

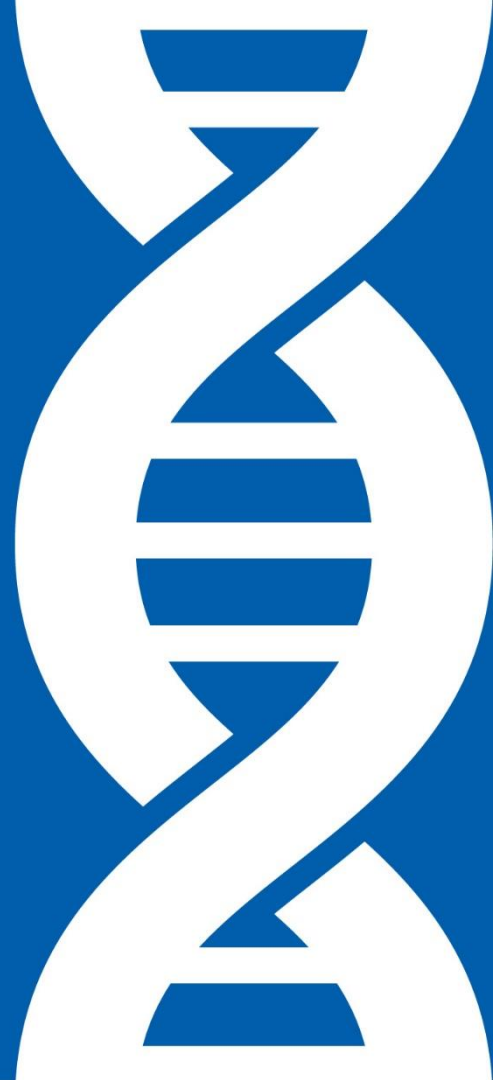
金唯智CLIMS4.0 —让您的订单“飞”起来

金唯智在线订单系统订购指南
适用于高通量测序服务



GENEWIZ®

Solid science. Superior service.



目录

1. 提交高通量测序订单

1.1 服务选择—转录组测序

1.1.1 订单详情录入

1.1.2 样品详情录入

1.1.3 提交询价

1.1.4 结算

1.1.5 确认和打印订单

1.2 服务选择—全基因组测序

1.3 服务选择—宏基因组测序

1.4 服务选择—包lane测序

1.5 服务选择—癌症突变位点检测

1.6 服务选择—免疫组库测序

1.7 服务选择—生物信息学服务、定制

2. 查看历史订单

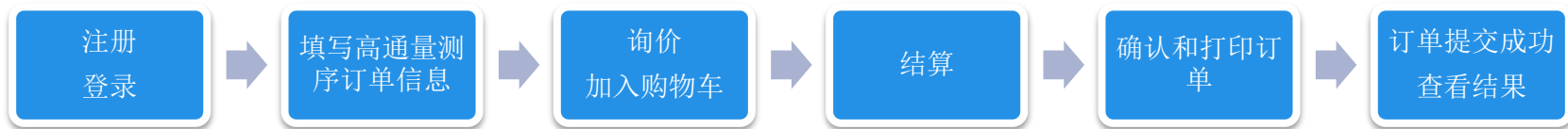
2.1 查询订单

2.2 下载结果

2.3 分享结果

如有其他问题，请点击通用指南

金唯智高通量测序在线订购六法则



1. 提交高通量测序订单

1.1 服务选择—转录组测序

1. 进入CLIMS系统首页，点击“高通量测序”，然后点击“转录组测序”，再根据需求选择相应的项目类型。

The screenshot displays the CLIMS system interface. On the left, a vertical menu lists services: 推荐服务 (Recommended Services), Sanger测序 (Sanger Sequencing), 基因合成 (Gene Synthesis), 高通量测序 (High-throughput Sequencing), 引物合成 (Primer Synthesis), 质粒DNA制备 (Plasmid DNA Preparation), 克隆与突变 (Cloning and Mutation), and 分子生物学 (Molecular Biology). A red arrow points to '高通量测序'. The main area shows a grid of service icons. A blue box highlights the '转录组测序' (Transcriptome Sequencing) category, which includes: 真核转录组 (mRNA) 测序 (Eukaryotic Transcriptome (mRNA) Sequencing), 原核转录组 (mRNA) 测序 (Prokaryotic Transcriptome (mRNA) Sequencing), 长链非编码RNA (lncRNA) 测序 (Long-chain non-coding RNA (lncRNA) Sequencing), and 小RNA (miRNA) 测序 (Small RNA (miRNA) Sequencing). Other visible services include: 6S/18S/ITS测序及宏基因组测序 (6S/18S/ITS Sequencing and Metagenome Sequencing), 包lane测序 (Paired-end Sequencing), 癌症突变位点检测 (Cancer Mutation Site Detection), 目标区域重测序 (Targeted Region Resequencing), 免疫组库测序 (Immunoglobulin Library Sequencing), 生物信息学分析 (Bioinformatics Analysis), and 定制 (Customization).

2. 以真核转录组 (mRNA) 测序为例：

下单界面共分为两部分，上半部分为订单详情，下半部分为样品详情。

首页 / 真核转录组 (mRNA) 测序 自动保存当前表单在: 4:59

订单名称

订单备注

促销码

[上传附件](#)

项目类型*

项目目的*

属 (研究样本)*

种 (研究样本)*

基因组大小 (Mbp)*

样本数量*

样本类型*

[取消](#) [保存草稿](#) [保存&预览](#)

常见问题解答(FAQ)

什么是转录组测序?
转录组测序是基于新一代高通量测序平台, 研究特定组织或细胞在某一时期转录出来的所有mRNA, 对样品中的RNA序列进行全面的定量和分析的方法。

转录组测序和芯片技术相比, 有哪些区别?
芯片技术是利用已知序列的探针对本mRNA进行杂交进而定量和分析的方法。因此, 芯片技术仅适用于已知转录本的序列的分析, 转录组测序则是利用下一代测序技术, 无需预设特异性探针, 可对任意物种进行全基因组分析。

我的实验需要多少Reads?
转录组测序所需的测序量随物种转录组大小的不同有所差异。总体来说, 我们推荐小基因组1千万 reads (例细菌), 大基因组3千万 reads (例人, 小鼠)。中型基因组的测序量可依据由项目决定, 常规建议: 2-3千万reads /样本。从头组装的项目, 我们推荐1亿reads /样本。

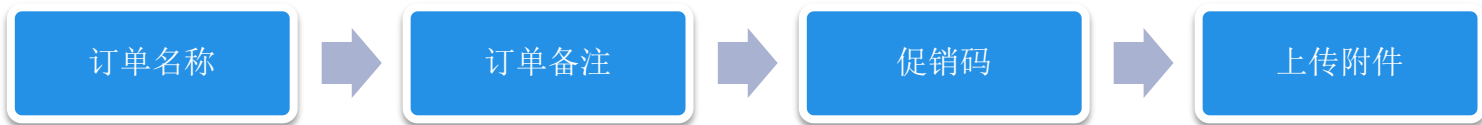
如何选择测序平台和相关配置/读长?

订单详情

样品详情

1.1.1 订单详情录入

1. 根据您的需求填写下列信息：



备注：

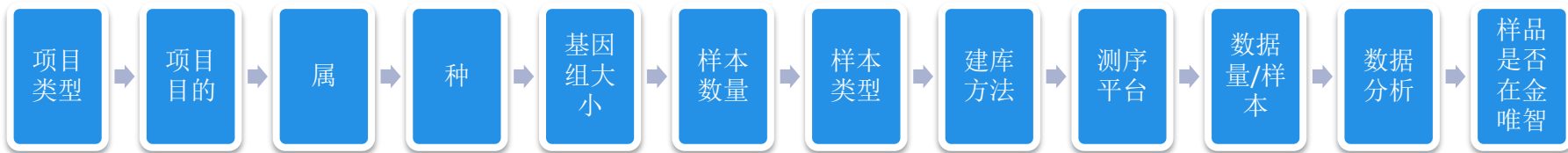
上传附件：您可以点击此按钮上传与您项目相关的文件以帮助项目的顺利进行。

订单备注：您可在此填写您的自定义要求(后续填写样品详情时您的自定义或咨询意见也可填写至此)

订单名称	<input type="text"/>
订单备注	<input type="text"/>
促销码	<input type="text"/>
	<input type="button" value="上传附件"/>

1.1.2 样品详情录入

1. 按顺序填写下列信息：（必填）



备注：

■ 项目类型和项目目的：您可根据需求选择也可自定义填写。项目目的可多选。

项目类型*	真核转录组 (mRNA) 测序
项目目的*	请选择...
属 (研究样本)*	真核转录组 (mRNA) 测序
	原核转录组 (mRNA) 测序
	长链非编码RNA (lncRNA) 测序
种 (研究样本)*	小RNA (miRNA) 测序
	客户自定义或项目咨询

项目目的*	<input checked="" type="checkbox"/> mRNA表达和分析
属 (研究样本)*	<input checked="" type="checkbox"/> 非编码RNA表达和分析
种 (研究样本)*	<input type="checkbox"/> 小RNA表达和分析
基因组大小 (Mbp)*	<input type="checkbox"/> 转录组De novo组装
样本数量*	<input type="checkbox"/> Other(客户自定义或项目咨询)

■ 属和种：请根据实际情况填写，建议您填写拉丁文名。

■ 基因组大小和样本数量：请输入小于9位的正整数。

属 (研究样本)*	<input type="text"/>
种 (研究样本)*	<input type="text"/>

基因组大小 (Mbp)*

3000

样本数量*

3

- **样本类型**：根据需求选择，若有自定义需求可填写至订单备注处。


样本类型*

订单备注 

- **测序平台**：根据您的需求选择，推荐您使用第二个平台。

测序平台*

数据量/样本*

数据分析* 

数据量/样本*

数据分析*

数据量/样本*

- **数据量/样本**：根据您的需求选择，GENEWIZ 自定义为金唯智为您推荐相关数据量

数据量/样本*

数据分析*

数据量/样本*

数据分析*

数据量/样本*

数据量/样本*

数据分析*

- 我的样品已存在金唯智：若样品已在金唯智，请选择“是”，并填写之前的订单号。

我的样品已存在金唯智*

是

订单号*

请选择...

发货方式*

是

否

1.1.3 提交询价

提交询价操作步骤请参考[通用指南](#)

1.1.4 结算

具体操作步骤也请参考[通用指南](#)

1.1.5 确认和打印订单

具体操作步骤您可参照[通用指南](#)

1.2 服务选择—全基因组测序

操作步骤与转录组大致相同，“是否需要DeNovo测序并组装”您可根据需求选择填写。

是否需要DeNovo测序并组装

否

1.3 服务选择—宏基因组测序

若项目类型选择16S/18S/ITS测序时，请您在订单备注处填写具体的服务项。如下图所示。

项目类型*	16S/18S/ITS测序	订单备注	我选择16S宏基因组学服务
项目目的*	请选择... 宏基因组测序		
样本类型*	16S/18S/ITS测序 客户自定义或项目咨询		

Note: Red arrows in the original image point from the '16S/18S/ITS sequencing' options in the dropdowns to the 'Order Remarks' field.

1.4 服务选择—包lane测序

“包lane总数量” 您须填写。“是否需要拆分数据”、“需要混lane的子文库数量” 等信息您可选择填写。

包Lane总数量*	<input type="text"/>
需要混lane的子文库数量	<input type="text"/>
是否需要拆分数据	请选择...
样品类型*	请选择...
包Lane总数量*	是 否 待定

1.5 服务选择—癌症突变位点检测

在此，您可选择记录对哪一类或哪一种的panel感兴趣。

您对哪一类的panel感兴趣*

您对哪种panel感兴趣*

项目目的*

7

检测

订单名称

订单备注

促销码

项目类型*

对哪一类的panel感兴趣*

您对哪种panel感兴趣*

请选择...

请选择...

白血病, 淋巴瘤, 卵巢癌

其他

请选择...

膀胱

脑

乳腺

子宫颈

结肠直肠

子宫内膜

食道

胃

头颈

肾脏

白血病

肝

肺

淋巴瘤

黑色素瘤

卵巢

胰腺

前列腺

甲状腺

请选择...

1.6 服务选择—免疫组库测序

选择此服务后，除其他基本信息外，您须填写可变区的大小预估、样本多样性预估、噬菌体载体参考全序列，另外您也可以选择填写筛选轮数等信息。

可变区的大小预估(bp)*	<input type="text"/>
噬菌体载体参考全序列*	<input type="text"/>
筛选轮数	<input type="text"/>
样本多样性预估*	请选择... ▼
样品类型*	请选择... 10 ⁹ +(naïve library)
区的大小预估(bp)*	10 ⁶ - 10 ⁹ 10 ³ - 10 ⁶
本载体参考全序列*	客户自定义或项目咨询

1.7 服务选择—生物信息学服务、定制

操作步骤大致相同，您可参考之前转录组测序操作。

2. 查看历史订单

2.1 查询订单

1. 登录账户
2. 点击“订单/报价单”，首页下半部会显示订单的相关信息，状态。
3. 您可在搜索框内输入订单号或订单名称进行搜索。

2.2 下载结果

1. 勾选订单号，点击“查看结果”，进入订单结果页面，点击下载图样即可。

备注：您也可在此下载订单合同。

<input type="checkbox"/>	2016/8/2 10:29	80-500041948		高通量测序	长链非编码 RNA (lncRNA) 测 序	常规	完成	查看结果
--------------------------	----------------	------------------------------	--	-------	------------------------------	----	----	----------------------

[主页](#) / [订单结果 \[80-500041948\]](#)

[下载订单合同](#)

13

<input type="checkbox"/>	#	文件名	上传时间	下载文件
--------------------------	---	-----	------	------

CONFIDENTIAL

2.3 分享结果

1. 勾选订单号，点击“添加到项目”，选择您所需要分享的订单号，再选择订单状态为“已分享”，最后点击“保存”即可。

搜索 [高级搜索](#) [编辑](#) [查看结果](#) [查看收据](#) [添加到项目](#) [删除](#)

订单生成日期	订单号	订单名称	项目名称	业务线	服务类型	优先级	订单状态	操作
2016/8/3 11:16	80-500090356			高通量测序	包lane测序	常规	草稿	完善草稿

已有项目

新建项目*

订单 选择的订单

- 80-500090356

已存在的订单

状态*

- 已分享
- 仅管理员可见
- 已分享

[关闭](#) [保存](#)

Solid science. Superior service.