

青岛能源所大规模微生物群落解析技术取得新进展

文章来源：青岛生物能源与过程研究所

发布时间：2013-12-25

【字号：小 中 大】

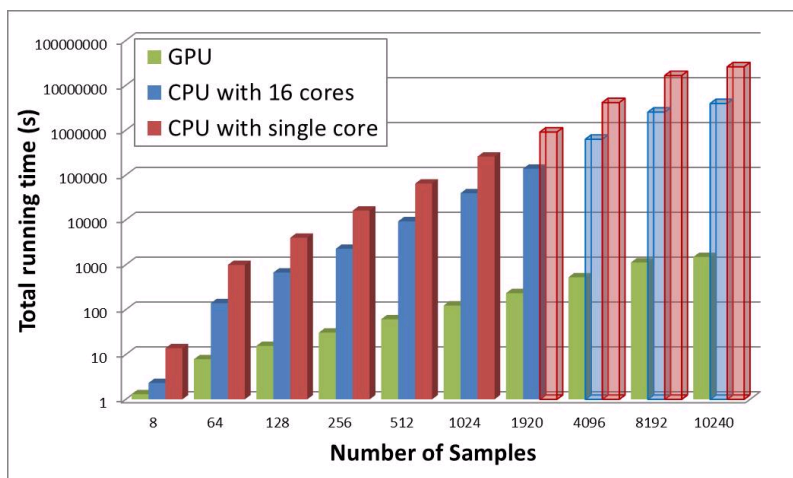
元基因组学可通过直接测定、分析遗传信息，深入理解复杂微生物群落的结构和功能。基于不同时间和环境条件下的海量微生物群落数据的高效比较分析是元基因组学领域的技术瓶颈之一。

近日，中国科学院青岛生物能源与过程研究所单细胞研究中心生物信息学团队助理研究员苏晓泉、王雪涛等利用GPGPU（高性能并行化通用处理器）等先进计算硬件，设计了高性能微生物群落数据分析方法GPU-Meta-Storms。该方法成功实现在微秒时间内完成对微生物群落样本元基因组数据的比较，将现有结构解析效率提高了若干个数量级，使得对微生物群落的实时动态监控成为可能。该研究成果于日前在线发表于生物信息学领域期刊 *Bioinformatics*。基于相关工作，该团队已获得5项软件著作权授权并申请了5项发明专利。

此外，该团队还利用GPU-Meta-Storms等数据分析方法，构建了Meta-Mesh等微生物群落数据库和数据服务平台，相关方法被欧洲生物信息学研究所（EMBL-EBI）等国内外数十个研究团队采用。

上述工作由单细胞研究中心生物信息学团队负责人宁康研究员主持完成，获得了新近成立的CUDA研究中心支持。

文章链接



新方法将现有微生物群落结构解析效率提高了若干个数量级，使得微生物群落的实时动态监控成为可能

打印本页

关闭本页