

[首页](#) >> [各地](#) >> [人文华南](#) >> [区域特色](#)

## 华南理工学生论文本月再登《自然》

人类肠道微生物最高质量参考基因集数据库问世

2014年07月09日 08:33 来源: 中国社会科学网 作者: 李永杰 祝和平 樊丽

字号

打印 纠错 分享 推荐 浏览量

中国社会科学网讯(记者李永杰 通讯员祝和平 樊丽)人类的肠道是一个庞大的社区,这里的居民由大约1000到1150种细菌构成。细菌数量极大,是人体细胞总数的10倍。这些肠道菌群与人体互利共生,人体为微生物提供生存场所和营养,而微生物则为人产生有益的物质,并保护人类健康。但是,目前对这些居民的基因信息“登记”却显得很不完善,影响相关研究的深入进行。

7月7日,由华南理工大学生物科学与工程学院2011级微生物学专业博士研究生李俊桦作为第一作者,华南理工大学作为第三完成单位,深圳华大基因研究院、丹麦哥本哈根大学等单位共同合作完成的《人肠道微生物组参考基因集》(An integrated catalog of reference genes in the human gut microbiome)高水平研究成果在《自然·生物技术》(Nature biotechnology)上公开发表。这是基因组科学创新班学子在国际顶级学术期刊上,以第一作者身份发表的第二篇文章,也是在《自然》杂志上首次以第一作者而非并列第一作者身份发表的首篇文章。

科研人员在该研究中基于249个新的测序样本和之前已公布的1018个人体肠道微生物样本,加上511株与人肠道密切相关的已测序原核微生物的基因组信息,构建了一个高质量、近乎完整的人类肠道微生物参考基因集数据库。该项目中的样本来自欧洲、美洲和亚洲,比之前用于构建的类似数据集的样品规模至少大三倍,是迄今为止最具代表性、最高质量、近乎完整的人类肠道微生物参考基因集数据库,为进一步研究人类肠道微生物提供了全面而精准的数据支持,对推动不同人群之间肠道微生物的遗传变异研究以及人类健康和疾病相关研究具有重要意义。

作为华大基因该项目负责人,李俊桦参与了此项研究的全部基础工作,包括项目设计、多个合作方协调沟通、文章各部分分析、文章撰写及修改定稿等工作。李俊桦表示,“更具代表性和高质量的人类肠道微生物参考基因集数据库有利于我们用量化的角度,通过宏基因组,宏转录组以及宏蛋白组等方法,了解肠道微生物菌群在不同人群中的差异情况,从而理解它们在人类健康和疾病中的重要作用。”

这也是近期华南理工学生论文第三次登上国际顶级期刊。5月8日,2012级博士生刘石平首篇第一作者文章以封面故事于《细胞》发表;7月3日,2011级微生物学专业博士生金鑫并列第一作者文章于《自然》发表。据悉,自2009年3月“华工—华大”基因组科学创新班成立以来,创新班同学在科研上取得丰硕成果,共有55人次分别以第一作者、并列第一作者或署名作者身份在《Nature》《Science》《Cell》《The New England Journal of Medicine》等国际顶尖学术杂志上发表高水平学术论文45篇。

分享到:

0

转载请注明来源: [中国社会科学网](#)

(责编:张彦)

### 相关文章

[作物多倍体基因组不对称进化规律研究获得突破](#)

[宏基因组学:慧眼识微生物](#)

[《自然》论文3%来自中国](#)

[中国全面启动人类蛋白质组计划 解读基因组“天书”](#)

[哈拉扎人身上发现蒙古人DNA痕迹](#)

[12600年前男童遗骨重入土 系新大陆最古老基因组](#)

美国一新研究显示：DNA及受教育程度或影响姻缘



我的留言

[进入讨论区](#) [关注社科网官方微博](#) [视频](#) [图片](#)

用户昵称： (您填写的昵称将出现在评论列表中)  匿名



   **0149** 

所有评论仅代表网友意见

**20**人参与 **0**评论

最新发表的评论0条，总共0条

[查看全部评论](#)