

病毒靶向捕获测序—— 乙肝病毒 (HBV) 全长捕获及整合位点检测

我国是肝癌高发国家,乙型肝炎病毒 (HBV) 感染在肝细胞癌 (HCC) 的发生和发展中起着重要作用。2020年全球癌症报告显示,中国肝癌发病人数占全球病例的45.3%,而我国肝细胞癌(HCC)患者HBV感染率高达92.05%,其中HBV占据原发性HCC病因的主要部分,相关性达90%以上。HBV整合会促进慢性病毒感染患者向肝癌的致癌转化,因此对于HBV整合位点的研究,有利于阐明与病毒相关的肿瘤发生发展机制。

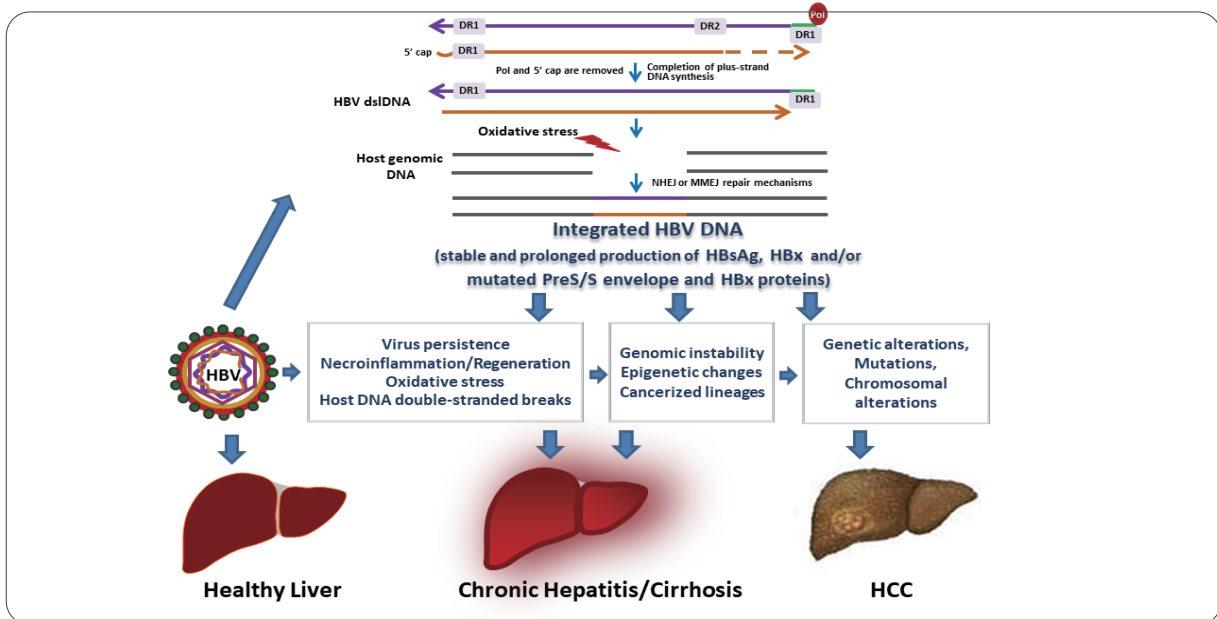


图1. HBV病毒整合在肝病和HCC发展中的危害^[1]

产品信息

产品名称	TargetSeq® HBV Panel
技术原理	TargetSeq® 液相探针杂交捕获
目标区域大小	17.6 Mb
覆盖HBV基因型	8种亚型 (A,B,C,D,E,F,G,H), 共5500条序列
应用	<ul style="list-style-type: none"> • 确定感染的HBV病毒亚型; • 分析宿主基因组中HBV病毒整合位点信息,对阐明于病毒相关的肿瘤的发生发展机制以及乙肝靶向药物的研发具有重要意义。

试剂盒及服务参数



样本要求
gDNA $\geq 2 \mu\text{g}$



服务周期
试剂盒订购 5个工作日
科研服务 15个工作日



测序策略
PE150测序
Illumina&MGI

技术路线

在捕获游离病毒DNA片段及整合病毒DNA片段的同时,也会将整合位点侧翼区域的宿主DNA (flanking host DNA) 共同捕获。根据VirusSeq分析方法,优化HBV数据库和分析流程,分析出HBV序列及其在宿主DNA上的整合位点。

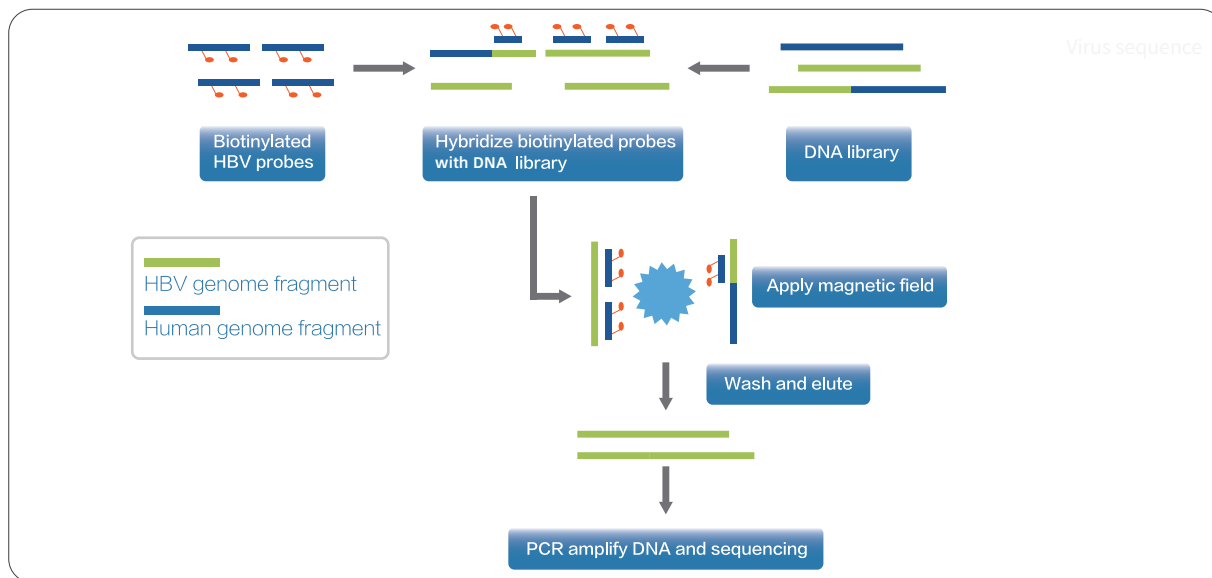


图2. HBV序列及整合位点检测流程

产品优势



自主知识产权的TargetSeq®杂交捕获测序技术



HBV整合断点检测特异性和灵敏度高



稳定、快速、高效、优质的产品质量控制体系

参考文献

1. Pollicino T, Caminiti G. HBV-Integration Studies in the Clinic: Role in the Natural History of Infection. *Viruses*. 2021 Feb 26;13(3):368. doi: 10.3390/v13030368. PMID: 33652619; PMCID: PMC7996909.
2. Li W, Zeng X, Lee N P, et al. HIVID: an efficient method to detect HBV integration using low coverage sequencing[J]. *Genomics*, 2013, 102(4):338-344.
3. Zhao, Ling-Hao et al. Erratum: Genomic and oncogenic preference of HBV integration in hepatocellular carcinoma[J] *Nature communications*, 2016 Oct 05;7:12992
4. Tu T, Budzinska M A, Shackel N A, et al. HBV DNA Integration: Molecular Mechanisms and Clinical Implications[J]. *Viruses*, 2017, 9(4):75.



官方微信

网址: www.igenetech.com
邮箱: sales@igenetech.com
电话: 010-89146623

公司总部: 北京市昌平区中关村生命科学园生命园路8号院一区9号楼A座3层
嘉兴子公司: 浙江省嘉兴市嘉善县大云镇农业路371号2号楼

仅供研究使用, 不可用于临床诊断。

版权声明: 本手册版权属于艾吉泰康生物科技(北京)有限公司所有, 未经本公司书面许可, 任何其他个人或组织不得以任何形式将本手册中的各项内容进行复制、拷贝、编辑或翻译成其他语言。本手册中所有商标或标识均属于艾吉泰康生物科技(北京)有限公司及其提供者所有。

文档号: PMM230105