

---

# 空间转录组分析算法哪家强？

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/18401.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！*

空间转录组分析算法哪家强？。

中国科学技术大学生命科学与医学部教授瞿昆课题组设计了一整套分析流程，系统性评估了16种空间转录组和单细胞转录组数据整合算法在预测基因或细胞类型空间分布方面的性能。研究成果5月16日在线发表于《自然-方法》。

---

## 整合分析流程 中国科大供图

细胞在组织器官内所处的空间位置，与其发挥生理功能或疾病产生过程密切相关。论文共同第一作者、中国科学技术大学生命科学与医学部特任副研究员郭闯介绍。

近年来，研究者开发了多种空间转录组技术，在保留细胞精确空间定位的同时，检测细胞内全转录组的表达情况，以此来研究在发育或疾病发生发展过程中起关键性作用的细胞亚群及其分子机制。

但目前空间转录组学技术存在两个不足：一是基于测序的空间转录组技术无法实现真正意义上的单细胞分辨率；二是基于成像空间转录组的技术能检测到的基因通量有限。

为了突破技术的局限性，生物信息学家设计了多种算法整合空间转录组与单细胞转录组数据，预测细胞类型的空间分布和/或单个细胞的完整转录组信息。这些算法大大加深了人们对空间转录组学数据及相关生物学和病理过程的理解。

然而，这些整合算法的工作原理和适用范围存在显著差异，研究者很难选择出最佳算法。

瞿昆课题组长期致力于开发生物大数据分析算法和软件。在此项研究中，课题组收集了45对同一组织来源的空间转录组与单细胞转录组数据集，32个模拟数据集，并设计了多种指标，从准确性、鲁棒性、计算资源耗时等多维度系统性评估了16种整合算法的性能。

结果显示，Cell2location、SpatialDWLS和RCTD算法能更加准确的预测细胞类型的空间分布；Tangram、gimVI和SpaGE算法则是预测基因表达空间分布的最佳算法。Tangram、Seurat和LIGER计算效率相对较高，适合处理大规模数据集。

研究工作总结了每种算法的属性、性能和适用性，总结了高效算法的优势，为研究人员进一步提升算法性能提供了参考。同时在github上提供了整合空间转录组和单细胞转录组数据的分析流程，有助于研究人员为处理自己的数据选择最佳分析工具。

---

领域内专家普林斯顿大学教授Ben Raphael评论，对各种空间转录组数据和方法进行如此严格的基准研究并非易事，此项研究满足了领域内重要需求。（来源：中国科学报王敏）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41592-022-01480-9>

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：瞿昆等 来源：《自然—方法》

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