
科研人员建立原噬菌体de novo预测新算法

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/15910.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！

科研人员建立原噬菌体de novo预测新算法。中国科学院南海海洋研究所研究员王晓雪团队建立了一种不依赖于噬菌体基因序列相似性的原噬菌体de novo预测新算法，集成分析流程的工具名为Prophage Tracer。相关研究9月22日在线发表于《核酸研究》。

烈性噬菌体侵染细菌宿主后，大量繁殖，裂解宿主细胞释放子代噬菌体粒子。温和噬菌体的溶原—裂解转换是微生物生态领域的重要科学问题之一。温和噬菌体能和宿主形成长期共生关系，其整合切离等可以破坏或恢复宿主的基因正常功能，是宿主基因表达调控的一种重要途径。

王晓雪团队前期研究发现希瓦氏菌的原噬菌体CP4So可以在低温诱导条件下发生切离，是细菌一种重要的适冷机制，并且CP4So的切离受到宿主温度依赖性的H-NS磷酸化调控。因此精确鉴定细菌中的原噬菌体及其插入位点对于研究温和噬菌体与宿主的共生关系至关重要。

据王晓雪团队的汤开浩介绍，目前，鉴定原噬菌体的方法主要依赖利用已知的噬菌体进行序列相似性检索。但是由于噬菌体的基因组变异快，基于序列相似性检索方法很难发现未知类型噬菌体。此外，对噬菌体插入位点的预测也不准确，很难区分原噬菌体携带的cargo基因和宿主基因的边界。

为了解决上述问题，汤开浩等科研人员建立了一种从头预测原噬菌体的方法。该方法主要利用原噬菌体整合切离过程中会产生基因组结构变异基因组序列。这些序列隐藏在细菌基因组、转录组测序数据的reads中。通过建立重叠的序列比对方法，追踪和挖掘埋藏于测序原始数据中reads。

只需甄别到1~2条reads就能精确定位原噬菌体（精确到单个碱基）。汤开浩表示，由于该方法不依赖于序列相似性，因此能够预测到未知的噬菌体。通过挖掘，在珊瑚共附生细菌中鉴定到九个温和噬菌体，其中两个为新颖的温和噬菌体。（来源：中国科学报朱汉斌 诸晗宁）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1093/nar/gkab824>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：王晓雪等 来源：《核酸研究》

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](http://www.iikx.com)转发