

# 微生物全基因组鸟枪法测序 Whole Microbial Genome Shotgun Sequencing

罗春清, 杨焕明 LUO Chun-qing, YANG Huan-ming

中国科学院遗传与发育生物学研究所人类基因组中心, 北京 100101 The Human Genome Center, Institute of Genetics and Developmental Biology, CAS, Beijing 100101, China

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 全基因组测序主要有二种策略, 一种是分级鸟枪法测序, 另一种是全基因组鸟枪法测序。微生物是一种十分重要的遗传资源, 运用全基因组鸟枪法可以方便、快捷地完成其基因组的测序任务。本文对微生物全基因组鸟枪法测序中文库构建、插入片段的长短比例、反应投入量、拼接以及补洞等问题作了较细致的描述, 有些步骤作了举例说明。

**Abstract:** Two strategies introduced for whole genome sequencing, one is clone by clone method, the other is whole genome shotgun sequencing, for microbes which are very important to us, whole genome shotgun sequencing method is very convenient. In this article we discussed the library construction, long-to-short-ratio of insert, total number of reads should be sequenced, assembly and gap filling technologies of the whole microbial genome shotgun sequencing method while some examples presented.

**关键词** [微生物](#) [全基因组](#) [鸟枪法测序](#) **Key words** [microbial](#) [whole genome](#) [shotgun sequencing](#)

分类号

## 扩展功能

### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(0KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献](#)

### 服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [复制索引](#)

### [Email Alert](#)

- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

### 相关信息

- ▶ [本刊中 包含“微生物”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)

- [罗春清](#)
- [杨焕明LUO Chun-qing](#)
- [YANG Huan-ming](#)

## Abstract

## Key words

DOI:

通讯作者