

MGI微生物检测产品组合

——基于MGISEQ-2000平台的高通量Meta测序

产品概述

对核酸提取样本进行高通量 Meta 测序,可获得样本中成细菌、真菌、病毒和寄生虫等多种病原体基因序列信息,进行多病原检测及混合感染鉴定,为疑似样本的确诊提供参考依据。Meta 测序不依赖已知序列,可对未知序列进行鉴定,第一时间新发未知病毒的基因组序列信息。利用 Meta 测序还可对新冠病毒序列进行组装、变异检测、溯源,助力新冠病毒的进化来源分析及相关的致病机理研究。

MGISEQ-2000 平台采用全新的芯片系统,能够灵活支持多种不同的测序模式,且采用优化的光学及生化系统,能够在较短时间内完成完整的测序流程,带给您更加精简流畅的测序体验(表1)。

表1 MGISEQ-2000的性能参数

MGISEQ-2000		
载片数	2	
载片类型	FCS	FCL
载片流道数	2 Lane	4 Lane
单载片有效 Reads数量	550 M	1500 M-1800 M
支持读长*	SE100、PE100、PE150	SE50、SE100、SE400、PE100、PE150、PE200
* 有效Reads数的最大值根据特定标准文库运行所得,实际应用文库受样本类型、建库方式会有所波动		

产品组合特点

快速的运行时间

在短时间内运行更多样本,加快您的研究。

自动化文库制备

自动化进行文库制备,实现无人值守。

出色的数据质量

DNB和cPAS技术保证测序准确度和测序效率,提供高质量的测序数据。

灵活的运行模式,支持多种应用

支持多种读长,可开展广泛的应用,从病原鉴定到致病机理解析。

灵活的通量配置,适合不同样本的需求

配置不同规格芯片和双芯片平台,满足不同样本的测序通量需求。

方法

使用添加有猪流行性腹泻病毒(Porcine epidemic diarrhea virus, Alphacoronavirus 属, Genome Size= 28033 bp)的咽拭子采集液作为样本(CT 值 25.2),采用 MGIEasy Nucleic Acid Extraction Kit(MGI, 货号 1000020471)提取样本核酸,采用 MGIEasy rRNA 去除试剂盒(MGI, 货号 1000005953)和 MGIEasy RNA 文库制备试剂套装(MGI, 货号 1000006384)制备 total RNA 文库,使用 MGISP-960 进行自动化文库制备。使用 MGISEQ-2000RS 高通量测序试剂套装(PE100)(MGI, 货号 1000012554)进行 PE100 读长测序。利用 PFI (Pathogen Fast Identification)软件,对测序数据进行快速分类、鉴定、序列提取,使用软件 MGAP 对提取后序列进行基因组组装。

结果

测序质量高, 宿主比例极低

利用 PFI 软件对 MGISEQ-2000 的下机数据进行质控、过滤, PE100 的测序数据 Q30>94%, 表现出较高的测序质量, 且宿主比例极低, 可利用的 Clean data(去宿主后)超过 90%(表 2)。

表2 MGISEQ-2000 PE100的测序质量

Sample	WQ-1	WQ-2	WQ-3	WQ-4
Reads_Length	100	100	100	100
Raw_Reads	177,146,508	129,731,124	113,801,624	121,001,996
Raw_Base	17,714,650,800	12,973,112,400	11,380,162,400	12,100,199,600
Host_Reads	76,496	57,534	635,846	625,044
Host_Rate	0.04%	0.04%	0.56%	0.52%
Clean_Reads	166,302,658	122,877,376	108,305,652	114,794,446
Clean_Base	16,630,265,800	12,287,737,600	10,830,565,200	11,479,444,600
Clean_Base_Rate	93.88%	94.72%	95.17%	94.87%
Raw_Base_Q20	98.47%	98.42%	98.57%	98.67%
Raw_Base_Q30	94.98%	94.63%	95.28%	95.63%
Clean_Base_Q20	98.46%	98.42%	98.57%	98.67%
Clean_Base_Q30	94.93%	94.60%	95.25%	95.60%

一次鉴定多种微生物

进一步对过滤后的 Clean reads 进行微生物种类鉴定,可以得到病毒、细菌、古菌、真菌、寄生虫等不同类型的微生物的 reads 汇总(表 4)及精确到物种的病毒 reads 数量(表 5),PEDV 病毒(Porcine epidemic diarrhea virus)排名第一。

表4 MGISEQ-200 PE100测序的PFI鉴定汇总结果

Reads_Length	Classified_Reads_Number	Viruses	Bacteria	Archaea	Fungi	Protozoa	Metazoa_Parasite
100	53,347,342	7,289	53,330,455	383	3,313	2,924	909

表5 MGISEQ-2000 PE100测序的病毒reads鉴定

序号	物种(种)	reads数	相对丰度
1	Porcine epidemic diarrhea virus	4,723	0.030
2	Alphacoronavirus 1	1,360	0.009
3	Mammalian rubulavirus 5	752	0.005
4	Bacillus phage Stitch	148	9.416e-04
5	Rotavirus A	106	6.744e-04
6	Pepper mild mottle virus	59	3.754e-04
7	Pipistrellus bat coronavirus HKU5	24	1.527e-04
8	Bacillus virus Bc431	19	1.209e-04
9	Bat rotavirus	16	1.018e-04
10	Cumuto gouvovirus	12	7.634e-05

全长基因组组装

进一步地,使用 MGAP 微生物基因组分析软件对 PFI 提取好的 PEDV 病毒序列进行组装,组装后序列长度为 27,937 bp, GC 含量为 41.89%,与已知参考基因组十分接近(以 GCF_000848685.1 序列为准,长度 28,033 bp, GC 含量为 42.02%)。

表6 PEDV病毒基因组序列组装统计表

Sample name	Genome Size (bp)	GC (%)	Scaffold num	Gap number (bp)
WQ-3	27937	41.89	1	0

总结

对核酸提取样本进行高通量 Meta 测序,可获得样本中成细菌、真菌、病毒和寄生虫等多种病原体基因序列信息,进行多病原检测及混合感染鉴定,为疑似样本的确诊提供参考依据。基于 MGISEQ-2000 平台能够提供高质量的数据、灵活的通量、强大且高性价比的 Meta 测序方法,基于病原感染快速鉴定系统 (PFI) 和 MGAP 微生物基因组分析软件能够提供自动化的数据分析流程,为病原领域的精准检测提供参考依据。

华大智造微生物检测产品组合是开展病原检测、变异检测、病毒溯源的理想选择,可帮助您更快、更便捷地实现您的研究目标。

订购信息

产品	规格	货号
测序仪及自动化样本制备系统		
基因测序仪MGISEQ-2000RS	台	900-000035-00
高通量自动化样本制备系统MGISP-960	台	900-000093-00
测序试剂		
MGISEQ-2000RS 高通量测序试剂套装	PE 100	1000012554
文库制备试剂盒		
MGIEasy RNA文库制备试剂套装	16RXN/96RXN	1000006383 / 1000006384
MGIEasy rRNA去除试剂盒	32 RXN	1000005953
数据分析软件		
病原感染快速鉴定系统 (PFI)	工作站/主流程	510-000164-00 / 057-000060-00
微生物基因组分析系统 (MGAP)	主流程	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



网站: www.mgi-tech.com



邮箱: MGI-service@mgi-tech.com



4000-688-114

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。

版本: 2022年11月版 | MGPB011810102-02