



史卫峰教授团队受邀系统概述生物信息学资源在新冠病毒发现和监测中的应用

发布日期: 2021-03-31

2021年3月22日,国际生物信息学权威期刊《Briefings in Bioinformatics》(影响因子: 8.990)正式发表了生物信息学资源在新型冠状病毒发现和监测中应用的综述文章“Bioinformatics resources for SARS-CoV-2 discovery and surveillance”,我校新发传染病病因流行病学实验室胡弢副研究员、李娟博士、周宏博士和李辞修副教授为文章第一作者,史卫峰教授为通讯作者。

在研究新冠病毒起源、追踪其全球传播、监测病毒演变和变异等方面,NGS技术和生物信息学方法发挥着不可替代的作用。自2020年1月,史卫峰教授实验室依托其高通量测序(NGS)平台和成熟的生物信息学分析平台,迅速参与到新型冠状病毒研究中,与合作伙伴快速解析了新冠病毒全基因组序列、遗传特征及系统发育关系,明确了武汉不明原因肺炎疫情是由新型冠状病毒感染造成,提出了新冠病毒可能使用ACE2作为受体,受到广泛关注。

本文系统介绍了被广泛应用于新冠病毒发现和基因组监测的多种高通量测序技术,指出宏转录组测序更适用于病毒发现,而基于扩增子/探针杂交的方法可更有效地用于基因组监测。目前还没有完全集成的生物信息学软件用于新病毒发现,但从原始基因组数据质控到病毒基因组验证的每个步骤(图1)都有大量线上和线下工具可使用,在多序列比对、系统发育、进化树可视化和基因组分析等方面可使用的生物信息学资源非常丰富且可靠。该文章还讨论了这些生物信息资源的优点和缺点,并强调因新冠病毒基因组数据量急剧增加对快速准确追踪病毒传播与变异造成严峻挑战。这些问题的解决不仅有利于当前新冠大流行的预防和控制,也有利于未来传染病的溯源与监测。

该研究得到了山东省重点研发项目(2020SFXGFY01、2020SFXGFY08)、国家科技重大专项(2018ZX10101004、2017ZX10104001)、山东第一医科大学(山东省医学科学院)学术提升计划(2019QL006)、国家重点研发计划(2020YFC0840800)和“泰山学者”工程专项(ts201511056)的资助。国际著名病毒学专家Edward C. Holmes教授为本文的完成提供了宝贵意见。

文章链接: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33416890/>

上一条: 学术报告

下一条: 山东第一医科大学葛燕青教授在自然子刊发表炔烃复分解催化剂研究成果