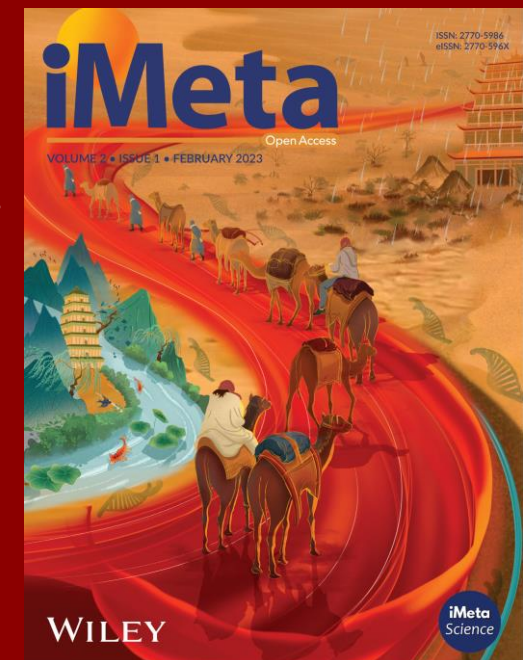




基于液滴微流控技术的高通量 通用单实体测序

王国平^{1#}, 赵浏阳^{1#}, 石宇^{1#}, 曲富洋^{2#}, 丁彦强^{1#}, 刘伟鑫¹, 刘长安¹, 罗刚³, 李美仪¹, 白小武¹, 李罗权², 王路遥¹, 黄子隽¹, 何亦平^{2,4,5*}, 于君^{1*}

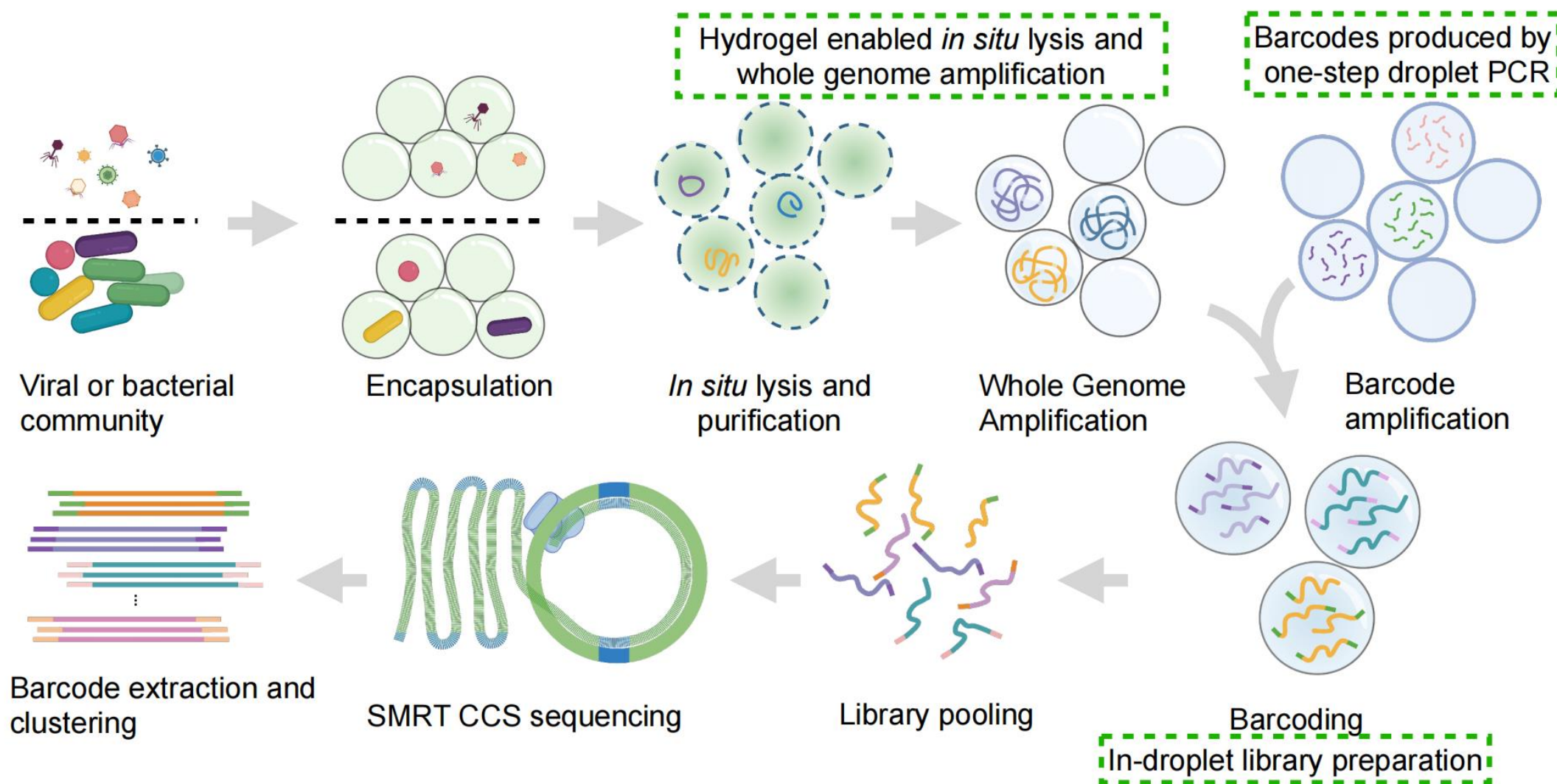
¹香港中文大学, 消化疾病研究所及内科与药物治疗学系, 消化疾病国家重点实验室
香港中文大学, 计算机工程学系, 电子工程学系, 石墨烯国际联合研究国家中心香港分中心, 教育部再生医学重点实验室
#共同第一作者



Guoping Wang, Liuyang Zhao, Yu Shi, Fuyang Qu, Yanqiang Ding, Weixin Liu, Changan Liu, et al. 2025. High-throughput generic single-entity sequencing using droplet microfluidics. *iMeta* 4: e70087. <https://doi.org/10.1002/imt2.70087>.



概述





亮点

- 本研究提出 GSE-Seq，一种用于高通量长读长单实体测序的新方法。
- 本方法利用可控降解水凝胶，实现对单个病毒和细菌的高效原位裂解及扩增。
- 基于单细胞的组装策略显著提高了病毒基因组的回收率和完整度。
- 通过从复杂样本中回收数以万计的基因组，揭示了庞大的病毒“暗物质”。
- 从人类肠道中成功获得超过 20,000 个细菌基因组，其中包括难以裂解的物种。



结果一：通用单实体测序的总体设计与barcode生成

High-throughput generic single-entity sequencing using droplet microfluidics

Guoping Wang, Liuyang Zhao, Yu Shi, Fuyang Qu, Yanqiang Ding, Weixin Liu, Changan Liu, Gang Luo, Meiyi Li, Xiaowu Bai, Luoquan Li, Yi-Ping Ho, Jun Yu



香港中文大學醫學院
Faculty of Medicine
The Chinese University of Hong Kong



Department of
Biomedical Engineering
The Chinese University of Hong Kong

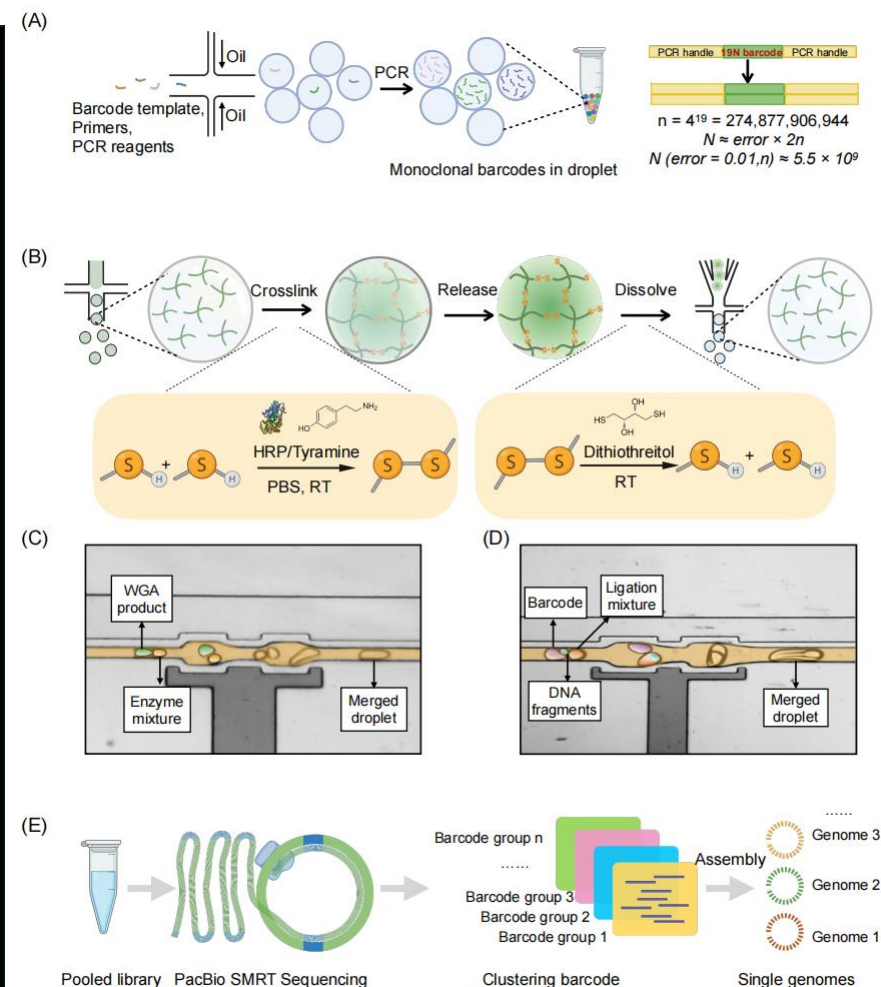


图 1: 使用液滴微流控技术的高量通用单实体测序 (GSE-Seq) 的设计



结果二：GSE-Seq 性能验证

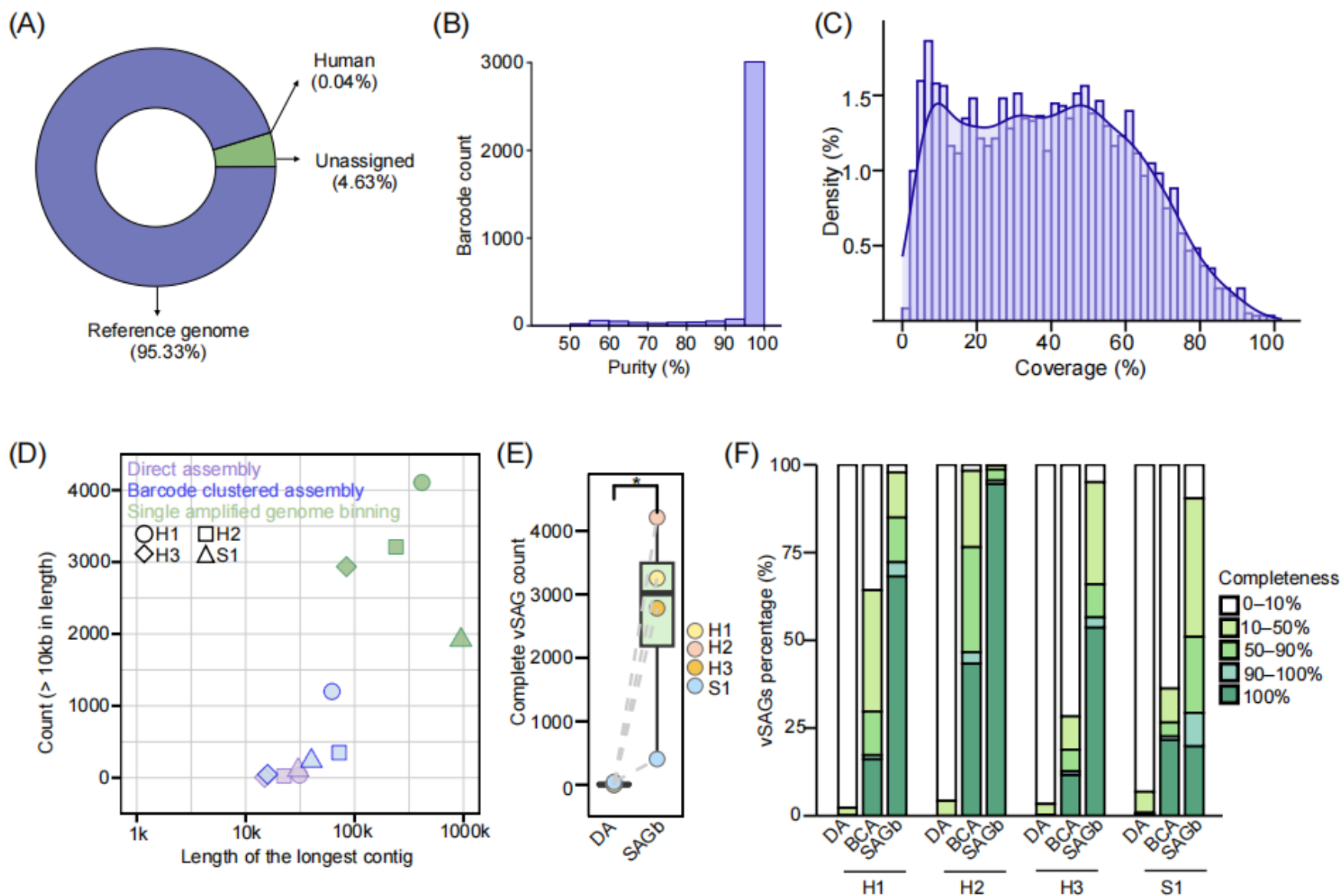


图 2：验证GSE-Seq的性能

结果三：GSE-Seq 揭示人类肠道与海洋沉积物中的病毒多样性

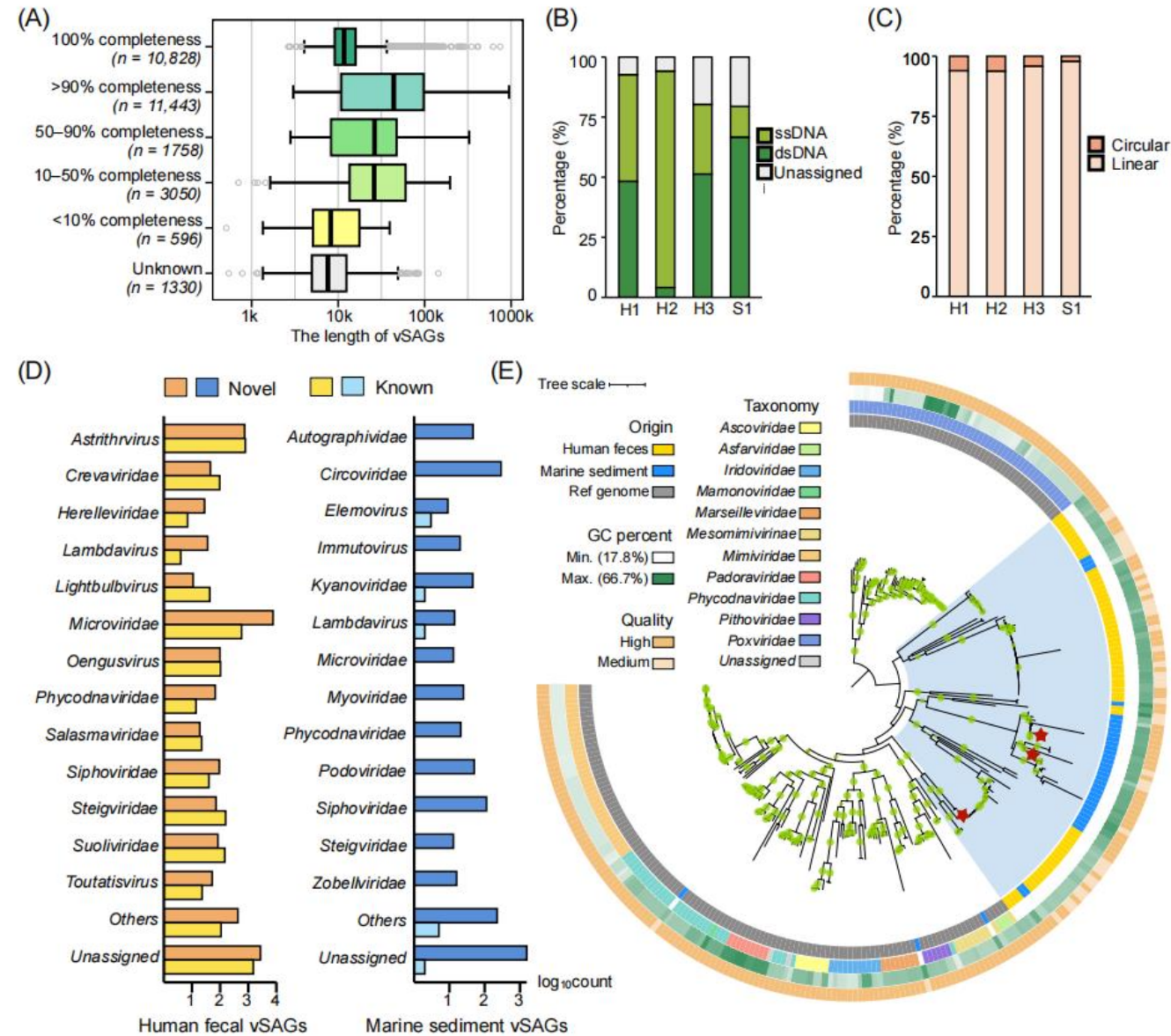


图 3：GSE-Seq 揭示了人类肠道和海洋沉积物中广泛的病毒多样性



结果四：GSE-Seq 揭示人类肠道中的新细菌多样性

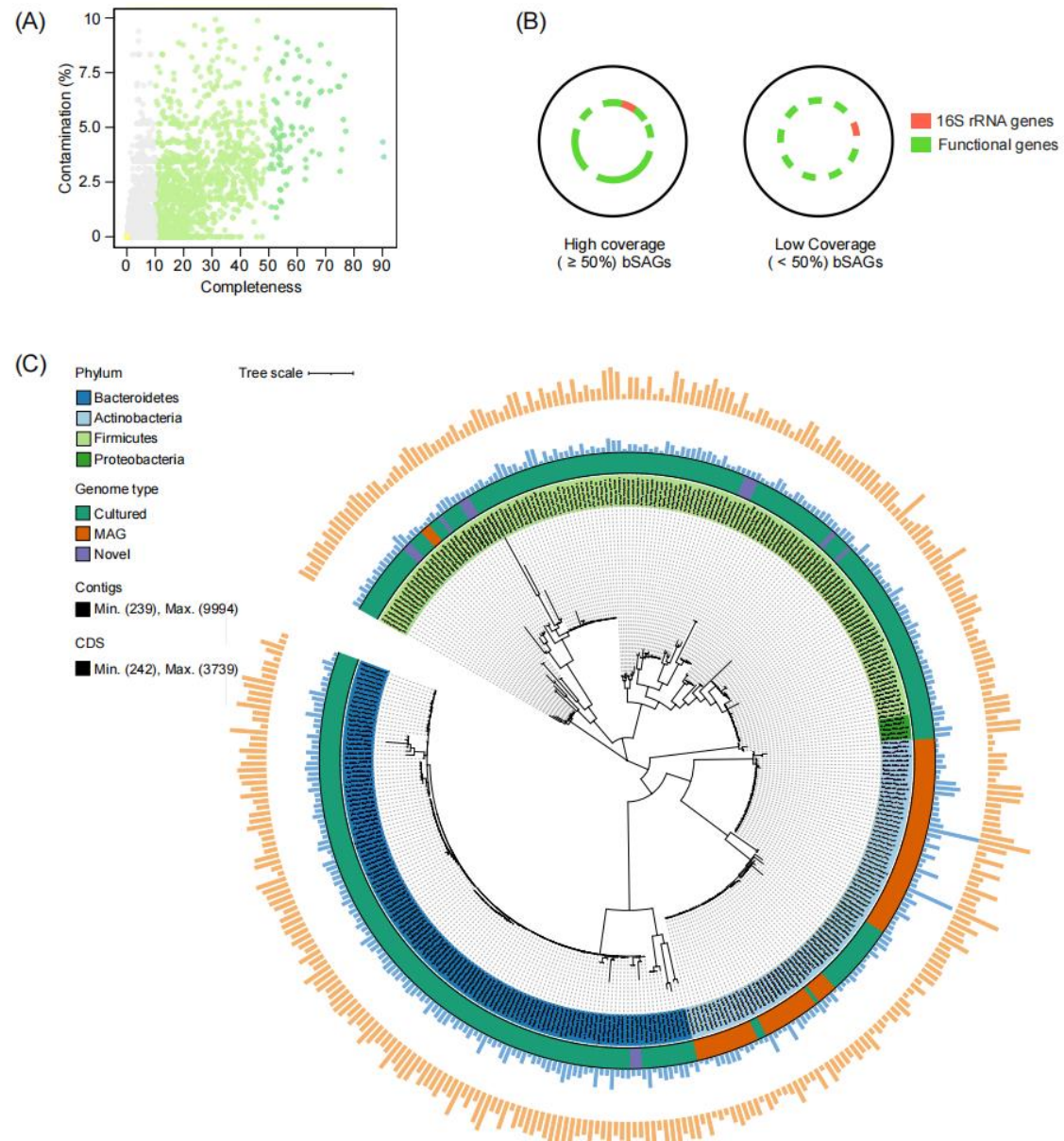


图 4：GSE-Seq在人类肠道细菌中的应用



讨论

- **揭示海量未知病毒**: 从人类粪便和海洋沉积物中获得超1.5万个病毒基因组 (vSAGs)，其中绝大多数为潜在的新物种。仅有23.1%的肠道vSAGs和0.4%的海洋vSAGs与公共数据库中的已知物种高相似度。
- **识别“隐形”病毒**: 成功鉴定出传统方法易忽略的巨病毒 (NCLDV) 及高度可变的crAssphage噬菌体。
- **深化细菌多样性认知**: 获取超2.3万个细菌基因组 (bSAGs)，覆盖了大量新物种和难以裂解的革兰氏阳性菌。
- **精准锁定噬菌体-宿主**: 在单细胞水平上确定了1,494对噬菌体-宿主配对关系，突破了宏基因组学的技术瓶颈。



总结

□ 关键突破:

GSE-Seq技术通过创新性地整合三大核心模块——超高通量液滴生成、通用的水凝胶样品处理及长读长测序，成功突破了捕获复杂样本中广泛生物多样性的技术瓶颈。

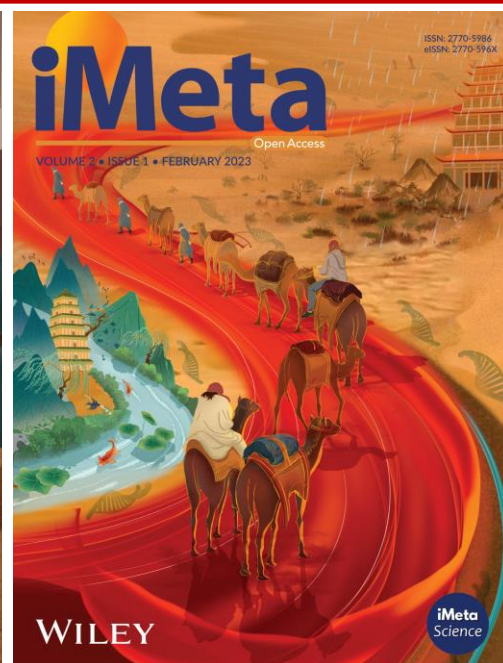
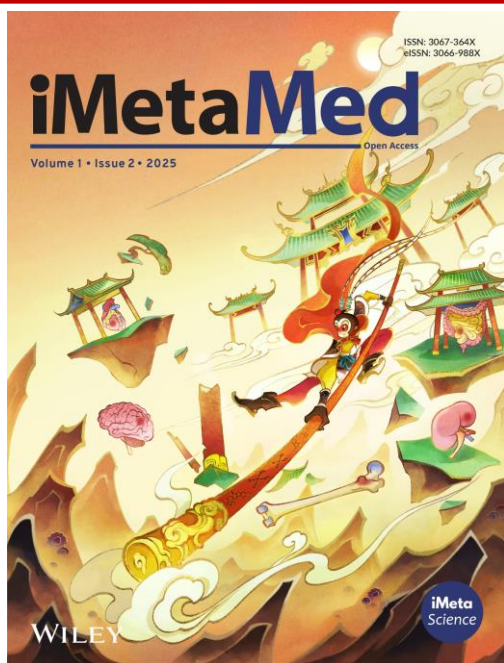
□ 核心成就:

实现单细胞微生物图谱： 本方法成功应用于复杂环境样本，实现了对微生物群落的单细胞分辨率基因组图谱绘制。从人类粪便和海洋样本中获得了大量新的病毒和细菌物种。

□ 意义与展望:

GSE-Seq技术具有高度的通用性和可及性，为不同生物系统的单一个体基因组学研究，提供了一个前所未有的强大平台。

Guoping Wang, Liuyang Zhao, Yu Shi, Fuyang Qu, Yanqiang Ding, Weixin Liu, Changan Liu, et al. 2025. High-throughput generic single-entity sequencing using droplet microfluidics. *iMeta* 4: e70087. <https://doi.org/10.1002/imt2.70087>.



iMeta(宏)期刊是由宏科学、千名华人科学家和威立共同出版，对标**Cell**的生物/医学类综合期刊，主编刘双江和傅静远教授，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，重点关注生物技术、大数据和组学等前沿交叉学科。已被**SCIE**、**PubMed**等收录，最新IF 33.2，位列全球SCI期刊第65位(前千分之三)，中国第5位，微生物学研究类全球第一，中科院生物学双1区Top。外审平均21天，投稿至发表中位数87天。

子刊**iMetaOmics** (宏组学)、**iMetaMed** (宏医学)定位IF>10和15的生物、医学综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>

iMeta: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

投稿: iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



office@imeta.science

imetaomics@imeta.science



宣传片



iMeta



更新日期
2025/7/6