

# 基于DNBSEQ-G99平台的RNA病原微生物宏基因组测序方案

—快速,精准的测序方案为未知病原的识别和流行病学研究提供强大工具

## ■ 亮点

### 全流程速度快

搭配 DNBSEQ-G99ARS 测序仪,9 小时可完成 PE100 测序

### 数据质量优异

独有的 DNBSEQ 测序技术,为下游分析提供高质量的测序数据

### 自动化程度高

搭配自动化文库制备系统 MGISP-100 及数据分析软件,可实现自动化建库及数据分析,最大程度减少了人工介入

### 分析功能齐全

自主开发的软件满足识别,基因组组装,变异监测和溯源的需求

## ■ 简介

该策略基于华大智造自主研发的试剂、自动化样本制备系统、高通量测序平台以及数据处理系统,覆盖从样本到结果全流程,可对RNA病原进行快速、准确的测序,为未知病原微生物的识别,基因组组装和溯源提供强大工具。

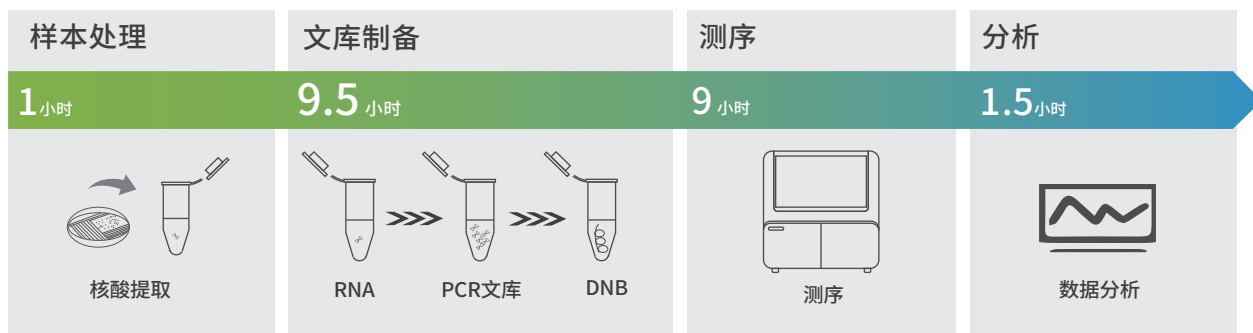


图1 流程示意图

DNBSEQ-G99ARS是目前全球中小通量测序仪中速度最快的机型之一,12小时可完成 PE150测序,数据产出高效且优质。内置计算模块,实现测序生信一体化。可搭配多时点数据输出模式(Bioanalysis By Sequencing, BBS),分别在SE40, SE100和PE100的时候进行数据分析,实现快速识别病原。

表1 推荐测序参数

预期用途	推荐读长	单样本Reads	通量/FC
RNA病原测序	识别: SE50	识别: 20M	识别: 4样本/FC
	组装: PE100	组装: 80M	组装: 1样本/FC

微生物组装溯源软件MGAP基于MPS和基因组学技术,实现从测序数据到基因组组装、系统进化分析、自动计算变异检测结果供研究参考,还可根据实际需求灵活选择分析模块。

微生物快速识别软件(PFI)是基于DNBSEQ测序平台而开发的微生物快速识别系统。可实现在本地快速、准确的对原始标本中的微生物进行识别,自动出具分析结果,为感染性疾病的研究提供参考。

## ■ 测试数据

### | 测序质量

对1例含有猪传染性胃肠炎病毒 ( swine transmissible gastroenteritis virus ) RNA的模拟样本 ( 1%病毒RNA + 99% Universal Human Reference RNA ) 进行了文库制备, 测序和分析, 数据产量达到121 M reads, Q30达到96%, 拆分率>92%, 满足下游分析需求。

表2 下机质控信息

	数据产量Reads ( M )	Q30 ( % )	拆分率 ( % )
下机结果	121.1	96.69	92.3

## 识别结果

通过软件分析,该样本在种水平上被识别为甲型冠状病毒1,亚种水平被识别为Transmissible gastroenteritis virus,如表3和表4所示,分析结果符合预期。

表3 种水平识别结果

类别	物种拉丁名	物种中文名	实际识别序列数	校正识别序列数	丰度
Viruses	<i>Alphacoronavirus 1</i>	Alphacoronavirus 1	110,118	110,118	80.90%
Viruses	<i>Porcine epidemic diarrhea virus</i>	Porcine epidemic diarrhea virus	13,147	13,147	9.66%
Bacteria	<i>Pseudomonas putida</i>	恶臭假单胞菌	344	5,057	3.72%
Viruses	<i>Alphapapillomavirus 7</i>	乳头瘤病毒7	2,996	2,996	2.20%
Bacteria	<i>Pseudomonas stutzeri</i>	施氏假单胞菌	257	2,147	1.58%
Bacteria	<i>Ralstonia mannitolilytica</i>	解甘露醇罗尔斯通氏菌	159	1,546	1.14%
Bacteria	<i>Pseudomonas fluorescens</i>	荧光假单胞菌	74	991	0.73%
Bacteria	<i>Thermus aquaticus</i>	水生栖热菌	97	116	0.08%

表4 种水平识别结果

类别	物种拉丁名	物种中文名	实际识别序列数	校正识别序列数	丰度
Viruses	<i>Transmissible gastroenteritis virus</i>	甲型冠状病毒1	46,717	154,587	100.00%

## 有参组装结果

测序序列比对到参考基因组上,比对率100%,覆盖度>99%,组装质量优异。

表5 组装结果

比对 Reads 数目	比对率 (%)	平均深度	中位数深度	覆盖率 (%)	4x 覆盖 (%)	10x 覆盖 (%)	30x 覆盖 (%)	100x 覆盖 (%)
220225	100.00	769	707	100.00	99.92	99.86	99.86	99.63

## 毒力因子注释

PFI软件基于公共数据库VFDB和MEGARes，分析了毒力基因和耐药基因，并给出注释结果，如表6和表7所示。

表6 毒力因子分析结果

毒力因子	微生物体	毒力蛋白	覆盖度 (%)	覆盖深度
Z1307	<i>Escherichia coli</i> O157:H7 str. EDL933	VFG043544(gi:15800816)	98.37	16.92
ECS88_3547	<i>Escherichia coli</i> O45:K1:H7 str. S88	VFG043545(gi:218560235)	76.58	7.24
rpoS) sigma S (sigma 38	<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar <i>Typhimurium</i> str. LT2	VFG000477(gi:16766230)	96.67	5.23
fimA) major type 1 subunit fimbriae (pili)	<i>Escherichia coli</i> O111:H- str. 11128	VFG033211(gi:260871034)	68.80	1.26
fimC	<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar <i>Choleraesuis</i> str. SC-B67	VFG004079(gi:3333009)	58.70	1.07
flgG	<i>Pseudomonas putida</i> GB-1	VFG015654(gi:167034941)	63.69	0.89
Z2200	<i>Escherichia coli</i> O157:H7 str. EDL933	VFG042713(gi:15801631)	39.61	0.71
mucA	<i>Pseudomonas fluorescens</i> SBW25	VFG019912(gi:229588995)	53.66	0.68
flgH	<i>Pseudomonas putida</i> GB-1	VFG015656(gi:167034940)	56.69	0.58
flgF	<i>Pseudomonas putida</i> GB-1	VFG015652(gi:167034942)	48.24	0.54

表7 耐药因子分析结果

家族	基因	分类	机制	类别	覆盖度 (%)	覆盖深度
SODB	MEG_6545	Peroxide resistance	peroxide resistance protein	Biocides	100.00	15.08
YCHH	MEG_7813	Biocide and metal resistance	Biocide and metal resistance protein	Multi-compound	91.01	11.32
RPOS	MEG_6141	Multi-biocide resistance	Multi-biocide resistance regulator	Biocides	98.93	8.17
YGIW	MEG_7831	Biocide and metal resistance	Biocide and metal resistance protein	Multi-compound	98.47	6.61
GADA	MEG_3076	Acid resistance	Acid resistance protein	Biocides	75.57	3.07
SOXS	MEG_6551	Drug and biocide and metal resistance	Drug and biocide and metal resistance regulator	Multi-compound	98.76	2.48
CUEO	MEG_2440	Copper resistance	Copper resistance protein	Metals	93.03	2.32
TOLC	MEG_7263	Multi-biocide resistance	Multi-biocide RND efflux pump	Biocides	94.08	2.29
COPA	MEG_2020	Copper resistance	Copper resistance protein	Metals	52.96	2.23
COPA	MEG_2019	Copper resistance	Copper resistance protein	Metals	67.89	2.08

## ■ 总结

华大智造基于DNBSEQ-G99平台的RNA病原微生物宏基因组测序方案具有全流程速度快,性能稳定,数据质量优异和自动化程度高的特点,为未知病原的识别和流行病学研究提供了工具支撑。

## 订购信息

产品名称	规格	货号
<b>仪器</b>		
MGISP-100RS自动化样本制备系统	标配	900-000070-00
DNBSEQ-G99ARS 基因测序仪	高配	900-000560-00
<b>试剂</b>		
rRNA去除试剂盒	32 RXN	1000005953
MGI Easy RNA文库制备套装	16 RXN	1000006383
MGI Easy RNA文库制备套装	96 RXN	1000006384
DNBSEQ一步法DNB制备试剂盒 (OS-SB)	4 RXN	1000020563
DNBSEQ-G99RS 高通量测序试剂套装 (G99 SM FCL PE150)	1 Test / Kit	940-000410-00
<b>软件</b>		
微生物快速识别软件 (PFI)	—	970-000208-00
微生物组装溯源软件 (MGAP)	—	970-000109-00

## ■ 联系我们

深圳华大智造科技股份有限公司  
地址:深圳市盐田区北山工业区综合楼,518083  
邮箱:MGI-service@mgi-tech.com  
网址:www.mgi-tech.com  
电话:400-096-6988  
版本:2022年10月版



<https://www.linkedin.com/company/mgi-bgi>



[https://twitter.com/MGI\\_BGI](https://twitter.com/MGI_BGI)



官方微博



官方网站

### 版权声明:

本手册版权属于深圳华大智造科技股份有限公司所有,未经本公司书面许可,任何其他个人或组织不得以任何形式将本手册中的各项内容进行复制、拷贝、编辑或翻译为其他语言。本手册中所有商标或标识均属于深圳华大智造科技股份有限公司及其提供者所有。