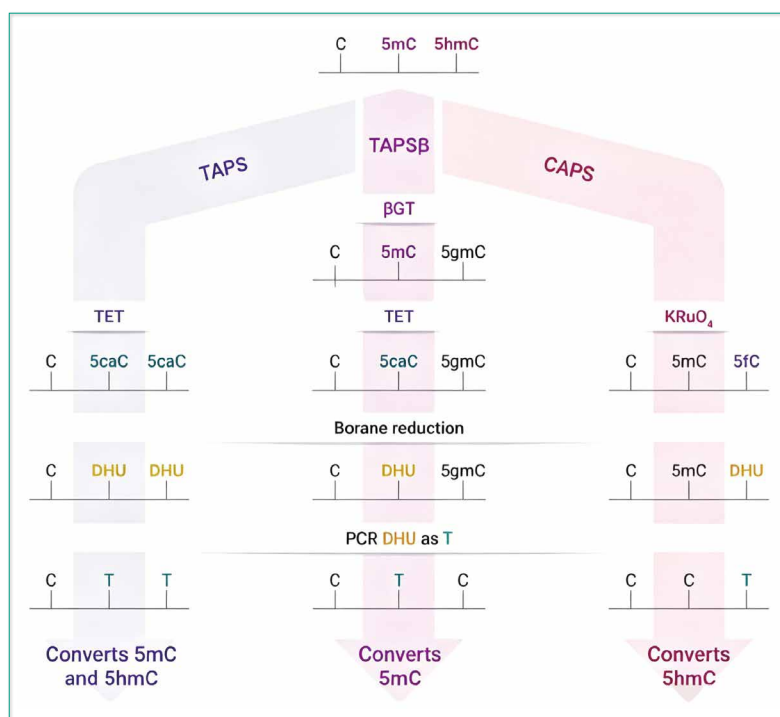


TAPS+测序： 解锁甲基化与基因变异双重组学信息

技术原理

TAPS+是一种创新的基于正向读取 (Positive Readout) 的甲基化测序化学技术, 它能温和、直接地将5-甲基化的胞嘧啶 (5mC和5hmC) 转化为胸腺嘧啶 (T), 而未甲基化的胞嘧啶 (C) 则保持不变。TAPS+不仅可保留DNA天然4种碱基的复杂度, 提高读取的数据质量, 减少数据分析的资源消耗, 还可实现从单一文库中同时灵敏、准确地检测5mC、单核苷酸变异 (SNV)、插入缺失变异 (Indel) 以及拷贝数变异 (CNV) 等多种生物学信息, 支持在发现、转化及人群研究中开展多模态分析, 并应用于多种癌症的早期检测与监测等临床实践中。



技术优势

01 一次检测, 双重捕获

一次建库可同时获得SNV、Indel、CNV、甲基化、片段组学等多模态分析信息。

03 更好的文库复杂度和覆盖度

TAPS+提高了序列比对率 (Mappability), 减少多重比对/低复杂度导致的数据丢失, 在同样测序深度下提高CpG位点的覆盖度。

02 高转化率、高可信度

大于98%的5mC转化率——包括所有高甲基化和低甲基化区域; 高可信度的结果——真阳性率高, 假阳性率低。

04 样品兼容性广

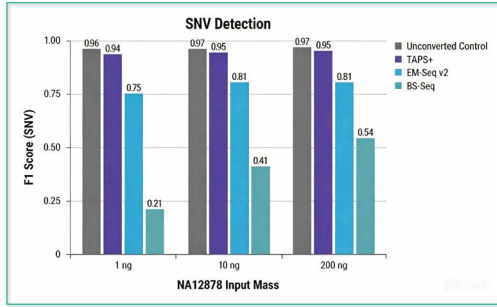
支持包括FFPE样本及cfDNA的检测分析, 起始量更低 (1-200ng DNA), 稳定可靠的性能表现, 具有更广泛的应用潜力。

服务热线: 400-820-3699

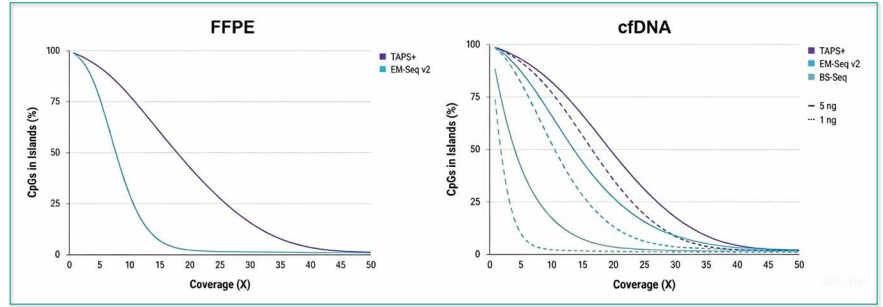


性能表现

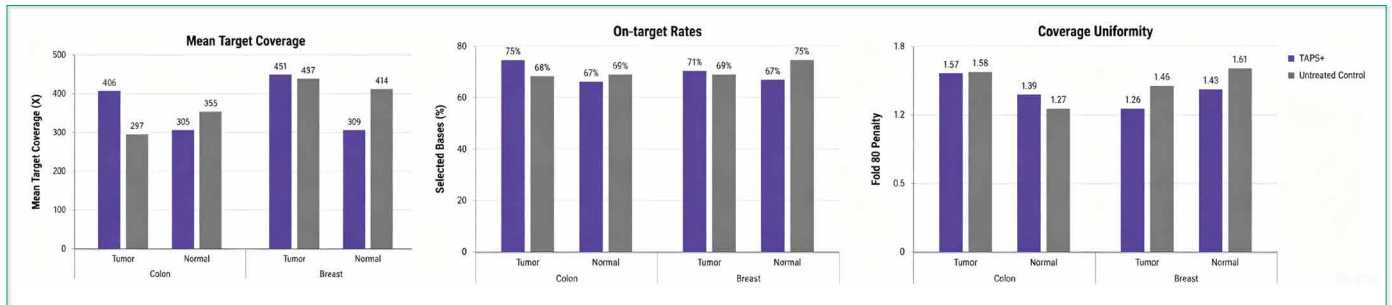
• 同步检测甲基化与基因组变异



• TAPS+ 文库对 FFPE及cfDNA样本的CpG 岛中CpG 的累计覆盖度最高



• 兼容常规杂交捕获面板 (Twist Target 345kb panel)



应用场景

**肿瘤早筛早诊、
治疗反应评估、
微小残留病监测(MRD)**
尤其是多模态分析可提高
检测灵敏度及特异性，提
示肿瘤发生发展机制，
发掘潜在标志物

基础和转化研究
肿瘤学，发育生物学，
衰老，神经生物学

遗传病筛查
检测基因突变与甲基化异
常，支持早期查与风险评估

动植物疾病研究
研究感染中宿主甲基化
动态，解析免疫-病原表现
调控网络

样本要求

• 起始量：1~200ng DNA。

• 兼容gDNA、FFPE DNA、cfDNA等科研或临床相关样品。

服务热线: 400-820-3699

地址: 上海市浦东新区张江高科技园区蔡伦路999号1号楼5楼

邮箱: market@shbio.com

网址: www.shbio.com

