全球微生物模式基因组测序计划获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/11867.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

近日，《核酸研究》（*Nucleic AcidsResearch*）在线发表了国家微生物科学数据中心（中国科学院微生物研究所微生物资源与大数据中心、世界微生物数据中心）关于全球模式微生物基因组数据库gcType的论文。gcType是由我国牵头的全球模式微生物基因组测序计划的重要成果。

模式菌株（type strains）是在给微生物定名、分类记载和发表时，以纯菌状态所保存的菌种，是微生物分类学的标准参考物质，也是理想的生物技术研究工具，具有重要的科研和产业价值。模式菌株长期以来分散在全球100余个保藏中心，是珍贵的资源。2018年，微生物所牵头发起全球模式微生物基因组测序计划，从全球微生物资源保藏中心选择目前未进行测序的模式微生物菌株（包括细菌、古菌和可培养真菌），预计5年内完成超过10,000种的细菌、真菌、古菌模式菌株基因组测序，建立全球微生物模式菌株基因组测序合作网络，美国典型菌种保藏中心、日本理化学研究所生物资源中心、日本技术评价研究所生物资源中心、韩国典型菌种保藏中心等微生物资源保藏中心已正式加入该计划并形成阶段性成果。

目前，国家微生物数据中心已形成国际引领的微生物大数据平台体系。其中，全球微生物菌种目录（Global Catalogueof Microorganism, gcm）集成了全球50个国家133个微生物资源中心46万微生物菌种资源数据（*Nucleic Acids Research,* 2016），是目前最大的微生物实物资源数据平台。全球模式微生物基因组数据库（Global Catalogueof Type Strain, gcType）整合了16701个有效发表的原核生物的超过13,944个基因组数据（*Nucleic Acids Research,* 2020），是目前在模式微生物基因组方面数据最全面，功能最完善的数据平台，为用户提供一站式的数据管理和基因组注释、新种鉴定等分析。全球微生物组数据库（The GlobalCatalogue of Metagenomics, gc Meta）整合了超过200TB宏基因组相关数据和超过100个在线数据分析工具及整合的工作流（*Nucleic Acids Research,* 2019）。

国家微生物科学数据中心持续为多个国家的用户提供高质量的数据服务，致力于建立国际一流的微生物数据中心。国家微生物科学数据中心博士史文聿、孙清岚为论文的共同第一作者，研究员马俊才、吴林寰为论文的共同通讯作者，国内外22个团队共同参与了论文的相关工作。研究工作得到中科院国际大科学培育专项计划、科技部国家微生物科学数据中心、中科院微生物学科数据

中心、中科院战略性先导科技专项（A类）、中科院战略生物资源网络计划等的支持。

论文链接

研究团队单位：微生物研究所

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发