



# 全基因體序列解析

Analysis of Whole Genome Sequence

財團法人農業科技研究院

農業基因體實驗室

# 大綱

全基因體定序技術的發展

定序原理與定序平台比較

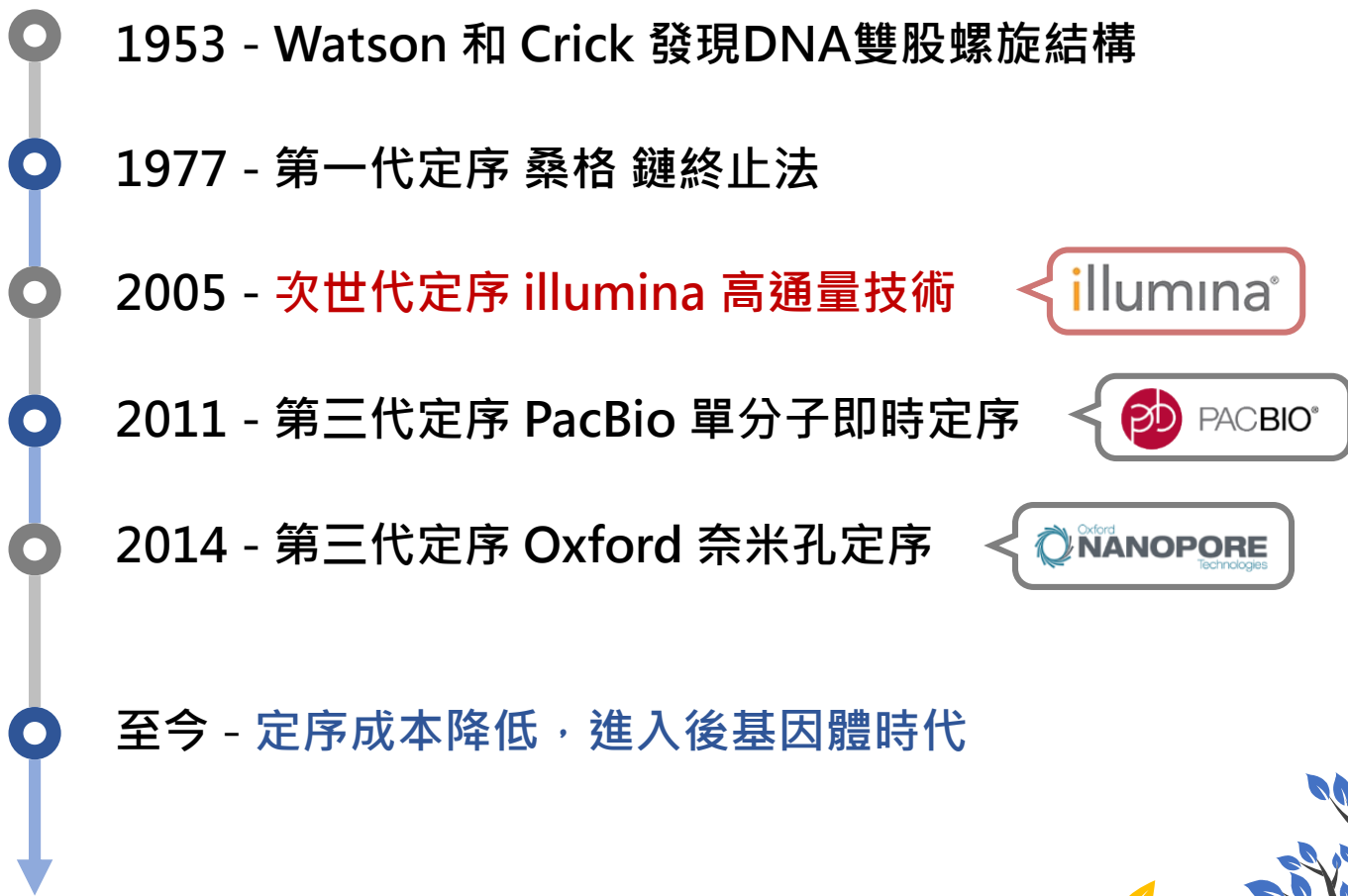
序列組成

農業科技研究院農業基因體研究室定序解析平台簡介

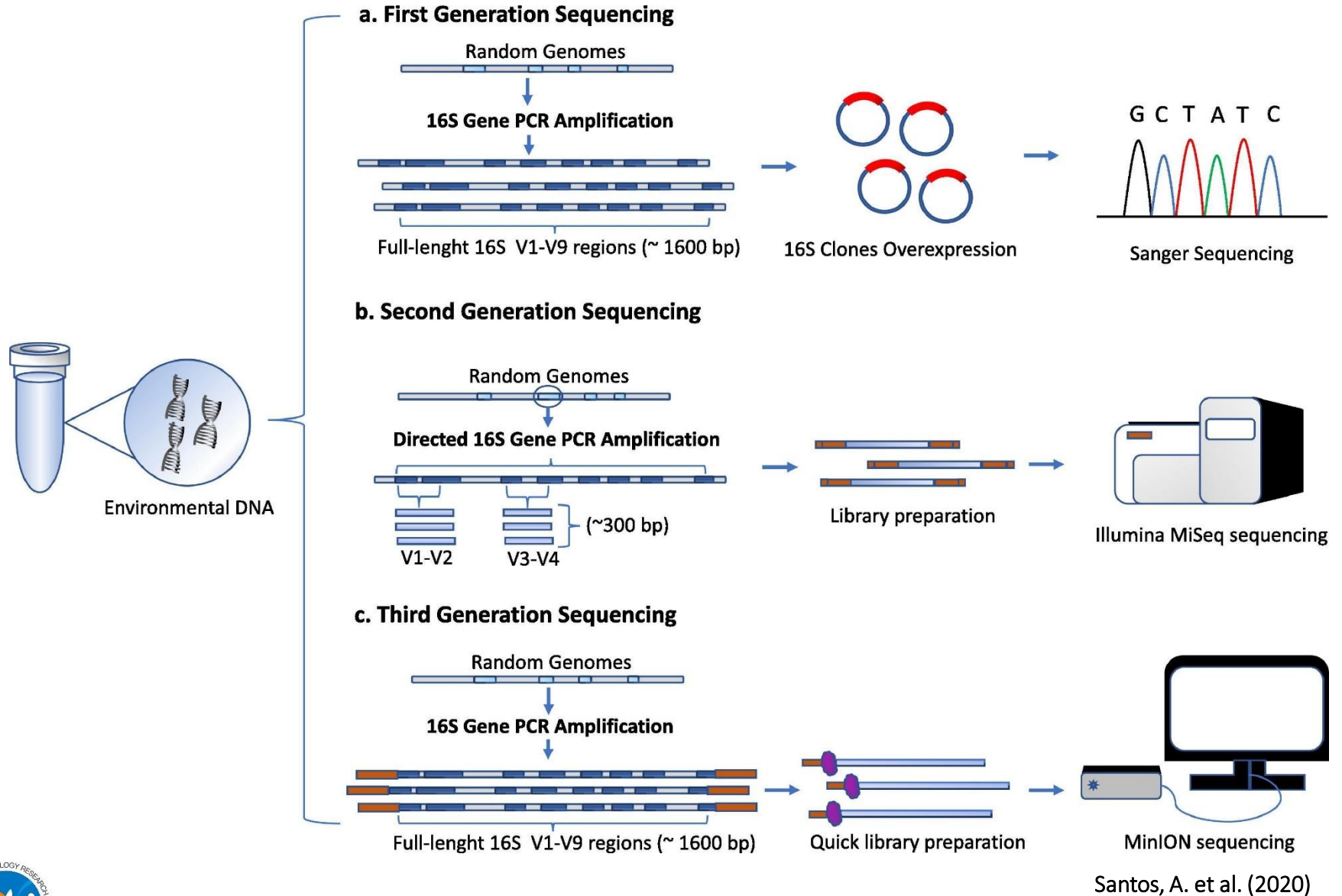
情境演示

團隊介紹

# 全基因體定序技術的發展



# 定序原理與定序平台比較



## 定序原理與定序平台比較

- 第一代定序技為黃金標準方法，第二代定序最大優勢為資料量高，第三代定序優勢在於連續讀長。

	第一代	第二代	第三代
解析度	多個DNA樣本中取平均值	多個DNA樣本中取平均值	單個DNA分子
精準度	高	高	低
讀長	中 (800-1,000 bp)	短 (通常低於Sanger定序)	> 1,000 bp
資料量	低	高	高
費用/鹼基	高	低	低
費用/單次上機	低	高	高
RNA定序方法	cDNA	cDNA	直接定序RNA
產生時間	小時	天	< 1天
樣本準備	中等複雜，不需PCR增幅	複雜，需PCR增幅	依使用平台
數據解析	常規	複雜	複雜

來源：Journal of Translational Medicine 2011, 9:222

# NGS的產物-FASTQ

一條完整的序列必須包含四行資訊

第一行 @開頭，為序列識別碼

第二行 為序列資訊，字元數相當於讀長

第三行 +開頭，僅供機器辨識用

第四行 ASCII 品質得分資訊，與第二行序列相對應

●●● Welcome to Agricultural Genomics Research Laboratory

[atri@] \$ more A01-001.fastq

@M05336:92:000000000-J933V:1:1101:18397:2001  
1:N:0:1

AGTTTAGACATAGTAATCATTCTAATATATAAATATAACCTT  
TTCTTTATTTAACAACCTCTCTATTCGTGCCTGAAAG  
TTTTTATCAACCAATATGAATTATATTTATATTCCTACCCAAA  
CACATATATGAATAAAAATAAT

+

A1AAA331B1DD1F3FGGGGGGHHHHHHHFHHHHHFHH  
FFHHHHHHHHHEGHHHBGE110AFGGGHHHHHHHHHH  
HFEHHGEF1EFFGHGFHHD2FFEGGF22FGBFEFHH2F  
2GHFFGFFGFHG0FGGEHFH2GFFDFG1DF1GB1F



# 流行病學 Epidemiology

# 微生物安全性 Microbial safety



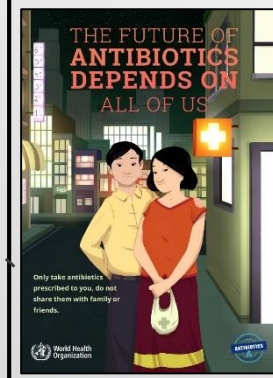
# 國人感染*Salmonella*比例增加

## 加強食品安全的監測

據悉，107年國人遭受*Salmonella* Anatum感染比例具有增加之趨勢，109年因應全球*Salmonella* Goldcoast在人類監測有逐漸升高趨勢。衛生單位欲進行此菌種血清型之抗藥性與親緣性檢測



響應「世界抗  
生素宣傳週」，  
重視抗生素的  
使用



**細菌抗藥性**，或稱為耐藥性，是指藥物治療疾病或改善病人徵狀的效力降低。當投入藥物濃度不足，不能殺死或抑制病原體時，殘留的細菌可能具有抵抗此種藥物的能力。例如細菌可能因抗生素誘發DNA突變而造成抗藥性。這種現象被稱為超突變性。是全球重要的健康議題之一。



# 國人感染*Salmonella*比例增加

## 加強食品安全的監測



據悉，107年國人遭受*Salmonella*

● 宿主、菌種鑑定、  
致病性能力

*Anatum*感染比例具有增加之趨勢，

109年因應全球*Salmonella*

● 菌種鑑定

*Goldcoast*在人類監測有逐漸升高

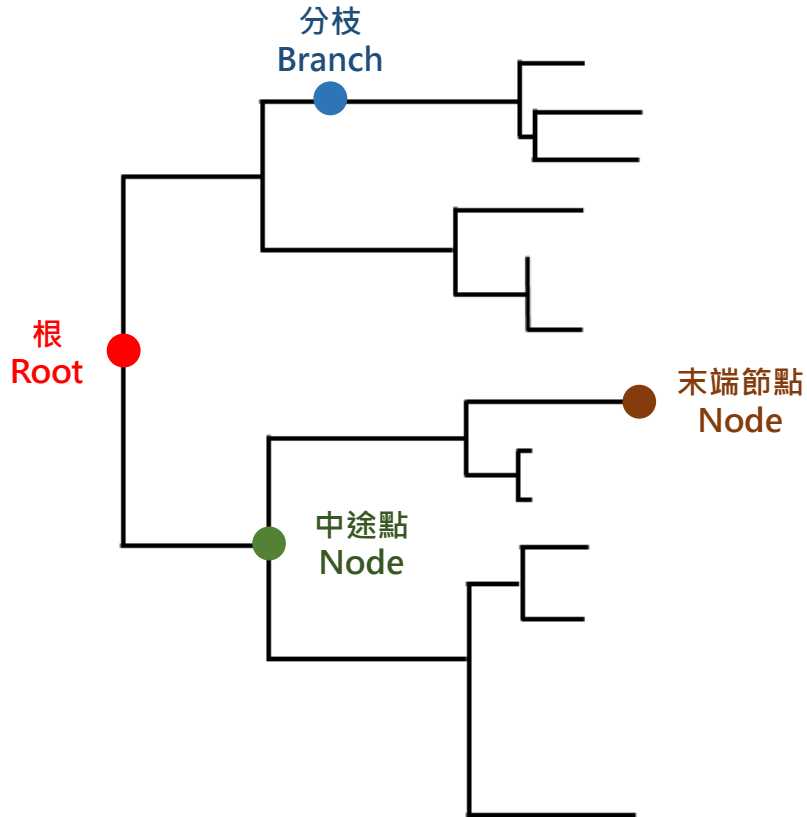
趨勢。衛生單位欲進行此菌種血清型

之抗藥性與親緣性檢測 ● 菌種鑑定、細菌抗藥性、  
親緣性

**細菌抗藥性**，或稱為耐藥性，是指藥物治療疾病或改善病人徵狀的效力降低。當投入藥物濃度不足，不能殺死或抑制病原體時，殘留的細菌可能具有抵抗此種藥物的能力。例如細菌可能因**抗生素誘發DNA突變而造成抗藥性**。這種現象被稱為超突變性。是全球重要的健康議題之一。

● 抗藥基因表現

## 系統發生樹/親緣關係樹/演化樹



### 組成

- **根**：演化樹中所有個體的起源
- **中途點**：演化過程中葉共同起源的祖先
- **葉 (末端節點)**：通常為解析之樣本
- **分枝**：演化分枝，以分枝長度呈現差異性

### 演算法

- 最大近似親緣樹 maximum likelihood (ML) tree
- 最大分支可信度親緣樹 Bayesian maximum clade credibility (MCC) tree
- 最小生成樹 minimum spanning tree (MST)

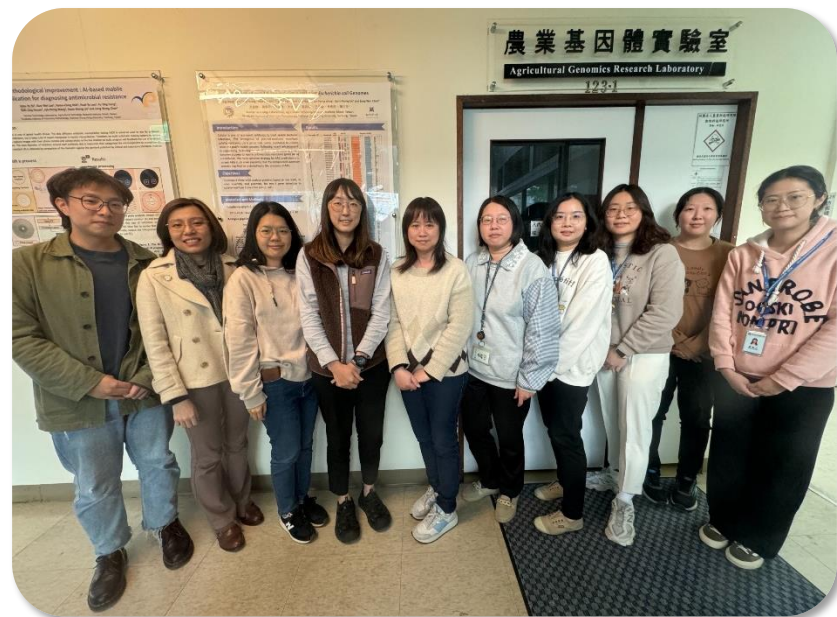
### 運算工具

RAxML



WGS-TB/  
MentaLiST

# WGS一把抓



基因體解析客製化諮詢  
農業基因體實驗室 洪郁婷  
037-585765  
yhung@mail.atri.org.tw

