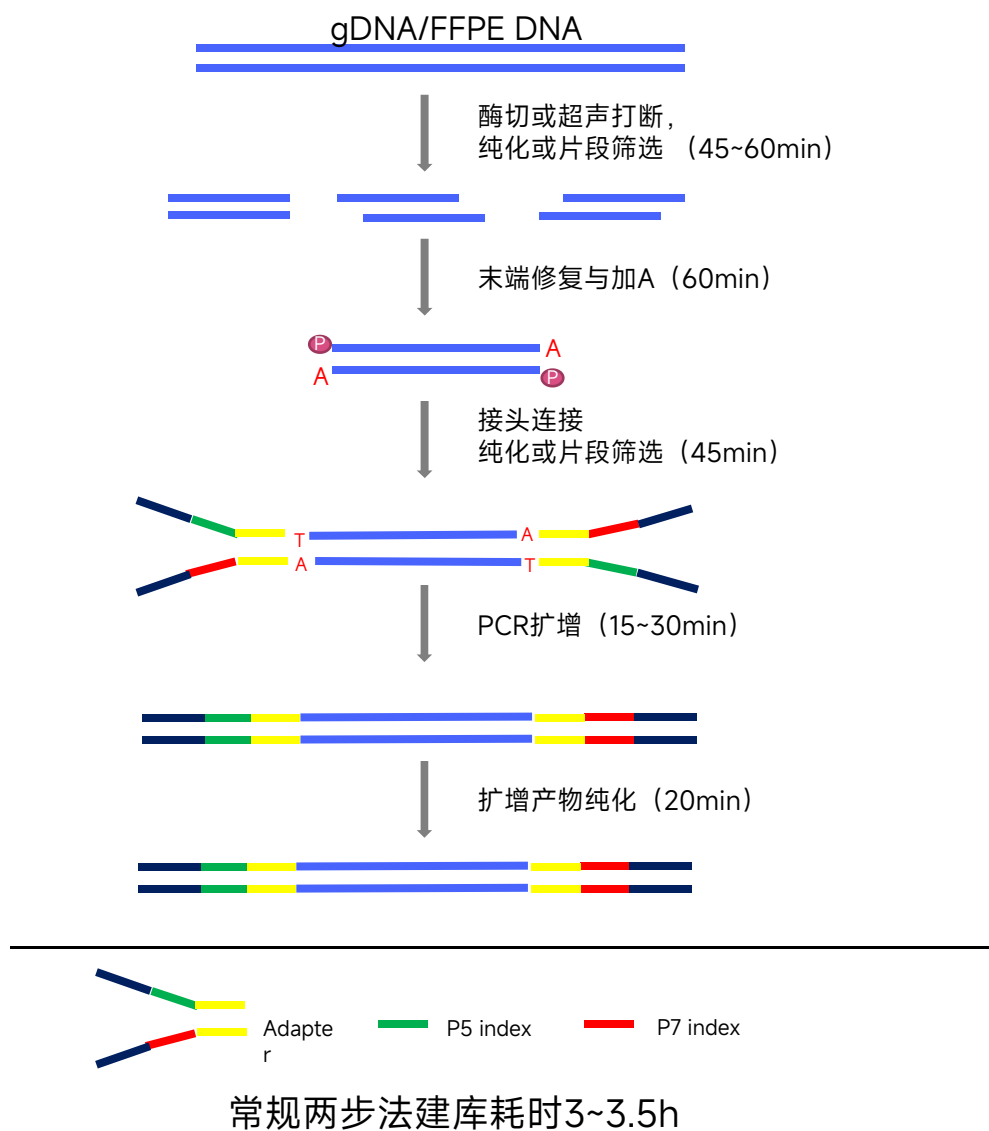
# 酶切三合一DNA建库



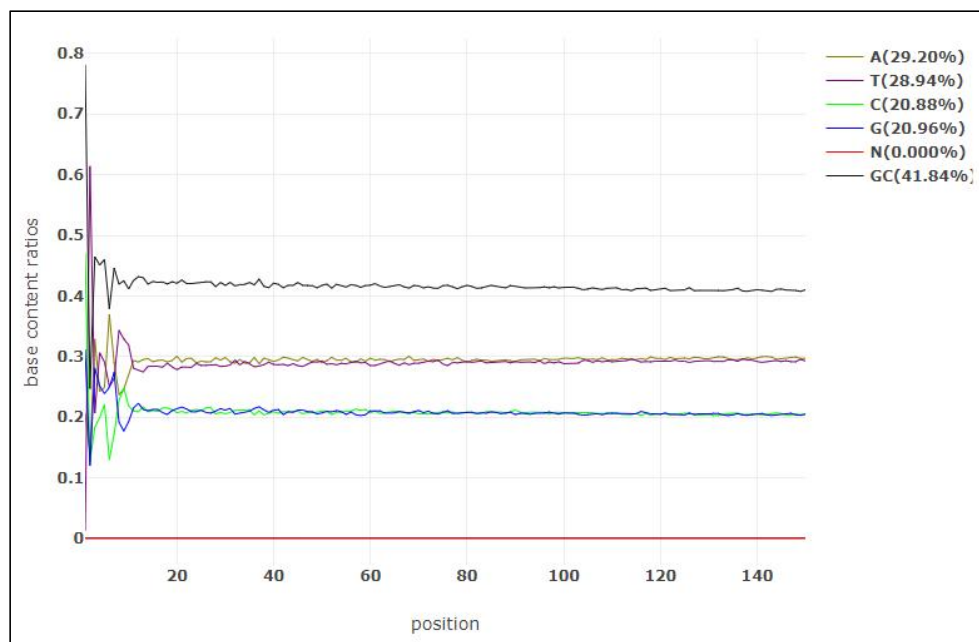
## 产品特点:

1. 与常规两步法相比，流程更简单
2. 建库时间更短，从3-3.5h缩短到2-2.5小时
3. 无需依赖昂贵的机械打断仪器，节省成本
4. 偏好性更低，媲美超声打断
5. 适用性强，轻松应对1ng-1ug、不同物种、不同类型、含或不含EDTA的DNA
6. 更容易匹配自动化工作流程

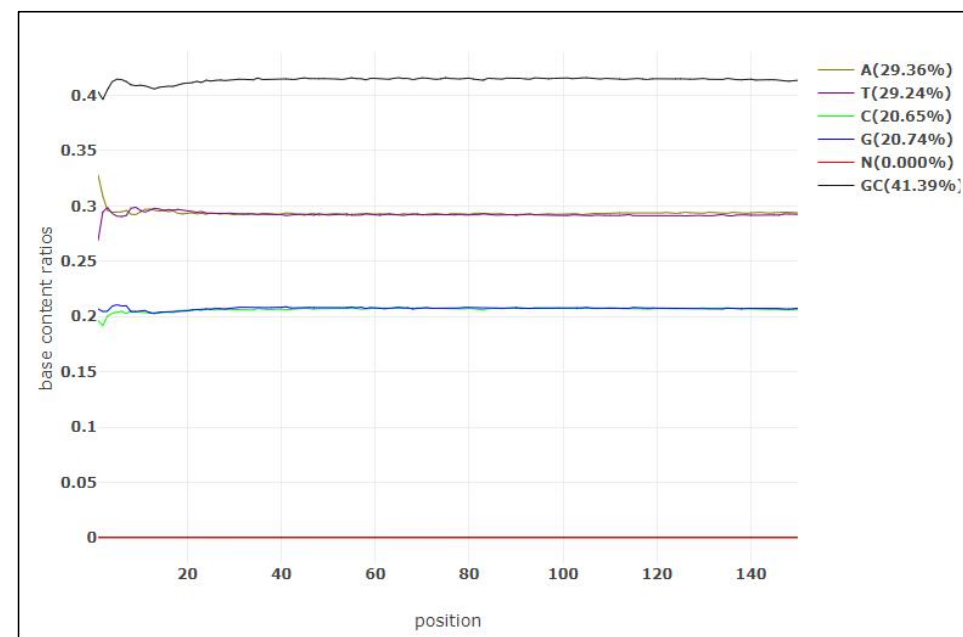
# 酶切三合一DNA建库



# 酶切三合一DNA建库



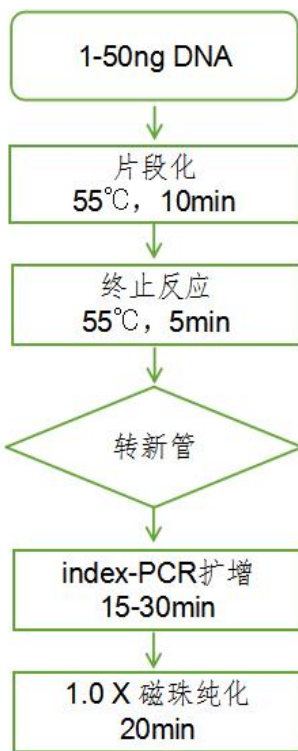
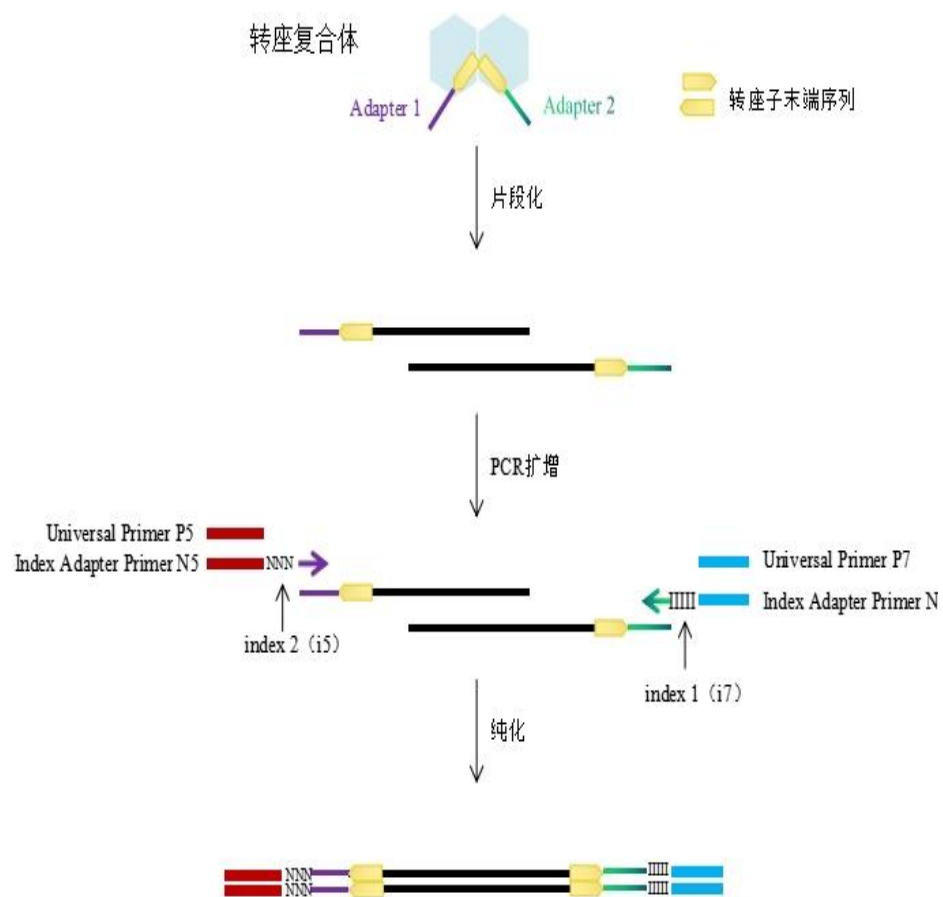
QKGEN® 酶切三合一试剂盒打断DNA



Covaris超声打断仪机械打断DNA

在同等的实验条件，在PE150测序策略下分别采用QKGEN® 酶切三合一试剂盒和超声打断后采用常规两步法构建的文库，不同位置的GC含量趋于平缓，几乎无波动。

# 转座酶法DNA快速建库



## 产品特点：

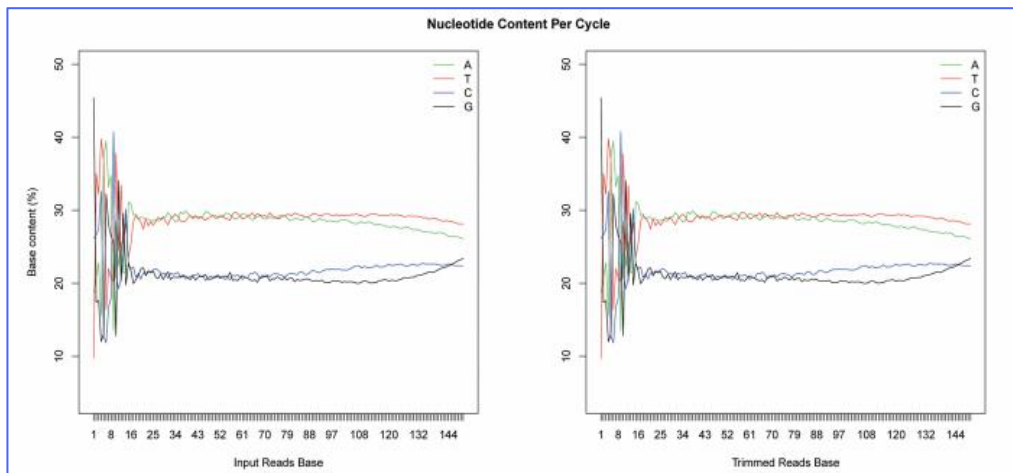
1. 简便。一步完成片段化、末端修复加A与加接头。
2. 快速。接头连接后无需纯化，单个样本文库制备不超过60min。
3. 适用于珍贵样本。最低样本投入量只要1ng。
4. 兼容性强。优化的体系可同时兼容1-50ng的DNA投入量，同一个体系，无需分管分规格操作。
5. 包括illumina平台，MGI平台单端和双端index，可选择包run方式，也可选择与常规建库混合上机，各有优劣。

# 转座酶法DNA快速建库

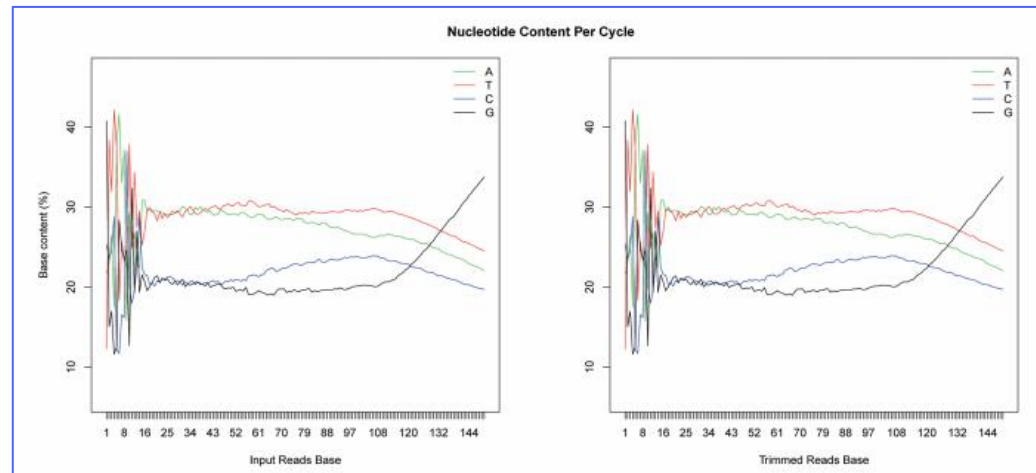
★ 优异的测序数据，Q30高达90%以上，覆盖度高。

	Raw Reads	Raw Base(G)	duplicates (%)	mapped rate (%)	Q20(%)	Q30(%)	GC Content(%)
QKGEN® -1	15,824,679	4.75	15.98	99.89	99.95	92.04	42.97
QKGEN® -2	15,517,115	4.66	16.62	99.88	99.95	92	42.94
N公司-1	19,527,412	5.86	15.73	99.91	99.96	91.42	43.1
N公司-2	21,111,119	6.33	17.67	99.93	99.98	90.85	43.73

★ 酶切偏好性低，应用更广泛。



QKGEN



N公司



# 酶切法RNA建库

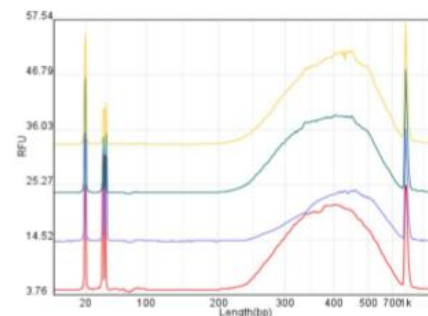


QKGEN® ES RNA-seq Library Prep Kit是一款基于片段化酶酶切打断的RNA建库试剂盒。试剂盒的建库流程包括 RNA 逆转录、双链 cDNA 合成、双链 cDNA 片段化、末端修复和 dA-Tailing、接头连接和 PCR 扩增等步骤。本试剂盒使用片段化酶对双链 cDNA 进行片段化，并且 DNA 片段化、末端修复和 dA Tailing 合并为一步完成，流程简单，整个过程大概需要 3-3.5 小时。

特点：

- 1、兼容0.1~300ng的RNA建库；
- 2、可进行DNA/RNA共建库

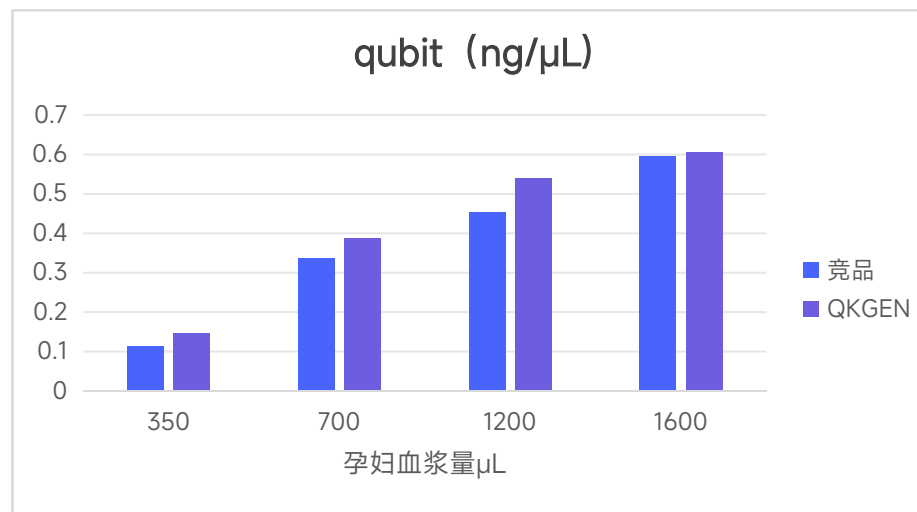
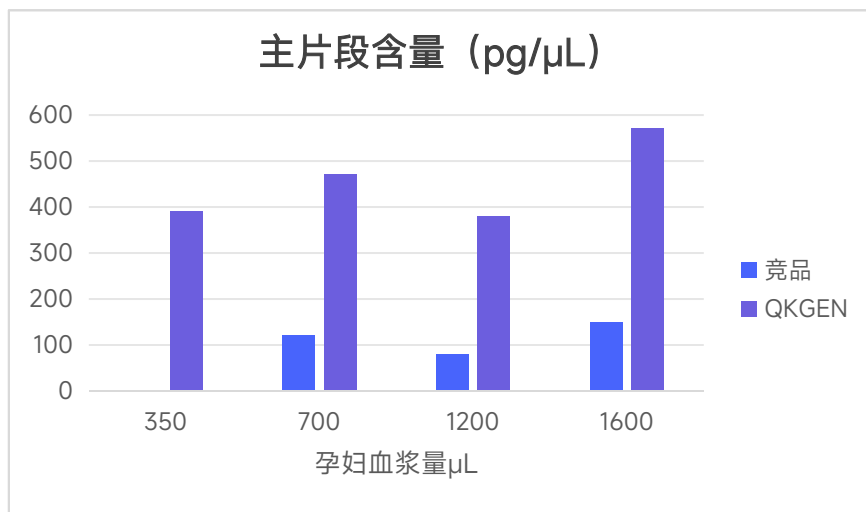
实验编号		样本投入量	循环数 Cycles	文库浓度 ng/ $\mu$ L (22 $\mu$ L H <sub>2</sub> O洗脱)
1	■	1 ng	9	8.46
2	■	10 ng	6	7.96
3	■	50 ng	5	17.3
4	■	100 ng	5	29.2



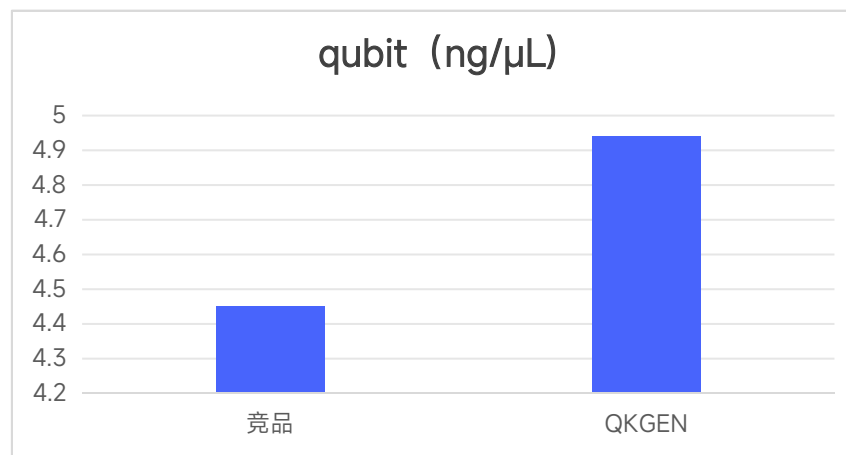
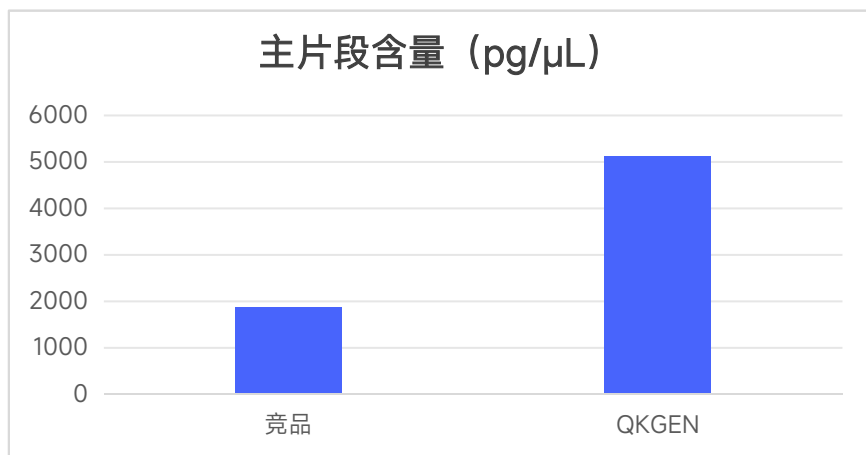
- 不同投入量的RNA样本，文库浓度均在5 ng/ $\mu$ L以上，建库产出均在100 ng以上；
- 针对RNA样本投入1 ng-100 ng，FS酶打断时间为32°C 30 min，文库主峰在400 bp-450 bp左右。

# 游离DNA提取试剂盒

应用于无创产前项目：



应用于肿瘤筛查诊断项目：







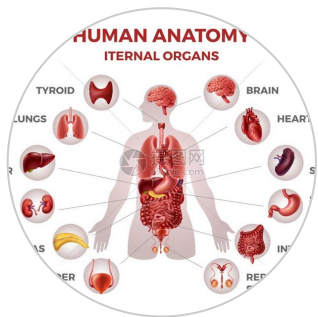
**03**

# 定制化服务

---

# 探针设计平台

- 根据客户感兴趣的区域来设计捕获探针组是齐凯基因提供的一项灵活、友好的定制化服务。服务内容包括：探针设计、合成生产、质检与优化。
- 涵盖区域包括：全长基因组、编码区、非编码区、点突变 (SNV)、插入/缺失 (indel)、拷贝数变异 (CNV)、微卫星不稳定性 (MSI)、结构变异等进行探针设计。
- 应用方向包括：靶向捕获技术在医学和生物学研究中均有广泛应用，包括临床辅助诊断、个性化用药指导、致病靶点筛选、药物开发、辅助生殖以及病原微生物和农牧业育种研究等。



Homo sapiens

GRCh37(hg19)  
GRCh38(hg38)



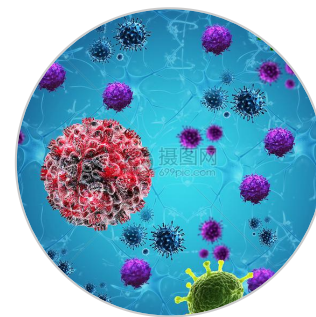
Mouse

GRCm38(mm10)  
GRCm39(mm39)



Rat

Rnor\_6.0(rn6)  
mRatBN7.2(rn7)



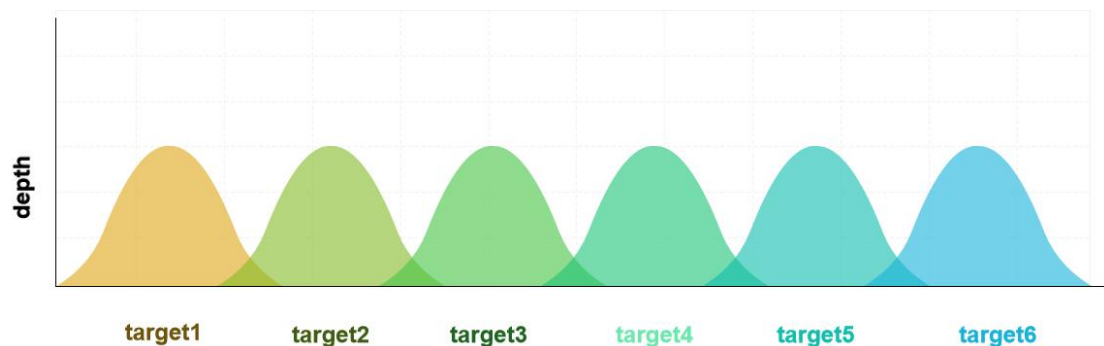
More sapiens

Virus  
bacteria  
plant

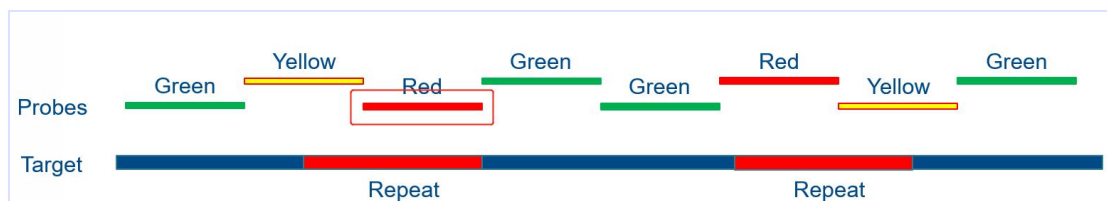
... ..

# 产品特点

- 1、采用特殊算法，自动化设计最优探针组合
- 2、提供更高的覆盖均一性和捕获效率



- 3、自主记忆功能，导入目标区域即可识别是否含有复杂的难捕获区域，针对这部分区域单独优化，或者自主给出排除建议，减少探针设计的难度和强度，节省设计时间。



注：Green绿色为保留探针，Yellow黄色为风险探针，Red红色为建议去除探针

- 4、严格的质控体系，每条探针独立合成独立质检，准确率高，批次稳定。
- 5、灵活定制，随时Spike-in各种应用的探针。
- 6、一经定制，齐凯可同时提供靶向捕获整套解决方案。

# 探针定制流程

## 探针设计

- 独特算法;
- 自主记忆功能;
- 针对难捕获区域可进行优化

## 探针优化

- 对初版探针提出修改意见
- 调整和优化
- 客户确认

## 探针合成

- 探针长度120bp
- 单条合成与质检
- 准确度>95%
- 批次稳定

## 质检

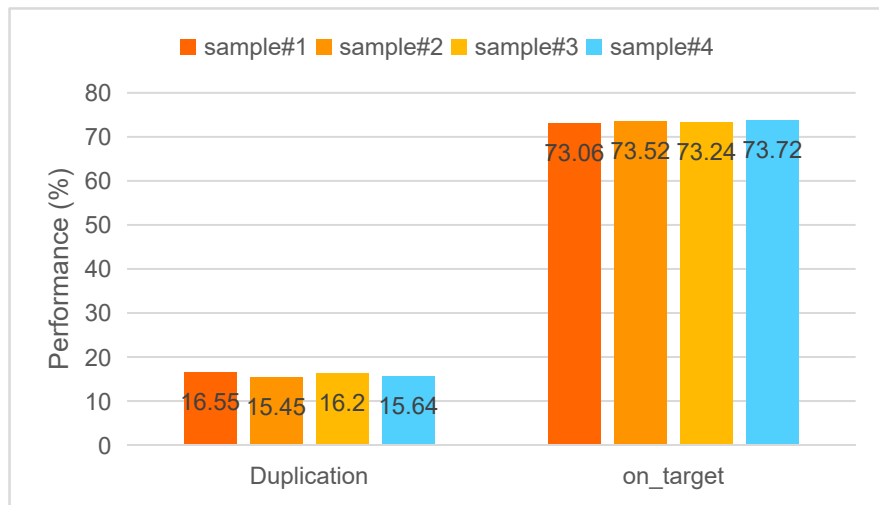
- 严格的质控体系
- NGS-QC流程, 检测探针浓度, 分析中靶率、均一性等

## 交付

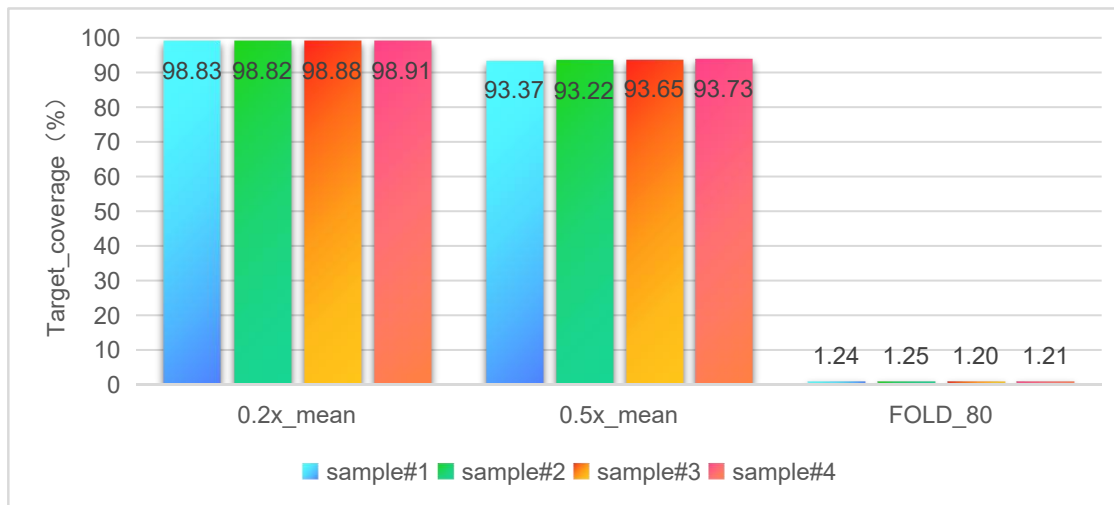
- 探针COA
- 随货说明书
- 探针信息: target、probe覆盖区域等
- 探针pool溶液

# 血液肿瘤产品

## 重复率与中靶率



## 均一性与碱基罚分



## 产品优势

- ◆ 检测内容广：产品涵盖300多个基因，20多个疾病类别，全面覆盖血液肿瘤的诊断、预后、治疗相关的基因位点；
- ◆ 检测技术先进：采用靶向DNA高通量测序技术，灵敏度和特异性更高；
- ◆ 结果解读权威可靠：基因检测结果解读综合现有的血液肿瘤诊疗指南或专家共识，以及权威数据库，包括COSMIC、Clinvar、polyphen、SIFT、OMIM、HGMD和ACMG等数据库；
- ◆ 已累积为金域医学提供相关试剂服务约10万人份。

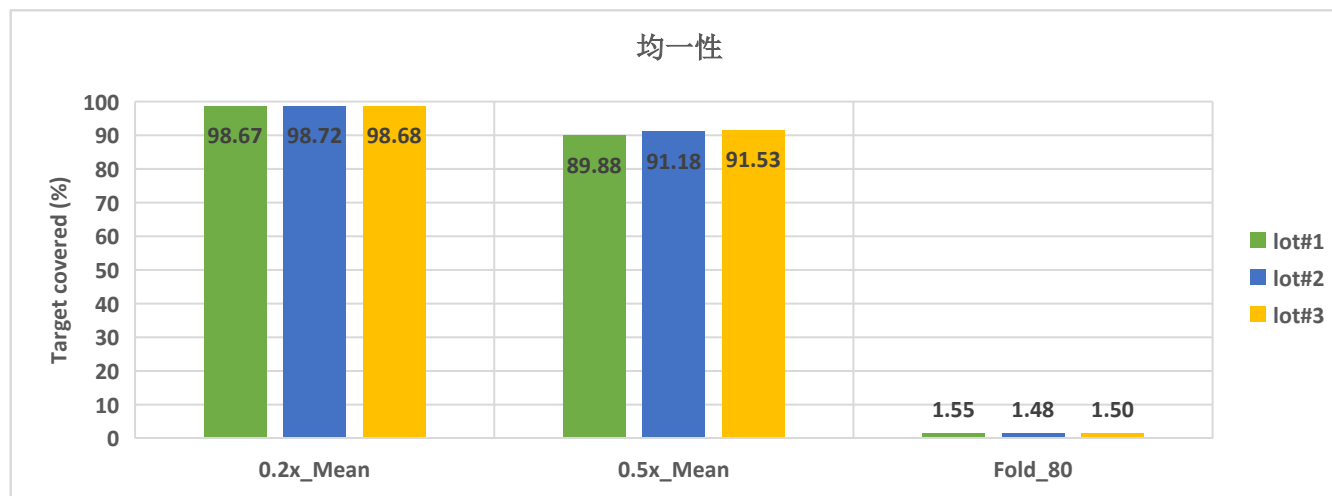
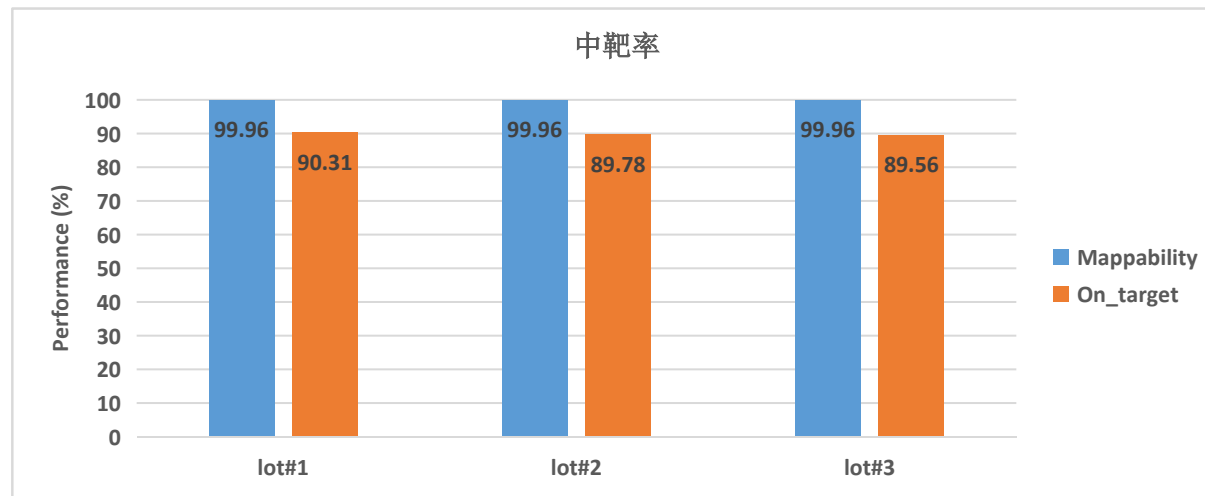
# 全外显子产品

## 产品介绍

本产品基于RefSeq 109 (hg38) 数据库中人编码基因的编码序列 (coding sequence, CDS), 跨越人基因组的全外显子目标区域约34.2Mb, 共19000多个基因, 共包含40多万条探针。

## 产品特点

- ◆ 采用特殊算法, 提高覆盖均一性, 从而降低测序成本
- ◆ 探针合成经过严格质控, 批次间稳定一致
- ◆ 可与不同应用的子Panel进行组合, 实现更全面的應用



# 无创亲子鉴定产品

## 【检测内容】

本项目可定性检测孕妇血浆中cffDNA及血液、毛囊、口腔拭子、唾液、烟头等样本中的DNA,对样本中的单核苷酸多态性（SNP）位点情况进行分析。

## 【项目信息】

检测panel包含5000多个SNP位点，panel大小约624Kb，共5300多条探针。

## 【产品信息】

血浆游离DNA提取试剂盒/微量样本DNA提取试剂盒、文库构建试剂盒、YLGENE™ Per\_SNP test panel V1.0探针、DNA杂交捕获试剂盒

## 【项目应用】

无创产前亲子鉴定

# 无创亲子鉴定

## 【产品性能】

- ◆ 1、灵敏度高，最低可检测孕6周的样本
- ◆ 2、准确性高，所有检测样本的CPE > 99.999999%
- ◆ 3、检测探针panel性能稳定，效率高：均一性>95%，中靶率>68%

样本类型	预估孕周	实际结论	总分析位点数	匹配位点数	不匹配位点数	累积非父排除率CPE	亲权指数PI	测验结论
模拟样本 (2%)	6周	亲生	4802	736	29	1-9.87300555065619E-194	2.26E+136	亲生
模拟样本 (4%)	7周	亲生	4802	854	6	1-8.89491574502612E-226	1.19E+248	亲生
模拟样本 (6%)	8周	亲生	4802	636	3	1-3.5776308694745E-148	5.65E+177	亲生
模拟样本 (8%)	9周	亲生	4802	789	2	1-8.9165876078507E-196	4.92E+234	亲生
模拟样本 (10%)	10周	亲生	4802	867	2	1-9.53629054093343E-225	6.29E+265	亲生



# 病原类已开发产品介绍

产品名称	产品货号	探针数量	产品介绍
QKGEN® EX-Virus Panel V1.0	QEV10096	100万+	<b>“百万探针组”</b> -本产品涵盖了3000+病毒的参考序列，可检测10000+病毒株，可包括甲型流感病毒、乙型流感病毒、鼻病毒、呼吸道合胞病毒、腺病毒、偏肺病毒、细小病毒、诺如病毒、冠状病毒、肠道病毒、副流感病毒等，并为目标病原全长检测提供全流程的配套试剂与整体解决方案。
QKGEN® Respiratory Virus Panel	QRV10096	40000+	<b>“呼吸道病毒组”</b> -本产品覆盖了29种病原的参考序列，同时增加探针覆盖其他77种鼻病毒毒株以及自2000年以来爆发性的主要甲型和乙型流感所涉及的多样化基因组。
QKGEN® Custom 7Virus Panel	QCV10096	5000+	<b>“小呼吸道病毒组”</b> -本产品涵盖了7种常见的呼吸道感染病原，分别为甲型流感病毒、乙型流感病毒、鼻病毒、呼吸道合胞病毒、腺病毒、偏肺病毒和副流感病毒的基因组全长
QKGEN® Custom MP Panel	QMP10096	18000+	<b>“肺炎支原体组”</b> -本产品囊括了目前已测序的所有肺炎支原体病原分离株的全基因组序列，可满足分型、溯源、进化等的分析要求。

## 使用技术

探针杂交捕获病原全基因组+二代测序

## 技术优势

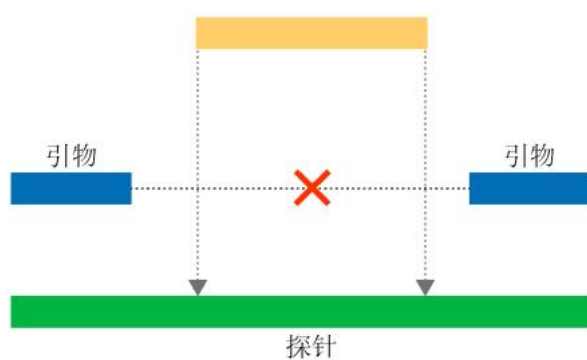
无差别捕获病原的全长基因组，解决碎片化检材极易丢失基因组信息的痛点，尤其是针对易降解的RNA病毒，技术优于多重扩增子捕获法

# 肺炎支原体全基因组捕获产品

- ◆ 18000+探针，覆盖肺炎支原体基因组的全长序列（800+Kb）
- ◆ 囊括所有保守区及变异区，通过生信组装分析即可跟踪样本的病原来源以及变异演化情况
- ◆ 探针杂交捕获可以无差别捕获病原的全长基因组，解决碎片化检材极易丢失基因组信息的痛点，优于多重扩增子捕获方法

破碎病原核酸片段  
( $<100\text{bp}$ )

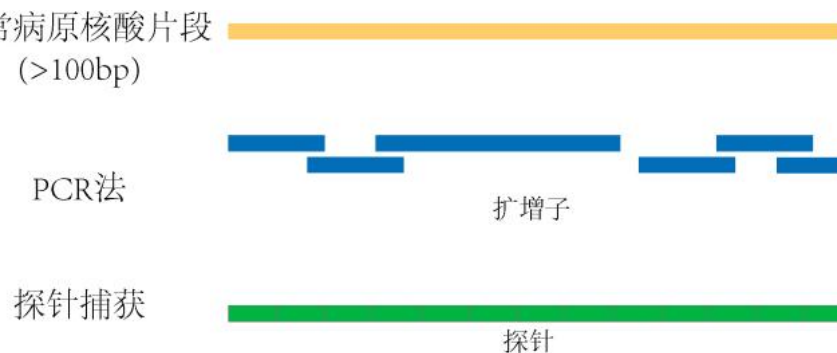
PCR法



探针捕获

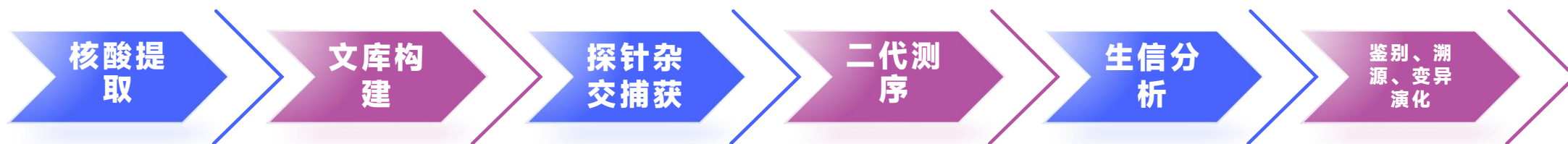
正常病原核酸片段  
( $>100\text{bp}$ )

PCR法



探针捕获

- ◆ 检测流程：

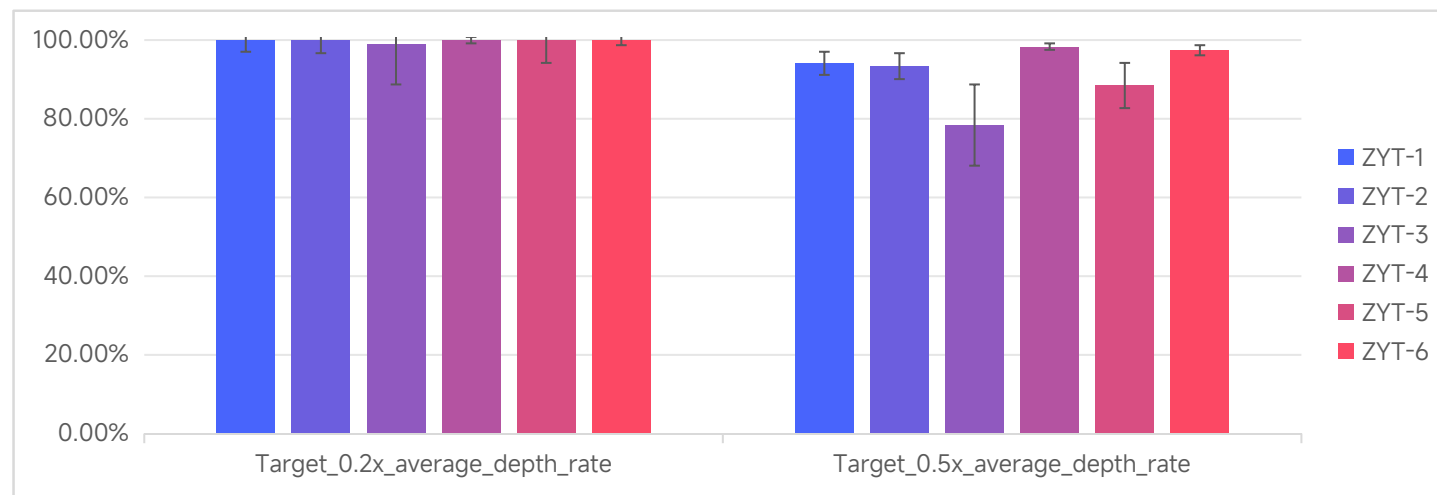


# 肺炎支原体全基因组捕获产品

**01. 高特异性和灵敏度。** 使用300 $\mu$ l湿拭子样本进行提取、建库、捕获、测序，在无差别测序中，均以1G raw data/样的数据量上机测序。结果显示，在极低的投入量时，最低仍可达到200X的测序深度，满足病原组装的要求，>10X的覆盖度均达到100%。

Sample(300 $\mu$ l)	提取浓度 (ng/ $\mu$ l) 30 $\mu$ l洗脱体积	QPCR检测原始ct值	Targets_length	Targets_bases	Average_depth	Target_coverage(>0)	Target_coverage(>=4)	Target_coverage(>=10)	Target_coverage(>=30)
ZYT-1	2.32	31	816465	328819480	402.74	100.00%	100.00%	100.00%	100.00%
ZYT-2	2.82	25	816465	3018988725	3697.63	100.00%	100.00%	100.00%	100.00%
ZYT-3	too low	32	816465	187921895	230.17	100.00%	100.00%	100.00%	99.90%
ZYT-4	too low	28	816465	3777590977	4626.76	100.00%	100.00%	100.00%	100.00%
ZYT-5	too low	28	816465	852662608	1044.33	100.00%	100.00%	100.00%	100.00%
ZYT-6	too low	32	816465	1143150832	1400.12	100.00%	100.00%	100.00%	100.00%

**02. 高覆盖均一性。** 自主设计探针，通过增强算法，提高捕获均一性。0.2x均一性 > 99.9%。





**04**

# 公司总结

---

# 齐凯基因—做一个有实力的企业

## 严格的质控体系

保证批次产品稳定性

## 极具竞争力的价格

低于进口

## 快速的货物周期

最快7个工作日交付



## 优异的产品性能

优于国产，媲美进口

## 丰富的产品线

文库构建、配套接头、  
多重PCR富集、探针捕  
获富集配套试剂。。。

## 简化的实验流程

酶切法建库、转座法建  
库缩短建库流程约1小时

# 感谢聆听，欢迎垂询

联系人：赖生

电话：18902495403

