
动物所研发出全转录组可编程智能测序新技术

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/29943.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！

真核生物的转录组由大量蛋白编码mRNA、非编码RNA和环形RNA等多种分子组成，具有高度的复杂性和多样性。因此，如何在庞大而复杂的转录组中高效、精准地检测目标转录本，成为当前生命科学与医学研究的重要挑战。传统的靶向转录组检测方法需要在测序前通过探针捕获或实验富集且操作繁琐，常常无法保留样本中的全部转录组信息，导致文库用途受限，难以用于大规模整合分析，制约了靶向转录组研究的应用场景。

10月23日，中国科学院动物研究所赵方庆团队在《自然-生物细胞学》（Nature Cell Biology）上，发表了题为Real-time and programmable transcriptome sequencing with PROFIT-seq的研究论文。该团队开发了全转录组可编程智能测序新技术PROFIT-seq。该技术将全转录组捕获技术与计算机编程实时操控算法相结合，能够在测序过程中同时进行分析和富集，实现目标转录本的单分子精确检测和全转录组的无偏定量。这一新技术可广泛适用于生命科学研究、病原体检测和临床诊断等领域。

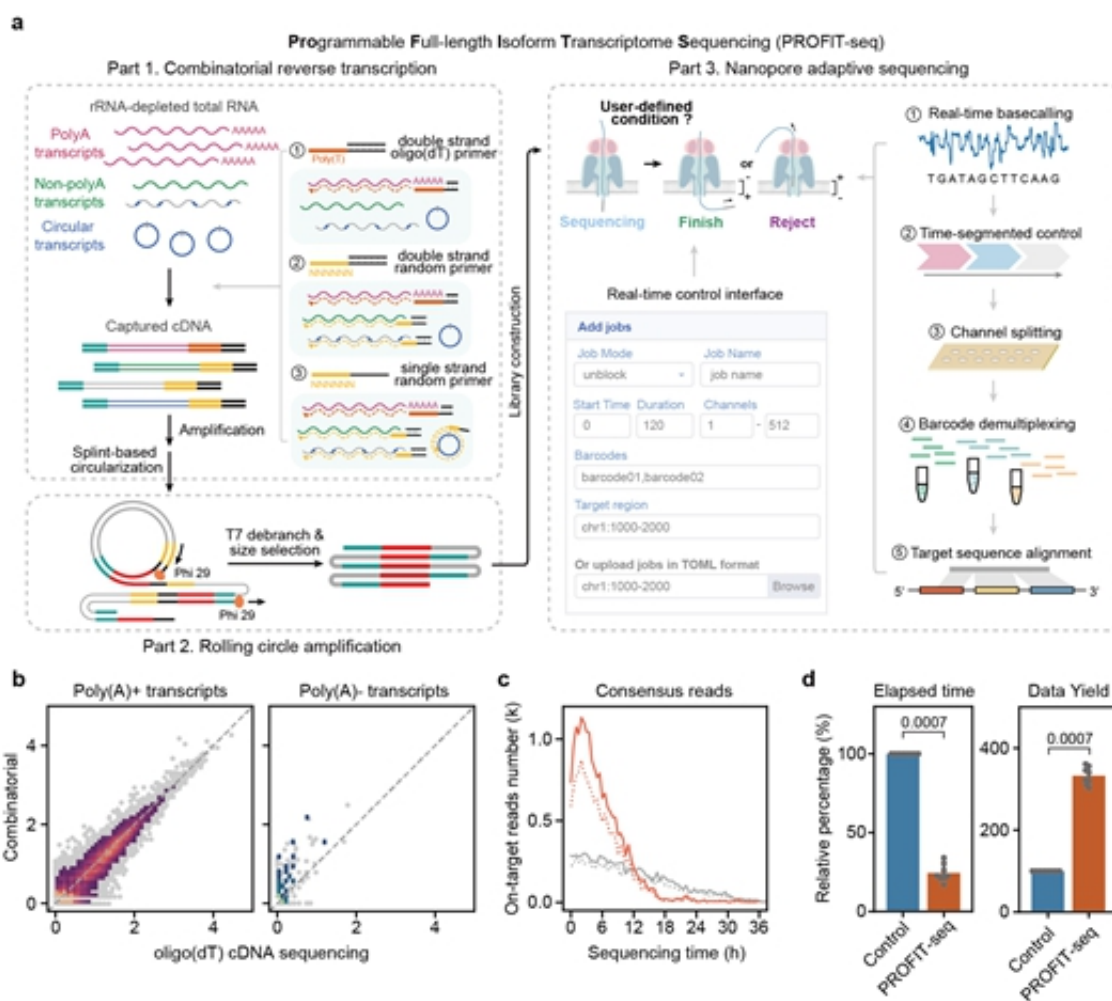
PROFIT-seq通过创新的复合逆转录策略和滚环扩增技术，能够捕获多种类型的转录本如多聚腺苷酸化、非多聚腺苷酸化和环状RNA等，可以在测序过程中实时控制，并能够根据需要选择性地富集目标转录本。同时，该团队设计了基于最大期望算法的全转录组智能定量模型，结合目标转录本的全长序列和其他非目标分子的短时测序标签，实现了精准的全转录组定量分析。与传统方法相比，PROFIT-seq提高了样本中目标转录本的检测效率和测序通量。

该研究提出了转录组智能测序概念，依托人工智能纳米孔自适应测序算法，能够实时判断测序分子来源，并可编程选择目标测序分子进行全长测序。这一方法无需复杂的前期实验处理，仅需提供目标转录本的参考序列，即可灵活实现测序的实时操控，满足多种类型转录本的同步检测需求。同时，研究通过滚环扩增技术，结合cDNA的多轮通读与纳米孔测序错误校正，实现了目标转录本的高效、精准的单分子检测。

该研究展示了PROFIT-seq在多种实际场景中的应用效果。临床检测中，该技术通过实时富集痰液样本中肺炎相关病原，提高了病原体的检测通量，缩短了关键突变的鉴定时间，实现了快速、准确的目的病原鉴定。同时，该技术检测了结直肠癌相关微生物与宿主免疫系统的复杂互动，揭示了在结直肠息肉恶性瘤变过程中宿主免疫组库与肠道微生物的相互作用规律。

研究工作得到国家重点研发计划、国家杰出青年科学基金、博士后创新人才支持计划的支持。

[论文链接](#)



动物所研发出全转录组可编程智能测序新技术

研究团队单位：动物研究所

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](https://www.iikx.com)转发