



英开发出简化的基因组测序新方法 无需进行文库制备, 所用DNA样本比标准方法更少

文章来源: 科技日报

发布时间: 2012-12-13

【字号: 小 中 大】

据物理学家组织网12月12日(北京时间)报道,英国研究人员简化了基因组测序的标准流程,首次无需进行文库制备便完成了DNA(脱氧核糖核酸)单分子测序,而且新方法只要很少量的DNA就能获得序列数据,用量可低至不到1纳克(10亿分之一克),仅为常规测序方法的500分之一到600分之一。

文库制备是指从测序前基因组样本中提取不同长度的DNA片段,这一过程不仅费力、费时,还会浪费DNA,而新技术能极大地减少DNA的损耗,并缩短测序时间。

该研究论文的第一作者、英国威康信托基金会桑格研究所的保罗·库普兰说:“我们用这种方法对病毒和细菌的基因组测序后发现,即使在相对较低的水平,我们也能够确定所检测的是何种有机物,不论样本中是否存在特定的基因或质粒(这对于确定抗生素耐药性很重要),或者其他信息,如对特定DNA碱基的修改等。”他表示,一旦技术得到优化,将在快速、高效地识别医院和其他医疗场所中的细菌和病毒方面具有很大的应用潜力。

研究小组利用第三代单分子测序系统PacBio RS演示了这种简化的直接测序方法。他们仅仅用800皮克(千分之一纳克)DNA来分析一个生物体的基因组,尽管测序仪只读取了基因组的70个序列片段,相对于常规测序方法获得的数据来说不过是很小的一部分,但这些信息足以让研究人员确定他们所检测的生物体的品种。

这项技术也使得科学家能够对此前无法识别的宏基因组(也称微生物环境基因组)样本中的生物体进行确认。“为微生物测序,首先需要能够在实验室中培养它们。”论文的主要作者、英国巴布拉汉研究所的塔米尔·钱德拉说,“这不仅耗费时间,而且有时候微生物不生长,为它们的基因组测序极其困难。”他表示,新方法可以直接对微生物测序,短时间内便可确定其“身份”。

论文的另一主要作者、威康信托基金会桑格研究所的哈罗德·斯维尔德洛说:“我们的技术可以在对所测序列没有任何先验知识、没有特定微生物试剂的条件下,在很短的时间内操作,这是一种很有前途的替代手段,可应用于控制感染等临床需要。”

打印本页

关闭本页