
研究人员用基因测序“修正”细菌分类

作者：陈宇 来源：新华社

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/1810.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！

澳大利亚昆士兰大学研究人员用基因测序技术绘制出细菌进化树，这一方法有助于改进以往的细菌分类法。

研究成果日前发表在英国《自然·生物技术》杂志上。研究人员主要使用一种被称为元基因组学的方法，对自然环境中的细菌样本直接进行测序，进而绘制出细菌进化树，更好地对细菌进行分类。

现有的生物分类主要依据生物在形态结构和生理功能等方面的特征，以弄清不同类群之间的亲缘关系和进化关系。

研究项目负责人、昆士兰大学化学和分子生物科学学院教授菲利普·胡金霍尔茨说，尽管科学界总体认可这种根据生物进化关系来确定的分类，但因为细菌难以根据物理特征区分，所以此前对细菌的分类存在一些错误。

研究人员以细菌中最常见的120种基因图谱为基础绘制出庞大的细菌进化树，以构建一个标准化的模型，修正以前的分类错误。

例如，按照原先的分类方法，只要是细胞内部产生孢子的杆状细菌都被归入梭菌属，而现在可以根据进化树将梭菌属下的细菌重新分类到29个科的121个不同的属。

研究团队中负责软件开发的博士多诺万·帕克斯说，随着生物测序技术的进步，现在研究人员可以获得成千上万种细菌的完整基因蓝图，包括一些目前还无法在实验室培养出的细菌。(来源：新华社 陈宇)

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