

基于DNBSEQ-G99平台的DNA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识别和流行病学研究提供强大的工具

■ 亮点

全流程速度快

搭配 DNBSEQ-G99ARS 测序仪,14.5 小时可完成建库,测序和分析

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,最大程度节省人工

分析功能齐全

自主开发的软件满足病原识别,基因组组装,变异监测和溯源需求

■ 简介

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,可对样本进行快速、准确的高通量测序,实现病原微生物分型、基因组组装、毒力和耐药基因预测与系统进化分析,还能为病原菌的精准识别、监测预警、溯源分析和精准防控提供工具支撑。

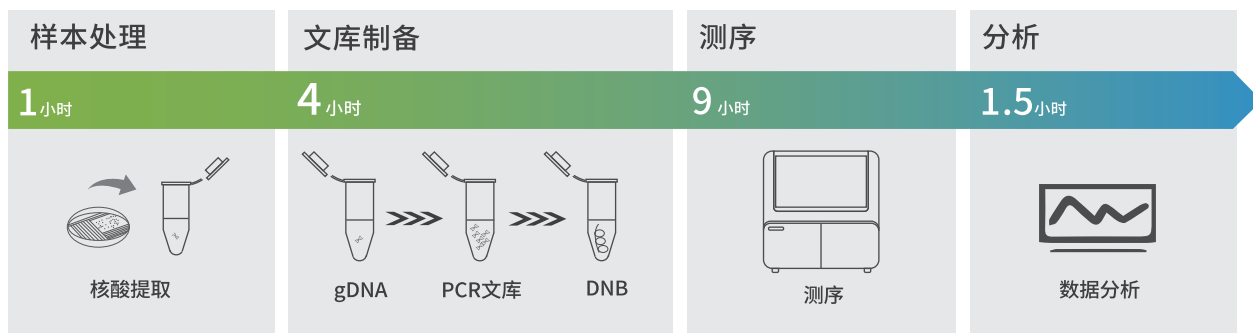


图1 流程示意图

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进行数据分析,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
DNA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4例病原模拟样本(NA12878标准品+微生物DNA)进行文库制备,测序和分析,下机结果数据产量>110M, Q30>95%, 拆分率>96%, 数据产量和质量优异。

表2 下机质控信息

	数据产量Reads (M)	Q30 (%)	拆分率 (%)
下机结果	110.17	95.22	96.95

识别结果

4例模拟样本的病原体识别结果与预期一致, 各菌种测到的Reads丰度与理论丰度接近, 如表3所示

表3 识别结果

物种	样本1	样本2	样本3	样本4	理论丰度	平均值	SD	CV
肠沙门氏菌	15.87%	15.60%	15.72%	15.87%	12.00%	15.77%	0.13%	0.008
铜绿假单胞菌	14.12%	14.00%	13.83%	14.12%	12.00%	14.02%	0.14%	0.010
枯草芽胞杆菌	13.30%	13.14%	13.46%	13.30%	12.00%	13.30%	0.13%	0.010
大肠埃希氏杆菌	11.75%	12.32%	11.90%	11.75%	12.00%	11.93%	0.27%	0.023
粪肠球菌	11.13%	11.30%	11.24%	11.13%	12.00%	11.20%	0.08%	0.008
单核增生李斯特氏菌	11.12%	11.02%	11.12%	11.12%	12.00%	11.10%	0.05%	0.005
金黄色葡萄球菌	10.18%	10.23%	10.30%	10.18%	12.00%	10.22%	0.06%	0.006
发酵乳杆菌	9.52%	9.48%	9.46%	9.52%	12.00%	9.50%	0.03%	0.003
Cryptococcus neoformans	1.49%	1.49%	1.52%	1.49%	2.00%	1.50%	0.02%	0.010
酿酒酵母	1.47%	1.42%	1.45%	1.47%	2.00%	1.45%	0.02%	0.016

以其中1例样本为例, 通过PFI软件对其种水平和亚种水平进行识别, 结果如表4和表5所示, 识别结果符合预期。

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
Bacteria	<i>Salmonella enterica</i>	肠沙门氏菌	16,432	30,820	15.96%
Bacteria	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	铜绿假单胞菌	1,340	26,947	13.96%
Bacteria	<i>Bacillus subtilis</i>	枯草芽孢杆菌	12,406	25,682	13.30%
Bacteria	<i>Escherichia coli</i>	大肠埃希氏杆菌	653	22,875	11.85%
Bacteria	<i>Enterococcus faecalis</i>	粪肠球菌	20,022	21,947	11.37%
Bacteria	<i>Listeria monocytogenes</i>	单核增生李斯特氏菌	13,728	21,183	10.97%
Bacteria	<i>Staphylococcus aureus</i>	金黄色葡萄球菌	10,950	19,885	10.30%
Bacteria	<i>Limosilactobacillus fermentum</i>	发酵乳杆菌	16,331	18,025	9.34%
Fungi	<i>Cryptococcus neoformans</i>	Cryptococcus neoformans	2,736	2,894	1.50%
Fungi	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	酿酒酵母	2,191	2,798	1.45%

表5 亚种水平识别结果

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
Fungi	<i>Saccharomyces cerevisiae S288C</i>	酿酒酵母	2,187	3,158	52.10%
Fungi	<i>Cryptococcus neoformans var. grubii</i>	渐白隐球酵母孢菌	988	1,517	25.03%
Fungi	<i>Cryptococcus neoformans var. neoformans</i>	Cryptococcus neoformans var. neoformans	1,365	1,384	22.84%

毒力和耐药因子注释

我们的软件还对该样本进行了毒力和耐药因子分析和注释，结果如表6和表7所示，分析结果可为微生物的致病机制和耐药研究提供参考。

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
ospC4	<i>Shigella boydii</i> Sb227	VFG012785(gi:3776756)	57.00	5.58
ycbV) putative fimbrial-like protein [E. coli YcbQ laminin-binding fimbriae (ELF	<i>Escherichia coli</i> O157:H7 str. EDL933	VFG042403(gi:15800803)	84.90	2.49
pilV	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> PAO1	VFG001207(gb NP_253241)	78.82	2.15
vgrG2	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> PAO1	VFG041012(gi:15596708)	74.92	1.97
fliS	<i>Escherichia coli</i> O157:H7 str. EDL933	VFG043104(gi:15802360)	86.34	1.94
sfaB	<i>Staphylococcus aureus</i> subsp. <i>aureus</i> str. Newman	VFG044275(gi:151222292)	88.28	1.94
sbnG	<i>Staphylococcus aureus</i> subsp. <i>aureus</i> str. Newman	VFG044260(gi:151220278)	81.90	1.93
fliI	<i>Escherichia coli</i> O157:H7 str. EDL933	VFG043110(gi:161367587)	90.82	1.89
fsr1	<i>Enterococcus faecalis</i> V583	VFG043508(gb NP_813892)	83.63	1.78
cheY	<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar <i>Typhimurium</i> str. LT2	VFG043037(gi:16765258)	93.32	1.77

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
TETL	MEG_7095	Tetracyclines	Tetracycline resistance MFS efflux pumps	Drugs	98.76	15.26
ANT4-PRIME	MEG_978	Aminoglycosides	Aminoglycoside O-nucleotidyltransferases	Drugs	98.57	12.72
TETL	MEG_7093	Tetracyclines	Tetracycline resistance MFS efflux pumps	Drugs	82.49	10.17
QACG	MEG_5846	Drug and biocide resistance	Drug and biocide SMR efflux pumps	Multi-compound	99.38	4.29
ANT4-PRIME	MEG_981	Aminoglycosides	Aminoglycoside O-nucleotidyltransferases	Drugs	86.36	4.29
ANT4-PRIME	MEG_983	Aminoglycosides	Aminoglycoside O-nucleotidyltransferases	Drugs	52.04	2.63
ZUPT	MEG_7865	Biocide and metal resistance	Biocide and metal resistance protein	Multi-compound	82.56	2.26
SITB	MEG_6514	Biocide and metal resistance	Biocide and metal ABC efflux pumps	Multi-compound	87.09	1.71
MEXE	MEG_3909	Drug and biocide resistance	Drug and biocide RND efflux pumps	Multi-compound	79.42	1.69
ACRA	MEG_399	Drug and biocide resistance	Drug and biocide RND efflux pumps	Multi-compound	86.84	1.68

■ 总结

华大智造基于DNBSEQ-G99平台的DNA病原微生物宏基因组测序方案,数据质量优异和自动化程度高,为未知病原的识别和流行病学研究提供工具支撑。

订购信息

产品名称	规格	货号
仪器		
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
试剂		
MGIEasy 微生物 DNA 提取试剂盒 (MDO1T-96)	96 Preps	1000027955
MGIEasy FAST酶切DNA文库制备试剂套装	192 RXN	940-000030-00
MGIEasy FAST酶切DNA文库制备试剂套装	96 RXN	940-000027-00
MGIEasy FAST酶切DNA文库制备试剂套装	16 RXN	940-000029-00
DNBSEQ一步法DNB制备试剂盒 (OS-DB)	4 RXN	1000026466
DNBSEQ-G99RS高通量测序试剂套装 (G99 SM FCL SE100/PE50)	1 Test / Kit	940-000409-00
DNBSEQ-G99RS 高通量测序试剂套装 (G99 SM FCL PE150)	1 Test / Kit	940-000410-00
软件		
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



官方微信



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。