



# GISDD: 基于全球分型框架利于分层监测协同的登革病毒数据库和基因分型研究平台

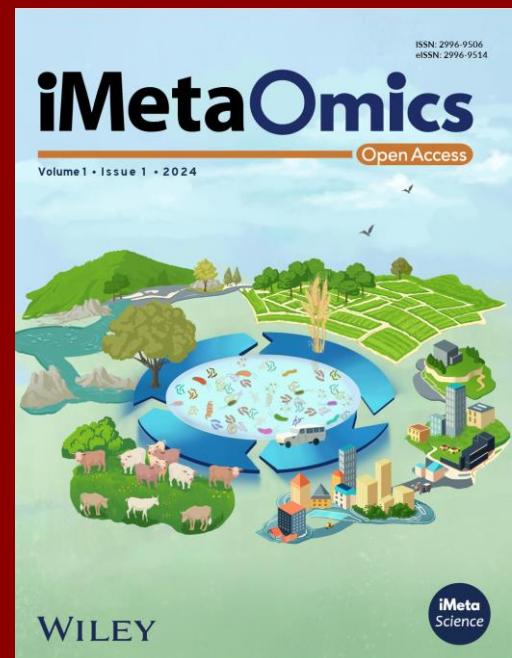
郭祥<sup>1,2</sup>, 滕萍英<sup>1,3</sup>, 李紫瑶<sup>1</sup>, 李力强<sup>1,4</sup>, 刘晓华<sup>1</sup>, 张晓晴<sup>1</sup>, 王宇基<sup>1</sup>, 胡敏玲<sup>1</sup>, 任文斐<sup>1</sup>, 曾淑<sup>1</sup>, 陈海洋<sup>1</sup>, 葛柳<sup>1</sup>, 刘诗涵<sup>1</sup>, 彭志强<sup>5</sup>, 孙九峰<sup>6</sup>, 张欣<sup>5</sup>, 罗雷<sup>7</sup>, 彭劼<sup>8</sup>, 史本云<sup>9</sup>, 吴让科<sup>10</sup>, 刘际明<sup>11</sup>, 张复春<sup>12</sup>, 陈晓光<sup>1</sup>, 陈同<sup>13\*</sup>, 周晓红<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>南方医科大学公共卫生学院病原生物学系  
南方医科大学热带医学研究所

<sup>2</sup>河南大学基础医学院  
<sup>3</sup>桂林医科大学寄生虫教研室  
<sup>4</sup>深圳市第三人民医院  
<sup>5</sup>广东省疾病预防控制中心  
<sup>6</sup>广东省公共卫生研究院

<sup>7</sup>广州市疾病预防控制中心

<sup>8</sup>南方医科大学南方医院  
<sup>9</sup>南京工业学院  
<sup>10</sup>南方医科大学外国语学院  
<sup>11</sup>香港浸会大学  
<sup>12</sup>广州医科大学附属广州市八医院  
<sup>13</sup>中国中医研究院

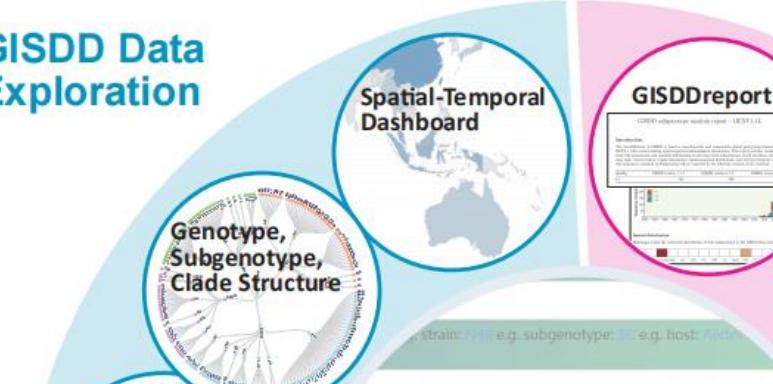


Xiang Guo, Pingying Teng, Ziyao Li, Xiaohua Liu, Xiaoqing Zhang, Yuji Wang, Minling Hu, et al. 2025. GISDD: a comprehensive global integrated sequence and genotyping database platform for dengue virus, facilitating a stratified coordinated surveillance strategy. *iMetaOmics* 2: e70048. <https://doi.org/10.1002/imo2.70048>

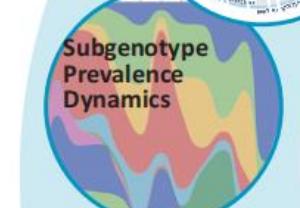


# 亮点

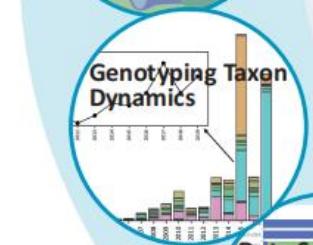
## GISDD Data Exploration



## Subgenotype Prevalence Dynamics

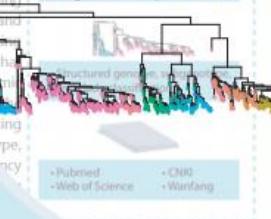


## Genotyping Taxon Dynamics



# GISDD

Global Integrated Sequence Database for Dengue Virus



## GISDD Resources

### GISDDreport

### GISDDprimer

### GISDDref

### BLAST

## GISDD Tools

### GISDDlearn

### NextStrain application

A platform facilitating a stratified coordinated surveillance strategy



# GISDD数据库特征

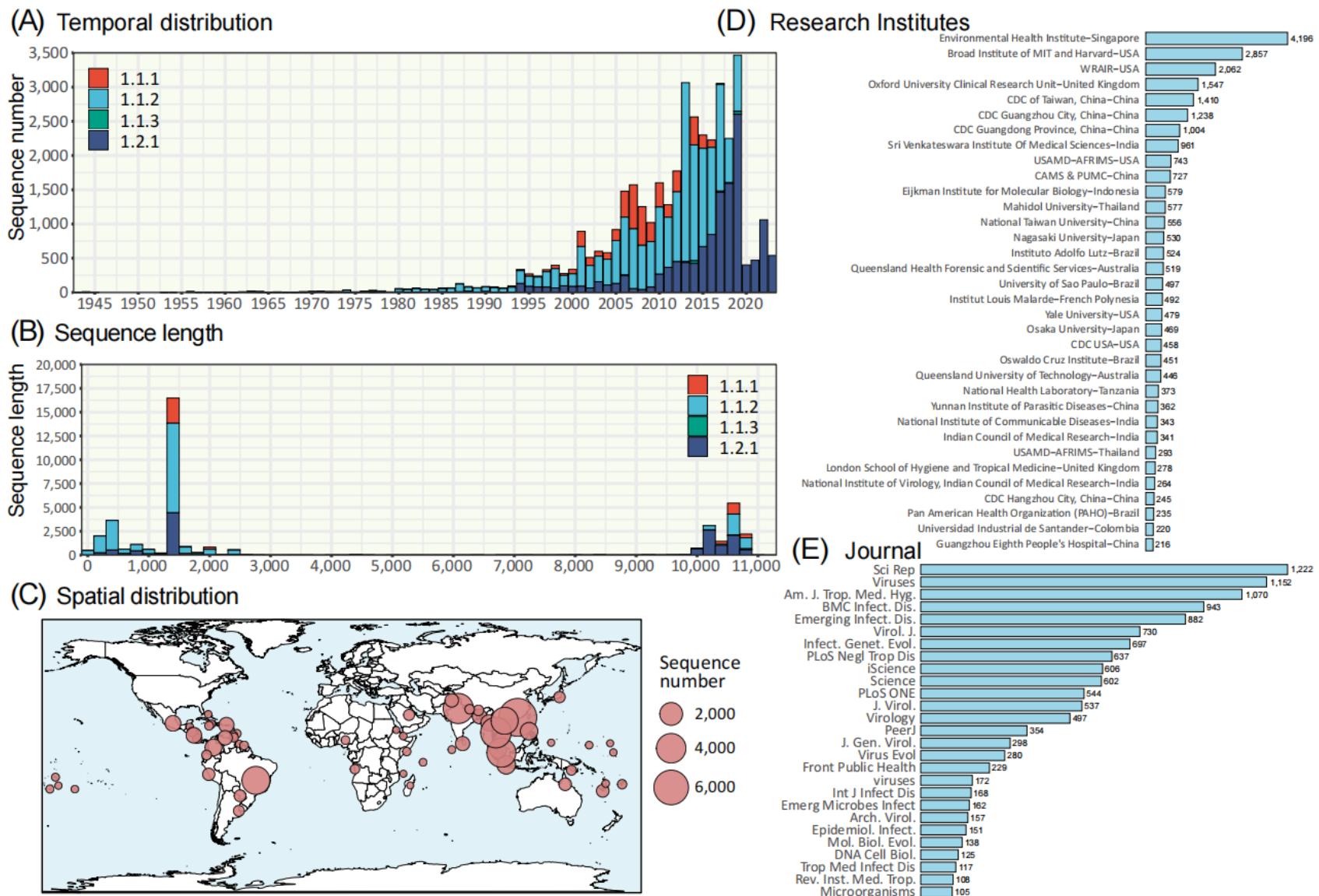


图1. GISDD数据库的关键特征



# GISDD工具资源

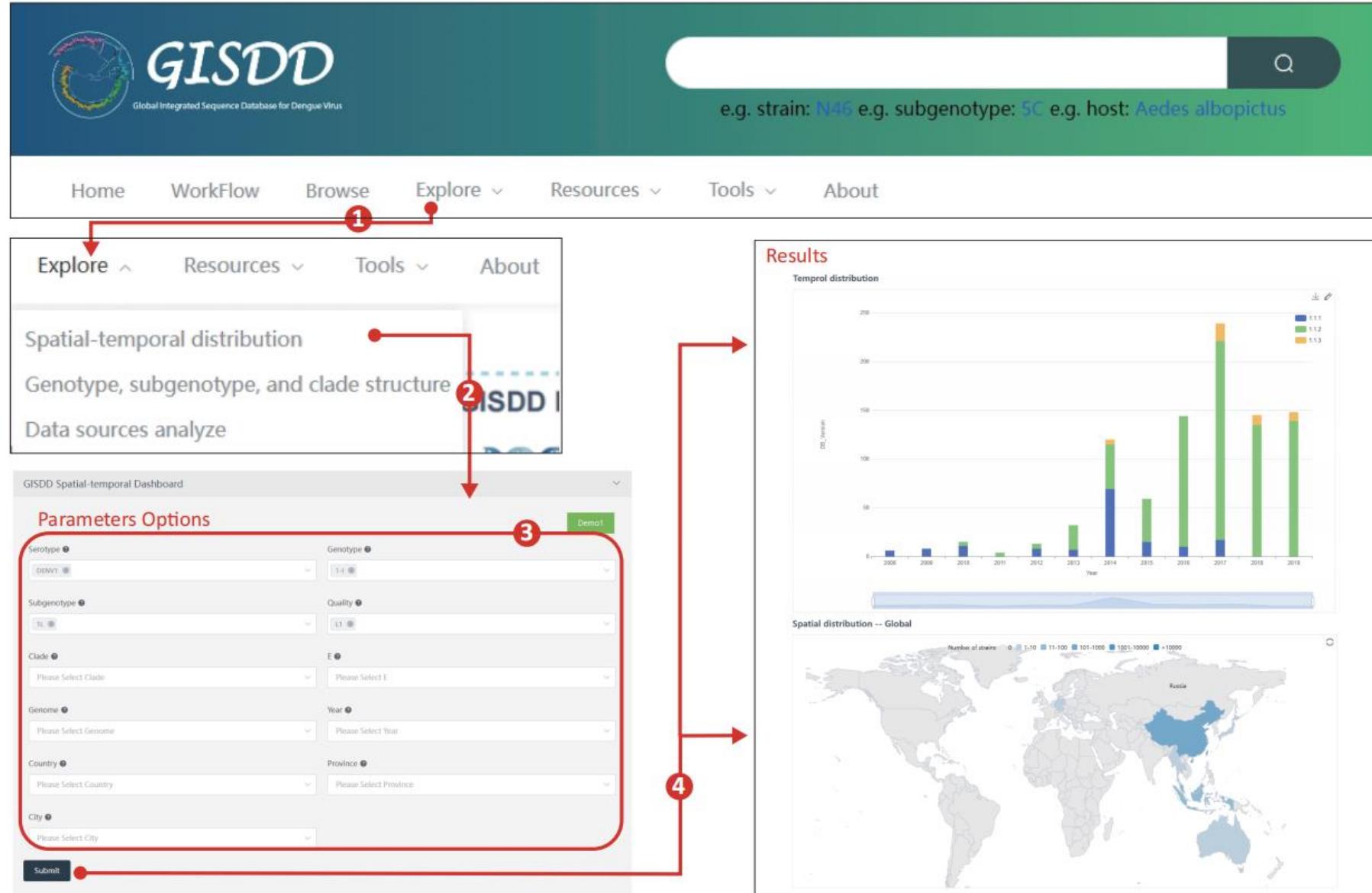


图2.GISDD工具资源使用示意图



# GISDD基因分型-综合研判-风险评估（SIR）工作流

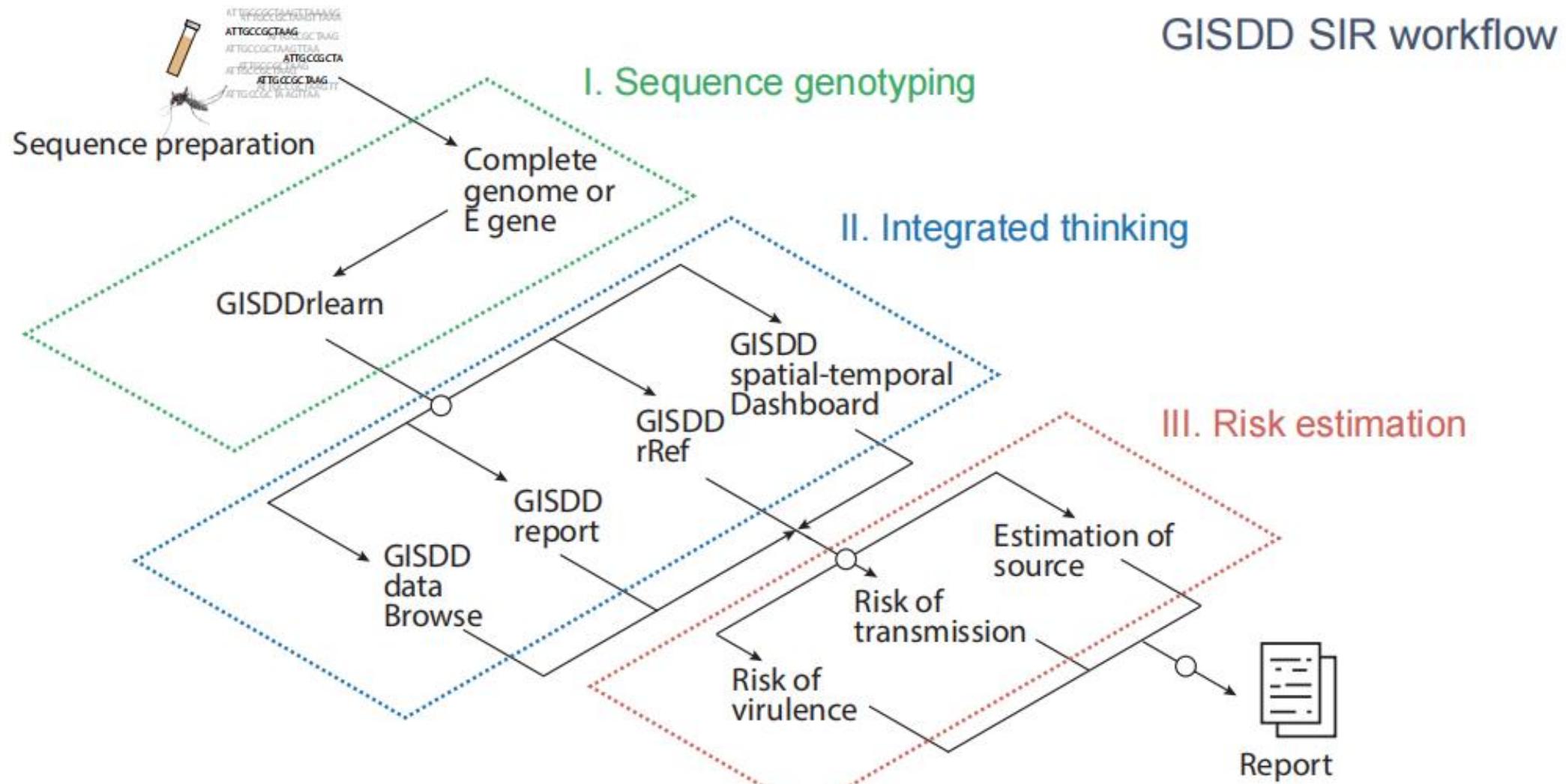


图3. GISDD序列基因分型-综合研判-风险评估（SIR）工作流



# SIR 工作流实施

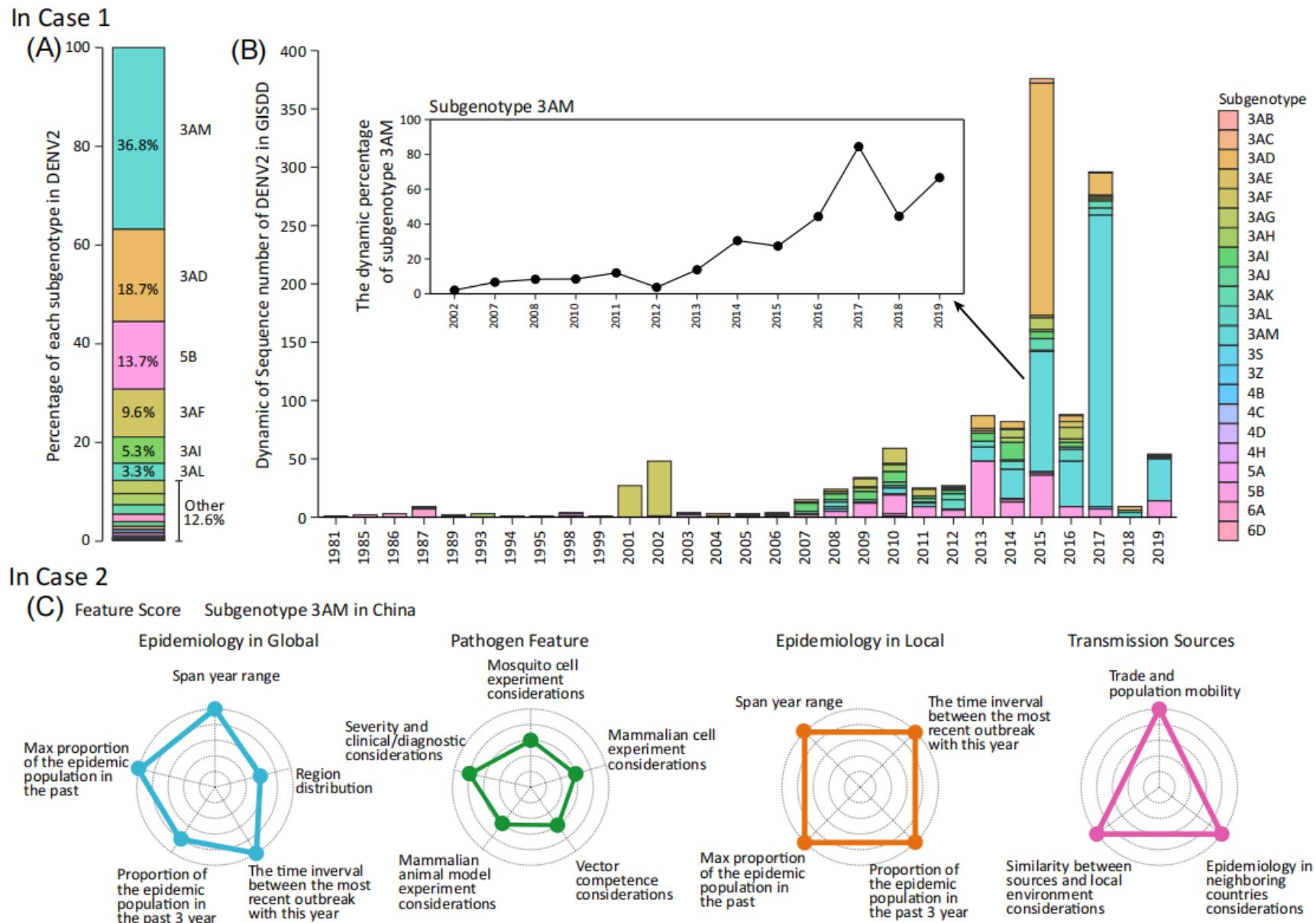


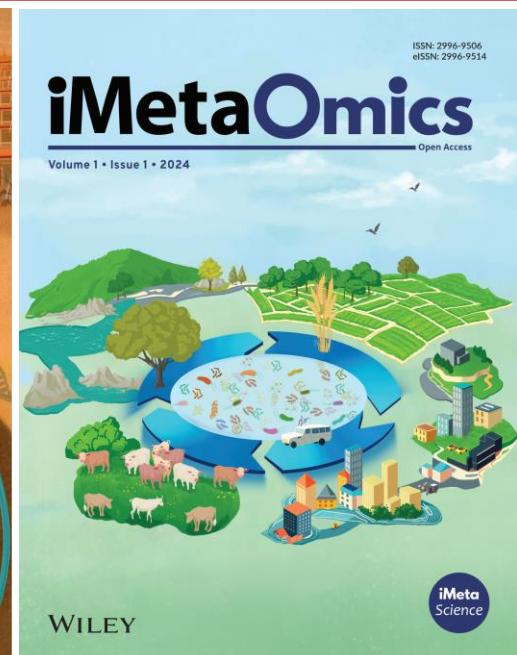
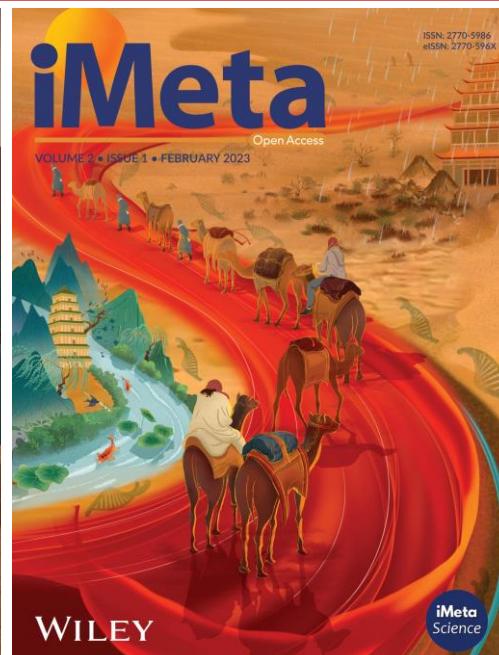
图4. SIR 工作流实施的两个案例

# 总结



- GISDD集成了针对DENV的深度学习基因分型识别GISDDrlearn等一系列在线分析工具，基于全球统一分型框架，可实现DENV基因型、亚基因型及基因分支的高效快速甄别与溯源；
- GISDD中SIR工作流支持用户通过网页界面直接上传DENV序列数据，系统将自动完成分析并生成该序列的基因分型判定、溯源与风险预警及其在全球的时空流行特征结果报告；
- GISDD为构建全球DENV分层监测协同战略与体系提供支持。

Xiang Guo, Pingying Teng, Ziyao Li, Xiaohua Liu, Xiaoqing Zhang, Yuji Wang, Minling Hu, et al. 2025. GISDD: a comprehensive global integrated sequence and genotyping database platform for dengue virus, facilitating a stratified coordinated surveillance strategy. *iMetaOmics* 2: e70048. <https://doi.org/10.1002/imo2.70048>



**iMeta(宏)**期刊是由宏科学、千名华人科学家和威立共同出版，对标**Cell**的生物/医学类综合期刊，主编刘双江和傅静远教授，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，重点关注生物技术、大数据和组学等前沿交叉学科。已被**SCIE**、**PubMed**等收录，最新**IF** 33.2，位列全球**SCI**期刊第65位(前千分之三)，中国第5位，微生物学研究类全球第一，中科院生物学双1区Top。外审平均21天，投稿至发表中位数87天。

子刊***iMetaOmics*** (宏组学)、***iMetaMed*** (宏医学)定位**IF>10**和**15**的生物、医学综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>



出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>

iMeta: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

投稿: iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



[office@imeta.science](mailto:office@imeta.science)  
[imetaomics@imeta.science](mailto:imetaomics@imeta.science)



[宣传片](#)



[iMeta](#)



更新日期  
2025/7/6