

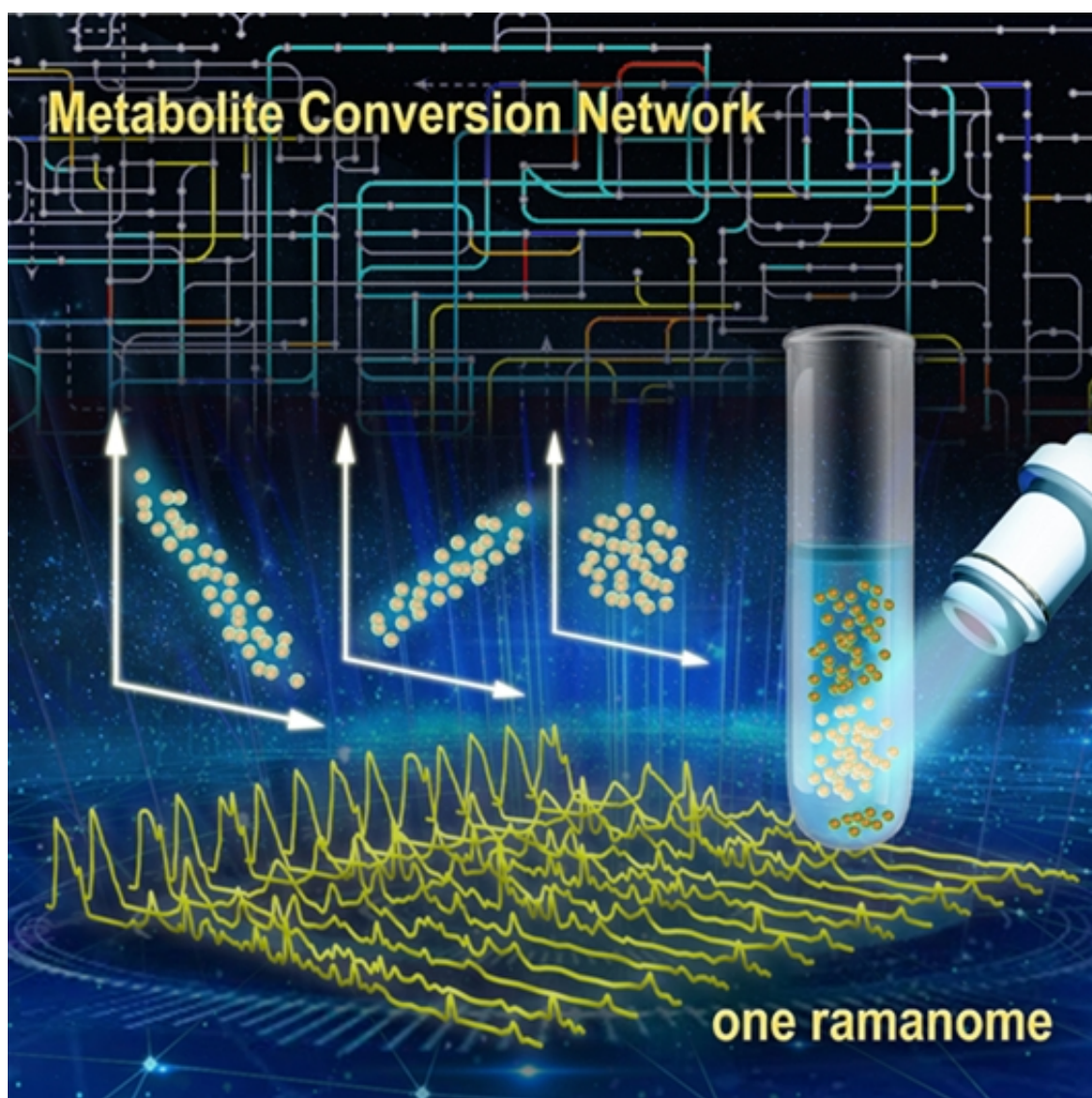
“拉曼组内关联分析”揭示代谢物转化网络

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/15870.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！

“拉曼组内关联分析”揭示代谢物转化网络。



拉曼组内关联分析（IRCA）仅需一个细胞群体的一个状态，即可预测其代谢物转化网络。
（单细胞中心供图）

细胞内代谢物之间是否正在发生相互转化，是细胞代谢活动最重要的动态特征之一。然而，由于其检测方法极为繁琐，这一直是细胞内代谢物研究的瓶颈之一。

近日，中科院青岛生物能源与过程研究所单细胞中心提出了名为拉曼组内关联分析（Intra-Ramanome Correlation Analysis; IRCA）的理论框架与算法，并示范了细胞工厂功能测试等方面的应用。相关工作发表于mBio。

据悉，在无需标记或破坏细胞的前提下，拉曼组内关联分析算法仅仅基于一个拉曼组数据点，即一个样品的一个状态，利用其中不同单细胞拉曼光谱的差异，就能推测该状态下的代谢物相互转化网络。

记者了解到，代谢物相互转化网络的构建，传统上基于质谱或色谱等代谢组学方法。它们通常必须破坏细胞，每次分析需要大量的细胞，而且要求基于一系列不同代谢状态的实验样品进行关联比较，这导致整个过程非常繁琐与耗时。此次，单细胞中心提出的拉曼组内关联分析算法是基于拉曼组的原创解决方案。

拉曼组，是一个细胞群体在特定状态下单细胞拉曼光谱的集合。这些单细胞，尽管遗传背景与环境条件等均一致，其代谢状态却各不相同，导致其拉曼光谱之间具有细微但显著的差异。一个遗传同质性样品中细胞间具有代谢异质性，是生命体系最本质的特性之一。

利用该本质特性，单细胞中心博士何曰辉带领的研究小组提出了命名为拉曼组内关联分析的思路。首先，一张单细胞拉曼光谱中数百乃至数千的拉曼谱峰中，每个谱峰或其组合可潜在代表一个代谢表型，如一类化合物的种类与含量。其次，把每个细胞作为一个独立的生物学重复，在不同细胞之间，将同一位置的谱峰与其他任一谱峰进行两两关联分析，如果发现呈现负关联的峰—峰组合，即意味着其对应的两类化合物之间存在相互转化的关系。最后，将该分析拓展到单细胞拉曼光谱中所有可能的峰—峰组合，则能建立一个该状态下细胞内化合物相互转化或代谢表型相互关联的网络。

据介绍，研究小组以各种光合微藻为模式，通过一系列系统性的生物化学与遗传学实验，验证了IRCA预测结果的准确性和可靠性。这些实验证明，仅仅需要一个样品——即一个拉曼组数据点，用样品中的数十个细胞，通过IRCA算法，就能够揭示该特定条件与时间下，细胞中蛋白、多糖、油脂、色素、核酸等各种储碳物质的相互转化规律。这些规律的快速探测，对于光合固碳细胞工厂的筛选与表征至关重要。

最后，研究人员还通过IRCA，构建了微藻、酵母、大肠杆菌等物种在多种状态下的代谢物转化网络，验证了该方法的广谱适用性，并证明这种拉曼组内关联网络（IRCN，Intra-Ramanome Correlation Network）有望成为一种极为灵敏、信息量丰富的代谢表型组学数据类型，来定义、表征乃至监测任何细胞体系的代谢功能。

相对于质谱、色谱等分析手段，IRCA具有超灵敏、快速、高通量、低成本（无需试剂耗材）等核心优势，因此IRCA将在合成生物学、精准医学、生态监控、生物制造等广阔领域开辟一系列全新的应用。同时，基于拉曼组概念和单细胞拉曼分选等核心器件的创新，单细胞中心发明和产业化了临床单细胞拉曼药敏快检仪CAST-R、单细胞拉曼分选—测序文库耦合系统RACS-Seq、高通量流式拉曼分选仪FlowRACS等。IRCA将通过这些原创国产的单细胞科学仪器，服务于广大的科学与产业用户。

该工作由单细胞中心研究员徐健主持完成，获得了国家自然科学基金、中国科学院先导专项、山东省自然科学基金、中国博士后科学基金的支持。（来源：中国科学报廖洋 刘佳）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1128/mBio.01470-21>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：徐健等 来源：mBio

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](https://www.iikx.com)转发