|  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 序号 | 名 称 | 规格  型号 | 购置  数量 | 技术要求 | 交货日期 | 用 途 | 计划资金 （万元） | |
| 1 | 结核分枝杆菌全基因组测序 | 例 | 320例 | 详见参数  补充表 | 2025.5 | 疫情处置；  耐药监测 | 9.92 | |
|  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| 计划资金合计：9.92万元 | | | | | | | | |
|

**结核分枝杆菌全基因组测序项目参数补充表**

结核分枝杆菌全基因组测序项目参数

**1、测序服务内容**

1. 样本提取：取灭活结核分枝杆菌菌液进行超声分散。采用改良版CTAB法提取DNA。
2. 样本质检：Agilent 5400完整性检测，对样本是否满足建库测序要求进行判定。
3. 测序目标：结核分枝杆菌全基因组测序
4. 测序平台：二代Illumina测序平台或华大T7平台
5. 测序长度：PE150
6. 测序深度：平均200X
7. 文库类型：微生物小片段文库
8. 数据质量：在样本合格的情况下，平均Q30≥90%
9. 数据产量：1 G Raw Data

**2、生信分析服务内容**

1. 低质量序列过滤、接头（adapter）序列去除：原始数据(Raw Data)进行去除接头和低质量read的处理，得到有效数据(Clean Data)。
2. 参考序列比对：将Clean Data比对到结核分支杆菌参考基因组H37Rv（NC\_000962.3）进行测序深度和覆盖度的统计。
3. 变异检测：鉴定突变位点，对突变进行注释，获得目标基因组对于参考基因组的SNP、InDel等一系列变异信息。
4. 遗传距离分析：根据每个菌株的突变位点生成突变矩阵，根据突变矩阵生成菌株间SNP距离矩阵。
5. 耐药分析：谱系及耐药突变分析结果。耐药突变频率结果。补偿性突变结果。耐药报告结果。包括：异烟肼、利福平、乙胺丁醇、吡嗪酰胺、链霉素、氟喹诺酮、氨基糖苷类、阿米卡星、卡那霉素、卷曲霉素、乙硫异烟胺、对氨基水杨酸、环丝氨酸、利奈唑胺、贝达喹啉、氯法齐明、德拉马尼17种药物。

进化树构建：通过与结核分枝杆菌参考基因组H37Rv（NC\_000962.3）进行比对，构建进化树，图形化显示耐药表型。