



菌株分辨长读长宏基因组学中的证据分级

韩燕华^{1#}, 彭云娟^{2#}, 李明慧^{1#},
魏晓媛³, 柴建民¹, 赵江潮², 李英^{1*}, 邓飞龙^{1*}

1 佛山大学动物科技学院, 中国佛山 528225

2 华南农业大学动物科学学院, 中国广州 510642

3 南佛罗里达大学莫萨尼医学院, 美国坦帕 33612



Yanhua Han, Yunjuan Peng, Minghui Li, Xiaoyuan Wei, Jianmin Chai, Jiangchao Zhao, Ying Li, et al. 2026.
Evidence tiers for strain-resolved long-read metagenomics.
iMetaOmics 3: e70130. <https://doi.org/10.1002/imo2.70130>

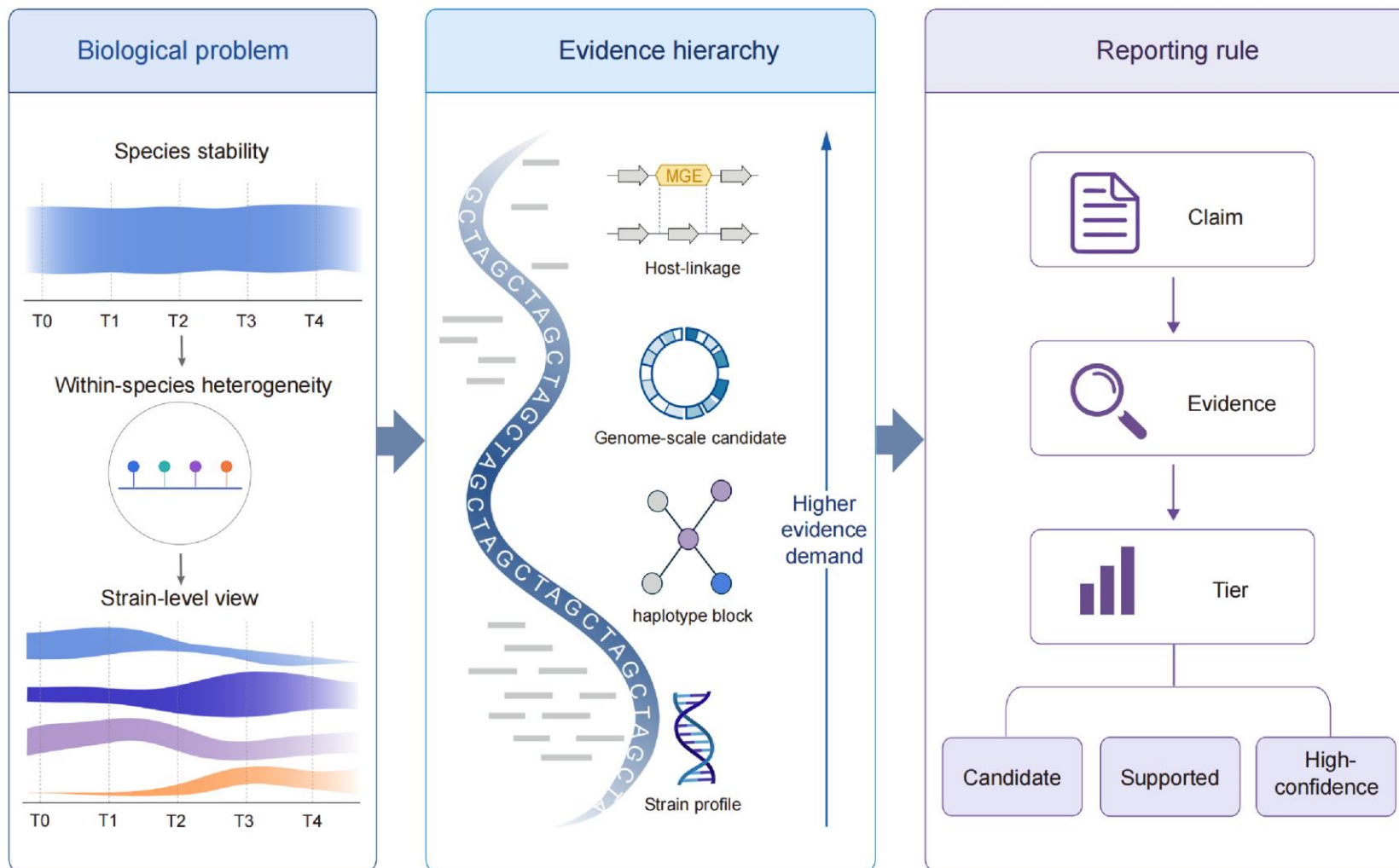


介绍

- 01 宏基因组分析正从物种水平丰度扩展到菌株组成及动态变化。
- 02 物种谱看似稳定时，内部谱系仍可能发生替代、持续存在或定植。
- 03 长读段可连接变异、重复序列和移动遗传元件，但局部或不完整连接仍可能被过度解读。



介绍



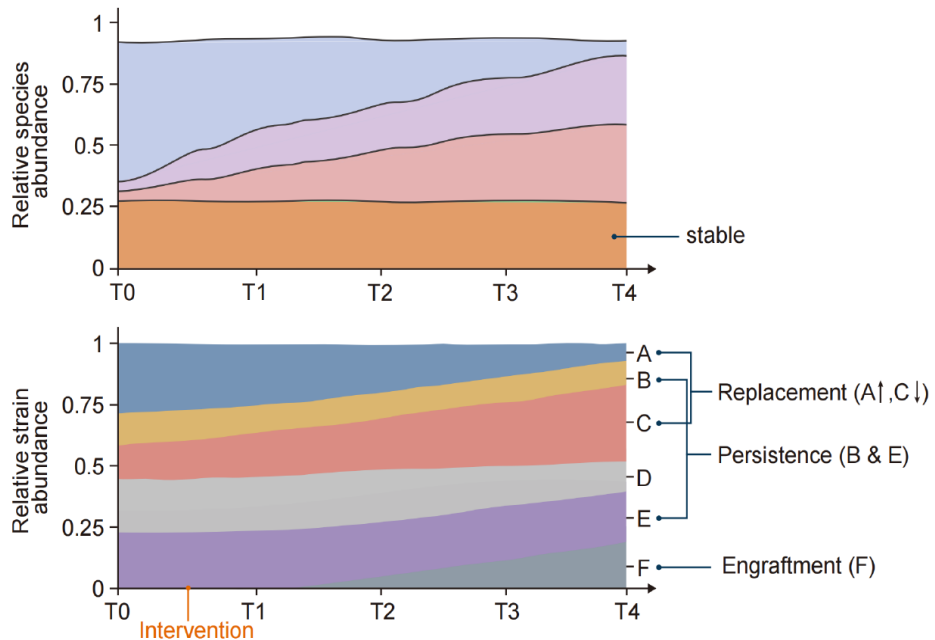
- ❑ 不同菌株水平输出在基因组跨度和证据要求上并不相同。
- ❑ 证据类型与置信等级应分开报告，而不是混为同一层级。
- ❑ 当存在歧义归属、污染、共识序列塌缩、覆盖中断、参考偏倚或未解析连接时，应降低结论强度。
- ❑ 让菌株重建、宿主归属、持续存在、替代和定植等表述更加准确、可比较且易评审。



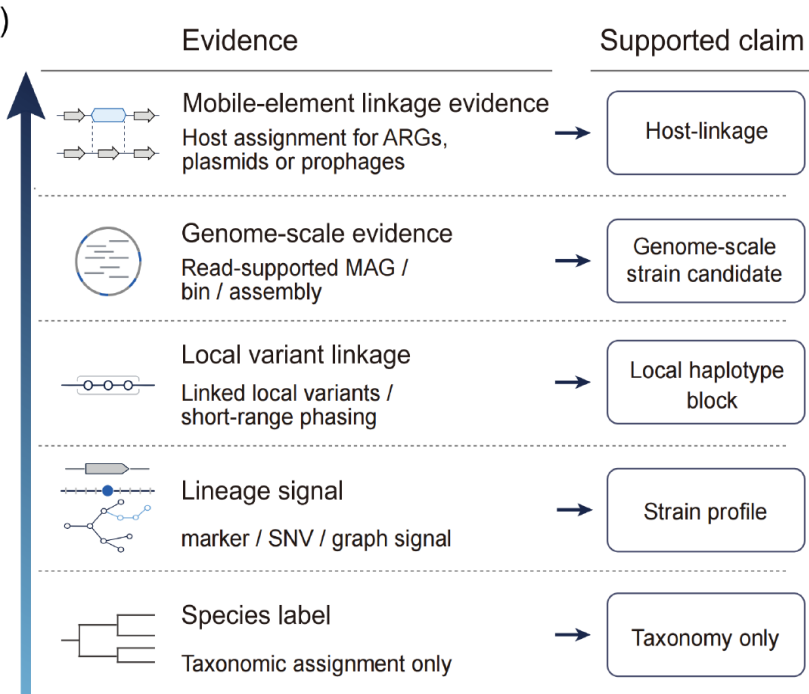
结论

◆ 菌株水平推断始于物种归属，但依赖不同证据单元和证据导向

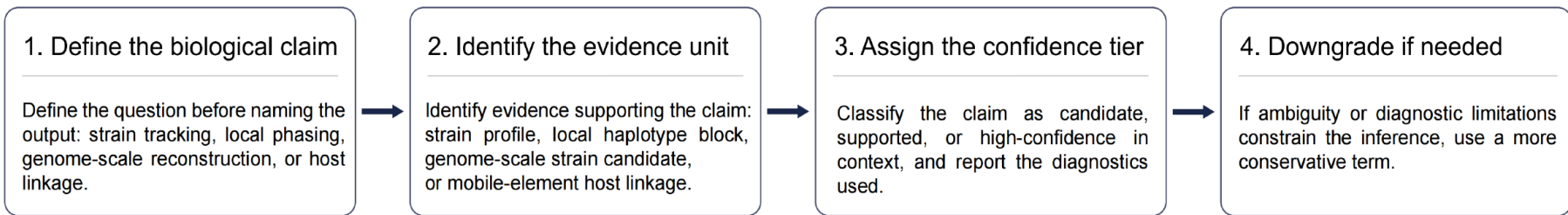
(A)



(B)



(C)



(A) 物种稳定不代表菌株稳定

- 各时间点的物种丰度可能基本不变，但种内谱系组成仍可能发生变化。
- 菌株水平分析可进一步识别谱系的替代、持续存在和定植。

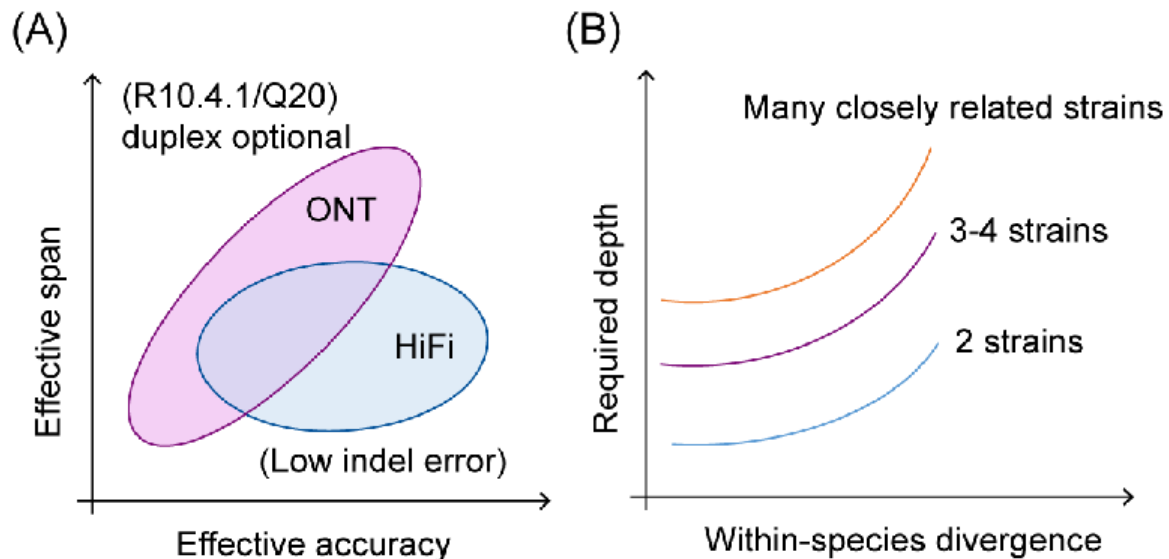
(B) 不同结论对应不同证据

- 菌株谱、局部单倍型块、基因组尺度菌株候选体和宿主连接，需要不同类型和强度的证据。

(C) 菌株水平结论的评估流程

- 先明确生物学问题，确定相应的证据单元，评定结论的置信等级；当证据有限时，应降低结论强度并采用更保守的表述。

◆ 菌株分辨长读长宏基因组结论的实验与分析设计空间

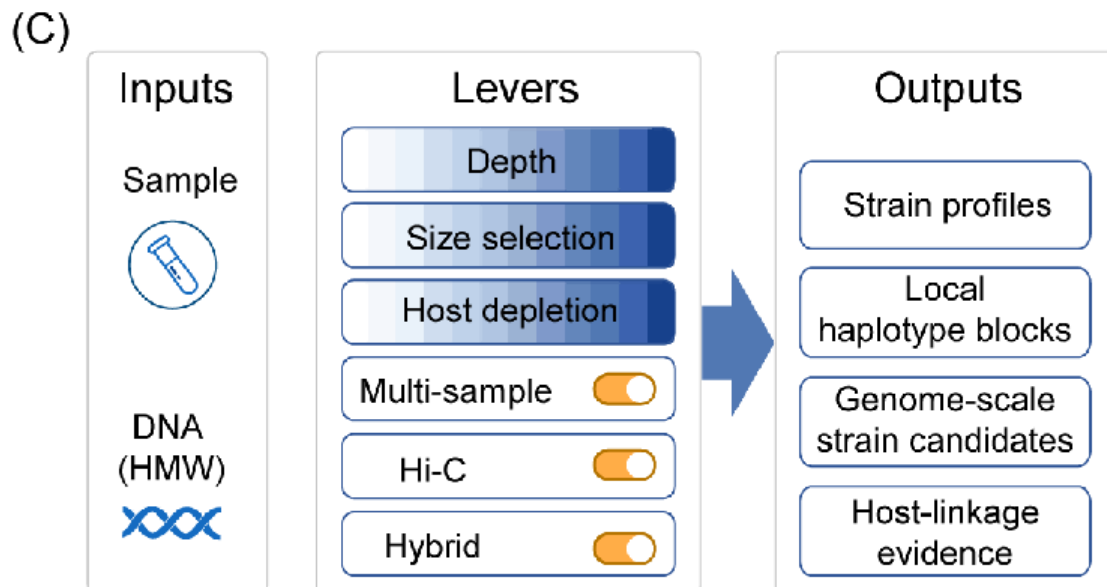


(A) 准确率与跨度共同决定信息能力

- HiFi更适合等位基因推断和基因组恢复，ONT更有利于获得长距离连接信息；两者并非固定优劣排序。

(B) 测序深度应在谱系水平评估

- 即使样本的总测序深度很高，也可能仍不足以支持低丰度谱系的识别。



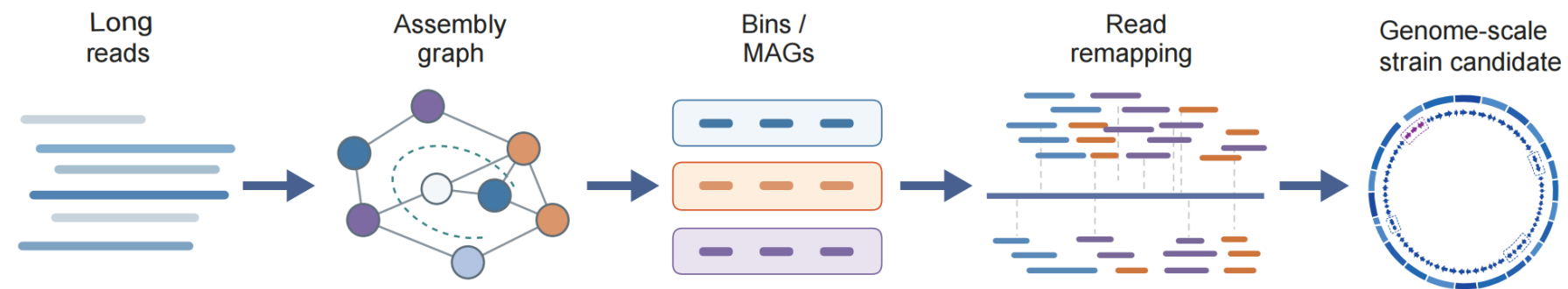
(C) 实验设计决定可报告的证据层级

- 高分子量DNA、增加测序深度、片段筛选、宿主DNA去除、多样本设计、Hi-C和混合测序，可增强有效深度、跨度或独立连接证据。



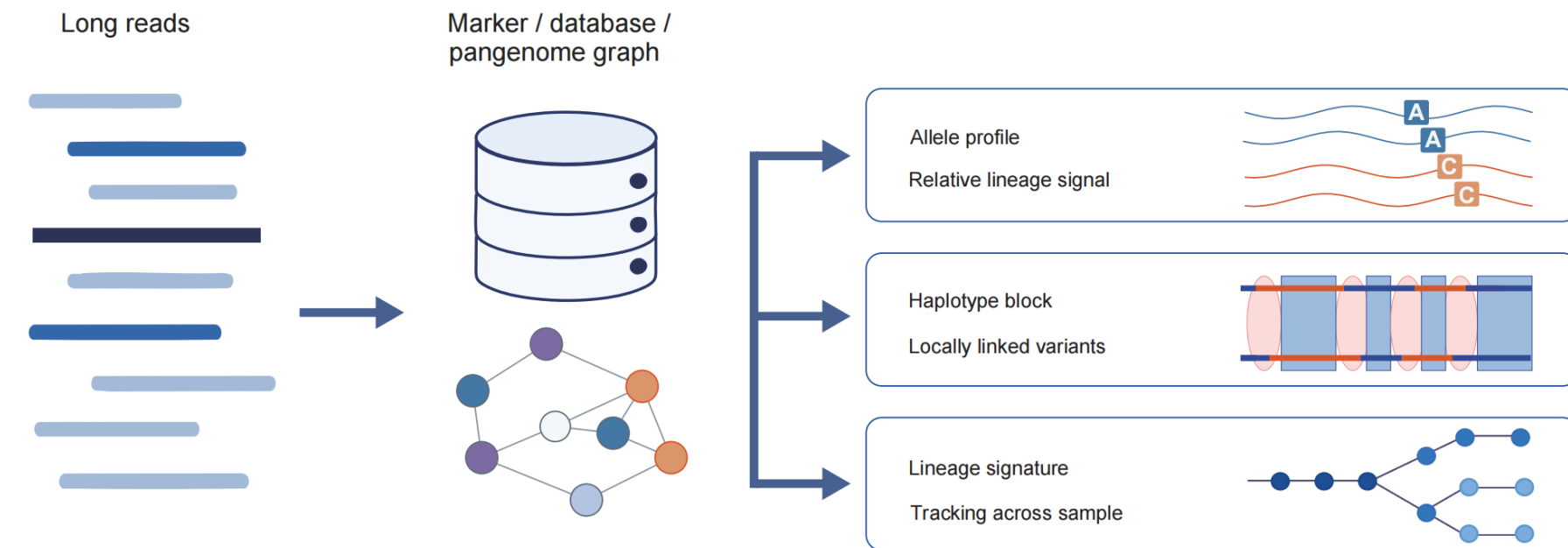
结论

◆ 两条分析路径



(A) 组装优先流程：基因组尺度候选体

- 长读段经组装、分箱、读段回比和一致性检查，可获得基因组尺度菌株候选体。
- 结果可靠性需综合评估图结构歧义、分箱污染、等位基因一致性、覆盖连续性和边界支持。



(B) 读段、图和数据库优先流程：菌株特征信号

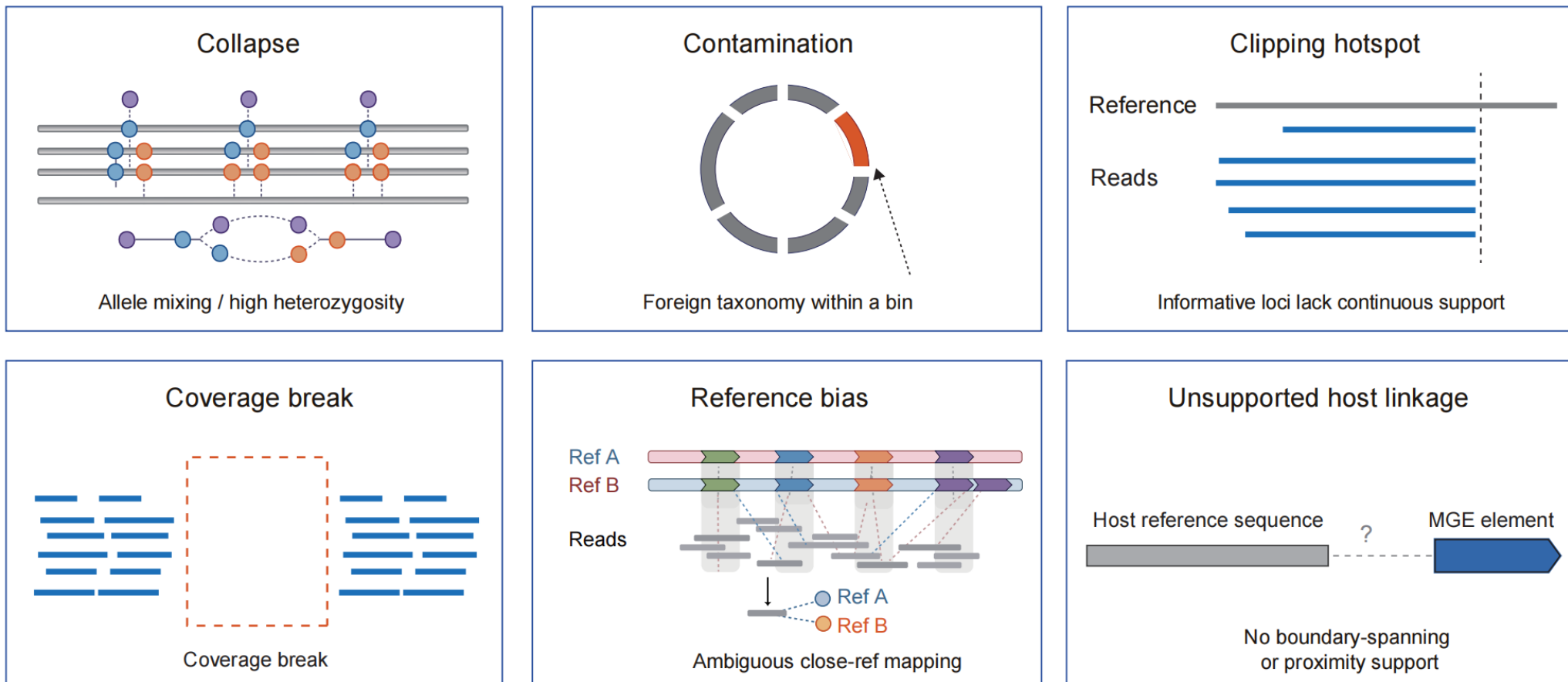
- 基于标志基因、参考数据库或泛基因组图，可获得菌株谱、局部单倍型块和谱系特征信号。
- 缺乏全基因组范围的连接证据时，不能表述为全基因组菌株重建。



结论

◆ 结论降级触发因素

(C)



- 共识序列塌缩、污染、读段截断热点、覆盖中断和参考偏倚，可能导致菌株重建结果不可靠。
- 缺乏跨边界读段或独立连接证据时，不能对移动遗传元件进行明确的宿主归属。
- 出现上述问题时，应降低结论强度，采用菌株候选体、局部连接或潜在宿主关联等保守术语。



总结

核心发现(Key Findings):

长读长宏基因组学扩大了可观测的菌株水平特征范围，但每项结果都应按照证据实际支持的尺度命名，并单独说明置信度。

研究意义(Implications):

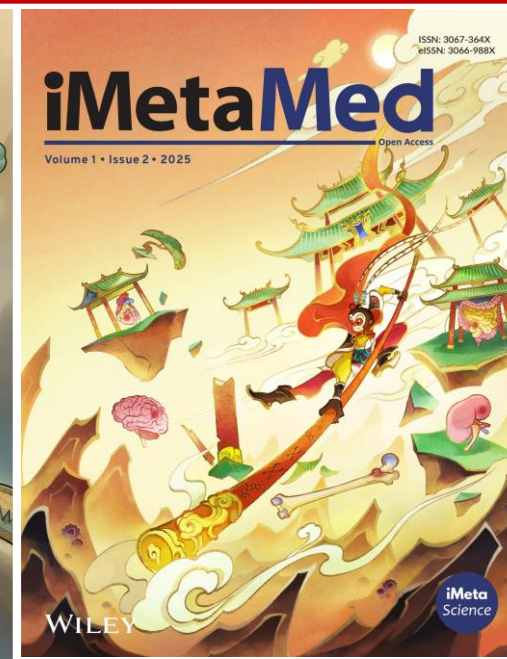
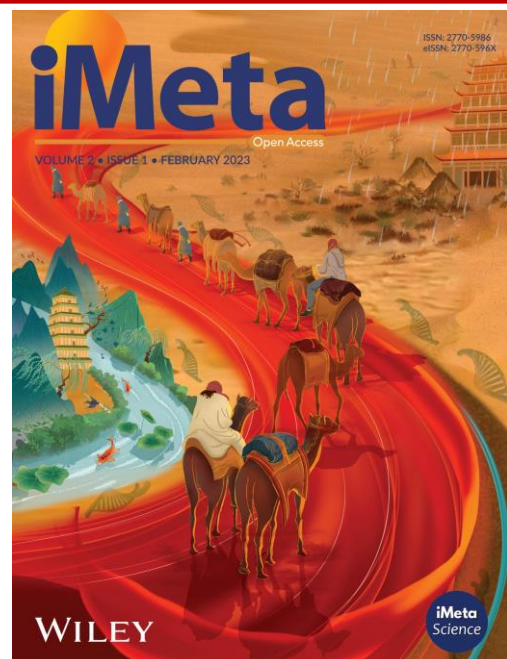
该框架为菌株重建、宿主归属、持续存在、替代和定植等结论提供了规范报告路径，可减少过度表述，提高结果的可靠性、可比性和可评审性

。

Yanhua Han, Yunjuan Peng, Minghui Li, Xiaoyuan Wei, Jianmin Chai, Jiangchao Zhao, Ying Li, et al. 2026.
Evidence tiers for strain-resolved long-read metagenomics.
iMetaOmics 3: e70130. <https://doi.org/10.1002/imo2.70130>

iMeta(宏): 生物和医学顶级成果发表平台

iMeta WILEY



iMeta(宏)期刊由宏科学创办，对标**Cell**的生物/医学综合期刊，**SCIE**、**PubMed**收录，影响因子(IF)44.4，位列全球第47，中国第4，**分区表生物学1区Top**，外审平均21天，投稿至发表中位数87天(比同水平期刊快3倍)，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，CNS外审稿件可带意见和回复转投。

iMetaOmics (宏组学)，定位IF>15对标**NC/SA**的生物/医学综合期刊，已被**ESCI**、**PubMed**等收录。

iMetaMed (宏医学)定位IF>15的医学综合期刊，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
2026/6/17