

1. 一种微生物目标片段中特异性区域的识别方法，其特征在于，所述方法至少包括以下步骤：

S100，将微生物目标片段与一个或多个对比菌株全基因组序列分别进行一对一比对，去除相似性超过预设值的片段，获得若干剩余片段，作为第一轮切割片段 $T_1 \sim T_n$ ，其中， n 为 ≥ 1 的整数；

S200，将所述第一轮切割片段 $T_1 \sim T_n$ 分别与其他对比菌株的全基因组序列比对，去除相似性超过预设值的片段，获得剩余切割片段的集合作为微生物目标片段的候选特异性区域；

S300，验证和获得特异性区域：判断候选特异性区域是否满足以下条件：

 - 1) 搜寻公共数据库，寻找是否存在与候选特异性区域相似性大于预设值的其他物种；
 - 2) 将候选特异性区域分别与各对比菌株的全基因组序列，以及微生物目标片段来源菌株的寄主的全基因组序列进行比对，寻找是否存在相似性大于预设值的片段；

若候选特异性区域均不满足以上条件，则为微生物目标片段的特异性区域。
2. 如权利要求 1 所述的微生物目标片段中特异性区域的识别方法，其特征在于，还包括以下特征中的一项或多项：
 - a. 所述方法能够区别所述微生物目标片段来源菌株与对比菌株是否为同一种或同一亚种；
 - b. 所述相似性是指微生物目标片段的覆盖率与匹配率的乘积，所述覆盖率 = (相似序列片段长度 / (微生物目标片段末端值 - 微生物目标片段起始值 + 1)) %；
 - c. 步骤 S200 中，所述第一轮切割片段 $T_1 \sim T_n$ 分别与其他对比菌株的全基因组序列分组迭代比对；
 - d. 所述方法还包括以下步骤：S110，将选定的相邻微生物目标片段进行两两比对，若出现相似性低于预设值的比对结果，则发出警报并显示目标株种对应的筛选条件。
3. 如权利要求 2 所述的微生物目标片段中特异性区域的识别方法，其特征在于，将第一轮切割片段 T_n 与其他对比菌株的全基因组序列进行分组迭代比对时包括下列步骤：

S210 将其余对比菌株分为 P 组，每组若干个对比菌株；

S211 将第一轮切割片段 T_n 同时与第 1 组中各对比菌株的全基因组序列进行一对一的比对，去除相似性超过预设值的片段，获得若干剩余片段作为第一轮切割片段 T_n 的第一轮候选

序列库；

S212 将第一轮切割片段 T_n 的上一轮候选序列库同时与下一组中各对比菌株的全基因组序列进行一对一的比对，去除相似性超过预设值的片段，获得若干剩余片段作为第一轮切割片段 T_n 的下一轮候选序列库；从第一轮候选序列库开始重复步骤 S212 直至获得第 P 轮候选序列库作为第一轮切割片段 T_n 的候选特异性序列库；

所有第一轮切割片段的候选特异性序列库的集合即为候选特异性区域。

4. 如权利要求 3 所述的微生物目标片段中特异性区域的识别方法，其特征在于，对比菌株分组中所含对比菌株的数量根据运算环境的硬件配置设置。
5. 如权利要求 1 所述的微生物目标片段中特异性区域的识别方法，其特征在于，步骤 S200 后还包括：

执行步骤 S100 与 S200 获得目标序列中各微生物目标片段的候选特异性区域，将各微生物目标片段的候选特异性区域的集合作为目标序列的候选特异性区域。

6. 一种微生物目标片段中特异性区域的识别装置，其特征在于，所述装置至少包括以下模块：

第一轮切割片段获得模块，用于将微生物目标片段与一个或多个对比菌株全基因组序列分别进行一对一对比，去除相似性超过预设值的片段，获得若干剩余片段，作为第一轮切割片段 $T_1 \sim T_n$ ，其中，n 为 ≥ 1 的整数；

候选特异性区域获得模块，用于将所述第一轮切割片段 $T_1 \sim T_n$ 分别与其余对比菌株的全基因组序列比对，去除相似性超过预设值的片段，获得剩余切割片段的集合作为微生物目标片段的候选特异性区域；

特异性区域验证和获得模块，用于判断候选特异性区域是否满足以下条件：

- 1) 搜寻公共数据库，寻找是否存在与候选特异性区域相似性大于预设值的其他物种；

- 2) 将候选特异性区域分别与各对比菌株的全基因组序列，以及微生物目标片段来源菌株的寄主的全基因组序列进行比对，寻找是否存在相似性大于预设值的片段；

若候选特异性区域均不满足以上条件，则为微生物目标片段的特异性区域。

7. 如权利要求 6 所述的微生物目标片段中特异性区域的识别装置，其特征在于，还包括以下特征中的一项或多项：

- a. 所述装置能够区别所述微生物目标片段来源菌株与对比菌株是否为同一种或同一亚种；

- b. 所述相似性是指微生物目标片段的覆盖率与匹配率的乘积, 所述覆盖率= $(\text{相似序列片段长度} / (\text{微生物目标片段末端值} - \text{微生物目标片段起始值} + 1)) \%$;
 - c. 所述候选特异性区域获得模块中, 所述第一轮切割片段 $T_1 \sim T_n$ 分别与其余对比菌株的全基因组序列分组迭代比对;
 - d. 第一轮切割片段获得模块还包括以下子模块: 原始数据相似性比较模块, 用于将选定的相邻微生物目标片段进行两两比对, 若出现相似性低于预设值的比对结果, 则发出警报并显示目标株种对应的筛选条件。
8. 如权利要求 7 所述的微生物目标片段中特异性区域的识别装置, 其特征在于, 将第一轮切割片段 T_n 与其余对比菌株的全基因组序列进行分组迭代比对时, 所述候选特异性区域获得模块包括下列子模块:
- 对比菌株分组子模块, 用于将其余对比菌株分为 P 组, 每组若干个对比菌株;
- 第一轮候选序列库获得子模块, 用于将第一轮切割片段 T_n 同时与第 1 组中各对比菌株的全基因组序列进行一对一的比对, 去除相似性超过预设值的片段, 获得若干剩余片段作为第一轮切割片段 T_n 的第一轮候选序列库;
- 候选特异性区域获得子模块, 用于将第一轮切割片段 T_n 的上一轮候选序列库同时与下一组中各对比菌株的全基因组序列进行一对一的比对, 去除相似性超过预设值的片段, 获得若干剩余片段作为第一轮切割片段 T_n 的下一轮候选序列库; 从第一轮候选序列库开始重复候选特异性区域获得子模块直至获得第 P 轮候选序列库作为第一轮切割片段 T_n 的候选特异性序列库;
- 所有第一轮切割片段的候选特异性序列库的集合即为候选特异性区域。
9. 如权利要求 8 所述的微生物目标片段中特异性区域的识别装置, 其特征在于, 对比菌株分组中所含对比菌株的数量根据运算环境的硬件配置设置。
10. 如权利要求 6 所述的微生物目标片段中特异性区域的识别装置, 其特征在于, 所述装置还包括:
- 目标序列的候选特异性区域获得模块, 执行目标片段的第一轮切割片段获得模块与微生物目标片段的候选特异性区域获得模块获得目标序列中各微生物目标片段的候选特异性区域, 将各微生物目标片段的候选特异性区域的集合作为目标序列的候选特异性区域。
11. 一种计算机可读存储介质, 其上存储有计算机程序, 其特征在于, 该程序被处理器执行时实现权利要求 1-5 任一所述的微生物目标片段中特异性区域的识别方法。
12. 一种计算机处理设备, 包括处理器及权利要求 11 所述的计算机可读存储介质, 其特征在

于,所述处理器执行所述计算机可读存储介质上的计算机程序,实现权利要求 1-5 任一所述的微生物目标片段中特异性区域的识别方法的步骤。

13. 一种电子终端,其特征在于,包括:处理器、存储器、及通信器;所述存储器用于存储计算机程序,所述通信器用于与外部设备进行通信连接,所述处理器用于执行所述存储器存储的计算机程序,以使所述终端执行权利要求 1-5 任一所述的微生物目标片段中特异性区域的识别方法。
14. 如权利要求 1-5 所述的微生物目标片段中特异性区域的识别方法,权利要求 6-10 所述的微生物目标片段中特异性区域的识别装置,权利要求 11 所述的计算机可读存储介质,权利要求 12 所述的计算机处理设备或权利要求 13 所述的电子终端,用于识别微生物目标片段中特异性区域的用途。
15. 如权利要求 14 所述的用途,其特征在于,还包括以下特征中的一项或多项:
 - a. 所述用途为区别所述微生物目标片段来源菌株与对比菌株是否为同一种或同一亚种;
 - b. 微生物选自细菌、病毒、真菌、变形虫、隐孢子虫、鞭毛虫、微孢子虫、梨形虫、疟原虫、弓形虫、毛滴虫或动质体中的一种或多种。