

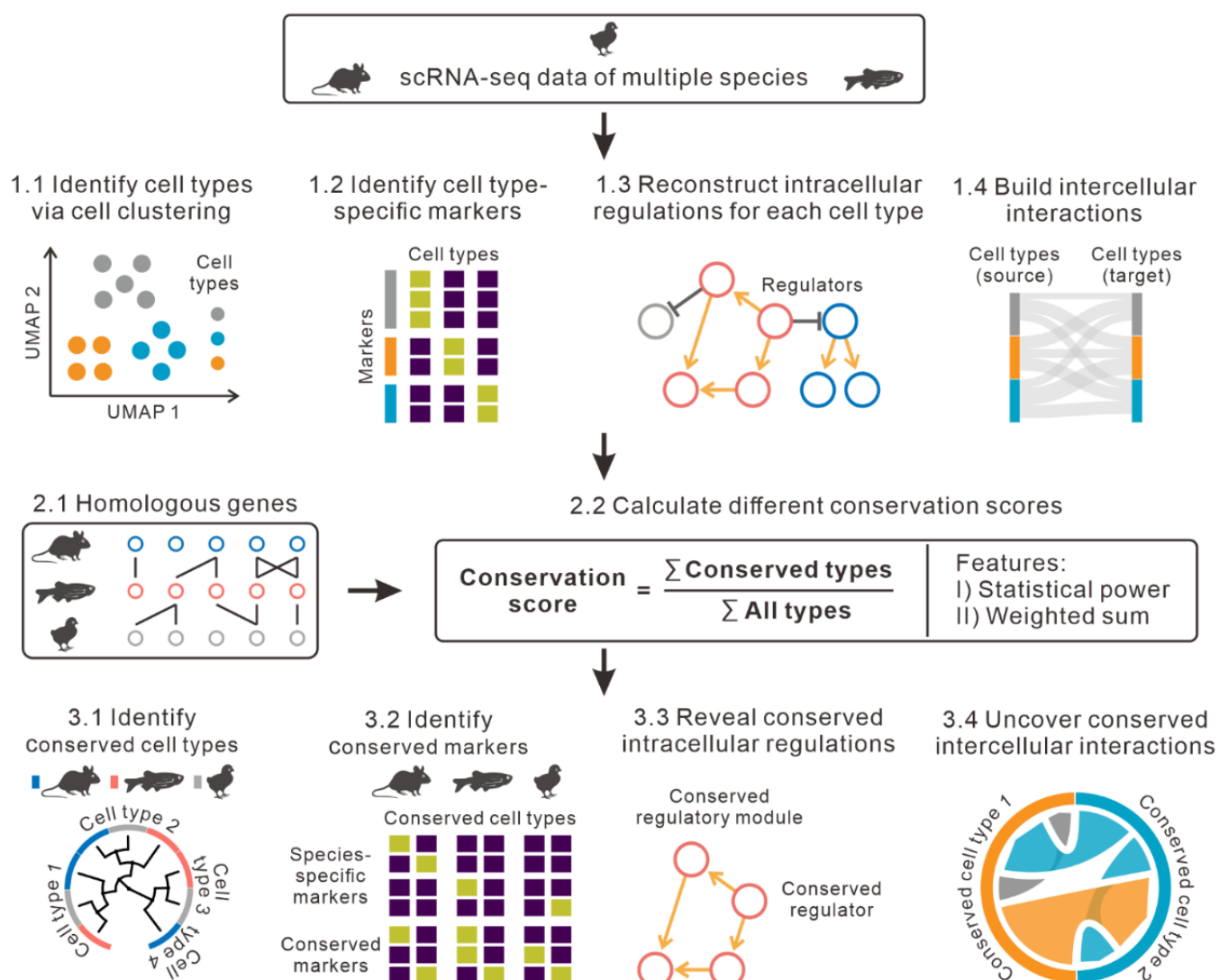
学者开发出跨物种单细胞组学数据分析的新工具

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/27945.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！

学者开发出跨物种单细胞组学数据分析的新工具。近日，中国科学院广州生物医药与健康研究院研究员王杰团队在国家自然科学基金、国家重点研发计划等项目的资助下，开发出新的计算工具CACIMAR，用于分析跨物种单细胞转录组测序数据，揭示物种间细胞类型、标志基因、细胞内调控以及细胞间相互作用的进化保守性。相关成果发表于《生物信息学简报》（Briefings in Bioinformatics）。



?

CACIMAR进行跨物种单细胞转录组数据分析示意图。研究团队供图

物种不仅在基因层面，也在细胞类型、基因表达、基因调控、细胞间相互作用等方面显示出进化保守性。单细胞转录组测序技术已广泛用于不同物种的单细胞表达研究，为在细胞类型水平研究物种的进化保守性提供了新机会。已有的算法能通过分析跨物种单细胞转录组数据识别进化保守的细胞类型，如Seurat和SAMap等。但是，这些方法主要通过跨物种的单细胞聚类确定保守细胞类型，其准确性在很大程度上取决于跨物种批次效应校正的能力。这些软件对进化距离较远物种进行聚类分析，仍存在明显不足。此外，目前仍没有方法能确定细胞间相互作用的进化保守性。

针对以上问题，王杰团队开发了新的R软件包 CACIMAR，用于分析跨物种的单细胞转录组数据。CACIMAR的保守性分析主要包含三个步骤：第一步，CACIMAR 基于每个物种内的单细胞聚类结果确定每个物种的细胞类型、标志基因、细胞内调控和细胞间相互作用。该策略不用进行跨物种的单细胞聚类，有效避免了跨物种的批次效应；第二步，基于标志基因的统计值和物种同源性，CACIMAR计算细胞类型的保守性分值。此外，CACIMAR还建立了特征加权模型，分别计算细胞内调控网络的保守性分值和细胞间相互作用的保守性分值。第三步，基于计算的不同保守性分值分别确定跨物种保守或特异的细胞类型、细胞内调控和细胞间相互作用。

论文共同通讯作者、中国科学院广州生物医药与健康研究院助理研究员徐雪丽表示，该研究将CACIMAR应用于小鼠、斑马鱼和小鸡的视网膜损伤再生的公共单细胞转录组数据中，有效地确定了小鼠、斑马鱼和小鸡视网膜中保守的细胞类型、标志基因、细胞内调控和细胞间相互作用。

据介绍，CACIMAR提供了一种新的算法，能克服现有跨物种单细胞转录组数据分析的挑战，特别是在识别跨物种保守和特异的细胞类型、基因调控以及细胞间相互作用方面。通过该算法，研究人员能深入地分析不同物种的细胞和分子水平的进化保守性，为理解物种进化的机制提供了新的视角。（来源：中国科学报 朱汉斌）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1093/bib/bbae283>

作者：王杰等 来源：《生物信息学简报》

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