

宏基因组学打破了传统微生物学基于纯培养研究的限制，推动了病原学诊断的发展和应用。

3 宏基因组学概念的提出



1998年Handelsman等人提出宏基因组学的概念，不依赖于培养和提前假设，应用现代基因组学技术，直接从环境样品中提取**全部微生物的基因序列**，用于发现与鉴别病原微生物。

测序技术的更迭换代

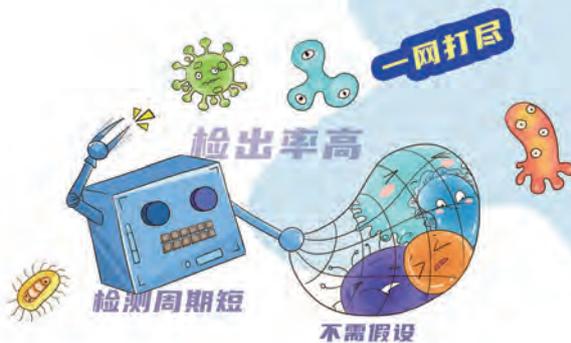
随着测序技术的发展进步，宏基因组测序方法推动临床诊断治疗的方式从传统医学转向基于基因组的诊断。

先来跟我看看我们的一代、二代、三代测序技术吧



其中，宏基因组二代测序（mNGS），在临床病原学诊断中显示出巨大潜力，让敌人无处可逃

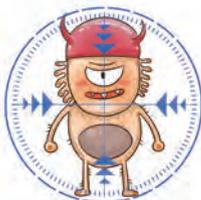
	一代	二代	三代
出现时间	1977年sanger等人发明了第一代测序技术	2005年454生命科学公司先推出第一个NGS平台，GS-20测序仪	2013年出现了单分子实时测序技术和纳米孔单分子测序技术
检测速度	慢	快	快
测序通量	低	高	低
读长	长	短	超长
准确率	99.99%	99.99%	85-90%
成本	高	低	高



开辟临床诊疗新局面

mNGS 逐渐从研究工具转变为临床实验室诊断方法，成为病原学诊断、抗感染目标治疗的有效补充手段。

1 mNGS首次用于人类传染病的病原体检测



2008年
使用 mNGS 发现新的沙粒病毒

2 正式拉开宏基因组用于临床微生物诊断的帷幕

2014年，
一名持续发热头痛的14岁男孩接受38项病原学检测后仍未查明病因，使用mNGS诊断为钩端螺旋体脑膜炎



3 mNGS技术从定性到定量的革命性飞跃

2020年，杰毅推出Q-mNGSTM定量宏基因组检测，辅助临床区分感染真/假阴性、同时监测病程



资料来源：杰毅生物