



# L-EasyARG: 一种用于快速抗生素耐药基因分析的 长读宏基因组学工具

李永鑫<sup>1#</sup>, 王明超<sup>2#</sup>, 刘晓晖<sup>3#</sup>, 吴俊华<sup>1</sup>, 毛玉洁<sup>4</sup>,  
张彩丽<sup>1</sup>, 陈卿汝<sup>1</sup>, 王智<sup>4\*</sup>, 荆功超<sup>5\*</sup>, 韩毛振<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>安徽医科大学生命科学院

<sup>2</sup>青岛科技大学

<sup>3</sup>中国海洋大学环境科学与工程学院

<sup>4</sup>中国科学院精密测量科学与技术创新学院

<sup>5</sup>中国海洋大学进化与海洋生物多样性研究所



Yongxin Li, Mingchao Wang, Xiaohui Liu, Junhua Wu, Yujie Mao, Caili Zhang, Qingru Chen, et al. 2026.

L-EasyARG: a long-read metagenomics tool for rapid antibiotic-resistance-gene profiling.

*iMetaOmics* 3:e70098. <https://doi.org/10.1002/imo2.70098>

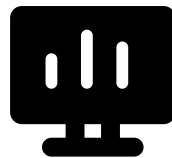


# 背景



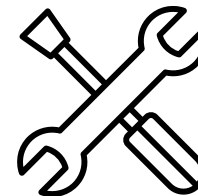
## ARG的产生及危害

- 抗生素耐药性（AMR）被世界卫生组织列为全球重大健康威胁之一
- 抗生素的广泛使用增加了环境中的浓度，从而对细菌持续产生选择性压力
- 细菌可以通过复制和水平基因转移的方式传播耐药基因



## 长读长的优势

- 短序列组装消耗计算资源
- 短序列的碎片化组装使得很难将ARG与其宿主联系起来
- 由Nanopore和PacBio测序技术生成的长读长可无需组装，能够避免嵌合体和碎片化组装



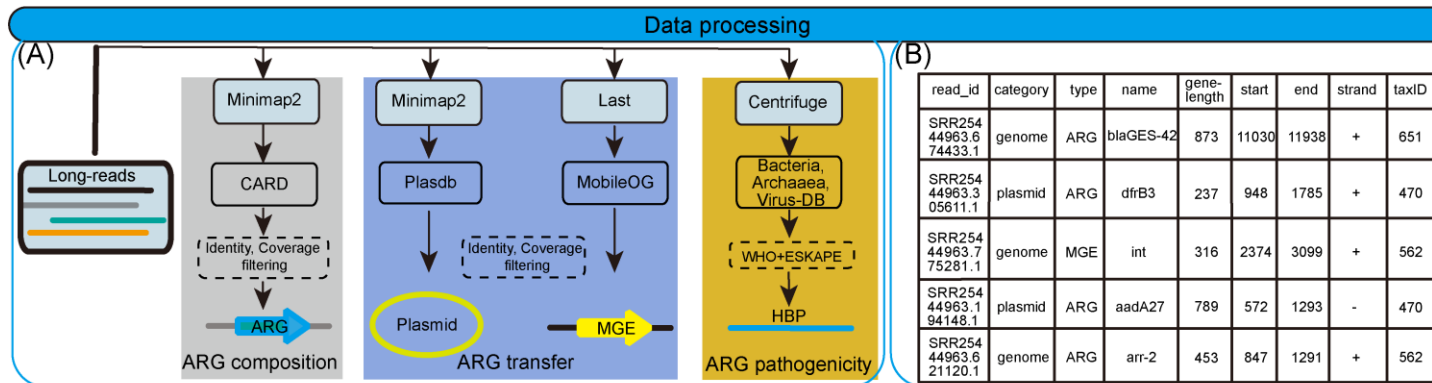
## 常用工具的局限性

- DeepARG只识别ARG，没有进一步的分析；ARGpore2缺乏可视化输出；NanoARG数据库更新不及时，没有本地版本
- 缺乏系统的阈值优化、工具性能基准测试和错误率影响评估

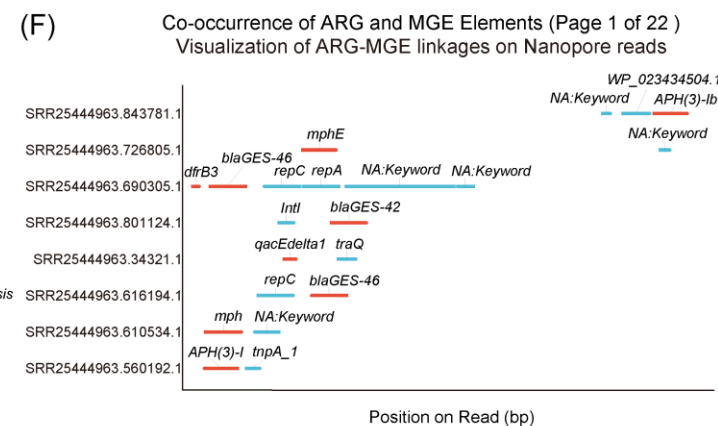
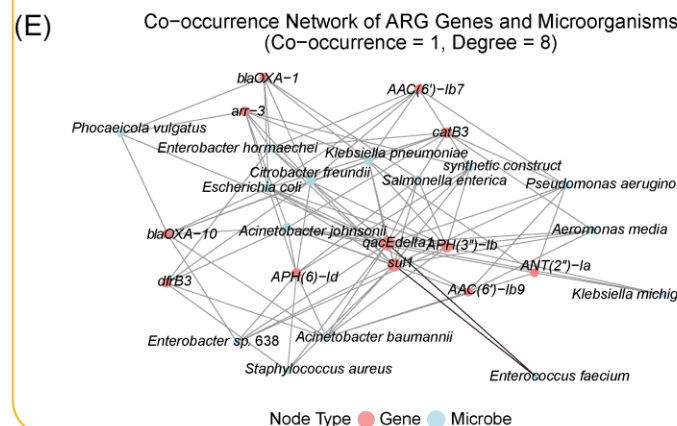
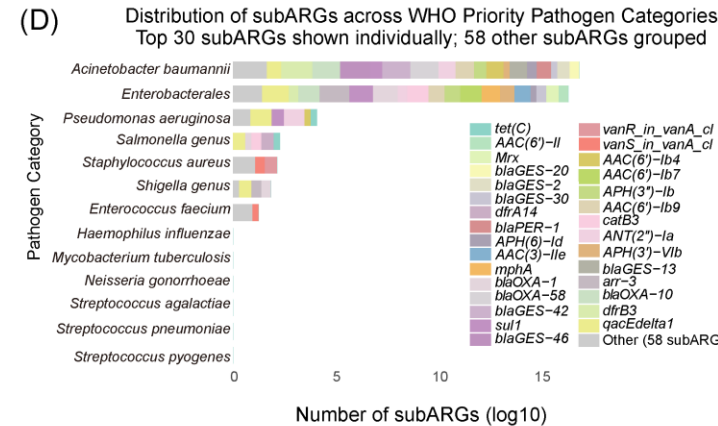
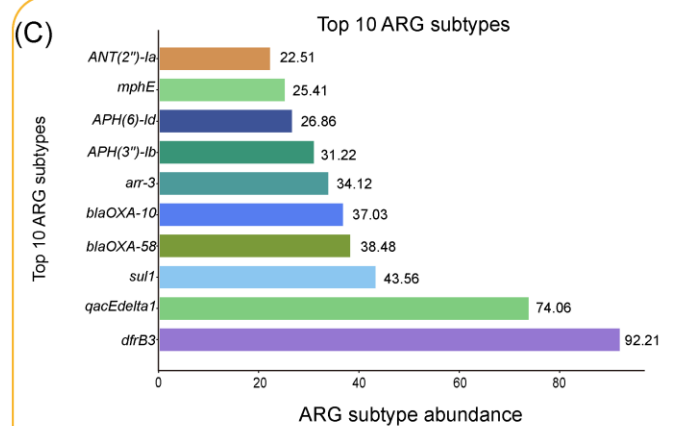




# L-EasyARG的工作流程

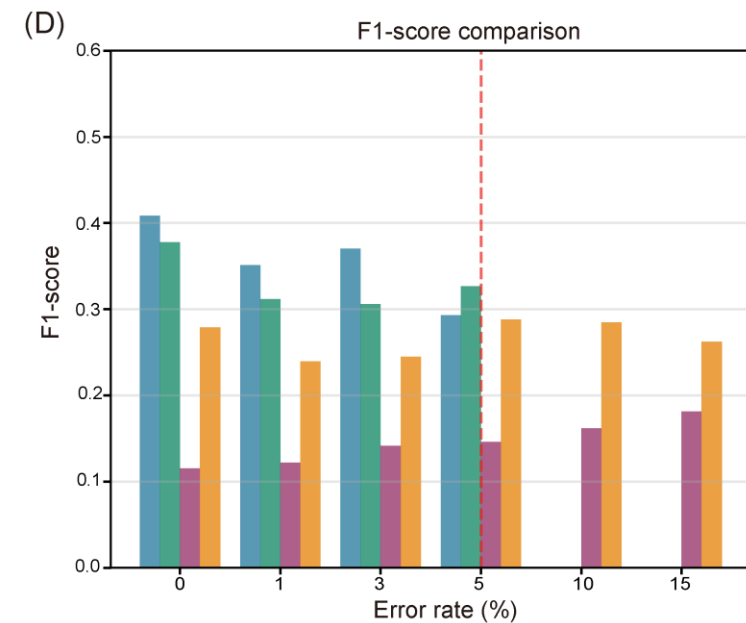
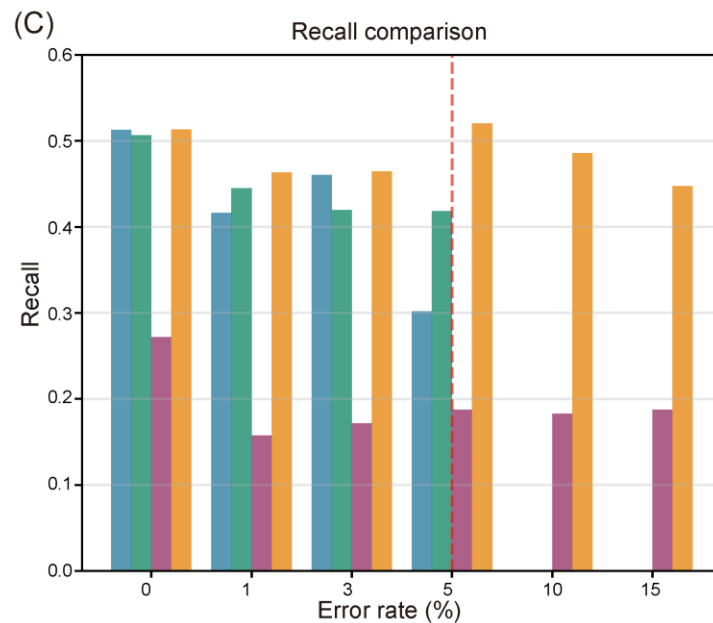
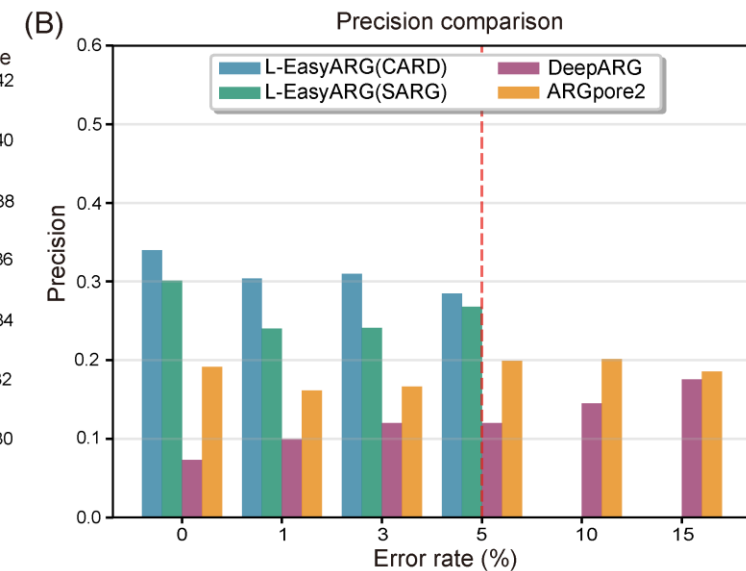
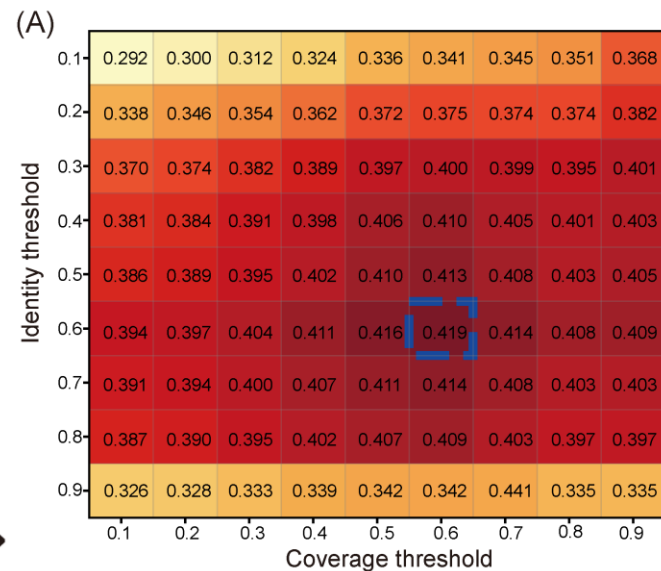
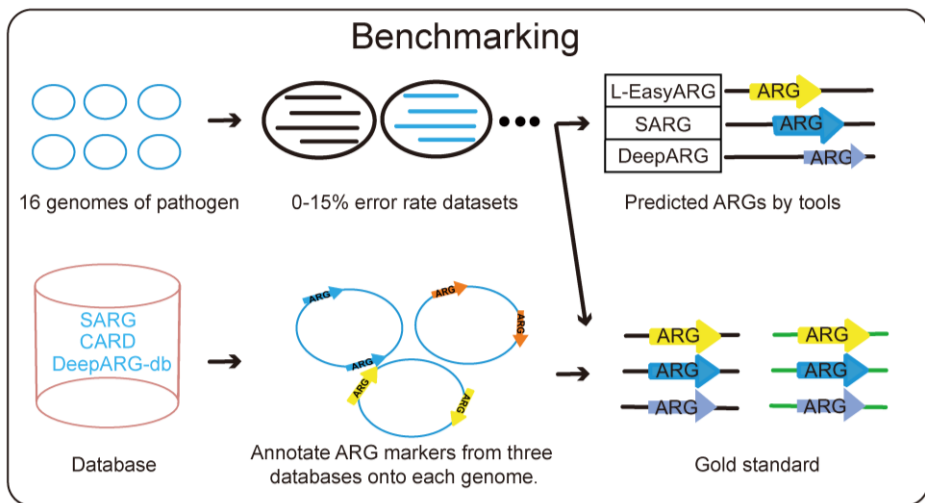


## Visual





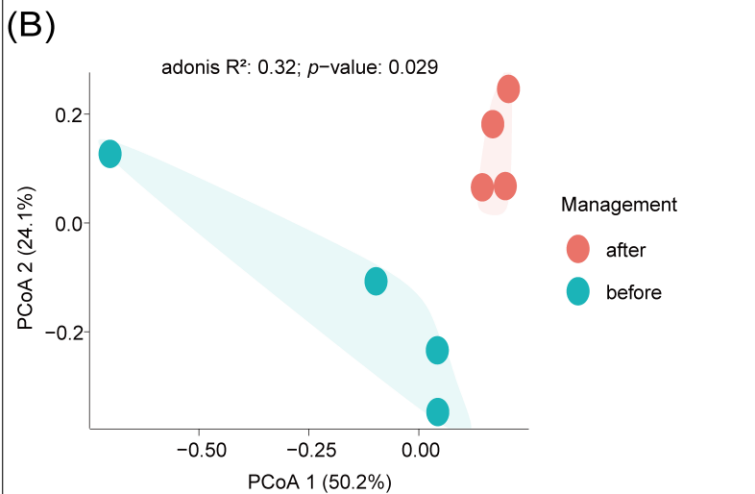
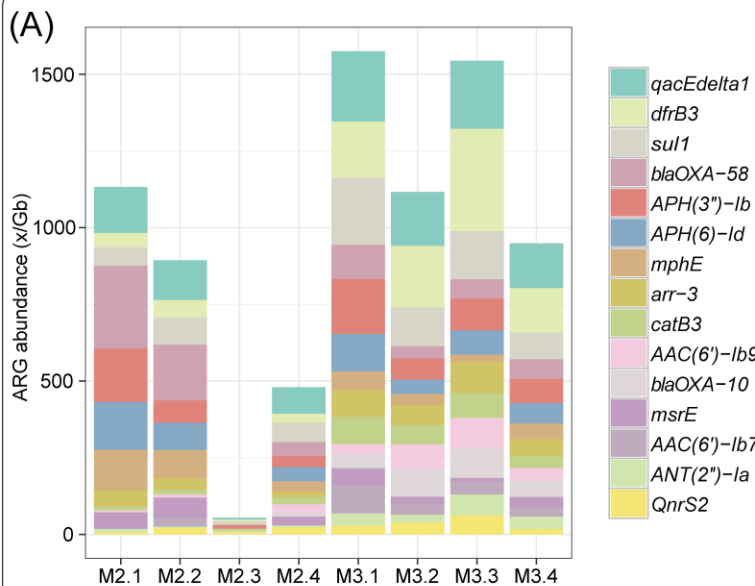
# 基准分析



# 环境样本中的应用

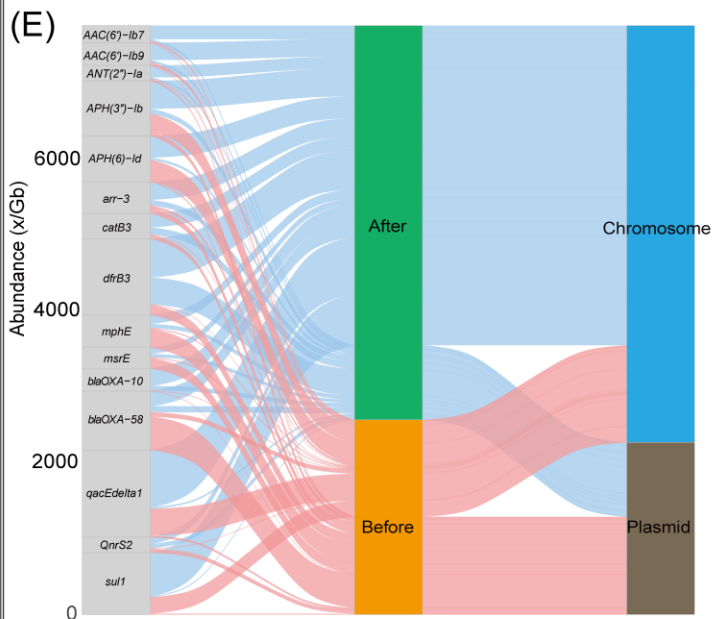
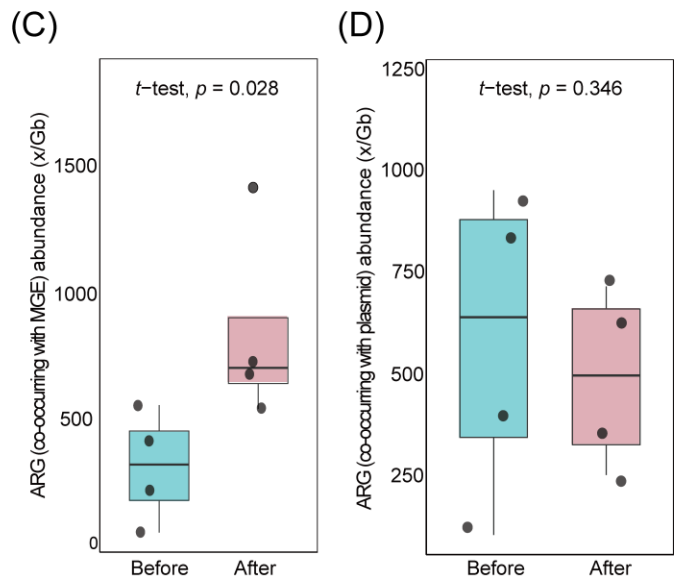


## ARG composition

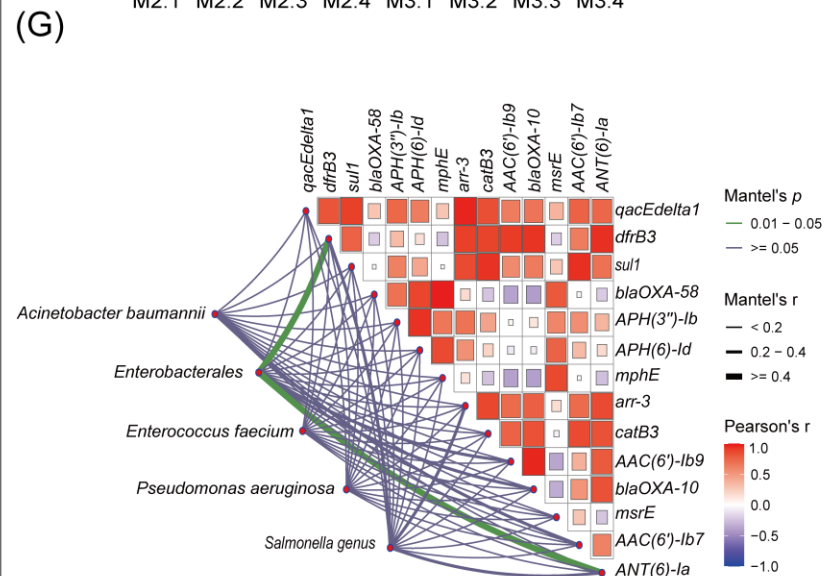
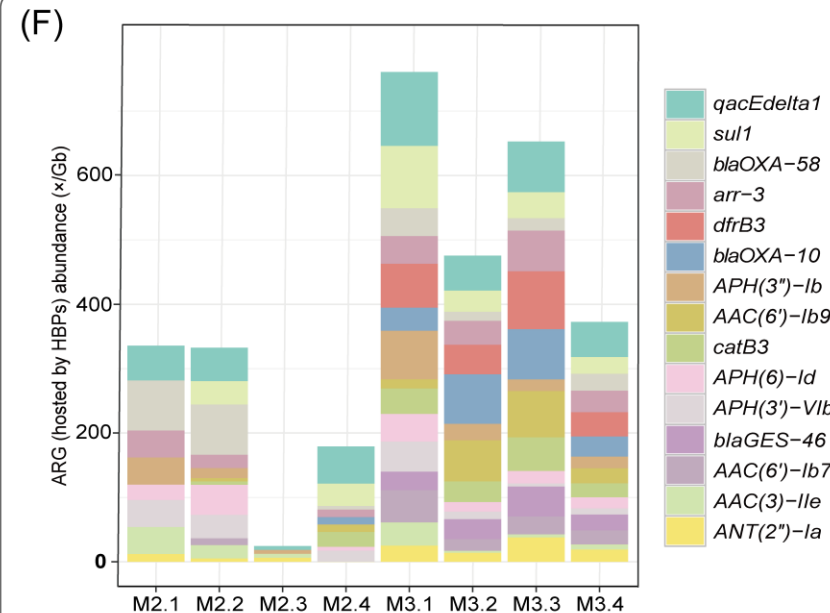


pairs	R <sup>2</sup>	p.value	p.adjusted
before vs after	0.3160477	0.032	0.032

## ARG transfer



## ARG pathogenicity

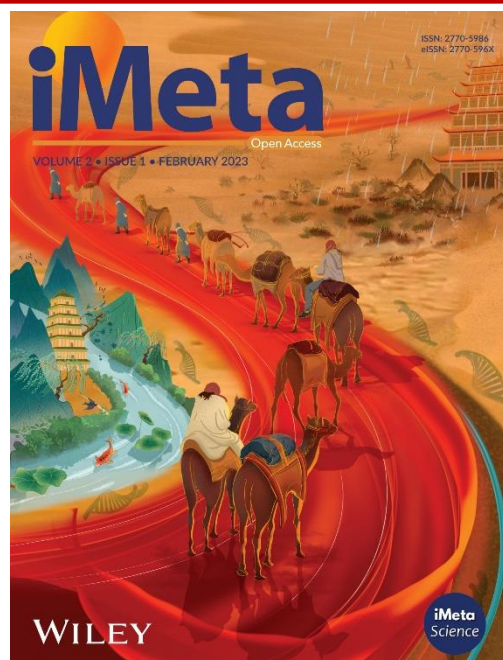
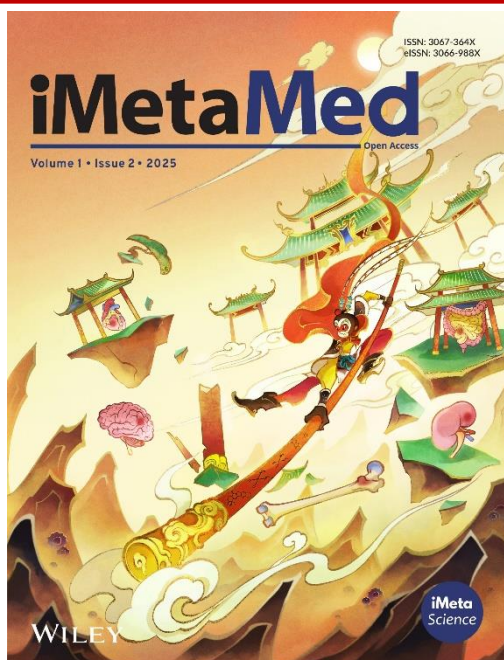




# 总结

- ❑ 首次对长读长ARG识别工具进行系统的交叉错误率基准测试：在0%-15%的错误率范围内构建了针对不同工具的金标准，对L-EasyARG、ARGpore2和DeepARG进行评估，填补了这一关键空白。
- ❑ L-EasyARG在低错误率（ $\leq 5\%$ ）下获得最高F1值：在模拟和真实纳米孔数据（错误率2.57%-4.51%）上，它在精度和F1值均优于现有工具。
- ❑ L-EasyARG管道覆盖耐药基因、可移动遗传原件、质粒和宿主鉴定，通过可视化输出评估迁移潜力和致病风险。
- ❑ 网址: <https://github.com/liyonxin/L-EasyARG>

Yongxin Li, Mingchao Wang, Xiaohui Liu, Junhua Wu, Yujie Mao, Caili Zhang, Qingru Chen, et al. 2026.  
L-EasyARG: a long-read metagenomics tool for rapid antibiotic-resistance-gene profiling.  
*iMetaOmics* 3:e70098. <https://doi.org/10.1002/imo2.70098>



**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](mailto:office@imeta.science)

[imetaomics@imeta.science](mailto:imetaomics@imeta.science)



宣传片



[iMeta](#)



更新日期  
2025/7/6