



生命科学学院胡圣伟教授团队在TOP期刊发表最新研究成果

发布人: 生命科学学院 发布时间: 2023-12-13 浏览次数:1365

近日, 生命科学学院胡圣伟团队成功建立了首个用于研究动物微生物遗传多样性和基因功能的多组学数据库—AnimalMetaOmics, 研究成果以“AnimalMetaOmics: a multi-omics data resources for exploring animal microbial genomes and microbiomes (探索动物微生物基因组和微生物组的多组学数据库)”发表在《Nucleic Acids Research》上(JCR 1区, IF=14.9, TOP期刊)。

AnimalMetaOmics数据库收集、分析和注释了来自多种非人类动物的宏基因组学、宏转录组学和宏蛋白质组学数据, 为研究人员提供了丰富的动物微生物组信息。这些信息包括微生物同源基因的聚类分析、功能基因注释、活性微生物群的组成、基因表达的丰度和微生物蛋白质的鉴定。数据库包含四个主要模块: 宏基因组模块呈现了55,898个微生物基因组的图谱, 提供了1.1亿个基因功能信息、580万个碳水化合物酶和950万个抗生素抗性基因的详尽数据; 宏转录组模块揭示了来自31种动物的321个样本的活性微生物群落的组成和功能丰度; 宏蛋白质组模块则鉴定了动物肠道样本中细菌、古细菌和病毒所表达的肽和蛋白质; 泛基因组模块展示了679种细菌和13种古细菌的基因组信息的总和, 以及微生物基因组中的核心基因和可变基因。该研究对于推动微生物组学领域的发展, 促进动物体内微生物群落的研究具有重要意义。



AnimalMetaOmics数据库不同模块主要内容示意图

该论文的第一完成单位为石河子大学生命科学学院, 胡圣伟教授和倪伟教授为论文通讯作者, 生命科学学院博士研究生胡瑞瑞和硕士研究生李福林、刘初阳为共同第一作者。

原文链接: <https://doi.org/10.1093/nar/gkad931>

(通讯员: 胡瑞瑞)