

北京病毒全序列测序进化分析要多久

发布日期: 2025-09-21

目前对我国首例输入性裂谷热病例病毒进行全基因组测定, 分析其进化来源及潜在变异. 方法提取样本核酸, 非特异性反转录扩增病毒基因组RNA, 使用IonTorrent二代测序仪进行病毒全基因组测定. 对获得的基因组数据进行序列拼接、比对、进化树构建和关键位点分析. 结果通过测定获得了病毒全基因组11979nt, 该测定病毒属E基因分支, 序列与先前南非分离株Kakamas相似度较高(>98%). 病毒Gn蛋白C端信号肽区存在1个氨基酸突变. 结论本研究分析测定的裂谷热病毒全基因组与目前非洲流行株高度相似, 病毒基因特征未出现明显变异. 病毒全基因组测序具有的特点: 独有的一定定量技术, 实现病原定量分析。北京病毒全序列测序进化分析要多久

全基因组测序要注意的事项: 全基因组测序是对未知基因组序列的物种进行个体的基因组测序。技术路线: 提取基因组DNA然后随机打断, 电泳回收所需长度的DNA的片段0.2~5Kb加上接头, 进行DNA簇(Cluster)制备, 后利用Paired-End Solexa或者Mate-Pair SOLiD的方法对插入片段进行测序。然后对测得的序列组装成Contig通过Paired-End的距离可进一步组装成Scaffold进而可组装成染色体等。组装效果与测序深度与覆盖度、测序质量等有关。常用的组装有SOAPdenovo Trimity Abyss等。测序深度 Sequencing depth是指测序得到的碱基总量 bp与基因组大小的比值, 它是评价测序量的指标之一。测序深度与基因组覆盖度之间是一个正相关的关系, 测序带来的错误率或假阳性结果会随着测序深度的提升而下降。测序的个体, 如果采用的是双末端或Mate-Pair方案, 当测序深度在50X~100X以上时, 基因组覆盖度和测序错误率控制均得以保证, 后续序列组装成染色体才能变得更容易与准确。北京病毒全序列测序进化分析要多久在探普生物长时间运行过程中, 接触到的对病毒的全基因组进行测序项目有比较丰富的应用场景。

能实现对病毒的全基因组进行测序的技术手段: 早期在高通量测序技术普及之前, 对病毒的全基因组进行测序是通过非特异性扩增+克隆结合sanger测序来完成的。当物种有了参考的序列之后, 可以通过特异性扩增+sanger测序获得全基因组序列。Sanger测序准确度高, 读长很长, 但与此同时, 扩增和克隆工作费时费力, 由于流程繁琐, 加上快速变异导致引物无法通用, 该方法对于大量基因组的测序工作而言, 可操作性不强, 这对于研究者一直是一个困扰。高通量测序技术正式启用之后, 研究者可以将样品处理至标准浓度和体积后进行测序和分析, 减少了工作量, 增加了成功率。探普生物进行了大量有针对性的研发和测试, 开发了全套的实验和分析流程用于对病毒的全基因组进行测序, 该流程自运行以来广受研究者们好评。

病毒全基因组测序定: 上海探普生物科技有限公司的对病毒的全基因组进行测序有什么优势? 全国开设病毒相关测序的公司不超过5家, 只有探普生物是专门为病毒研究者服务的, 探普生物的研

发团队和实验团队都来自全国各地病毒学、微生物学专业的高校，硕士及以上学历成员超过60%，团队具备普通测序实验和分析基础之外，同时具备病毒学及微生物学的学术背景，相当了解病毒相关样本情况、研究方向等。研究者在项目咨询的时候就可以明显感觉到探普生物的专业性，沟通顺畅，省时省力。新一代测序中基因从头测序和重测序有什么区别？

对病毒的全基因组进行测序费用合理，上海探普生物科技有限公司致力于医药、保养，以科技创新实现管理的追求。探普生物拥有一支经验丰富、技术创新的专业研发团队，以高度的专注和执着为客户提供病毒测序，病毒全基因组测序，病毒宏基因组测序，未知病原鉴定。探普生物继续坚定不移地走高质量发展道路，既要实现基本面稳定增长，又要聚焦关键领域，实现转型再突破。探普生物始终关注医药、保养市场，以敏锐的市场洞察力，实现与客户的成长共赢。病毒全基因组测序产品特点：结果稳定可靠。北京病毒全序列测序进化分析要多久

病毒的全基因组测序以及对应的生物信息学分析方法是研究病毒进化、毒力因子变异、疫病爆发之间的关系。北京病毒全序列测序进化分析要多久

为了便于新发或罕见病毒性传染病的筛查检测，利用多重置换扩增技术，以负链RNA病毒—发热伴血小板减少综合征病毒和正链RNA病毒—登革病毒为模拟样本探索临床样本中RNA病毒基因组非特异性扩增方法。研究中通过梯度稀释的RNA病毒模拟样本中可能存在的不同丰度的病原体，样本核酸依次加工成单链cDNA，双链cDNA，T4DNA连接酶处理后的双链cDNA以及添加外源辅助RNA后合成并连接的双链cDNA形式，然后进行Phi29DNA聚合酶等温扩增，使用荧光定量PCR方法比较各种方法对RNA病毒核酸扩增的影响。北京病毒全序列测序进化分析要多久