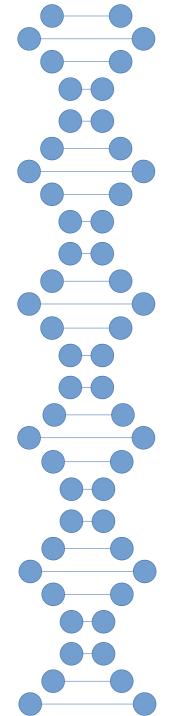




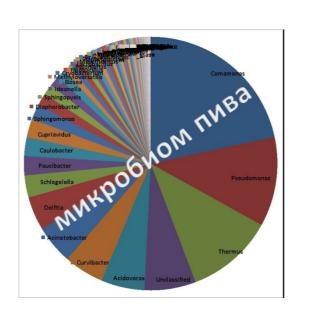
Основные принципы метагеномного анализа

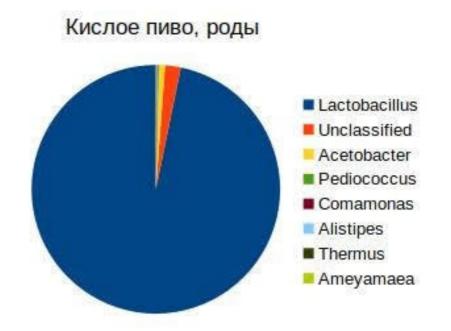
Полев Дмитрий Евгеньевич, к.б.н. ст.н.с., руков. группы метагеномных исследований, ФБУН НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера

Метабаркодирование	Секвенирование вариабельных участков гена (16S/18S pPHK) с использованием праймеров к его консервативным участкам	Относительно дешёвый, достоточно отработанный метод. Можно применять на системах с короткими прочтениями. Показывает только микробный профиль. Ограничен по разрешающей способности (максимум до вида), требует раздельного анализа прокариот и эукариот, не показывает вирусы и бактериофаги, не показывает функциональный профиль микробиоты	
Полногеномное метагеномное секвенирование	Секвенирование всей ДНК в образце	Показывает все организмы, содержащие ДНК, включая вирусы. Позволяет изучать функциональный потенциал микробиоты. Относительно дорого, предпочтительно иметь длинные прочтения, не позволяет анализировать РНК-содержащие вирусы	
Секвенирование метатранскриптома	Секвенирование всей РНК в образце	Позволяет обнаружить любые организмы и вирусы по РНК. Показывает функциональный профиль микробиоты в момент времени. Относительно дорого, предпочтительно иметь длинные прочтения	



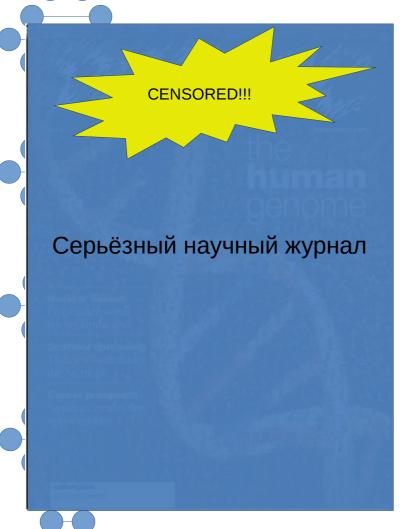
Микробиомы могут быть самые разные





Всегда относительные количества?

Планирование – основа любого эксперимента



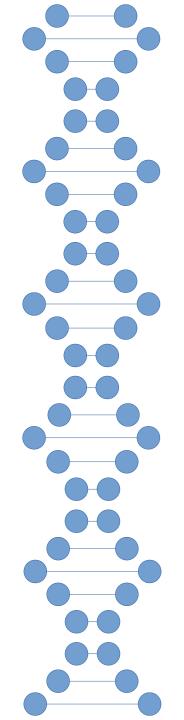


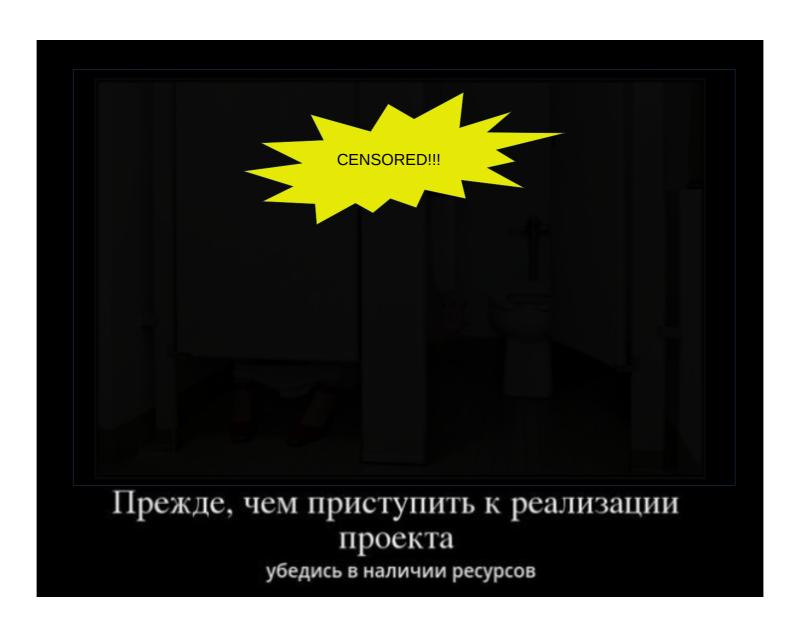




Планирование – основа любого эксперимента

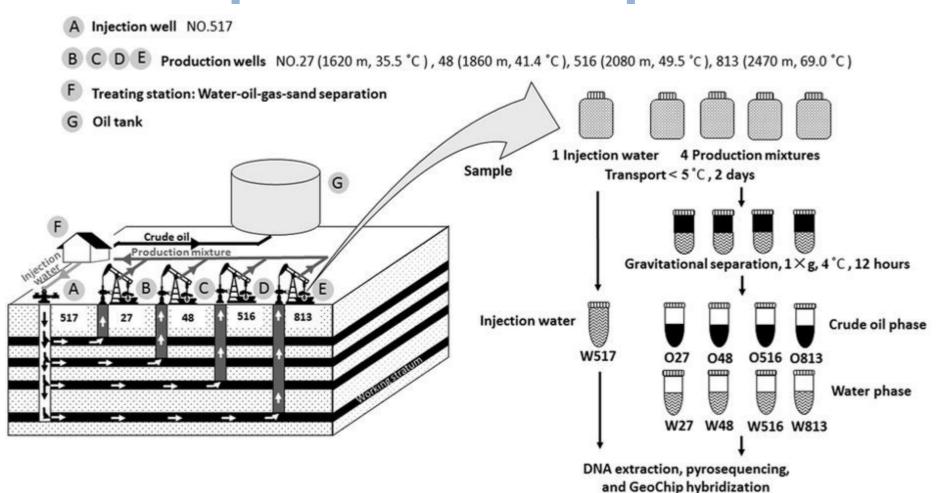
- Поставить цели и задачи
- Подобрать объект и группы для исследования, продумать контроли
- Продумать методы анализа данных
- Продумать и отработать «на берегу» методы сбора, консервации и транспортировки материала
- Подобрать и отработать методы выделения ДНК/РНК
- Подобрать и отработать методы приготовления библиотек и секвенирования



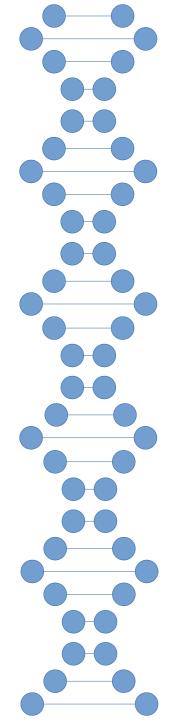




Проблема сбора, транспортировки и хранения материала



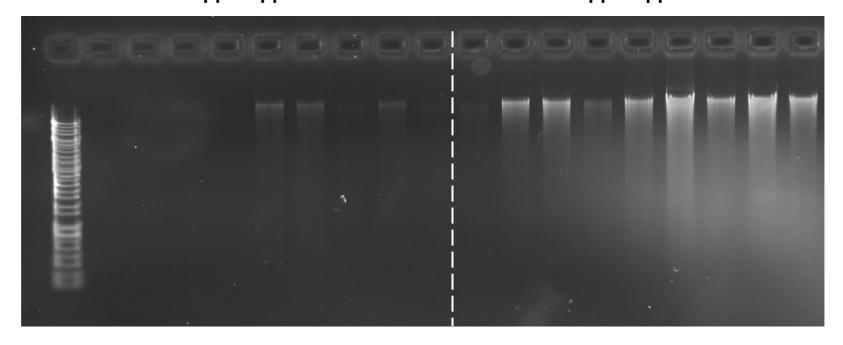
Scientific Reports volume5, Article number: 16057 (2015) https://doi.org/10.1038/srep16057

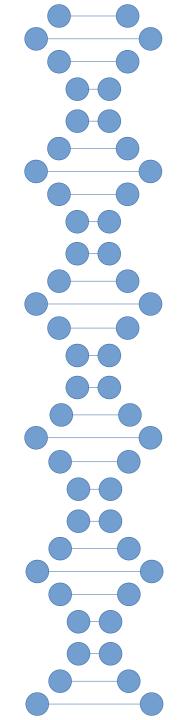


Проблема выделения НК

Метод выделения 1

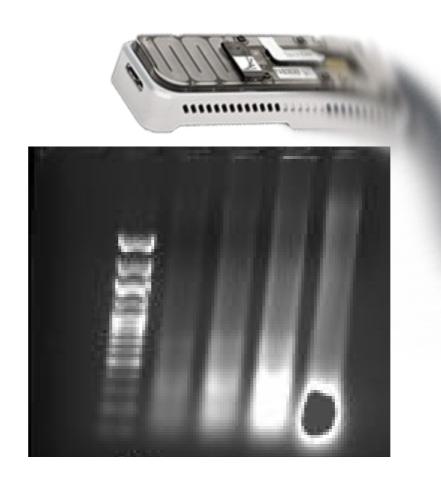
Метод выделения 2

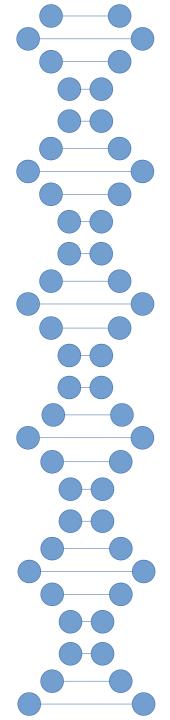




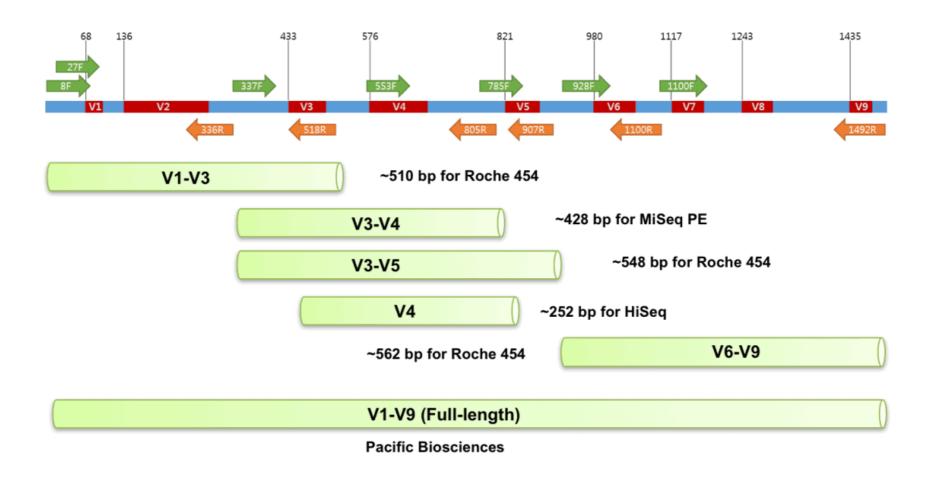
Проблема качества препарата НК

Сбор Транспортировка Хранение Выделение

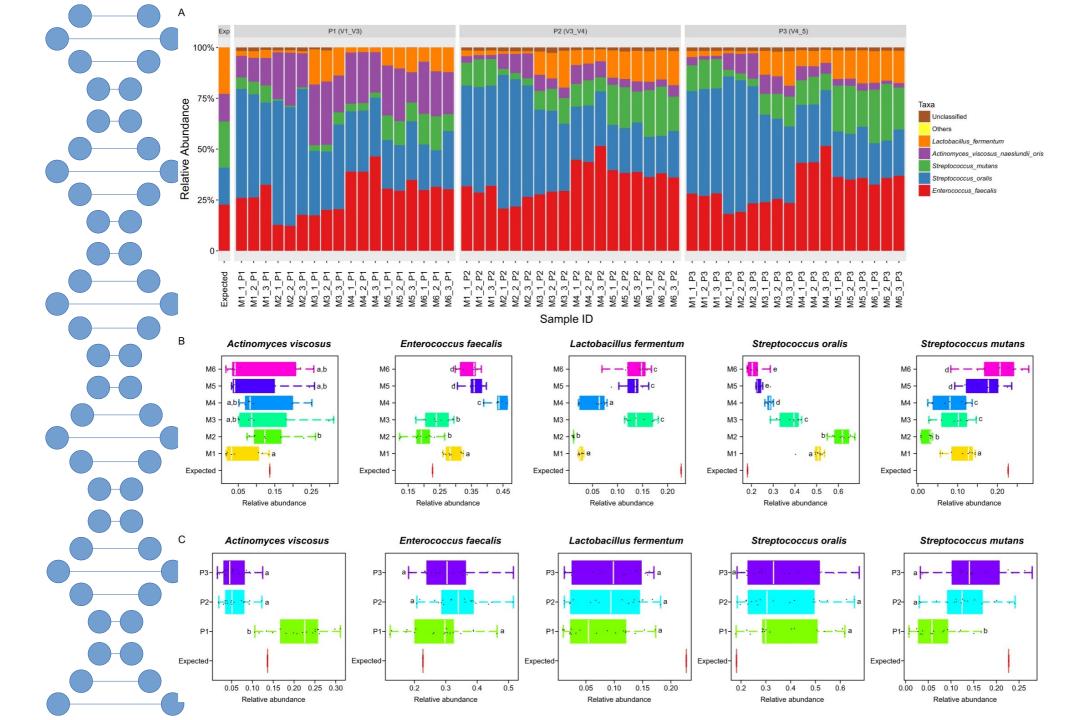




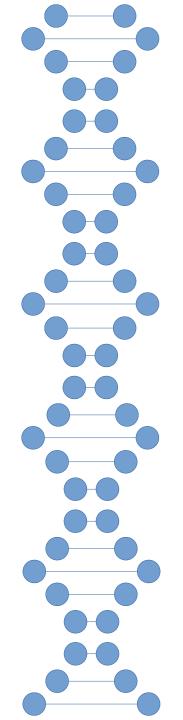
Выбор праймеров для 16S рРНК



https://help.ezbiocloud.net/16s-rrna-and-16s-rrna-gene/



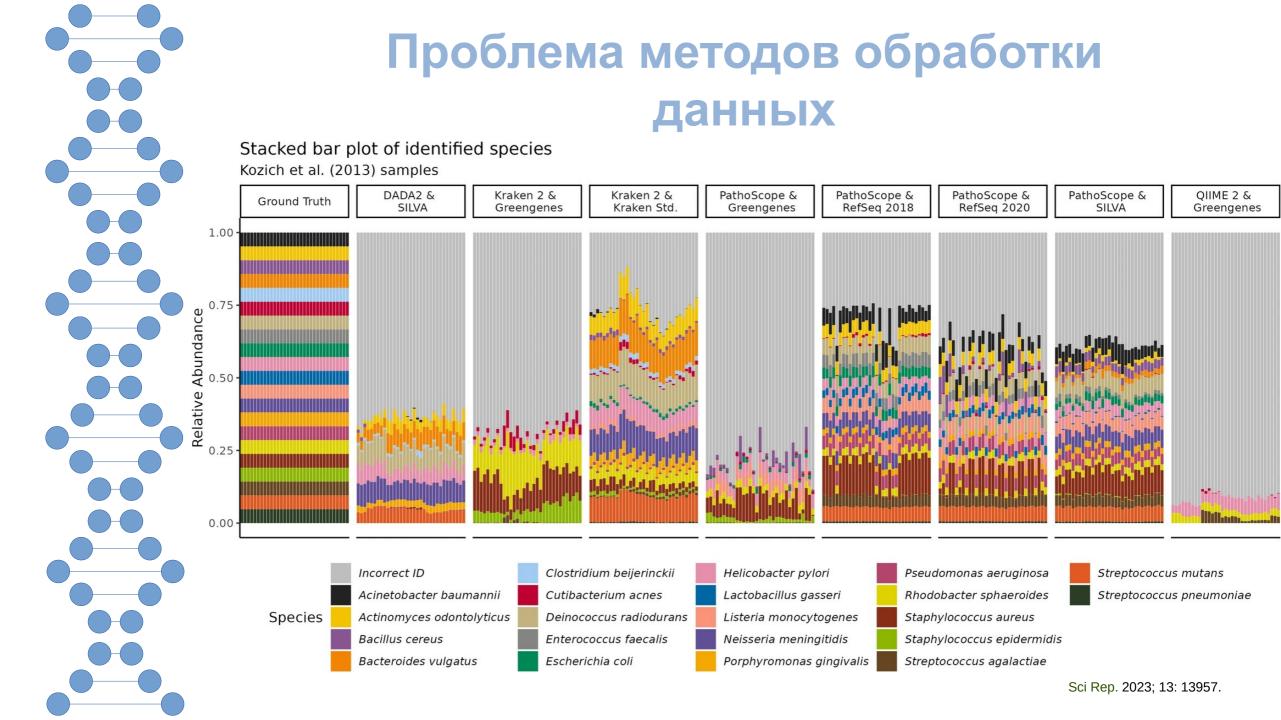
Sci Rep Teng, F., Darveekaran Nair, S.S., Zhu, P. *et al.* Impact of DNA extraction method and targeted 16S-rRNA hypervariable region on oral microbiota profiling. Sci Reg 8, 16321 (2018). 018-34294-x<u>https://doi.org/10.1038/s41598</u>-

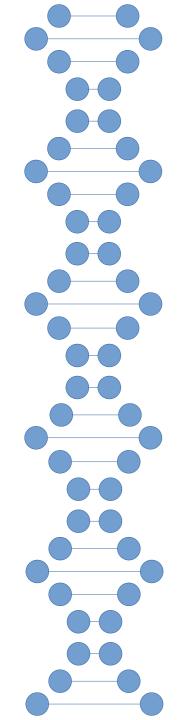


Проблема неравномерной амплификации

	^5	^8	^15
2	32	256	32768
1,95	28,2	209	22414
1,9	24,7	170	15181
1,85	21,7	137	10176

малопредставленные таксоны могут теряться!





Расходимся?