



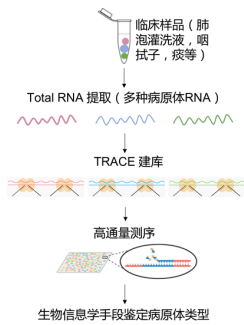
寻找新型冠状病毒致病的“帮凶”——生科伊成器课题组聚焦新冠病毒共感染病原体的检测与研究

最新

2020/05/01 信息来源：生命科学学院
编辑：麦洛 | 责编：山石

目前，新型冠状病毒肺炎（COVID-19）疫情严峻，截至4月8日，全球已累计确诊近134万例，死亡超7万，对人类生存健康造成了严重的危害。COVID-19是由新型冠状病毒SARS-CoV-2感染导致的，而感染者除了典型的肺炎等呼吸系统症状外，还伴随多组织多器官的其它多种症状，其原因很可能是存在其它病原体的共感染或继发感染。确定共感染的病原体类型与症状之间的关系，对于对症治疗和用药指导尤为重要。但是，如何做到对临床样品中共感染的多种病毒、细菌和真菌等病原体同时进行快速、无偏向性的检测呢？

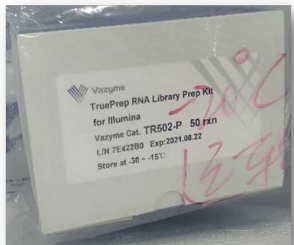
北京大学生命科学学院伊成器课题组新近发展的基于转座酶的TRACE (Transposase assisted RNA/DNA hybrid Co-tagmentation)建库测序技术，能够快速检测与新冠病毒共感染的潜在病原体。TRACE技术不同于繁琐、耗时久的传统RNA-seq建库流程，所有步骤均在一个试管中完成，建库总时长小于6小时，操作时长不超过2小时，将原来需要数天完成的程序降低到半天；同时，TRACE技术能够避免RNA材料的损失，缩小RNA起始量至纳克级别，降低建库成本，实现了简便、快速、灵敏、高效的RNA建库测序。TRACE技术可用于对鼻咽拭子、痰和粪便等样品的建库，使得临床样品中新型冠状病毒RNA基因组和共感染病原体宏基因组的检测更为便捷，有望在临床上为定制个性化诊疗策略提供帮助。



TRACE技术检测共感染流程



TRACE技术检测开发团队



试剂盒



武汉工作现场

这项工作（“病毒基因组学测序技术在新型冠状病毒研究中的应用”）的开展离不开国家和学校的支持以及团队协作。该应急项目还包括中国科学院武汉病毒研究所刘翟课题组和武汉希望组的成员。此外，南京诺唯赞生物科技有限公司为项目开展提供了关键试剂。目前，项目组已将该技术试用于临床样品的RNA文库构建和病毒检测，并将TRACE技术应用于首批病人咽拭子样品的宏基因组测序。伊成器课题组正在利用临床样品进一步优化TRACE技术，以快速实现更多临床样品的共感染病原体的检测和分析，为新冠感染者的临床诊治提供更多理论依据，助力疫情防控取得更多进展。

- 21 2021.01 “离校不离教 停课不停学”EMPH留学生网络
- 21 2021.01 2021年寒假期间(中)
- 21 2021.01 北大六院专家主编“国医界好书”
- 21 2021.01 北京大学第三医院“2020海内外有影响力”
- 21 2021.01 抗疫有我 | 肿瘤医接种工作

专题



学习贯彻十九届五中全会



北京大学
PEKING UNIVERSITY

新闻网

头条新闻

新闻纵横

专题热点

视听空间

领导活动

媒体北大

教学科研

转载本网文章请注明出处

学部 | 深研院 | 招生网

校报

电视台

广播台

官方微信

官方微博

版权所有 ©北京大学党委宣传部 | 地址: 北京市海淀区颐和园路5号 | 邮编: 100871

投稿须知 | 新闻热线: 010-62756381 |