利用三代测序解析肠道菌群结构变异和功能

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/19008.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！

利用三代测序解析肠道菌群结构变异和功能。 中科院微生物研究所王军课题组和动物研究所宋默识课题组合作，建立了ONT三代测序和Illumina二代测序数据混合组装和后续分析流程。在mock community上的验证表明，三代和二代测序数据的混合组装从完整度、准确程度以及编码密度方面均比单纯二代或者三代测序组装更有优势。相关研究近日发表于《自然—通讯》。

近十年来，肠道微生物组已成为生命科学研究领域的热点，但目前大部分研究都集中在使用二代测序技术进行物种和功能的解析，宏基因组的拼接质量不高并且很难实现菌株水平的功能差异分析。

该研究基于三代ONT序列，提高了宏基因组装的质量、SV的发现能力，发现了大量包括插入突变和基因倒位在内的结构变异对于菌株水平上基因功能的影响，以及噬菌体、CRISPR-spacer等系统的深度挖掘。

这项研究是课题组利用三代Nanopore测序技术解析肠道病毒组，近期发表的真菌组分析方法和靶向RNA检测病原微生物之后，在利用三代Nanopore测序技术探索肠道微生物研究领域的新进展。作者表示，这一发现对未来更精细的精准医学领域的发展提供了理论启发。（来源：中国科学报冯丽妃）

相关论文信息：https://doi.org/10.1038/s41467-022-30857-9

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：王军等 来源：《自然—通讯》

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