

MIST: 基于NGS数据的 微生物鉴定和溯源分析平台

宋明辉^{1#}, 韩畅^{2#*}, 刘林梦^{2#}, 李琼琼¹, 范一灵¹, 高豪², 张丹²,
任一^{2*}, 秦峰^{1*}, 杨美成^{3*}

1. 上海市食品药品检验研究院
2. 上海美吉生物医药科技有限公司
3. 上海市食品药品包装材料测试所



Song, Minghui, Chang Han, Linmeng Liu, Qiongqiong Li, Yiling Fan, Hao Gao, Dan Zhang, Yi Ren, Feng Qin, and Meicheng Yang. 2023. "MIST: A Microbial Identification and Source Tracking System for Next-Generation Sequencing Data." *iMeta* e146. <https://doi.org/10.1002/imt2.146>



国家药典委员会发布了《微生物全基因组测序技术导则》（草案），旨在规范微生物WGS的方法流程和技术指标，确保测序鉴定的准确性。在上述《导则》的基础上，我们开发了一体化微生物鉴定系统MIST，可以满足食品药品质量控制中微生物鉴定和污染调查的需要。MIST集成了三种分析流程：基于16S/18S/ITS扩增子的微生物鉴定、基于WGS的微生物鉴定和基于SNP的微生物溯源追踪。MIST可以分析多种格式的序列数据，如Fasta、BCL、Fastq等。MIST可以连接到高通量测序仪器，直接获取测序数据。此外，我们为MIST (<http://syj.i-sanger.cn>) 开发了一个可公开访问的Web分析平台，用户可在线开展数据分析工作。

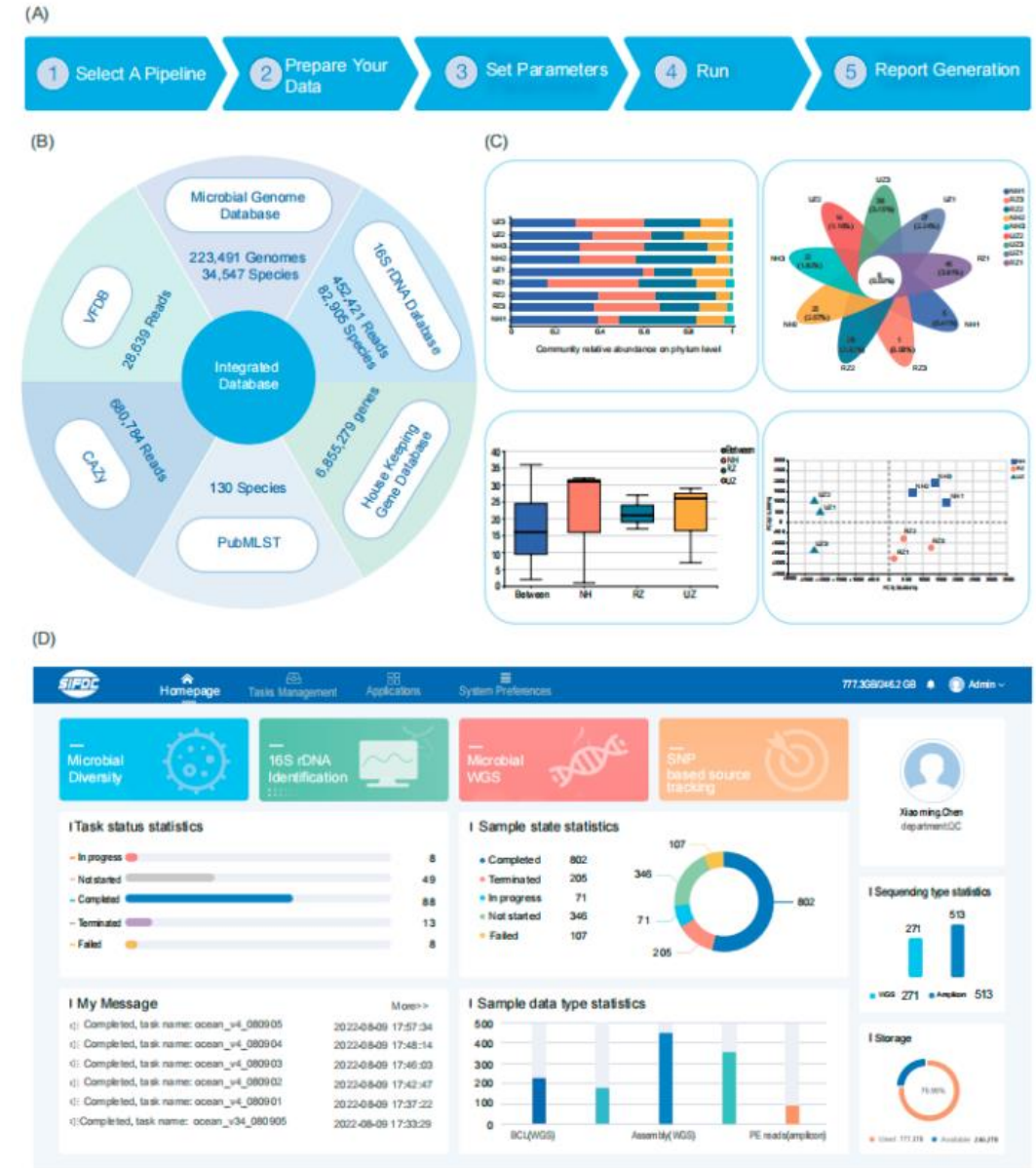


图 1. MIST系统概述



正文

系统由三个分析流程组成：1.基于扩增子的微生物鉴定，如16S rDNA/18S rDNA/ITS基因（图 2A），2.基于WGS的微生物鉴定（图 2C），3.基于SNP的溯源分析（图 2B）。用户需选择Illumina测序仪生成的BCL或fastq格式的测序文件，或fasta格式的序列文件（如组装基因组或16S序列等），创建分析任务，设置分析参数，点击提交，前端界面将文件和参数传输至服务器，并触发分析流程的运行（图1A）。该系统为微生物鉴定和功能注释提供了主流的参考数据库（图1B）。此外，配备了数据管理系统，负责监控处理任务和管理数据库，例如输入和输出文件等（图 1D）。用户可以在在线交互式分析报告界面上查看任务结果，并下载结果以供进一步数据挖掘使用（图1C）。



图 2. 3个分析工作流的流程图



总结

全基因组测序、扩增子和宏基因组测序越来越多地用于产生复杂环境序列数据集的研究，这为不可培养微生物的鉴定和整个生物群落的利用打下了坚实的应用基础。因此，亟需在食品安全和药物管制领域开发基于WGS和扩增子的微生物物种鉴定流程。MIST系统可利用扩增子序列进行微生物鉴定，利用WGS数据可进行微生物鉴定、MLST分型和SNP源跟踪。在我们的系统中，WGS微生物鉴定流程的一个重要潜在用途是鉴定受污染的序列或宏基因组样本。现有分析方法鉴定环境微生物污染样本的能力十分有限，本系统在加快临床实验室病原体检测方面具有重要价值。

Song, Minghui, Chang Han, Linmeng Liu, Qionqiong Li, Yiling Fan, Hao Gao, Dan Zhang, Yi Ren, Feng Qin, and Meicheng Yang. 2023. "MIST: A Microbial Identification and Source Tracking System for Next-Generation Sequencing Data." *iMeta* e146. <https://doi.org/10.1002/imt2.146>





“iMeta”是由威立、肠菌分会和本领域数百位华人科学家合作出版的开放获取期刊，主编由中科院微生物所刘双江研究员和荷兰格罗宁根大学傅静远教授共同担任。目的是发表原创研究、方法和综述以促进宏基因组学、微生物组和生物信息学发展。目标是发表前10%(IF > 15)的高影响力论文。期刊特色包括视频投稿、可重复分析、图片打磨、青年编委、前3年免出版费、50万用户的社交媒体宣传等。2022年的三月、六月和九月期已正式在线出版发行!

主页: <http://www.imeta.science>
出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>

投稿: <https://mc.manuscriptcentral.com/imeta>

 office@imeta.science

 [iMeta](#)

[宣传片](#)

