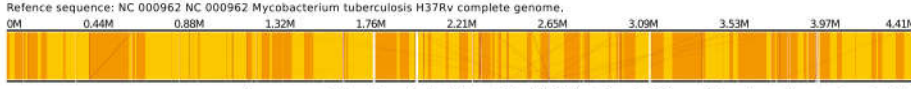


MicrobeTrakr 下一代微生物基因组鉴定分析工具



wgMLST, wgMLVA, wgSpoligotyping, MRSA, NTM, TB
Salmonella, Brucella, cgMLST, Toxin, ANI



1 Average Nucleotide Identity (ANI) 99.89% (*Mycobacterium tuberculosis*) species circumscriptions

ST No.	Lineage	Spoligotype Description	Octal
46	U (likely H)	[Spoligotype pattern]	77777777000000

2 基于 WGS 的 MLST/spoligotyping (*Mycobacterium tuberculosis*)

class	factor	gene	gap	identity%	score	alignment
Cell surface components	Methyltransferase	<i>mmaA4</i>	0	100.0%	1583.0	[icon]
Cell surface components	Mycolic acid trans-cyclopropane synthetase	<i>cmaA2</i>	0	100.0%	1614.0	[icon]
Cell surface components	MymA operon	<i>adhD</i>	0	100.0%	1935.0	[icon]
Cell surface components	MymA operon	<i>chp</i>	0	100.0%	2517.0	[icon]

3 重要表型相关基因检测 (*Mycobacterium tuberculosis*)

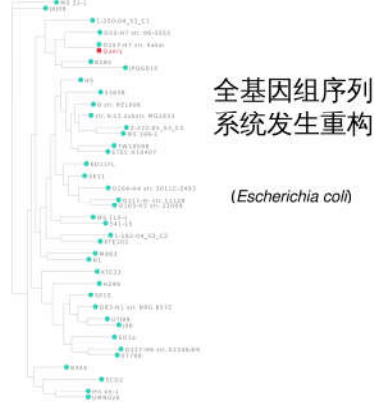
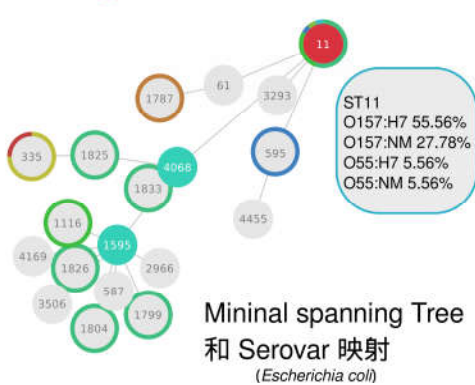
Protein	Resistance	Variant/Evidence	alignment
GYRA	Confers ciprofloxacin	94: D => G	[icon]
KATG	INH	315: S => T 463: R => L	[icon]
EMBB	EMB	497: Q => R	[icon]

4 突变检出及表型映射 (*Mycobacterium tuberculosis*)

Genome & Accessory Genome

Genome Sequences and Annotations (Genebank format)	2.85Mbp	[icon]
Accessory Genome Sequences (FastA format), 1 Plasmid detected.	47Kbp	[icon]

5 可作为一般用途的基因组注释工具 (*Staphylococcus aureus*)



为公共卫生及医学检验的诊断实验室设计
高效率和专业地完成检验工作
无需生化鉴定，直接从样本DNA到结果
测序能力本地化，适配您的高通量测序系统

准确识别一个细菌，仅仅需要不到 1 分钟^{*}
完成必要的三级分析耗时不超过 10 分钟
可靠鉴定 4257 种细菌的能力
涵盖 69000 以上菌株的基因组数据
经过人工编审的参考蛋白序列多达 332327 条
整合的微生物泛蛋白组共达 363 万多条序列
独家提供菌种特异遗传突变的表型映射

典型工作

- 1 基于全基因组比对 ANI 菌种识别
- 2 基于 wgMLST/wgMLVA 的分子分型
- 3 检测抗生素抗性基因及产物序列
- 4 检测已知毒力因子基因及产物序列
- 5 地理溯源及其他可能感兴趣的内容

目前可提供的服务

web 计算服务 (学术机构使用免费)
网址: www.microbetrakr.org

微生物分离株 WGS 数据委托分析

WGS 数据 QC 合格起 5 个工作日 (可加急)
支持 Illumina / PacBio 等测序设备数据

微生物分离株 gDNA 委托分析测试

DNA 样本 QA 合格起 20 个工作日 (可加急)
使用 Illumina HiSeq 测序

培养瓶阳性 DNA 样本全基因组测序及鉴定^{*^}

比常规方法快 3-6 日, 适用紧急情况
得到原始数据后, 2 小时获得细菌鉴定结果
可识别物种比任意生化鉴定系统多
容忍杂菌 DNA 污染

公共卫生及 HAI 事件监测溯源

超出 PFGE 和 MLST 分辨率
理论最高分辨率的同源识别
领先的实践经验

* 独有技术

** 仅供研究和辅助诊断使用

^ 仅在中国大陆部分地区提供

Zeta Biosciences
Making sense of biological data

泽塔生物科技 (上海) 有限公司

固定电话: 021-61841318

市场销售: sales@zetabio.com

技术支持: support@zetabio.com

办公地址: 上海市浦东新区张江高科技园区碧波路 690 号 8 号楼 5 层



微信咨询

© 2016 Zeta Biosciences (Shanghai) Co., Ltd.
All rights reserved.

分枝杆菌鉴定及耐药检测

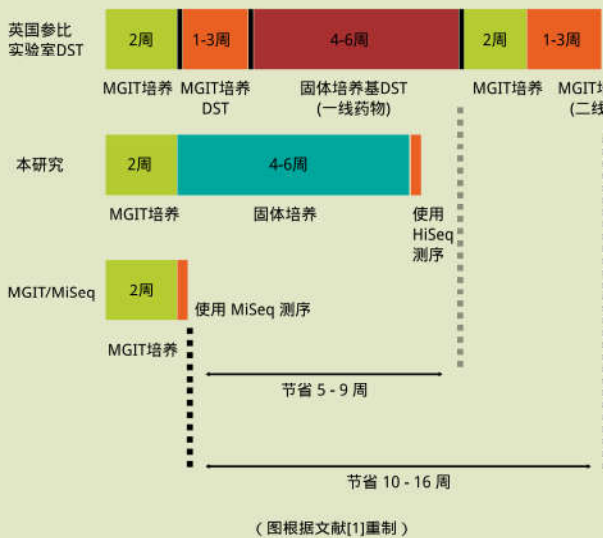
耐药结核 (Drug-resistant tuberculosis) 是控制结核病一个重要的挑战。

除耐多药结核(MDR-TB)外 泛耐药结核(XDR-TB)也在近年出现。

目前的分子诊断方法, 比如药物敏感试验只检测有限的几个目标区域, 得到有限的药物敏感测试结果。在实践中, 初步分子诊断为利福平抗性阴性的感染会被考虑为多耐药结核, 并考虑使用二线药物进行治疗。耐药结核的临床管理十分复杂。处方药物有耳毒性, 肾毒性, 肝毒性, 致泻, 呕吐及生理失调等副作用。在没有获得药物敏感试验结果之前, 患者可能被迫接受无效并带有副作用的化学治疗。如果有一种病原检测方法, 可以一次性进行所有的药物抗性测试, 并且在临床所需要的短时间内返回医师富有诊断价值的信息, 那么这对患者是十分有益的。

分枝杆菌的全基因组测序方法使得这个目标成为现实。通过对培养阳性的抗酸杆菌进行微生物全基因组测序, 不仅可以获得直接的, 一线和二线抗结核药物的耐药信息, 还可以获得公共卫生部门此前难以获取的高分辨率分子分型。分枝杆菌的耐药性基本上是其自身的遗传突变导致的, 这使得遗传学检测能够得到可靠的表型信息。但现实中的感染, 由于NTM的存在, 进行菌种特异性的遗传突变-表型推测变得困难。

因此, 一个具备强鲁棒性的, 精确的物种识别和物种特异性遗传检测的数据分析处理系统是TB病原WGS诊断必须的工具。研究表明, 使用WGS策略可以大幅缩短TB的诊断时间[1]。



[1] Bradley P, Gordon N C, Walker T M, et al. Rapid antibiotic-resistance predictions from genome sequence data for *Staphylococcus aureus* and *Mycobacterium tuberculosis*. [J]. Nature Communications, 2015, 6.

医院感染控制

对HAI进行控制, 降低1.5%的感染率可以为是一所三级甲等综合中心医院每年节省 1552.7 万元人民币的开支[2]。除预防性检测外, 有效的感染控制需要通过积极的感染监测和快速流行性疾病的识别和干预。分子流行病学调查成为这个职能的重要组成部分, 并需要依靠快速有效的病原毒株遗传关系评估[3]。



[2] 服环, 贾建侠, 赵艳春, 等. 某三级甲等综合医院医院感染管理工作的效果与效益分析[J]. 中华医院感染学杂志, 2015, 25(21): 4993-4995.

[3] Sallipante S J, Sengupta D J, Cummings L A, et al. Application of whole-genome sequencing for bacterial strain typing in molecular epidemiology. [J]. Journal of Clinical Microbiology, 2015, 53(4):1072-9.

[4] Karkey A, Thanh D P, Boinett C J, et al. A high-resolution genomic analysis of multidrug-resistant hospital outbreaks of *Klebsiella pneumoniae*. [J]. Embo Molecular Medicine, 2015, 7(3): 227-239.

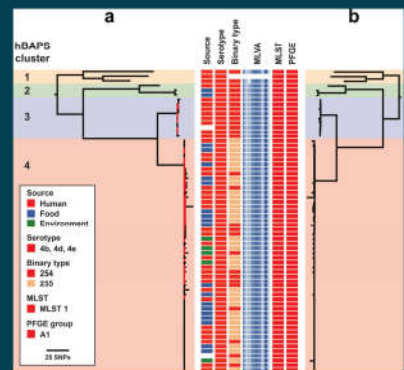
公共卫生流病监测

美国FDA食品安全与营养应用中心(CFSAN)及监管办公室(ORA)联合联邦及各州的公共卫生实验室建立了一个旨在应对全球公共卫生挑战的WGS监测网络。应用WGS和监测网络, 可以比传统方法更快更精准地追溯导致食源性疾病的细菌来源。

英国公共卫生部门(Public Health England)加入了CFSAN的实验室网络, 并已经于2015年四月使用全基因组测(WGS)作为沙门氏菌监测的常规分型工具, 使用 MLST 方法作为传统血清分型的取代。WGS 技术是一种高通量, 精确, 鲁棒性强, 可靠的分型方法, 十分适合作为常规的公共卫生监测使用。WGS方法可以同时得到序列分型(ST)和血清型的结果, 可以和传统血清型命名法保持相容, 还可以获得更深入的分离株之间真实的系统发生关系。

墨尔本大学的研究人员认为 WGS技术可以用于单增李斯特菌的监测调查, 其能力超出所有现有的脉冲场凝胶电泳(PFGE), 多位点序列分型 (MLST), 多位点可变量串联重复序列分析 (MLVA)方法[5]。

[5] Kwong J C, Mercoullia K, Tomita T, et al. Prospective whole genome sequencing enhances national surveillance of *Listeria monocytogenes*. [J]. Journal of Clinical Microbiology, 2015.



isolates

sequences

gDNA

diagnostic report

Faster and better infectious disease detection

©2016 Zeta Biosciences (Shanghai) Co., Ltd. All rights reserved.