

南通大学单一来源采购申请表

项目名称	大鼠 DRG 及坐骨神经组织测序数据挖掘	采购数量	84 个样
经费来源	省级高层次创新创业人才引进计划专项资金：“双创博士”	预算金额	14 万元
使用部门	南通大学神经再生重点实验室	申请日期	2019 年 12 月 20 号
申请人	徐灵驰	联系电话	15201158860

设备型号：
时间点转录组测序数据及 ceRNA 分析
性能指标：
 测序技术作为高通量筛选技术能够一次性检测全基因组的基因表达。海量的数据对数据分析提出更高的要求。本套分析流程除了可以针对测序数据进行基础分析比如样本聚类及差异筛选外。还针对时间点数据的特点进行优化，比如差异筛选，基因时间点表达模式的聚类等方面。同时在 ceRNA 分析方面也做了优化，能更准确的找出 ceRNA 调控网络。

单 一 来 源 采 购 理 由	1. 只能从唯一供应商处采购；（ <input checked="" type="checkbox"/> ）
	2. 发生了不可预见的紧急情况不能从其他供应商处采购；（ <input type="checkbox"/> ）
	3. 必须保证原有采购项目一致性或者服务配套的要求，需要继续从原供应商处添购，且添购资金总额不超过原合同采购金额百分之十；（ <input type="checkbox"/> ）
	<p style="text-align: center;">苏州凌点生物技术公司的情况及与其他公司的对比</p> <p>一、苏州凌点公司简况</p> <p>1. 服务宗旨：主要从事基因大数据分析服务。秉承“让数据说话”的理念，以客户的需求为出发点，最大程度的挖掘出数据背后的故事为最终的目的</p> <p>2. 服务特点及优势：</p> <p style="padding-left: 20px;">a. 专业：对分析流程中的关键环节进行优化，比如常用的一些数据库会定时更新，重要的计算会对已有的 R 包进行改进，以使结果更稳定。一般公司就是用公开的 R 包来分析，很少去测试 R 包的稳定性。</p> <p style="padding-left: 20px;">b. 报告可读性强：针对数据的特点挑选合适的个性化作图方式并以可读性强的方式来展示。大部分公司提供的报告都是通用模板，不对分析结果进行提炼，给到客户的结果还是海量的，不是专业的分析人员还是无法读懂数据的结果。凌点生物会由项目经理首先对分析结果进行提炼并用个性化方式展示。</p>

c. 易沟通：由项目经理（具备科研能力及数据分析背景的人才）作为客户及数据分析人员的沟通桥梁。

d. 个性化：根据数据的特点及研究背景，结合文献中已有的知识，设计个性化的分析方案。在有必要的情况下，会重新设计算法及整理研究背景的数据库，并在方案中列出。方案会经双方协商确定。在分析过程中可以根据结果调整方案。文章发表过程中可以参与协助，比如英文 method 撰写，图表修改。

e. 价格合理：按方案中提到的分析内容来收费，不按样本来收费。因为影响数据分析难度及工作量的是分析步骤及创新的部分。同一分析内容，样本数量对工作量的影响相对而言没那么大。大部分公司是按样本量来收费，其实是不合理的。

二、时间点转录组测序数据分析

涉及的分析点：转录组，时间点样本设置

凌点公司有丰富的时间测序转录组测序数据分析经验。在以下方面的分析内容进行优化：

1. 差异基因筛选方式：改进筛选的算法，更适合于时间点的数据；同时筛选显著差异的基因。大部分公司不区分数据是不是时间点。

2. 时间点基因表达模式识别：多种方法进行结果的矫正；多样的图表展示方式；

已合作发表的部分文章：

1) Morphology, Migration, and Transcriptome Analysis of Schwann Cell Culture on Butterfly Wings with Different Surface Architectures, ACS Nano, IF=13.709

2) JMJD2C promotes colorectal cancer metastasis via regulating histone methylation of MALAT1 promoter and enhancing β -catenin signaling pathway, J Exp Clin Cancer Res, IF=5.64

三、ceRNA 分析

涉及的分析点：miRNA 靶基因预测；lncRNA 靶基因预测；ceRNA 网络构建。

在以下方面的分析内容进行优化：

1) miRNA 靶基因预测：多种预测软件结合使用，并整合了 Ago Clip seq 的数据，增加了已有实验数据的支撑。大部分公司只用到预测软件。

2) lncRNA miRNA 结合分析：整合了 Ago Clip seq 的数据，增加了已有实验数据的支撑。大部分公司只用到预测软件。

3) lncRNA 重注释, 编码能力分析等。

已合作发表的部分文章:

1) Plasma-specific microRNA response induced by acute exposure to aristolochic acid I in rats, Arch Toxicol. IF=5.7

2) LncRNA PLCD3-OT1 Functions as a CeRNA to Prevent Age-Related Cataract by Sponging miR-224-5p and Regulating PLCD3 Expression, Invest Ophthalmol Vis Sci, IF=3.8

3) lncRNA H19 contributes to oxidative damage repair in the early age-related cataract by regulating miR-29a/TDG axis, J Cell Mol Med, IF=4.6

专家组签字 (三人以上): 代秀 易敬 王强


拟购设备的供应厂商情况:

苏州凌点生物技术有限公司成立于 2017 年, 致力于生命科学领域数据分析服务, 专注于前沿分子生物学技术和高性能计算技术在生命科学研究和人类健康领域的应用, 同时成为基因组学大数据挖掘服务的提供者, 拥有多个层面的分析平台包括: 转录组; 表现遗传; 蛋白质组及其他个性化需求。此外公司还提供 TCGA 等公共数据库挖掘服务, 对重大疾病做分子分型、标志物筛查、疾病机制研究。

联系方式

联系电话: 张玲芳 18221467445

联系地址: 昆山市祖冲之南路 1666 号 1 号楼创新大厦 1 楼

使用部门负责人意见	
归口管理部门负责人意见	签字: _____ _____年 月 日
归口管理部门分管校领导意见 (50 万元及以上项目)	签字: _____

	_____年__月__日
招投标管理办公室负责人意见	签字: <u>邵春明</u> 2020年1月8日

附：部分国内客户名单：

设备名称	型号规格	采购单位	采购日期	联系人
ncRNA 数据深入分析	分子: miRNA, lncRNA 领域: 中药机制	上海中医药大学附属 龙华医院	2017	宋海燕 等
lncRNA 数据深入分析	分子: lncRNA 领域: 癌症	上海交通大学附属第 九人民医院	2017	朱文娇
基因相互作用, TCGA 数据 挖掘	分子: coding 领域: 癌症	上海中医药大学附属 曙光医院	2017	宋卿
mRNASeq 数据深入分析	分子: coding 领域: 材料	中国科学院苏州纳米 技术与纳米仿生研究 院	2018	范彩霞
mRNASeq 数据深入分析 ncRNA 数据深入分析	分 子 : coding , miRNA, lncRNA 领域: 神经科学,	南通大学	2017 及之 前, 2018, 2019	何江虹 等
RNA seq 结合 GEO 数据挖 掘	分子: coding 领域: 免疫	中国农业科学院哈尔 滨兽医研究所	2019	蒋海燕
RNA seq 结合 TCGA 数据挖 掘	分子: coding 领域: 肿瘤	复旦大学附属妇产科 医院	2018, 2019	郑婷婷

mRNASeq 数据深入分析 ncRNA 数据深入分析	分子: coding, miRNA 领域: 中药机制	上海中医药大学	2017 及之前	蒲雪艳等
mRNASeq 数据深入分析 ncRNA 数据深入分析	分子: coding, miRNA, lncRNA 领域: 氧化损伤, ECM	南通大学附属医院	2017, 2019	康丽华等
ceRNA 网络构建	分子: coding, miRNA, lncRNA	暨南大学附属第一人民医院	2019	苏中静
mRNASeq 数据深入分析	分子: coding 领域: 神经科学	第三军医大学	2019	何谐