

基于illumina & Nanopore集成的微生物组学 宏基因组数据分析的策略和工具

夏雨¹, 李响¹, 吴子麒¹,
聂采龙¹, 程战文¹, 孙瑜鸿¹, 柳雷², 张彤²

1. 南方科技大学工学院环境科学与工程学院
2. 香港大学环境微生物组工程和生物技术实验室



Yu Xia, Xiang Li, Ziqi Wu, Cailong Nie, Zhanwen Cheng, Yuhong Sun, Lei Liu, Tong Zhang. 2022. Strategies and tools in illumina and nanopore-integrated metagenomic analysis of microbiome data. *iMeta* 1: e72. <https://doi.org/10.1002/imt2.72>

背景

illumina®

优点

- 便宜的商业测序 → 群落覆盖度高
- 建库起始DNA浓度要求低,1ng.
- 高正确率的短reads
 - 组装到的contigs 正确率高
 - 各种成熟的生物信息学工具

缺点

- 价格高昂的测序仪 → 更长的时间等待测序结果
- PCR步骤引入的系统性测序偏差
- 短读长的分析劣势
 - 难以开展精确的菌种区分
 - 严重碎片化的群落组装

Oxford
NANOPORE
Technologies

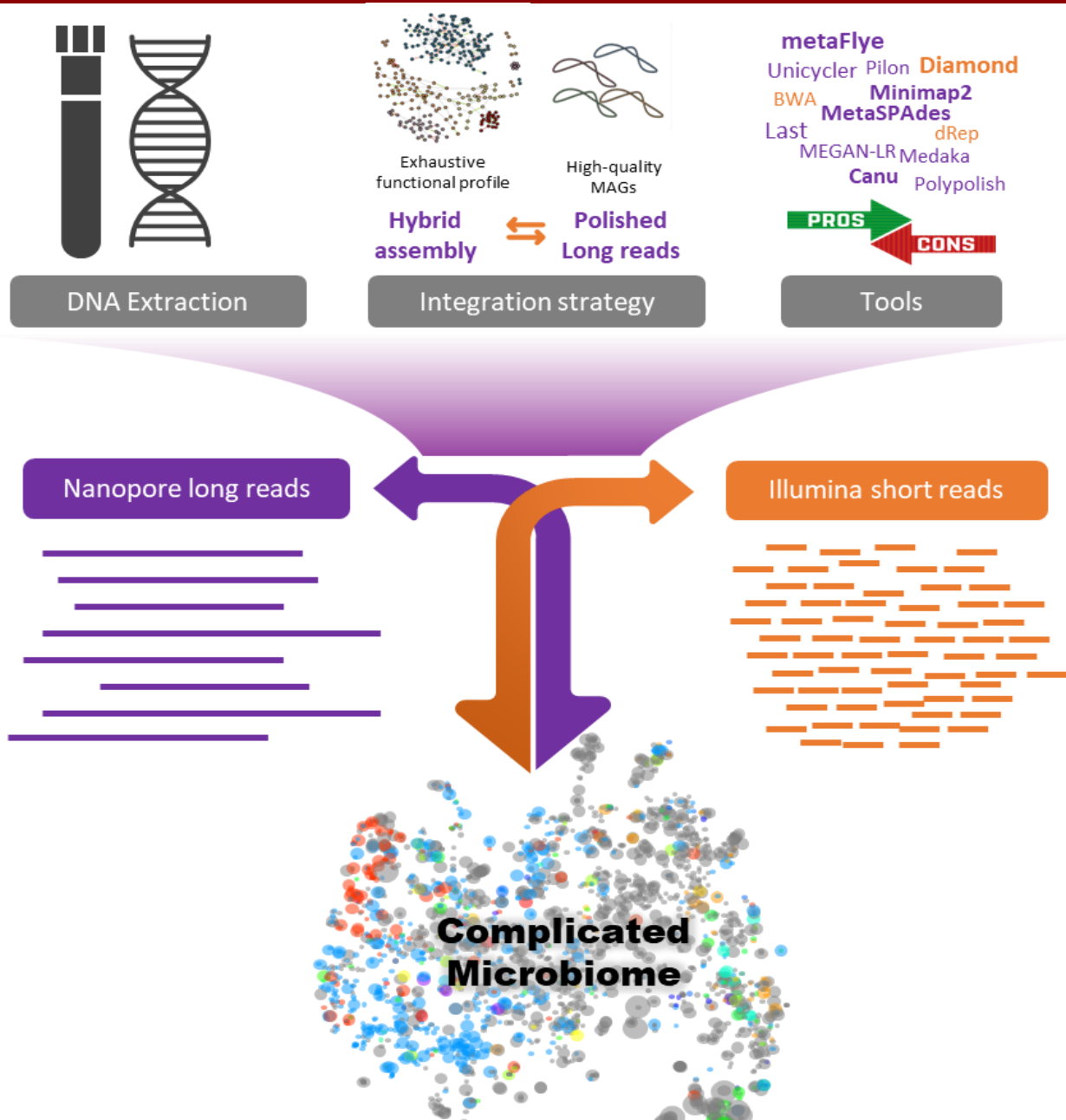
优点

- 价格低廉的测序仪 → 更快的测序到结果时间 & 更多样的测序场景
- 新型测序模式: ReadUntil sequencing
- 没有系统性测序偏差
- 长片段的分析优势
 - 更连续的组装结果
 - 更容易区分相近物种

缺点

- 相对昂贵的商业测序服务 → 群落覆盖度不足
- 建库起始DNA 浓度和质量有严格要求
- 相对高错误率的长reads
 - 没有那么多成熟的生物信息学分析工具
 - 组装结果中含有更多插入缺失(Indel)及单碱基 (SNP) 错误

illumina SRs 与 Nanopore LRs的整合

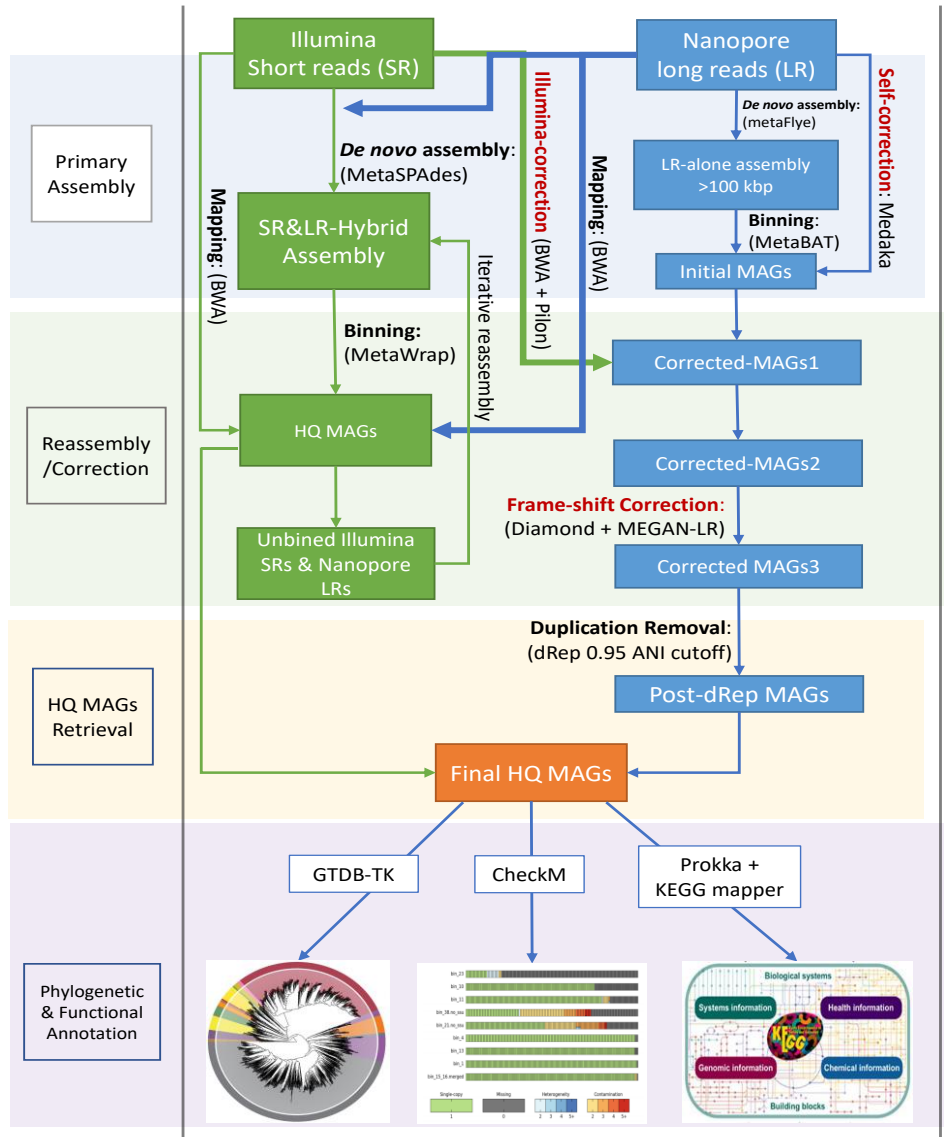


从这篇综述中你能学到什么:
如何整合Nanopore LRs和Illumina SRs进行
宏基因组学微生物群落分析的知识框架

- 系统介绍了Illumina SRs 和Nanopore LRs的整合分析策略
- 整理了相关生物信息学工具的算法基础及应用条件;
- 总结了Nanopore样品制备的常见方法。

Illumina SRs 和 Nanopore LRs 的整合分析策略

基于组装的“Genome-centric”策略: 得到high-quality MAGs



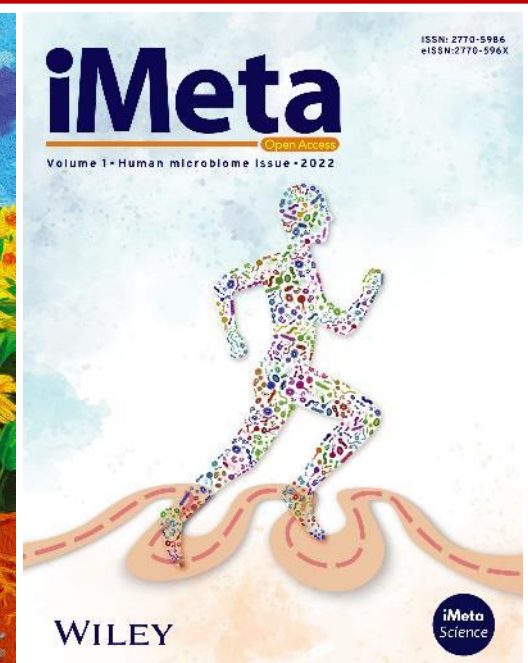
□ **Illumina & Nanopore 混合组装:** 计算资源需求大, 分析时间长
通过混合组装获得初始组装结果
工具: MetaSPAdes, Unicycler

□ **Nanopore 为主的组装:** 群落覆盖度不足, 只能组装到高丰度菌群
通过Nanopore LRs 的单独组装获得初始组长结果
工具: Miniasm, Canu, Metaflye

□ **第一步校正:Nanopore LRs的自我校正**
工具: Medaka and Racon

□ **第二步校正:illumina SRs 对Indel 和SNP 错误的纠错**
工具: Pilon and Polypolish

□ **第三步校正:串码错误 (frame-shift) 的比对校正**
工具: Diamon+MEGAN-LR



“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](#)

