### 项目背景

随着基因组学技术的迅速发展，全基因组和泛基因组分析在结核分枝杆菌的研究中正带来前所未有的视角。全基因组测序（Whole Genome Sequencing, WGS）能够详细揭示病原菌的基因组变异以及进化特征，使研究人员深入理解结核分枝杆菌的基因构成和变异情况。泛基因组分析则通过揭示种群中所有基因集合，包括核心基因和可变基因，从而提供对这些基因如何影响病原体行为的洞察。这些技术进步助力流行病学调查，尤其是在追踪结核病的传播路径方面，进而为制定高效公共卫生策略以控制结核疫情的扩散提供坚实的科学基础。此外，这一基因组测序技术在识别结核杆菌耐药基因突变方面也表现出重要作用，不仅能为现有抗结核药物的使用优化提供指导，同时为新药的研发提供了重要的科学依据。总之，细菌基因组测序的广泛应用正在为提升肺结核病的诊断精度和治疗效果提供关键的技术支持，推动结核病的预防与控制进入一个全新的阶段。

本课题组拟通过全基因组及泛基因组数据分析，深入研究结核分枝杆菌的遗传多样性并识别与抗药性、毒力相关基因。项目设计包括以下几个关键步骤：

1. **基因组测序文库制备**：利用结核菌的基因组制备可以进行NGS测序的短片段文库。
2. **全基因组测序**：利用高通量测序技术对提取的核酸进行全基因组测序。
3. **生物信息学分析**：
* 进行基因组组装、注释和比较基因组学分析。
1. **泛基因组分析**：
* 构建结核分枝杆菌的泛基因组，分析基因的分布和变异情况。
* 识别核心基因集和可变基因集。
1. **抗药性与毒力基因分析**：
* 识别与抗药性相关的基因。
* 分析毒力基因。

本次采购申请为250例的细菌全基因组重测序检测和200例生物信息学分析采购申请。

## 项目要求

1、检测产品：本项目涉及的细菌全基因组重测序及泛基因组分析。

2、样本要求：DNA浓度在10ng/μl，OD260/280在1.7~2.2之间时可正常启动实验

3、检测要求：

（1）下机数据Q30≥85%

（2）每个样本下机数据量＞0.5G

4、交付要求：

（1）下机原始数据

（2）数据质控报告

（3）生物信息结果分析报告

5、服务要求：

（1）上述交付内容应在收到样本之日起30个工作日内反馈甲方；

（2）检测服务商应在交付上述结果后，提供数据或报告后续服务支持，包括且不限于个性化重分析需求；