

---

# 青岛能源所等提出微生物组功能校正算法Meta-Apo

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/12505.html>

**本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！**

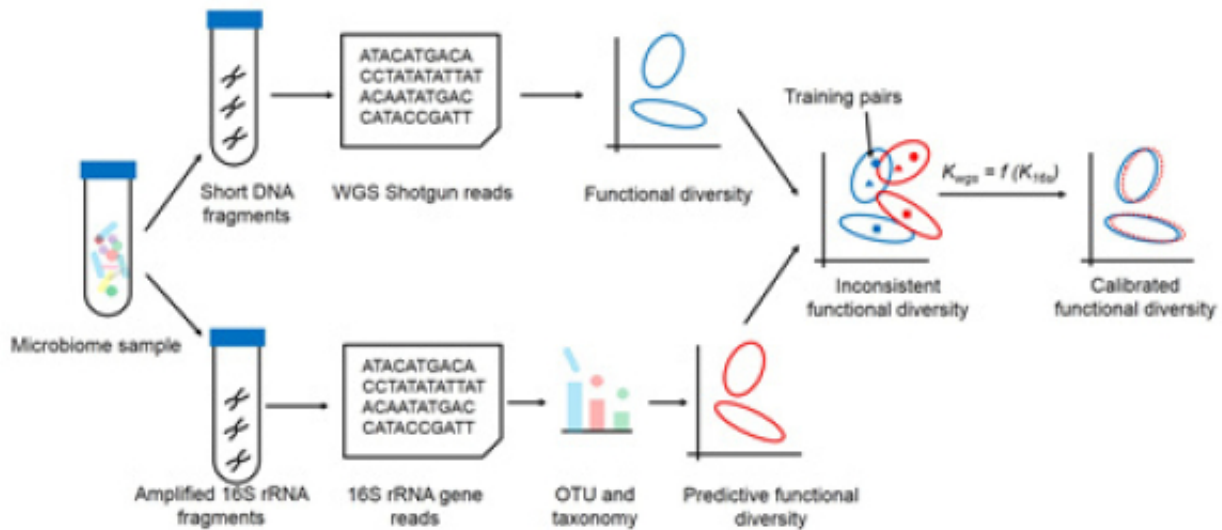
基于元基因组测序的微生物组功能分析和比较，在疾病诊断、生态监控、生物安全等领域具有应用价值，而高昂的成本限制了其更广泛应用。近日，中国科学院青岛生物能源与过程研究所单细胞研究中心开发出微生物组功能校正算法Meta-Apo（Metagenomic Apochromat），为大规模的菌群功能比较提供了保证分析精度且可大幅降低实验和计算成本的解决方案。

目前，微生物组功能的分析和比较，主要基于基因组序列进行代谢重建。路线之一是鸟枪法元基因组测序（Whole Metagenome Sequencing；WMS），但其高昂的测序成本（~1000~2000元/样本）和冗杂的分析过程阻碍了该方法的大规模应用。此外，通过扩增子测序（~200元/样本），利用16S rRNA等进化标记基因和其参照基因组之间的关联，亦能推断微生物组的功能。该方法大幅降低了成本，但16S rRNA基因片段经常带有扩增偏好性，而且与全基因组序列的关联并非完全可靠，因此，该方法的功能重建结果经常会出现较大的偏差。

为了解决以上问题，单细胞中心生物信息研究组提出了Meta-Apo算法，通过挖掘WMS数据和16S rRNA扩增子数据之间的同构关系，利用少量WMS和16S rRNA数据对（即同一个菌群样本分别进行WMS测序和16S rRNA扩增子测序）进行训练，来实现对大规模16S rRNA扩增子测序样本的菌群功能校正（图1）。研究显示，Meta-Apo利用仅仅15例样本的数据对进行训练，进而基于16S rRNA扩增子对5,000例人体肠道菌群样本进行功能预测和校正，其结果与同批样本基于WMS推断的菌群功能基本一致，而总测序成本仅为后者的20%左右。因此，针对大规模菌群样本的功能重建这一目的，将全部样本用16S rRNA扩增子策略，同时用WMS策略测定其中的一小部分样本，将能在保证分析精度的前提下、大幅降低实验和计算成本。因此，Meta-Apo算法和相应的测序策略为大规模菌群功能分析项目的设计提供了重要的工具。

该研究由青岛能源所单细胞中心与青岛大学计算机科学技术学院合作完成，青岛能源所助理研究员荆功超为论文第一作者，青岛大学教授苏晓泉为论文通讯作者。研究工作获得国家自然科学基金、山东省自然科学基金、中国博士后科学基金的支持。

[论文链接](#)



Meta-Apo算法能校正基于16S基因扩增子推断的菌群功能

研究团队单位：青岛生物能源与过程研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://www.iikx.com)转发