青海大学高原医学研究中心队列研究

协商会议纪要

会议主题：关于“慢性高原低氧应激损伤机制与干预措施研究”项目的单一来源公司协商

会议时间：2026 年

会议地点：青海省西宁市城西区 古城台街道昆仑路 16 号医学院

召集人：高原医学研究中心格日力教授，乌仁塔娜教授

主持人：武汉华大基因技术服务有限公司 闫智臣

记录人：武汉华大基因技术服务有限公司 曾爽

出席人员：高原医学研究中心格日力教授

高原医学研究中心乌仁塔娜教授

武汉华大基因技术服务有限公司闫智臣

武汉华大基因技术服务有限公司曾爽

项目背景介绍：

1、主持人介绍了“慢性高原低氧应激损伤机制与干预措施研究”项目的基本情况，包括项目的研究目标、采购内容及项目金额。项目采购内容包括 50 例 Cyclone 长读长全基因组（含核酸提取，目标数据量：100G/例），项目总金额为 574,320 元。

2、高原医学研究中心代表发言

本项目基于长读长全基因组学数据进行深度挖掘，对检测通量与生信分析背景要求极高。经前期深入调研与询价，华大基因凭借其行业领先地位成为优选合作伙伴。该公司不仅拥有覆盖基因组、转录组及蛋白组的全维度分析经验，更自主研发了全国首款高通量纳米孔单分子基因测序仪，该技术打破国外垄断，专利自主可控，测序速度快且读长超长，能极大提升数据产出质量。此外，华大建立了完善的生物信息数据管理体系，严格遵循国家人类遗传资源管理条例，通过区块链加密与本地化存储双重保障，确保民族遗传数据的绝对安全与合规使用。

3、华大基因代表发言

华大基因项目负责人在会上进行了详尽的方案汇报。其代表首先展示了公司在基因测序领域的核心竞争力，重点阐述了其自主研发的高通量纳米孔测序平台的技术壁垒及在多组学研究中的丰富项目经验，强调了对海量数据的高效处理与质控能力。针对本项目的特殊性质，华大方面郑重承诺，将依托完善的数据管理体系，严格执行数据分级保护策略，在保障民族遗传数据安全的前提下，提供最

高标准的测序服务，确保数据结果的准确性与可追溯性。最后，华大基因代表明确表示，将集中优势资源，全力配合青海大学高原医学研究中心的工作部署，建立高效的沟通对接机制，倒排工期、挂图作战，确保项目各环节按时、保质、保量圆满完成。

4、协商讨论

会议进入研讨环节，与会专家及青海大学高原医学研究中心代表围绕项目的核心指标、技术难点及数据合规性展开了深度质询与交流。针对高原特色样本的特殊性、多组学数据整合标准以及民族遗传资源的保密级别等关键议题，双方进行了细致的探讨。华大基因技术团队对此逐一进行了专业且详尽的解答，展现了其在复杂疾病基因组学研究中的深厚积淀。

在此基础上，华大代表承诺，将打破标准化服务的局限，为本项目量身打造一套定制化的全流程解决方案。该方案将从样本采集、高通量测序、生物信息深度分析延伸至临床意义解读，提供端到端的闭环服务，并建立专项技术支持小组，确保每一个环节的衔接顺畅，以高度契合青海大学在项目执行和数据管控上的高标准要求。

5、会议结论

经与会专家综合评审与充分论证，大家一致认为华大基因在高通量测序技术自主性、多组学数据整合分析能力及民族遗传数据安全管理体系上具有不可替代的行业优势，完全契合本项目对技术门槛与数据保密性的严苛要求。鉴于该项目涉及高原医学特色研究与国家级遗传资源保护，具有较强的专业特殊性，专家组建议采用单一来源方式向华大基因进行定向采购，以确保技术路线的连贯性与数据产出的高质量。

青海大学高原医学研究中心代表对专家意见表示高度认可，并指出将严格遵循政府采购及校内采购管理相关规定，尽快履行单一来源公示及审批流程，依法依规推进后续合同签订与项目实施工作，力保科研项目如期启动、高效落地。