

动物所发表关于人工智能识别菌群标志物的综述文章

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/29573.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！

动物所发表关于人工智能识别菌群标志物的综述文章。

菌群标志物作为微生物群落在健康与疾病状态下的特定生物分子或代谢产物，对于疾病的早期诊断和预防具有重要意义。它们揭示了微生物与宿主的互作关系，并为实现精准医疗和保障公共健康提供了关键的科学依据。传统的生物信息学方法在识别菌群标志物时存在预测准确性不高和泛化能力不足的问题，而人工智能方法在生物信息学领域的应用和推广为菌群标志物的识别提供了全新视角。

近日，中国科学院动物研究所赵方庆团队在《国家科学评论》（*National Science Review*）上发表了题为 *Exploring the frontier of microbiome biomarker discovery with artificial intelligence*

的综述文章。该论文系统梳理了不同人工智能方法在菌群标志物发现中的应用和优势，为人工智能方法在识别菌群标志物的不同应用场景中的选择提供了依据。同时，该工作探讨了当前菌群标志物研究中人工智能技术面临的机遇与挑战，为领域发展提供了新的思路 and 方向。

传统的菌群标志物识别方法主要依赖于统计方法如t-test、ANOVA等，对菌群数据进行分析并识别丰度差异的微生物种类或功能基因。由于菌群测序数据存在大量噪声干扰，包括饮食在内的生活方式以及实验条件的变化均可能引入偏差，因此不同数据集之间的一致性和测序结果的准确性受到影响。同时，菌群数据具有稀疏性、高维性和组成性等特征，对基于菌群丰度的标志物识别和挖掘带来了挑战。

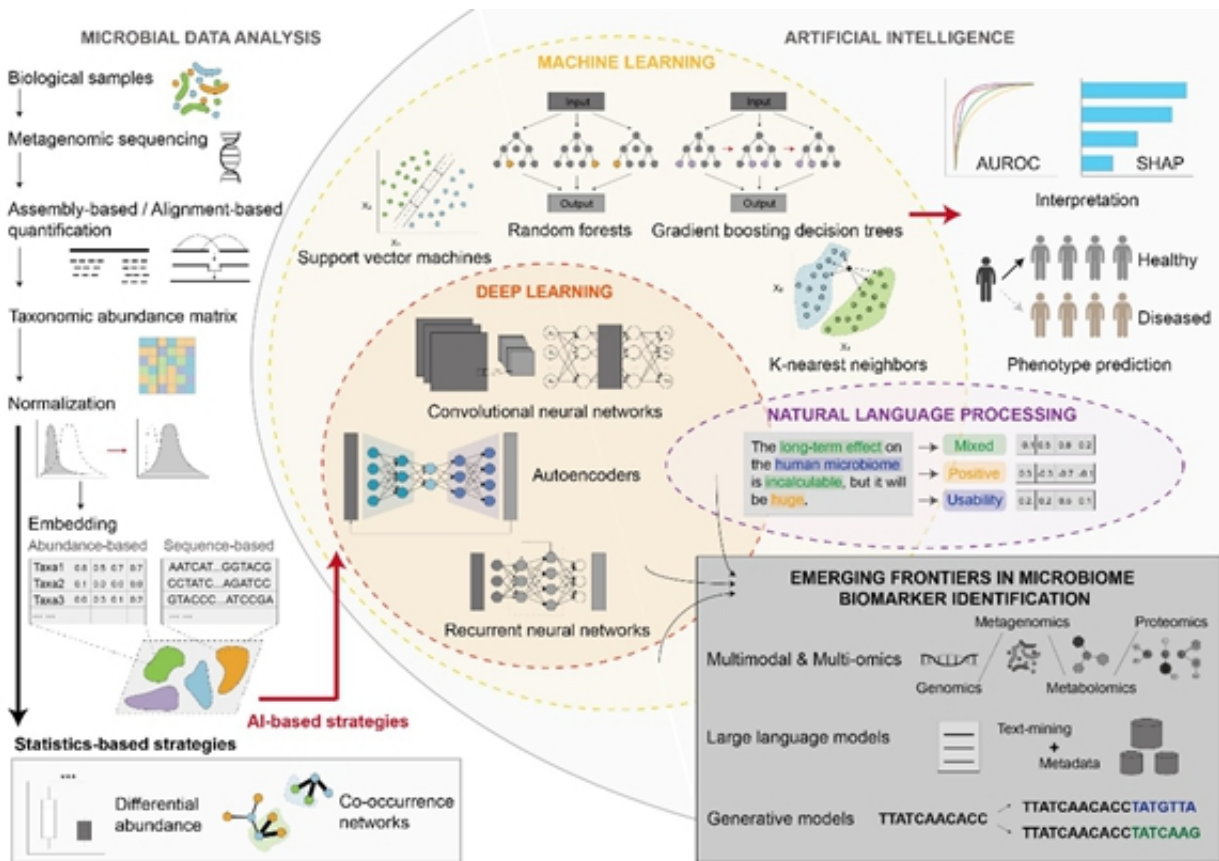
为了克服传统方法的局限性，科研人员探索利用人工智能技术进行菌群标志物的挖掘。人工智能方法通过特征选择和模型训练，能够识别出与疾病表型具有显著关联的菌群特征，挖掘出基于差异丰度分析和共现网络分析所无法发现的潜在模式和复杂的相互作用，从高维、复杂的菌群数据中识别出更精确的菌群标志物，进而提高疾病预测和诊断的准确性。同时，一些人工智能模型可以提供可解释的预测结果，帮助研究人员剖析菌群标志物与疾病或表型之间的关系，从而揭示疾病的发生和发展机制。以支持向量机、随机森林和梯度提升决策树为代表的机器学习算法以及以神经网络为代表的深度学习算法，在较多不同的研究中均表现出优异性能。此外，人工智能模型可以整合不同组学 and 不同模态的数据，通过结合自然语言处理等技术，进一步深度融合不同来源的数据信息，从而更全面地探讨疾病的发生和发展机制并发现更精确的菌群标志物。

人工智能技术在菌群标志物发现领域展现出潜力，可以帮助科学家更好地研究微生物组与疾病之

间的关系，并开发基于微生物组的诊断和治疗策略。上述成果为微生物组相关疾病的诊断和治疗提供了新思路，并为人工智能辅助生物医学研究提供了新见解。

研究工作得到国家重点研发计划、国家自然科学基金和中国博士后科学基金的支持。

[论文链接](#)



基于人工智能技术识别菌群标志物关键策略

研究团队单位：动物研究所

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](#)转发