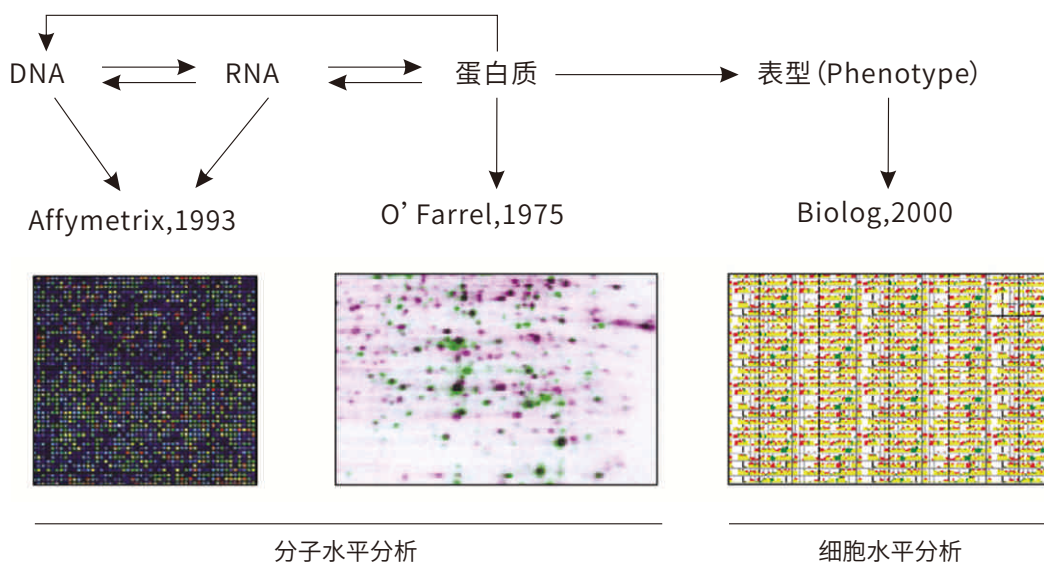


# Phenotype MicroArrays

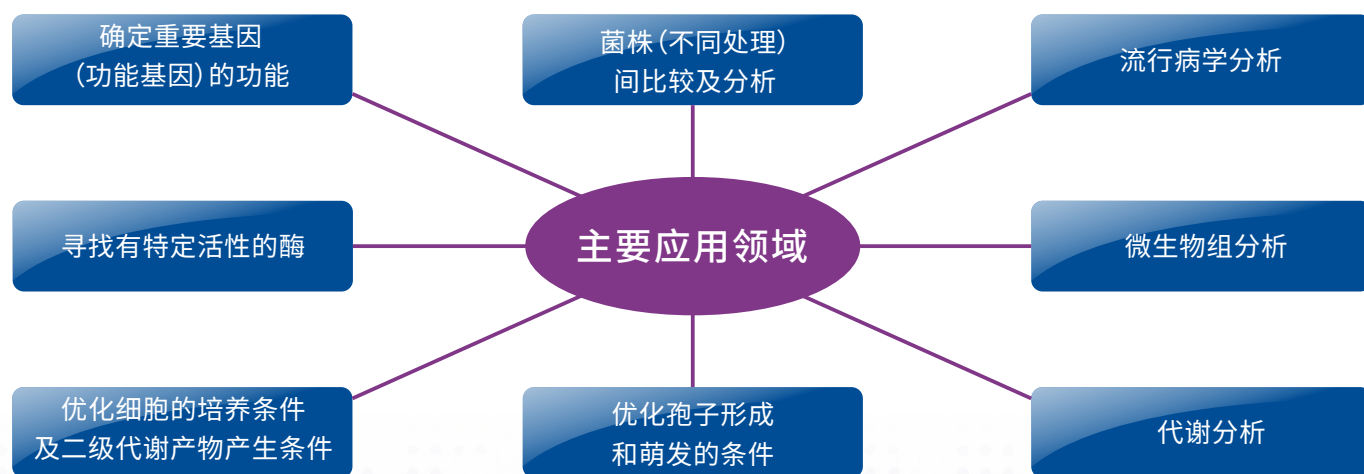
PM 高通量微生物表型分析系统



美国 BIOLOG 公司致力于微生物鉴定领域新技术新产品的开发、生产和销售,是全球高新技术百强之一。美国 BIOLOG 公司根据其多年对全自动微生物鉴定系统相关技术的积累,开发了一种全新的专利技术——高通量表型分析技术 (PM)。PM 可用来测定微生物细胞的表型,是与 DNA 芯片和蛋白质组技术并列的、应用在基因组研究和药物开发的三大技术之一。PM 技术使生物学家历史上第一次可以迅速、简单、准确、高效的以同一标准模式同时测试几千种细胞表型。通过对活体细胞进行测试,可以检测细胞基因变化、用药甚至环境变化后所引起的细胞表型的变化情况。该技术是分子方法 (如: DNA 芯片和蛋白质组等方法) 非常有力的支持和补充手段,在其强大软件的支持下

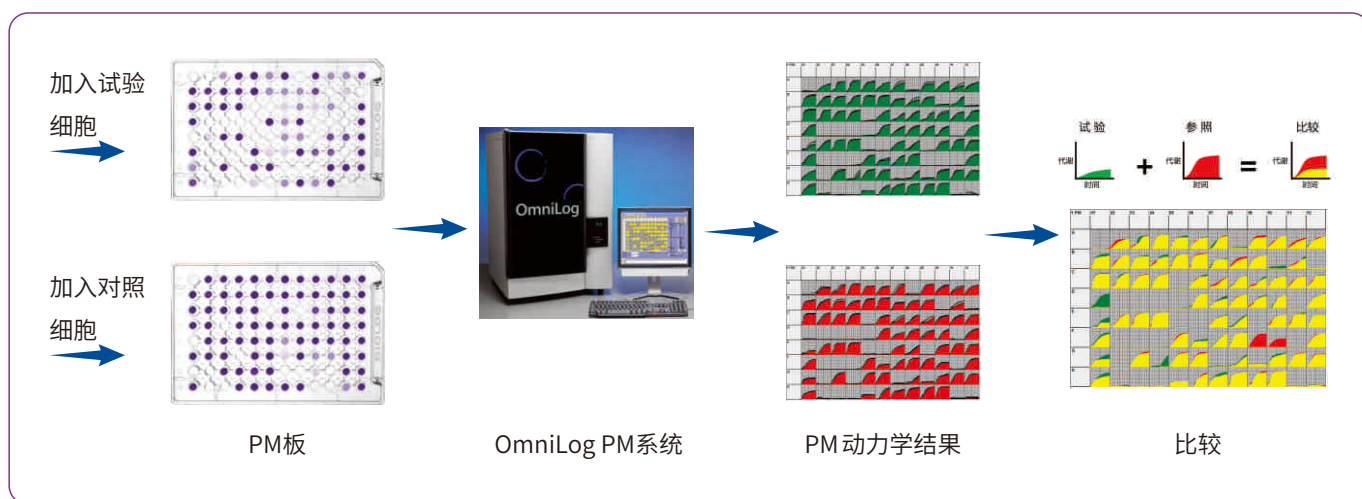


Bochner, B. New technologies to assess genotype-phenotype relationships. Nat Rev Genet 4, 309-314 (2003).  
<https://doi.org/10.1038/nrg1046>

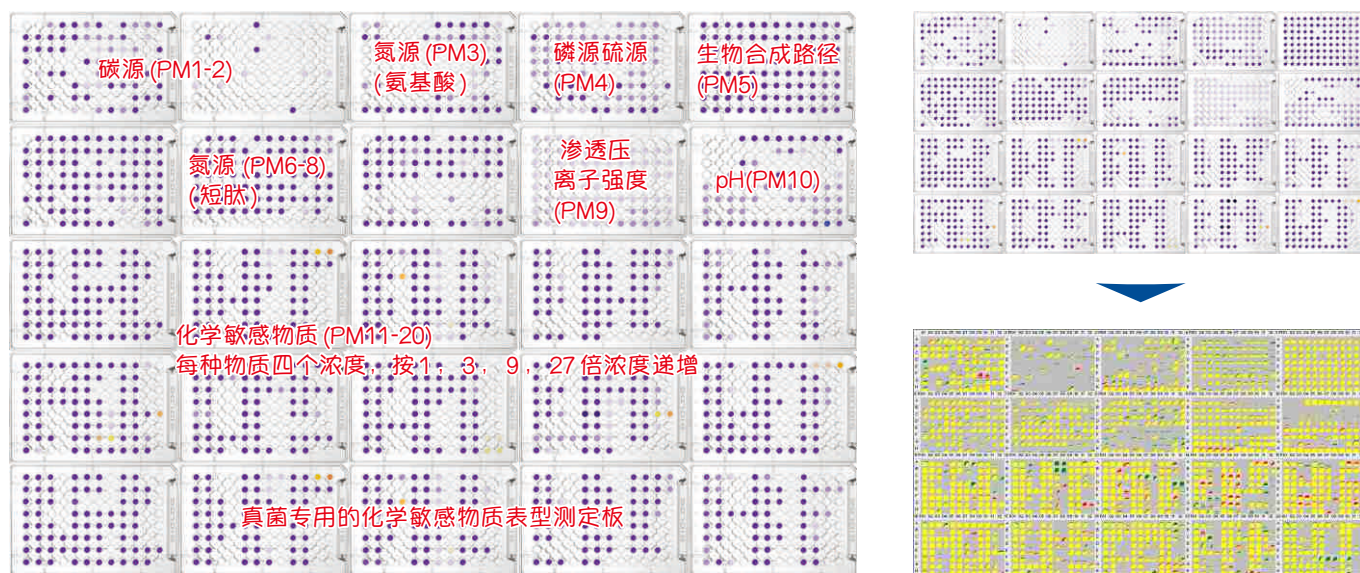


## PM原理

PM系统在96孔微孔板 (PM平板) 的每个孔里固定不同的干化细胞培养基质, 当加入细胞悬液和显色物质并培养后, 细胞表型就可以通过颜色变化表现出来。如果细胞发生呼吸代谢, 那么显色剂就从无色的氧化态被还原为紫色的还原态, 表型反应为阳性; 如果无颜色变化, 则表型反应为阴性。微孔板的培养及数据的获取由OmniLog系统自动完成, 系统可定时自动测定颜色变化值, 最后得到表型反应的动力学曲线, 从而定量测定表型反应的强弱。样品的动力学曲线 (显示为绿色) 及对照的动力学曲线 (显示为红色) 通过系统中软件的数据计算、处理后叠加在一起。有相同动力学曲线的重叠区域被标记为黄色, 而有差异的表型部分则很明显的显示出来 (红色/绿色)。



各种不同的PM平板上包被了多种活体细胞生长需要依赖的基质, 因此可以进行不同生长条件下的测试。包括有C、N、P、S、渗透压、PH值、化学药物等基质条件下细胞表型的测试, 目前PM表型板25块, 测试的表型达到了2400种, 已经可以用于革兰氏阴性细菌、阳性细菌、酵母和丝状真菌细胞表型的研究。



25种PM板, 2400个表型测试, 2400条动力学曲线, 海量信息……

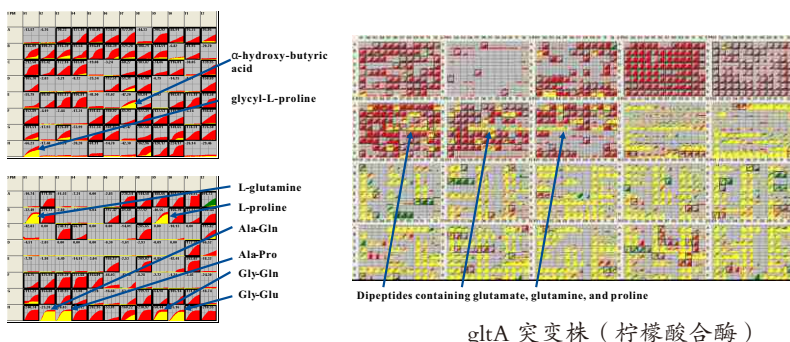
## PM 技术应用

PM 为后基因组时代的功能基因组学及基因网络分析提供了一个广阔的平台, 这个平台具有广泛的可扩展的潜力。PM 技术使生物学家历史上第一次可以迅速、简单、高效地同时测试成千上万的细胞的表型, 可直接或间接测定细胞大部分已知的表型或功能:

- 细胞表面结构与转运功能研究
- 碳、氮、磷、硫的代谢研究
- 小分子、大分子及细胞器的合成与功能研究
- 细胞呼吸功能研究
- 细胞抑制和修复功能
- 其它细胞代谢特性

## 一、基因功能研究

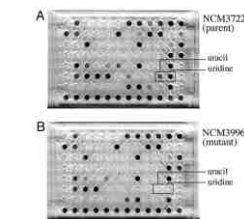
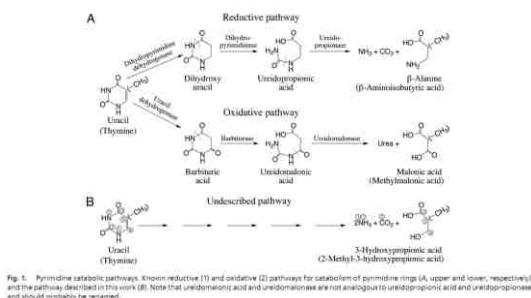
- 确定功能基因组的功能
- 发现编码特定靶标的基因
- 细胞系改进
- 细胞表型稳定性测试 (基因稳定性)
- 微生物进化研究



gltA 突变株 (柠檬酸合酶)

gltA 突变型 (测试/绿色) 和野生型 (对照/红色) 分别进行了 1920 种 PM 的检测。突变和对照的动力学曲线由分析软件叠加后显示出来。gltA 突变株生长需要可利用的碳源包括谷氨酸, 表明表型芯片识别出 E.coli 营养缺陷型的营养需要。这个突变株同样显示出在碳源和氮源包含谷氨酸和脯氨酸的情况下可以代谢生长。有趣的是,  $\alpha$ -羟基-丁酸也能支持其代谢生长。

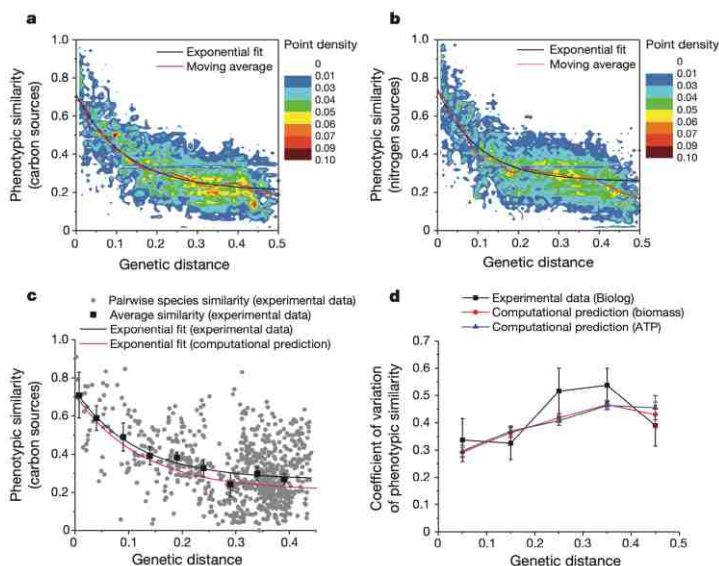
## • 尿嘧啶新代谢通路的发现



**Results**  
**Behavior on Biolog Phenotype MicroArray Plates.** We tested our parental strain NCM3722 and strains with mini Tn5 insertions in several genes of the b1012 operon on Biolog (Hayward, CA) Phenotype MicroArray plates (PM3) for nitrogen catabolism, which couple utilization of various N sources to reduction of a tetrazolium dye and production of purple color (10, 11). We also tested a strain carrying an *ntrB*(Con) mutation, NCM3876, and corresponding mutant derivatives. Strains NCM3722 and NCM3876 [*ntrB*(Con)] could respire with uracil or uridine as N source at room temperature, whereas mutant derivatives could not (Fig. 2 and data not shown). Parental strain NCM3876 [*ntrB*(Con)] could also respire with thymidine or thymine as N source (data not shown). None of the strains could respire with pyrimidines as N source at 37°C.

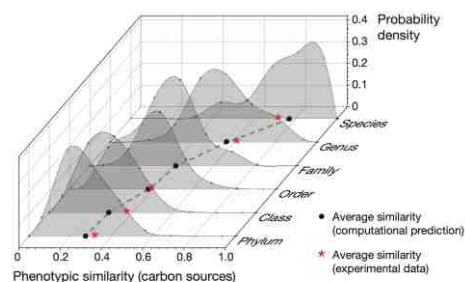
Low, Kustu, and coworkers., PNAS 103, 5114(2006). <https://doi.org/10.1073/pnas.0600521103>

### • 细菌的长期表型进化

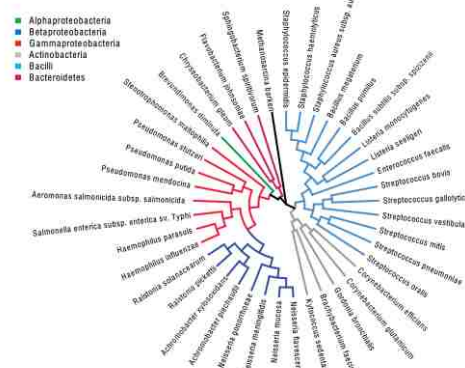


**Figure 2 | Evolution of bacterial metabolic growth phenotypes.** Genetic distances in the figure are based on bacterial 16S rRNA sequences. **a.** The evolution of phenotypic similarity in the usage of carbon sources for biomass synthesis. The colours represent the point density at a given genetic distance for all pairwise comparisons between metabolic models ( $n = 26,106$ ). The black line shows a three-parameter exponential fit to the computational predictions; the red line shows a moving average of the predictions. **b.** Like **a**, but phenotypic similarity in the usage of nitrogen sources for biomass production across metabolic models ( $n = 36,856$ ). **c.** Experimental analysis of the long-term phenotypic divergence trend. Grey points represent pairwise comparisons of

carbon usage phenotypes (Biolog data) between 40 bacterial species ( $n = 780$ ). The black squares represent the average values of experimental phenotypic similarity at different divergence distances. The black line represents an exponential fit to the experimental phenotypic similarity data; the red line represents an exponential fit to the computationally predicted phenotypic similarity data for biomass synthesis. **d.** The variability of experimental and computationally predicted phenotypic similarity at different divergence distances. The variability was quantified by the coefficient of variation, defined as the ratio of the standard deviation to the mean. Error bars in **c** and **d** represent s.e.m. obtained on the basis of 10,000 bootstrap re-samplings of the considered species.



**Figure 3 | Distribution of phenotypic similarity at different levels of bacterial taxonomic classification.** The distributions of phenotypic similarity in the usage of carbon sources for biomass synthesis were obtained based on computational simulations of metabolic models ( $n = 26,106$ ). The dashed line connects the average values (black dots) of computational predictions at each taxonomic level. The red asterisks in the figure indicate the average values of experimental data obtained using Biolog arrays (see Methods).

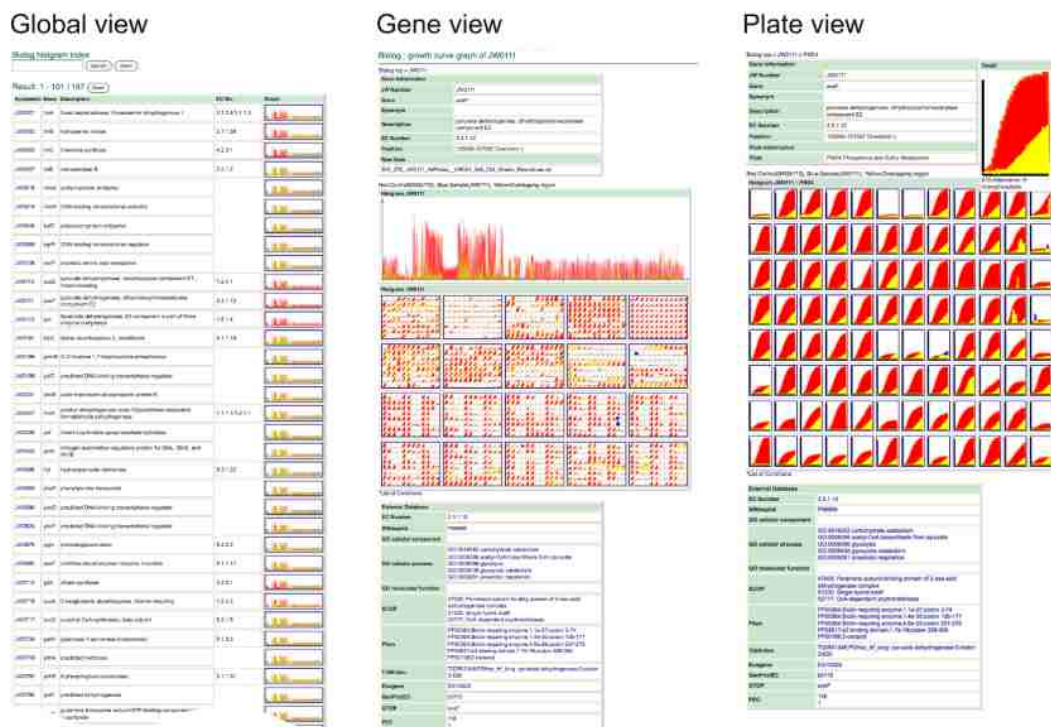


**Extended Data Figure 4 | Evolutionary relationship between 40 species for which experimental phenotypic microarray data were considered.** The cladogram is based on 16S bacterial rRNA sequences. Different colours indicate different bacterial clades. The tree was rooted in the *M. luteus* rRNA sequence.

Plata, G., Henry, C. & Vitkup, D., Nature 517, 369–372 (2015).

<https://doi.org/10.1038/nature13827>

### • 大肠杆菌K-12的综合资源数据库



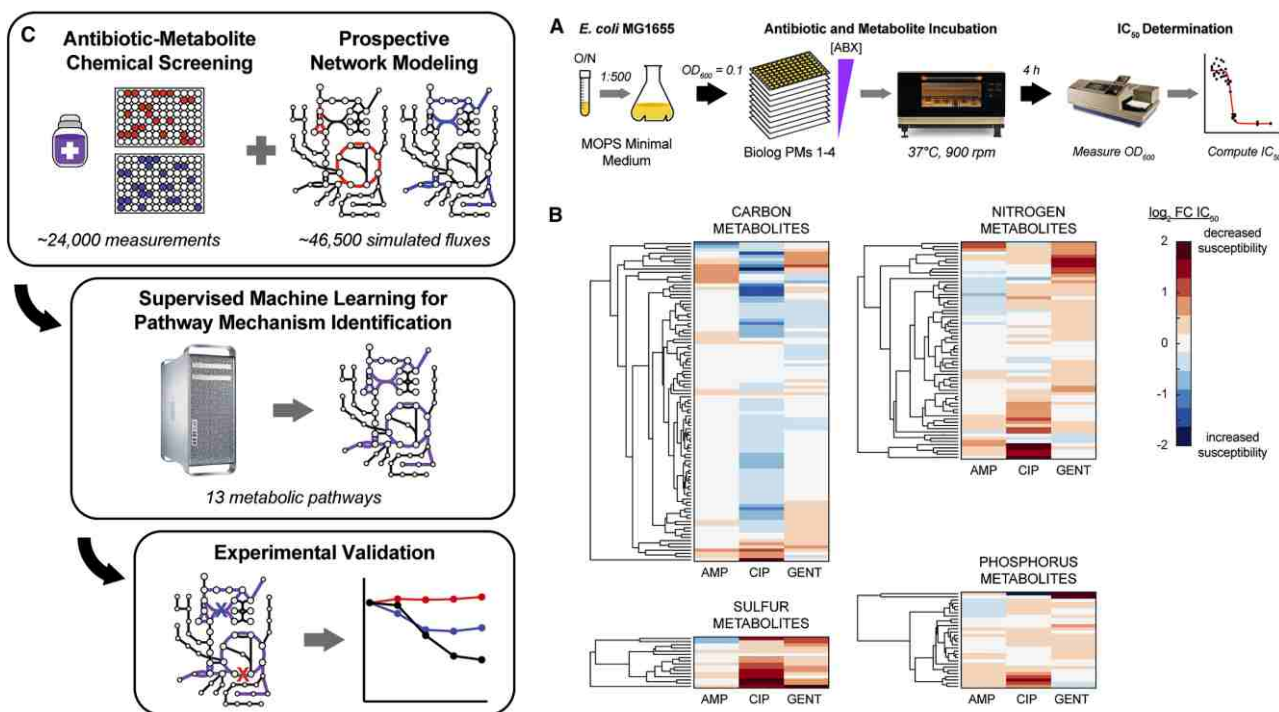
Yuta Otsuka et al., Nucleic Acids Research 43, D606–D617(2015).

<https://doi.org/10.1093/nar/gku1164>

## 二、微生物代谢模型及代谢分析

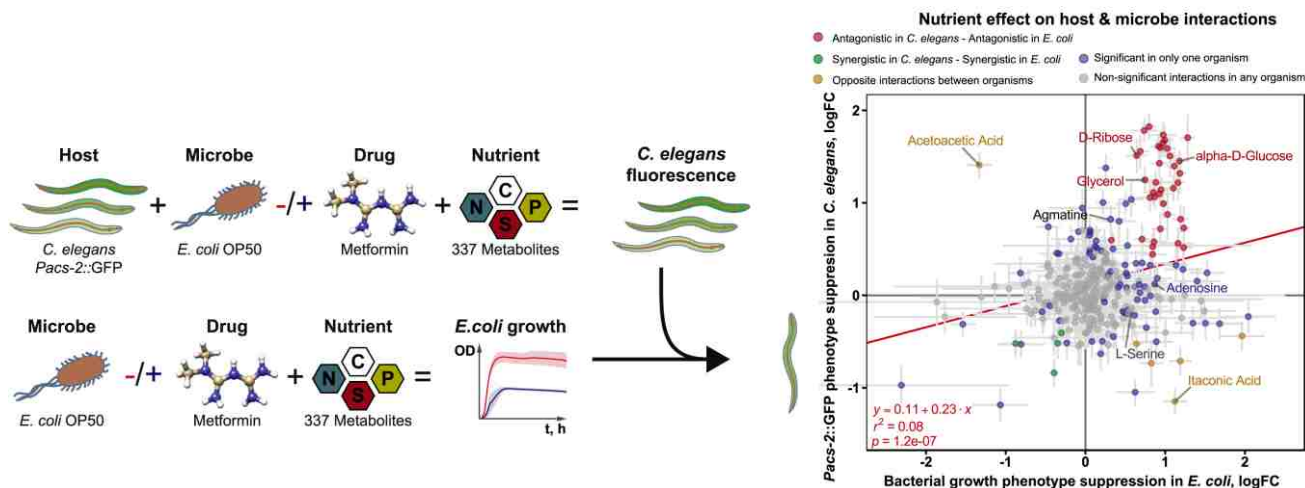
通过传统的代谢组学手段往往只能获得微生物的代谢产物信息,而无法获得相应代谢底物及代谢中间物的相关信息。而PM系统通过覆盖和微生物代谢相关的几乎所有代谢底物测试,可高通量的获取大量的代谢信息为后期建立代谢模型,推测代谢路径及为更进一步的研究提供大量有意义的数据。

- 使用不同抗生素下的PM代谢数据通过白盒机器学习方法揭示抗生素作用机制



Yang et al., Cell 177, 1649–1661(2019). <https://doi.org/10.1016/j.cell.2019.04.016>

- 研究宿主-微生物-药物-营养之间相互作用的高通量方法



Pryor et al., Cell 178, 1-14(2019). <https://doi.org/10.1016/j.cell.2019.08.003>

- 
- Figure 1: Metabolic pathways and carbon source utilization of *H. pylori*.**
- Carbon Source Utilization (AUC) Data:**
- | Carbon Source          | AUC (approx.) |
|------------------------|---------------|
| D-Ribose               | 9200          |
| L-Lyxose               | 8800          |
| L-Arabinose            | 8500          |
| D-Xylose               | 8200          |
| D-Arabinose            | 7800          |
| D-Mannose              | 6500          |
| D-Malic Acid           | 5800          |
| Pyruvic Acid           | 4800          |
| 2-Deoxy-D-Arabinose    | 4200          |
| Fumaric Acid           | 4100          |
| L-Asparagine           | 4000          |
| D-Alanine              | 4000          |
| L-Alanine              | 3900          |
| Succinic Acid          | 3800          |
| Bromosuccinic Acid     | 3500          |
| D-Gluconic Acid        | 3200          |
| D-Glucuronic Acid      | 2800          |
| D-Fructose-6-phosphate | 2500          |
| L-Lysine               | 2000          |
| D-Lysine               | 1500          |
| D-Galactose            | 1000          |
- Metabolic Pathways:**
- Glycolysis:**  $\alpha$ -D-glucose-1P  $\leftrightarrow$   $\alpha$ -D-glucose  $\leftrightarrow$   $\alpha$ -D-glucose-6P  $\leftrightarrow$   $\beta$ -D-glucose  $\leftrightarrow$   $\beta$ -D-glucose-6P  $\leftrightarrow$   $\beta$ -D-fructose-6P  $\leftrightarrow$   $\beta$ -D-fructose-1,6P<sub>2</sub>  $\leftrightarrow$  glyceraldehyde-3P  $\leftrightarrow$  dihydroxyacetone  $\leftrightarrow$  glycerate-1,3P<sub>2</sub>  $\leftrightarrow$  glycerate-3P  $\leftrightarrow$  glycerate-2P  $\leftrightarrow$  phosphoenolpyruvate  $\leftrightarrow$  pyruvate  $\leftrightarrow$  acetyl-coA.
  - Entner-Dooudoroff Pathway:** D-glucose-6P  $\leftrightarrow$  D-glucono-1,5-lactone-6P  $\leftrightarrow$  6-phospho-D-gluconate  $\leftrightarrow$  2-dehydro-3-deoxy-D-gluconate-6P  $\leftrightarrow$  pyruvate.
  - Non-oxidative Pentose Phosphate Pathway:**  $\beta$ -D-fructose-6P  $\leftrightarrow$  D-erythrose-4P  $\leftrightarrow$  D-sedoheptulose-7P  $\leftrightarrow$  D-ribose-5P  $\leftrightarrow$  D-xylulose-5P  $\leftrightarrow$  D-ribose.
  - TCA Cycle:** acetyl-coA  $\leftrightarrow$  citrate  $\leftrightarrow$  oxaloacetate  $\leftrightarrow$  L-glutamate  $\leftrightarrow$  isocitrate  $\leftrightarrow$  oxalosuccinate  $\leftrightarrow$   $\alpha$ -ketoglutaric acid  $\leftrightarrow$  succinyl-coA  $\leftrightarrow$  succinate  $\leftrightarrow$  fumarate  $\leftrightarrow$  malate  $\leftrightarrow$  oxaloacetate.
- Legend:**
- Core carbon source used by all *H. pylori* strains, as indicated by PM data
  - $\cdots \rightarrow$  Involves series of reactions
  - $\rightarrow$  or  $\leftrightarrow$  Enzymatic reactions that able to be performed by *H. pylori*

**Measured metabolic activity (Phenotype microarray)**

min max

**Predicted metabolic activity (Ensemble FBA)**

min max

**Inorganic compounds**

**Protein amino acids**

**Nitrogen bases**

Root19 - Measured  
Root6201 - Measured  
Root497 - Measured  
Root19 - Predicted  
Root6201 - Predicted  
Root497 - Predicted

Ammonia  
Hydroxylamine  
Nitrate  
Nitrite  
Glycine  
L-Alanine  
L-Arginine  
L-Asparagine  
L-Aspartic  
L-Cysteine  
L-Glutamic  
L-Glutamine  
L-Histidine  
L-Isoleucine  
L-Leucine  
L-Lysine  
L-Methionine  
L-Phenylalanine  
L-Proline  
L-Serine  
L-Threonine  
L-Tryptophan  
L-Tyrosine  
L-Valine  
Adenine  
Cytosine  
Guanine  
Thymine  
Uracil  
Xanthine

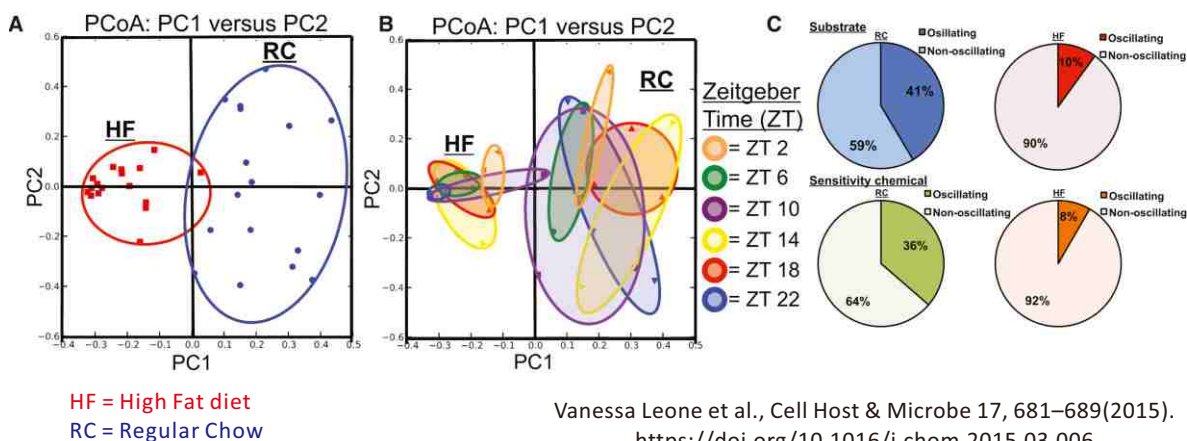
[illegible]

7

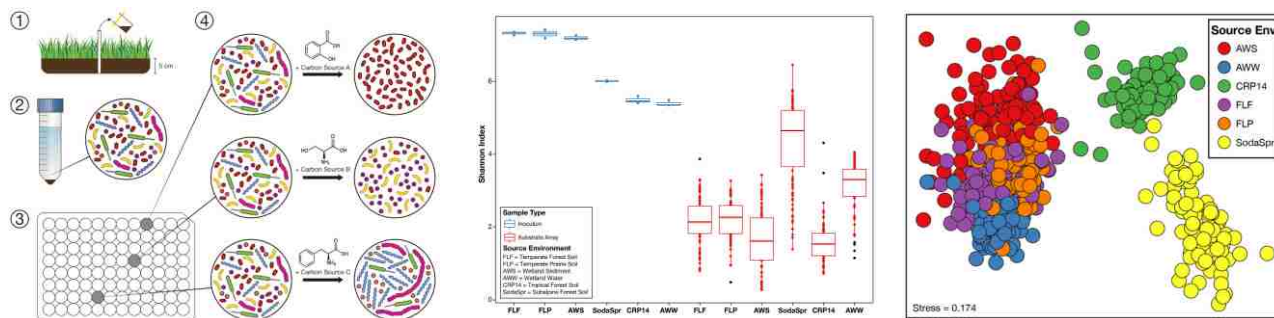
### 三、微生物组(微生物群落)分析

Biolog PM 从微生物组代谢功能的角度提供了一个不同的研究方法。通过检测不同基质(多糖、糖、蛋白质、氨基酸、羧酸、脂肪酸等)相对代谢率的变化,可以简便且直观的反映活细胞的代谢情况。用整体论的方法(Holistic Approach)将微生物群落当成一个有功能的整体来进行研究。

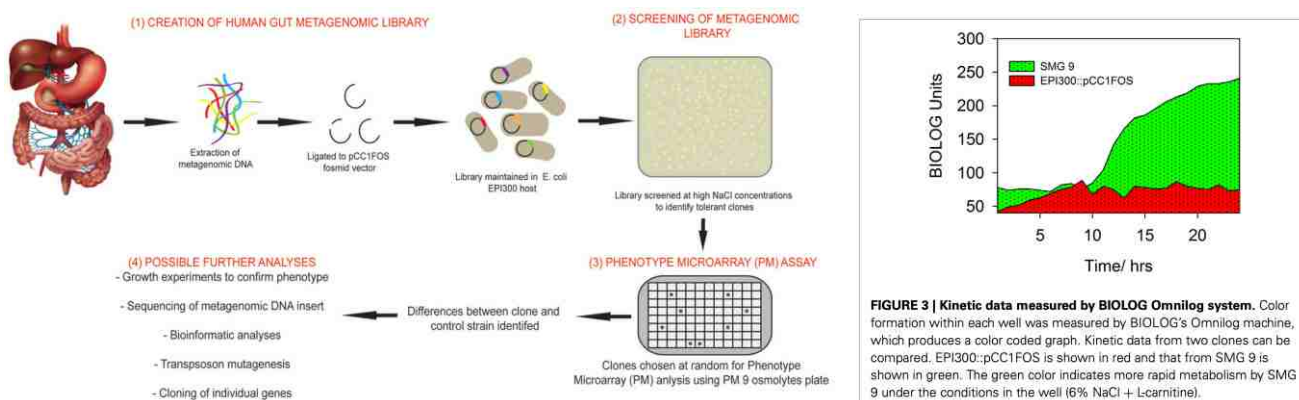
- 肠道微生物的代谢活动不仅取决于饮食,而且饮食与一天中的不同时间之间存在明显的相互作用



- 单一碳源对环境微生物群落形成的影响



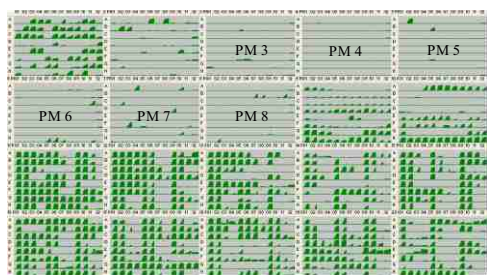
- 使用PM技术筛选从人肠道宏基因组库中分离的许多耐盐克隆,以评估其功能能力



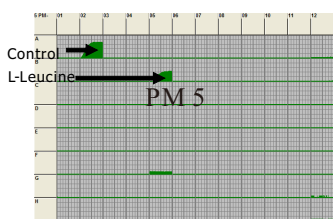
Eamonn P. Culligan et al., Front. Microbiol. 5, 189(2014). <https://doi.org/10.3389/fmicb.2014.00189>

## 四、发酵条件优化及代谢调控研究

- 发酵条件优化: PM技术可用于微生物发酵条件优化, 例如用PM1-10, 在2天内可获得约1000个代谢信息, 对这些信息进行分析后, 可获得最有用的几十个对细胞培养有利的底物信息, 进一步优化后可以快速确定细胞的最佳培养条件。
- 代谢调控因子研究: 通过将实验组(细胞+调控因子)与对照组(细胞, 不含调控因子)接种在同一种PM板上, 培养数天后, 可以获得大量的信息, 通过软件对比, 可以快速找到调控因子对代谢的影响。
- 优化孢子萌发的条件、孢子形成条件研究: 在真菌研究和应用领域, 孢子的萌发和形成是经典的研究方向。将PM技术与传统的真菌形态学观察相结合, 可以快速找到影响孢子萌发和形成的因素。
- 优化二级代谢产物生成条件: 如抗生素, 细菌、真菌毒素的产生, 将PM技术与抑菌圈法、色谱法、直观颜色判断法或活细胞测试等相结合, 通过快速确定培养后PM板每个微孔中的菌液是否含有相应的刺激代谢产物。
- 发现有用的酶活性: 将PM技术与其它酶活快速筛选或生物信息学方法结合, 可对培养后的PM板的每个微反应体系进行快速初筛, 以判断某种底物是否对产生特定酶有用。



代谢反应的整体观察 (野生型菌株)

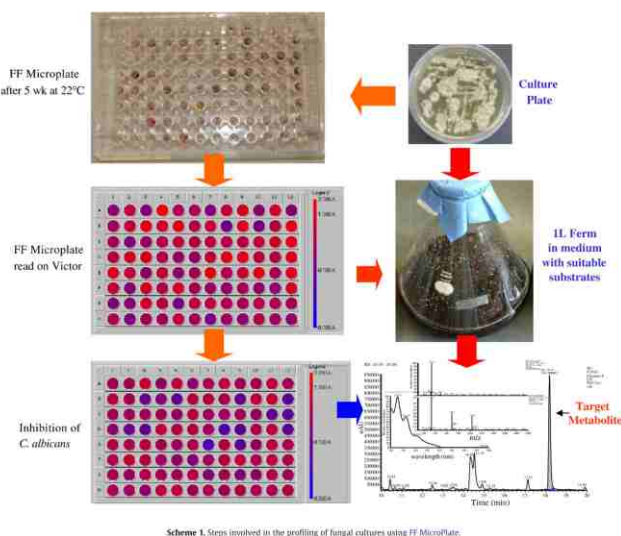


**Peptides**  
Asp-Leu  
Leu-Ala  
Leu-Arg  
Leu-Asp  
Leu-Glu  
Leu-Gly  
Leu-Met  
Leu-Trp  
Lys-Leu  
Met-Leu  
Pro-Leu

**Peptides**  
Ser-Leu  
Thr-Leu  
Trp-Leu  
Tyr-Leu  
Ile-Leu  
Leu-Asn  
Leu-Tyr  
D-Ala-Leu  
Leu-b-Ala  
Leu-D-Leu  
Gly-Gly-D-Leu  
Gly-Gly-Leu

PM 6-PM 8 的结论验证了 PM 5 的发现, 亮氨酸对生长是必需的, 支持该菌株生长的肽中都含有亮氨酸

### 优化真菌目标代谢产物的产生

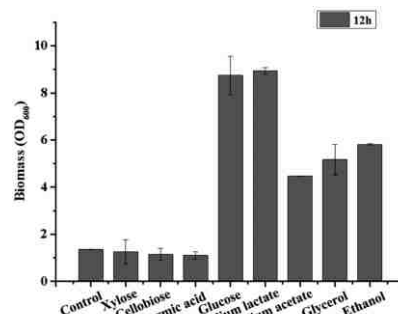


M.P. Singh et al., J. Micro. Methods 77,102 - 108 (2009).  
<https://doi.org/10.1016/j.mimet.2009.01.014>

### 盐单胞菌TD01代谢底物分析及低成本发酵底物筛选

Utilization of different compounds as sole carbon source by *Halomonas* TD01

| Category         | Plate position | Carbon source         | Growth observed | Omnilog unit (OU) |
|------------------|----------------|-----------------------|-----------------|-------------------|
| Negative control | PM1-A01        | Without carbon source | -               | 68                |
| Carbohydrate     | PM1-A10        | D-Trehalose           | +               | 276               |
|                  | PM1-B02        | D-Sorbitol            | +               | 265               |
|                  | PM1-B03        | Glycerol              | +               | 257               |
|                  | PM1-B11        | D-Mannitol            | +               | 269               |
|                  | PM1-C07        | D-Fructose            | +               | 273               |
|                  | PM1-C09        | α-D-Glucose           | +               | 268               |
|                  | PM1-C10        | Maltose               | +               | 268               |
|                  | PM1-D09        | α-D-Lactose           | +               | 204               |
|                  | PM1-D11        | Sucrose               | +               | 260               |
|                  | PM1-A02        | L-Arabinose           | +               | 165               |
|                  | PM1-B08        | D-Xylose              | +               | 159               |
| Carboxylic acid  | PM1-F11        | D-Cellobiose          | +               | 189               |
|                  | PM1-A05        | Succinic acid         | +               | 269               |
|                  | PM1-B06        | D-Gluconic acid       | +               | 267               |
|                  | PM1-B09        | L-Lactic acid         | +               | 256               |
|                  | PM1-B10        | Formic acid           | +               | 138               |
|                  | PM1-C03        | DL-Malic acid         | +               | 265               |
|                  | PM1-C08        | Acetic acid           | +               | 258               |
|                  | PM1-F02        | Citric acid           | +               | 268               |
|                  | PM1-H08        | Pyruvic acid          | +               | 276               |

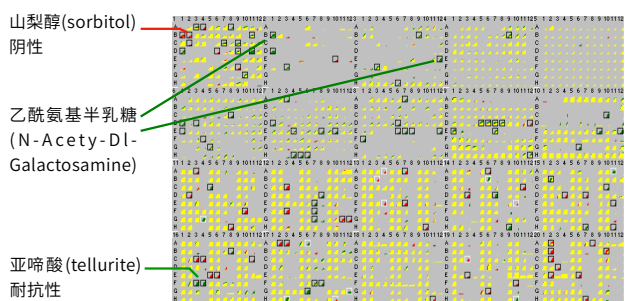


J. Zhang, et al., Journal of Biotechnology 316, 1-5 (2020)  
<https://doi.org/10.1016/j.jbiotec.2020.04.007>

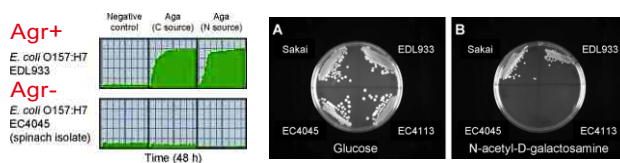
## 五、菌株(不同处理、环境)间代谢信息的比较与分析

通过分子生物学手段往往无法区分同种微生物的不同菌株,更无法对相同菌株在不同环境下的特性进行对比分析,而PM系统则可快速锁定其代谢差异,为后期进一步的研究指明方向并提供相应数据。特别适合微生物代谢、致病机理研究以及进行流行病学分析。

### 致病的大肠杆菌菌株(E. coli O157:H7)的分析



致病的(O157:H7)和非致病的野生型(MG1655) E. coli 之间的代谢比较

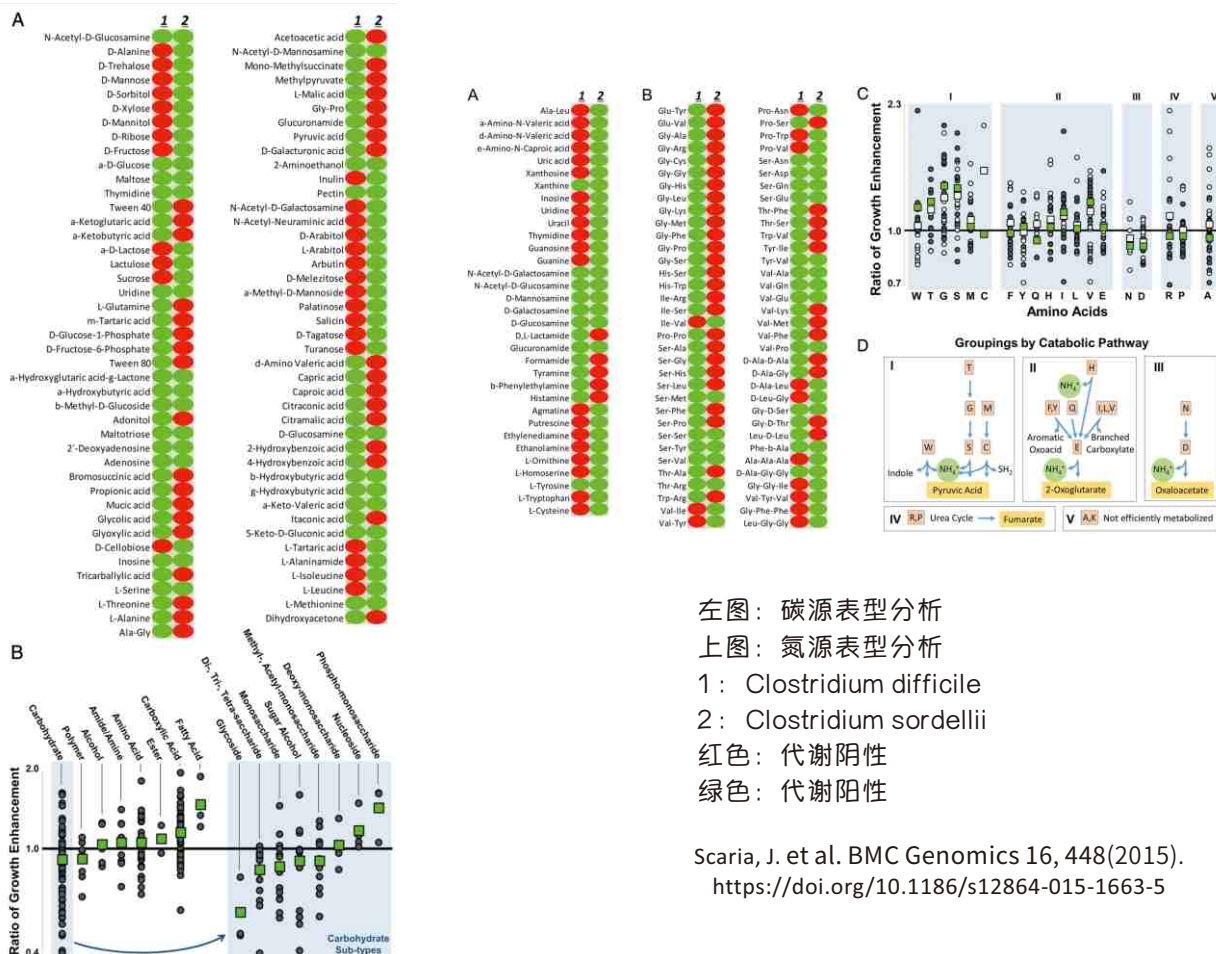


PM plot of the utilization of Aga by E. coli O157:H7 EDL933 and EC4045, a spinach isolate. Data derived from the increase in intensity of the color of the reduced dye A, expressed in AU (maximum of 500 AU), are plotted against time (48 h) using the PM software from Biolog. E. coli O157:H7 EDL933 utilizes Aga as carbon and nitrogen sources, whereas EC4045, a spinach isolate, cannot.

美国FDA实验室常规应用表型分析其收集的肠道病原菌标本,由此发现Aga阳性的E.coli O157:H7菌株

Amit Mukherjee et al., J. Bacteriology 190, 1710-1717(2008).  
<https://doi.org/10.1128/JB.01737-07>

### 艰难梭菌Clostridium difficile和索氏梭菌Clostridium sordellii代谢表型比较

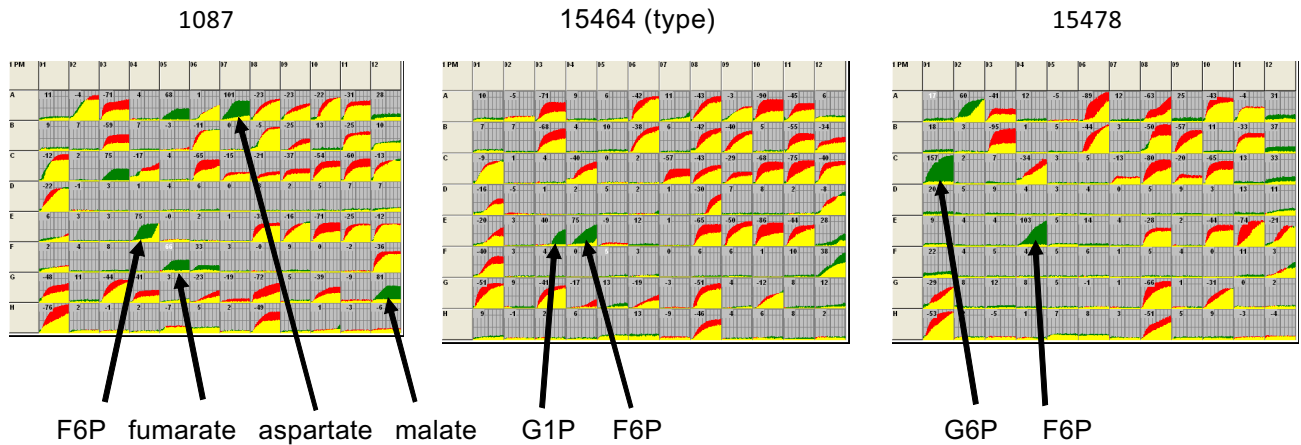


Scaria, J. et al. BMC Genomics 16, 448(2015).  
<https://doi.org/10.1186/s12864-015-1663-5>

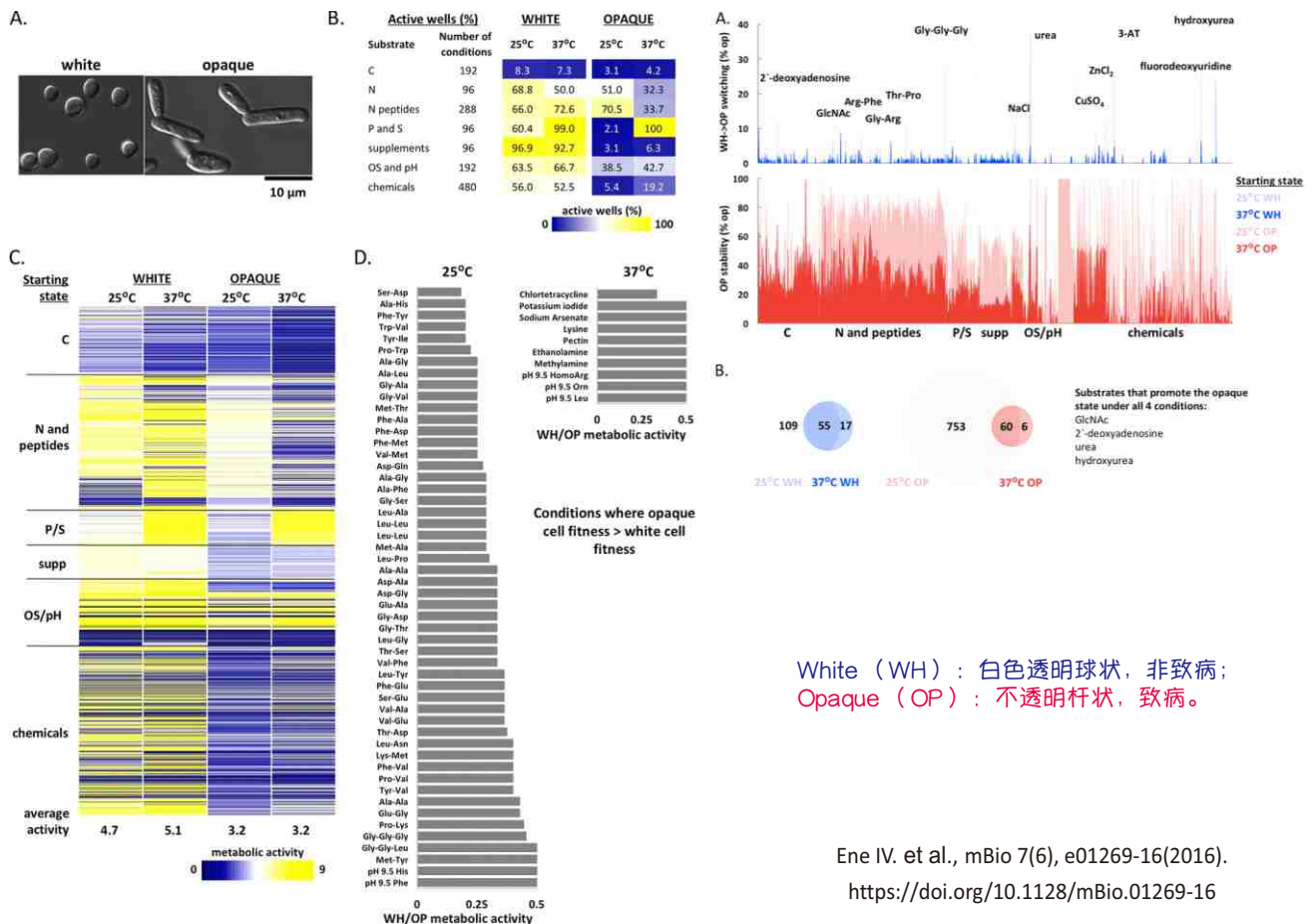
• 假结核耶尔森氏菌 *Yersinia pseudotuberculosis* 不同温度下碳源代谢差异

假结核耶尔森氏菌在 26°C vs 33°C, 低温下打开磷酸单糖的代谢通道。

最近研究表明, 耶尔森氏菌有一种对温度敏感的蛋白 RovA, 它是一种重要的致病性调控因子。

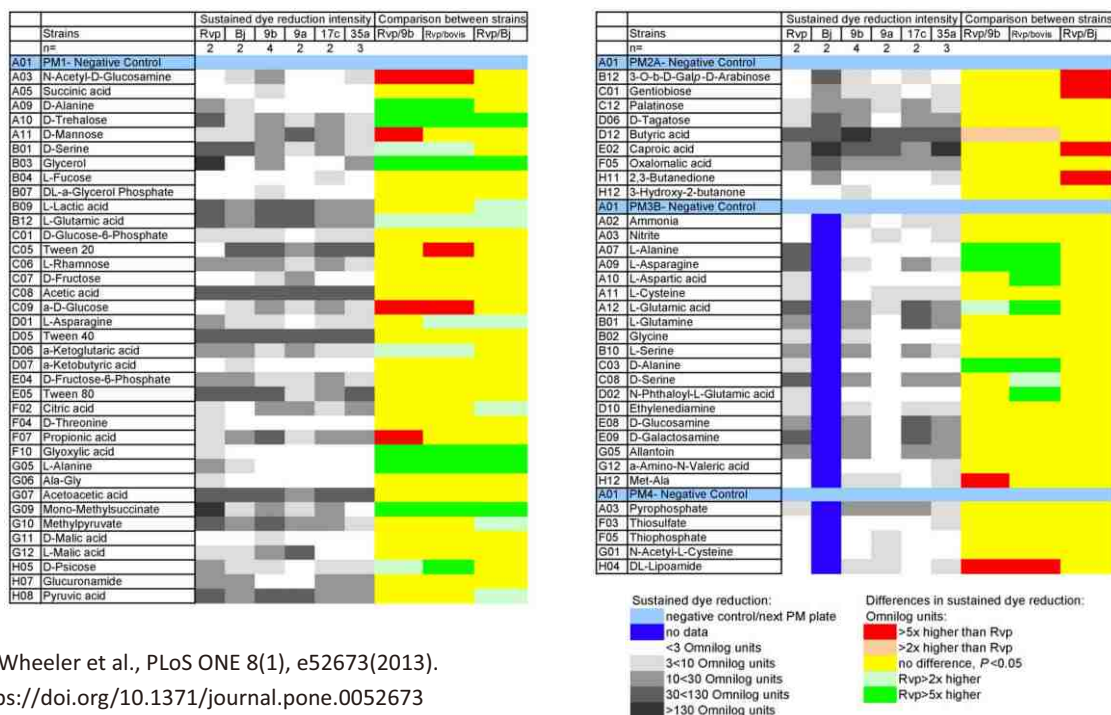


• 白色念珠菌 *Candida albicans* 不同形态、温度下代谢差异

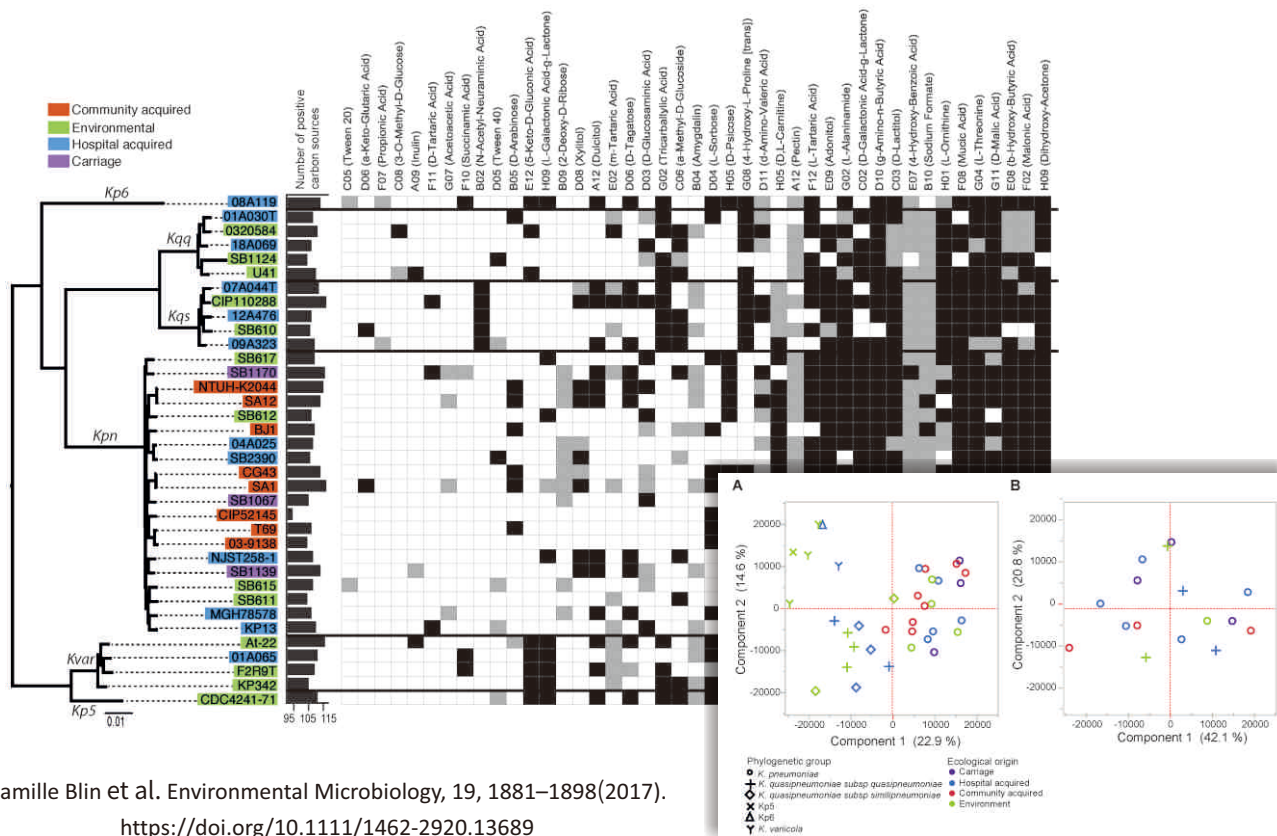


## 六、流行病学分析

### • 结核分枝杆菌 *Mycobacterium tuberculosis* 代谢表型分析

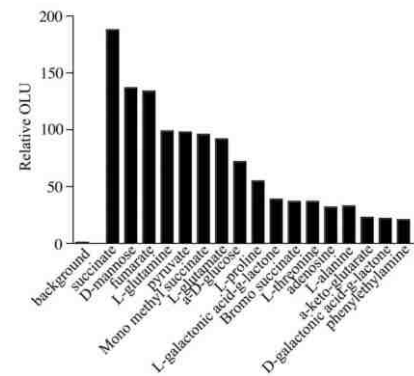


### • 肺炎克雷伯菌 *Klebsiella pneumoniae* 代谢表型谱系分析及主成分分析



PM系统除了常用于细菌、真菌等微生物的表型测试研究外,还可用于立克次氏体、噬菌体等不易培养的微生物的表型测试。此平台具有广泛的可扩展的潜力,可用于测试几乎所有种类微生物的表型,甚至还能用于小球藻等单细胞生物的研究。

- 



Anders Omsland et al., PNAS 106, 4430(2009).  
<https://doi.org/10.1073/pnas.0812074106>

- A**

2-Aminoethanol  
2-Deoxy-D-Ribose  
2'-Deoxyadenosine  
4-Hydroxybenzoic Acid  
Acetamide  
Acetic Acid  
Acetoacetic Acid  
Adenosine  
Butyric Acid  
Capric Acid  
Citric Acid  
D,L-Citramalic Acid  
D,L-Malic Acid  
D,L-a-Glycerol Phosphate  
D-Fructose  
D-Fructose-6-Phosphate  
D-Galactose  
D-Gluconic Acid  
D-Glucose-1-Phosphate  
D-Glucose-6-Phosphate  
D-Mannose  
D-Melibiose  
D-Raffinose  
D-Ribose  
D-Saccharic Acid  
D-Serine  
D-Sorbitol  
D-Trehalose  
Dihydroxyacetone  
Formic Acid  
Fumaric Acid  
Glycerol  
Glycine  
Glycolic Acid  
Glyoxylic Acid  
Hydroxy-L-Proline  
Inosine  
L-Alanine  
L-Arabinose  
L-Arginine  
L-Asparagine  
L-Aspartic Acid  
L-Glutamic Acid  
L-Glutamine  
L-Histidine  
L-Homoserine  
L-Isoleucine  
L-Lactic Acid  
L-Leucine  
L-Lysine  
L-Malic Acid  
L-Methionine  
L-Ornithine  
L-Phenylalanine  
L-Proline  
L-Serine  
L-Threonine  
L-Valine  
N-Acetyl-D-Glucosamine  
N-Acetyl-L-Glutamic Acid  
Oxalic Acid  
Propionic Acid  
Putrescine  
Pyruvic Acid  
Succinic Acid  
Sucrose  
Thymidine  
Uridine  
a-D-Glucose  
a-D-Lactose  
a-Hydroxybutyric Acid  
b-Hydroxybutyric Acid  
b-Hydroxypropyruvic Acid  
m-Inositol

**B**

Acetamide  
Adenine  
Adenosine  
Agmatine  
Allantoin  
Ammonia  
Cytidine  
Cytosine  
D,L-a-Amino-N-Butyric Acid  
D-Glucosamine  
D-Serine  
Ethanolamine  
Ethylamine  
Glycine  
Guanine  
Guanosine  
Histamine  
Inosine  
L-Alanine  
L-Arginine  
L-Asparagine  
L-Aspartic Acid  
L-Citrulline  
L-Cysteine  
L-Glutamic Acid  
L-Glutamine  
L-Histidine  
L-Homoserine  
L-Isoleucine  
L-Leucine  
L-Lysine  
L-Methionine  
L-Ornithine  
L-Phenylalanine  
L-Proline  
L-Serine  
L-Threonine  
L-Tryptophan  
L-Tyrosine  
L-Valine  
Methylamine  
N-Acetyl-D,L-Glutamic Acid  
N-Acetyl-D-Glucosamine  
Nitrate  
Nitrite  
Putrescine  
Thymidine  
Uracil  
Urea  
Uric Acid  
Uridine  
Xanthine  
Xanthosine

**C**

| Carbon sources          | TP | TN | FP | FN | Accuracy | Sensitivity | Specificity | Positive Predicted Value |
|-------------------------|----|----|----|----|----------|-------------|-------------|--------------------------|
| <b>Carbon sources</b>   |    |    |    |    |          |             |             |                          |
| Heterotrophy            | 38 | 18 | 8  | 10 | 0.76     | 0.79        | 0.69        | 0.83                     |
| <b>Nitrogen sources</b> |    |    |    |    |          |             |             |                          |
| Heterotrophy            | 27 | 17 | 8  | 1  | 0.83     | 0.96        | 0.68        | 0.77                     |

Mixotrophy 混合营养

Cristal Zuñiga et al. Plant Physiology 172,  
589-602(2016).  
<https://doi.org/10.1104/pp.16.00593>

13

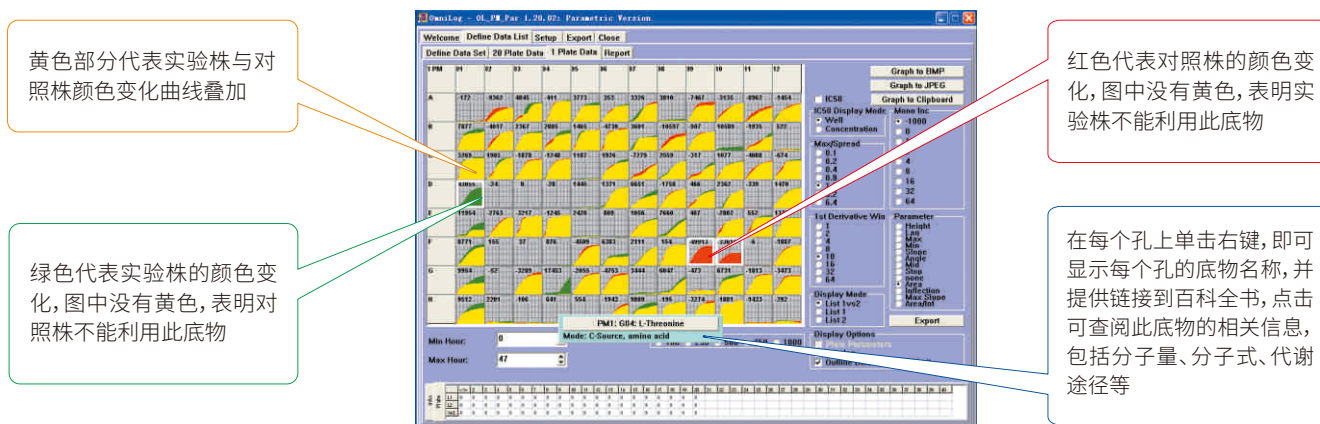
## PM 软件

Pm系统包含两张软件光盘，包含的软件如下：

CD1:Data Collection 数据收集软件

CD2:Data File converter数据转换软件，File management/Kinetic Analysis动力学分析软件，

Parametric Analysis 菌株表型对比软件



## 订货信息

| 货号         | 描述                                                            | 备注                                                                      |
|------------|---------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------|
| 93182      | Omnilog PM system<br>Omnilog PM表型分析系统                         | 适用于只做PM表型分析的用户含Omnilog主机、浊度计、八道移液器、电脑、软件套装                              |
| 94372      | Omnilog Combo system<br>微生物全自动鉴定及表型分析系统                       | 适用于做PM表型分析和好氧细菌鉴定的用户含Omnilog主机、浊度计、八道移液器、电脑、软件套装。可选Gen III数据库。          |
| 94392      | Omnilog Combo Plus system<br>微生物全自动鉴定及表型分析系统                  | 适用于做PM表型分析和微生物鉴定的用户含Omnilog主机、浊度计、八道移液器、电脑、软件套装。可选Gen III, AN, YT和FF数据库 |
| UA24000-PM | Upgrade Add PM to OL DC SW Rls 2.3<br>在OMNILOG鉴定基础上升级添加PM软件模块 | PM数据收集软件和数据分析软件套装<br>注：此升级仅适当软件版本>2.1的用户，早期的1.X版本硬件不同，需要升级硬件 (R91360M)  |
| R91360M    | Retrofit Upg to OL USB optics<br>硬件升级套装                       | 适合DC软件版本<2.1的用户，更换整个拍照装置和数据接口                                           |

## PM 耗材

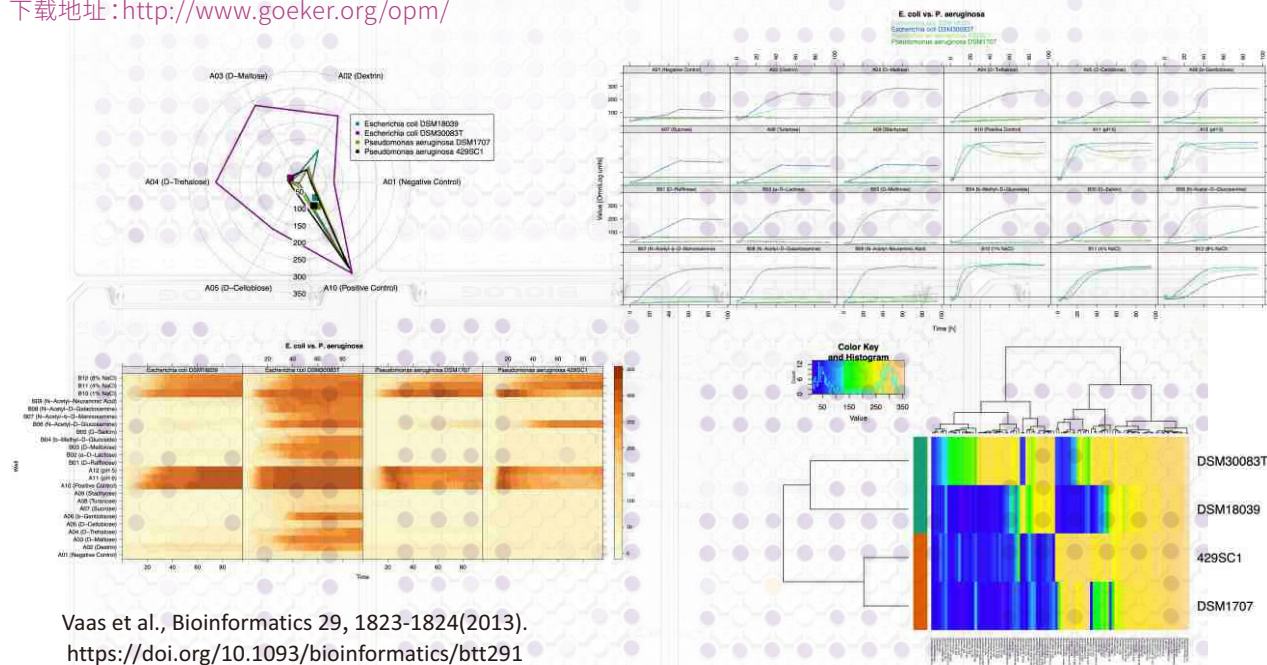
PM实验所需的耗材取决于菌株和做哪种PM板，购买前请咨询专业人员

|       |                                       |
|-------|---------------------------------------|
| 培养基   | 通常用BUG、BUA、BUY或其它客户准备的培养基             |
| PM板   | PM1-25, 按需要选择                         |
| 接种液   | 不同PM板或不同种类微生物所使用的接种液不同，分为五类           |
| 染料    | 分为7种(A、B、D、E、F、G、H)，每类微生物使用的染料不同；     |
| 其它添加物 | 如做PM3-8时，需要添加额外的碳源，对于不同微生物，厂家会推荐最佳的碳源 |

## 强大的第三方分析工具

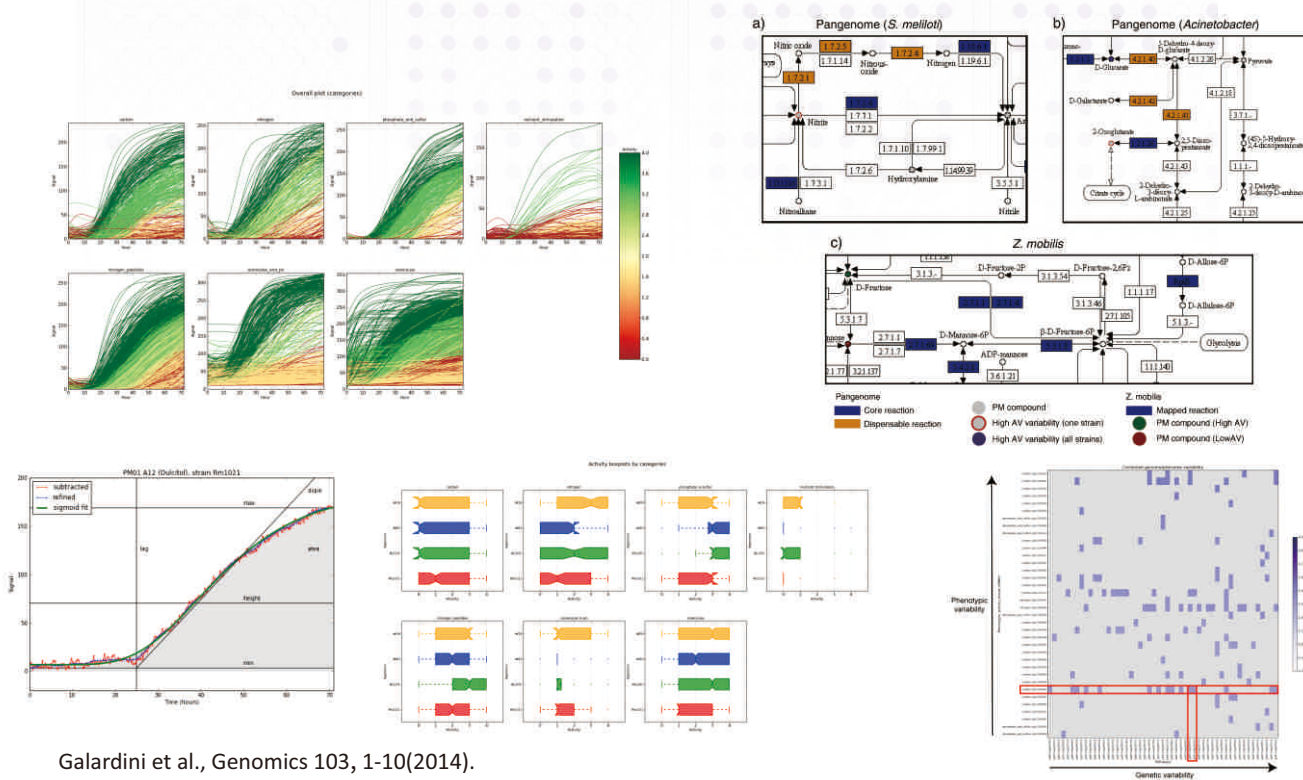
OPM是一个基于R语言环境的统计学软件包,用于PM数据分析,提供了优化和分析动力学曲线、聚合曲线参数、记录样品和实验设置的相关元数据以及用图形和统计方法分析高度复杂的数据集等工具。该软件包还包括95%的置信度图,增强的热图图形以及用于比较动力学曲线的定制多重比较,还可以将数据和KEGG数据库结合分析代谢路径等。

下载地址: <http://www.goeker.org/opm/>



DuctApe是一个用python编写的数据分析软件,可帮助生物信息学家分析基因组和表型实验数据。该软件将基因组信息(编码为KEGG代谢路径)与表型微阵列(Phenomic Microarrays)的结果相结合,并突出显示可能导致表型变异的基因。

下载地址: <http://combogenomics.github.io/DuctApe/>



华粤企业集团成立于1991年。经过近30年的发展壮大,已经成为行业的实验室专业方案提供者和解决者,茁壮成长成为行业内最具规模、最有影响力的公司之一。

华粤当初以代理销售专业仪器设备为主扩展事业版图,通过不断整合、发展行业内的专业资源和业务,从单一的仪器代理进而进军多元化领域,创建自主品牌,产品涵盖生命科学、微生物、生物制药、生殖医学、脐血干细胞和细胞治疗、公共安全等领域,并在国内各大主要省市均设有分公司或服务机构。



各子公司和事业部依托集团公司构建的综合信息管理平台,共享集团公司优质和丰富的客户资源、市场信息和先进的产品技术;凭着优良的产品线组合,专业的技术和售后服务团队,经验丰富、充满活力的销售服务团队和保障有力的后勤团队,以诚信务实和追求卓越的经营理念,竭诚为全国各地的高校、医疗机构、科研机构、政府部门和相关生产单位的科学家、科研人员、实验室工作者和质检人员等提供最优质的服务和支持。

秉着“为客户提供最专业、最优质的服务,一切工作以客户为中心”的宗旨,也本着受益于社会、回馈于社会的初衷和振兴民族工业科技和医疗事业的精神,华粤企业集团将进一步加快和深化公司在生物制药、生殖医学、细胞治疗、微生物以及公共安全等行业的纵横发展,全面研发和制造中国产品,为行业提供更优质、更专业、更全面、更完善的服务;为人类健康,为中国科技不断的进步和发展贡献我们应有的力量!



www.huayueco.com

email: info@huayueco.com

|           |                              |                                |                  |           |
|-----------|------------------------------|--------------------------------|------------------|-----------|
| <b>广州</b> | 广州市番禺区兴南大道483号华粤大厦           | 电话:020-34821111 (50条线)         | 传真:020-34820098  | 邮编:511442 |
| <b>香港</b> | 香港九龙湾宏开道19号健力工业大厦6楼617室      | 电话:852-27703628 (8条线)          | 传真:852-27511904  |           |
| <b>北京</b> | 北京市朝阳区永安东里甲三号通用国际中心A座11层     | 电话:010-57917860 / 56/68/75/79  | 传真:010-57917851  | 邮编:100022 |
| <b>上海</b> | 上海市黄浦区延安东路175号旺角广场2101-2107室 | 电话:021-31262111 (10条线)         | 传真:021-50945180  | 邮编:200000 |
| <b>杭州</b> | 杭州市萧山区钱江世纪城利二苑12幢1单元3201室    | 电话:0571-28036866 / 18767150715 | 传真:0571-28036870 | 邮编:310000 |
| <b>南京</b> | 南京市江东北路418号-30二楼             | 电话:025-85501220 / 85501229     | 传真:025-83220158  | 邮编:210009 |
| <b>郑州</b> | 郑州市经三路68号1号楼平安大厦6006室        | 电话:0371-69123061               | 传真:0371-69123061 | 邮编:450008 |
| <b>西安</b> | 西安市碑林区长安北路1号陕西会展国际大厦1650室    | 电话:13720583958                 |                  | 邮编:710004 |
| <b>南宁</b> | 南宁市江南区江南街道星光大道昌耳录2号          | 电话:0771-2617365 / 18176212188  | 传真:0771-2617365  | 邮编:530022 |
| <b>成都</b> | 成都市人民南路四段49号曼哈顿大厦9-21        | 电话:028-85250313 / 179 / 193    | 传真:028-85350748  | 邮编:610041 |
| <b>武汉</b> | 武汉市青山区新沟桥13街105门5号           | 电话:13971020201                 |                  | 邮编:430077 |
| <b>海口</b> | 海口市美兰区大英山东一路7号国瑞城雅仕苑2栋1-3A01 | 电话:13078909283                 | 传真:0898-66701727 | 邮编:570203 |
| <b>昆明</b> | 昆明市西山区前卫西路未名城A7一幢2005        | 电话:0871-65328821               |                  | 邮编:650233 |
| <b>天津</b> | 天津市华苑产业区物华道2号B座626室          | 电话:13702160825                 |                  | 邮编:300192 |
| <b>重庆</b> | 重庆市九龙坡区二郎居然之家3栋27-3          | 电话:18680847671                 |                  | 邮编:400000 |
| <b>青岛</b> | 青岛市市北区九江路23号-602             | 电话:18561307135 / 18663967817   |                  | 邮编:266000 |
| <b>新疆</b> | 乌鲁木齐市沙依巴克区骑马山路上海紫园4-3-1002   | 电话:13199808395                 |                  | 邮编:830026 |
| <b>兰州</b> | 甘肃省兰州市城关区南滨河路405号            | 电话:13919391666                 |                  | 邮编:730000 |