

DNA特征识别系统

(DNA Signature Identification System, 简称FIS)

专注个体识别 极简操作 高效交付

华大智造DNA特征识别系统是专为个体识别高通量测序数据分析而开发的一站式平台。以STR为基础，融合SNP、MT信息对样本进行准确、全面的鉴定解读，配备专业的实验室信息管理系统，提供图形化操作界面，开机即用。

我们的优势

1 检测效率更高

一次性可同时检测131个STR位点、215个SNP位点（包括部分祖源与表型位点）及线粒体高变区。集成三种常用个体识别生物标记物检测，满足不同需求。



215个
SNP



54个
其他常染色体STR



48个
Y-STR



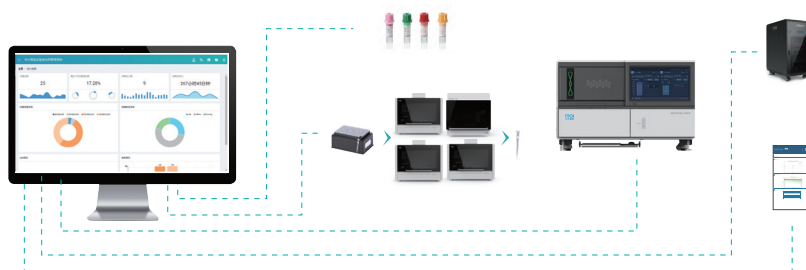
27个
X-STR



3个
线粒体高变区

2 完善的配套样本制备与测序流程

从样本的核酸提取/前处理、文库制备、高通量测序均有完善的配套解决方案，让高通量测序在个体识别和人群基因建库领域的应用变得简单。



3 超高性能服务器

搭配高性能MegaBOLT服务器，任务并行分析，快速交付



CPU	Intel ZEON GOLD 6240*2
内存	192GB DDR4
固态硬盘	2TB+250GB
机械硬盘	30TB 7200 SATA 3.5inch

4 便捷易用的工作流程

结合实验室信息管理信息系统ZLIMS，图形化界面，简单易用，可轻松实现从样本录入，文库制备，测序，数据分析到生成分析报告的一站式全流程信息化管理。

5 兼容CODIS数据格式

6 经过全面验证

按照DNA分析方法科学工作组（SWGDAM）的指导方针验证了MGIEasy鉴定系统及FIS分析软件的性能，评估了物种特异性、敏感性、混合物鉴定、非最佳条件下的稳定性（降解样品、抑制剂污染和各种底物）、可重复性，和一致性。与基于CE的STR基因型一致性为99.79%、与基于MiSeq-FGx的SNP基因型一致性为99.78%，与基于Sanger的mtDNA基因型一致性为100%。

Li R, Shen X, Chen H, Peng D, Wu R, Sun H. Developmental validation of the MGIEasy Signature Identification Library Prep Kit, an all-in-one multiplex system for forensic applications. Int J Legal Med. 2021 May;135(3):739–753. doi: 10.1007/s00414-021-02507-0. Epub 2021 Feb 1. PMID: 33523251.



平台介绍

FIS 是针对 MGIEasy 个体识别文库制备试剂盒所设计的配套分析系统。囊括了在案件和罪犯DNA建库中常规使用的常染色体STR标记，还包含传统方法不常使用的Y染色体STR和X染色体STR、SNP及线粒体高变区。系统支持数据质控、SNP基因型分析、STR基因型分析、核心序列输出、MT基因型分析、一致序列输出、样本间比较、生物祖源与表型预测等，全面覆盖领域科研分析需求。

✓ 个体识别

STR
分析

准确的STR分型结果，
A-STR的累积个体识别率为
 $1-1.7 \times 10^{-60}$

SNR
分析

输出每个表型
SNP位点的
基因型

MT
分析

按照司法鉴定技术规范
输出三个线粒体
高变区突变类型

✓ 其他功能

祖源预测



对祖源进行预测，
包括欧洲人、美洲人、
南亚人、非裔加勒比、
东亚人。

表型预测



个体瞳孔颜色、发色
个体耳垢类型
乳糖耐受情况
肌肉性状、酒精反应

报告展示





拓展应用

FIS内置专业的全基因组测序（WGS）分析、全外显子测序（WES）分析流程，支持搭配云服务进行结果深层解读（BGE应用），也支持搭配短读长测序方案进行仅SNP分析应用，满足客户的全方位需求。

支持WGS & WES分析*

采用CPU方式进行分析加速，基于SOAPnuke、Minimap2、BWA、GATK HaplotypeCaller + Mutect2 等算法，结合多流水线及高度并行技术，实现分析大幅提速10~20倍。急速缩短交付时间，为业务争分夺秒。

* 初始默认100T计算流量，流量使用完毕需要流量充值；



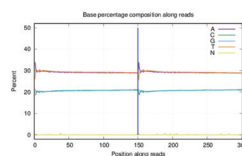
1. 基本信息

◆ 质控结果

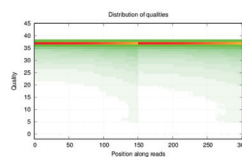
Sample	Sample
Read长度	150,150
原始Read数	851,842,890
Clean Read数	851,231,718
Clean Read比例	99.72%
原始Read Q30	93.36%
原始Read Q30	96.01%
原始Read Q30	94.71%
原始Read Q30	96.37%
原始Read Q30	87.62%
原始Read Q30	93.09%
原始Read GC比例	41.45%
Clean Read Q30	93.39%
Clean Read Q30	96.02%
Clean Read Q30	94.77%
Clean Read Q30	96.39%
Clean Read Q30	87.67%
Clean Read Q30	93.14%



◆ 碱基分布



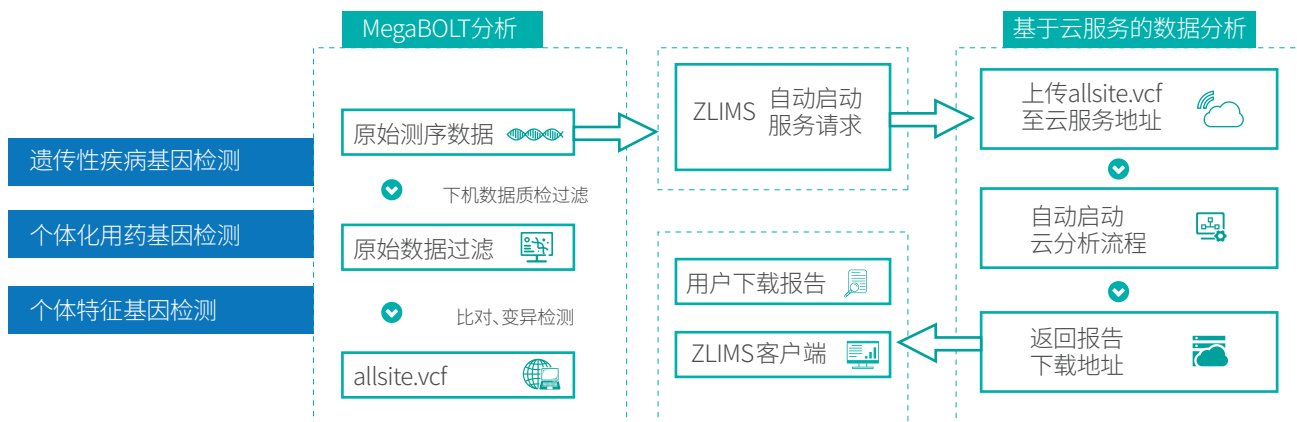
◆ 碱基质量分布



基于云服务的分析与解读-BGE应用

搭载云服务器，启动搭载在云服务器上的BGE应用。

可进一步将WGS/WES的变异检测结果进行深层分析解读，解读范围包括：



基于SE50测序方案进行SNP分析

使用FIS_SNP分析软件进行SNP分析，可适用于法医微量、降解检材同一鉴定、个体识别、生物样本库质控等应用场景。



产品主要参数

标记类型 (数量)	细分标记类型	位点数目
STR (131)	常染色体STR	54
	Y染色体STR	48
	X染色体STR	27
	性别区分	2
SNP (215)	ID SNPs	133
	表型SNPs	29
	祖源SNPs	56
线粒体 (3)	线粒体高变区	3



订购信息

产品	货号
DNA 特征识别系统	900-000441-00

深圳华大智造科技股份有限公司

深圳市盐田区北山工业区综合楼及11栋2楼

✉ MGI-service@mgi-tech.com

🌐 mgi-tech.com

☎ 4000-688-114



版本: 2022年11月版 | MGPE2032201

本手册版权属于深圳华大智造科技股份有限公司。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。