
科研人员建立人工智能驱动的空间蛋白质组学新技术

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/31471.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！

科研人员建立人工智能驱动的空间蛋白质组学新技术。

近年来，空间组学技术成为解析组织异质性和复杂细胞相互作用的重要工具。尤其是，空间转录组学在胚胎发育、神经科学和疾病机制研究中展现出潜力。作为直接执行生物功能的核心分子，蛋白质的空间分布研究在技术上面临挑战。现有空间蛋白质组学技术受限于质谱检测通量和高昂成本，难以兼顾高分辨率与大面积组织分析需求，限制了其在复杂组织研究中的应用。

1月23日，中国科学院动物研究所赵方庆团队在《细胞》（Cell）上发表了题为High-resolution spatially resolved proteomics of complex tissues based on microfluidics and transfer learning

的研究论文。该研究提出了全新的空间蛋白组学技术框架——PLATO，通过整合人工智能深度学习算法与微流控技术，实现了全组织切片水平的高分辨率空间蛋白质组检测（25微米分辨率，数千个蛋白），突破了高通量原位组学技术瓶颈。

现有空间蛋白质组方法主要依赖抗体染色或质谱技术。前者因靶标数量有限，仅能检测几十至几百种蛋白分子；后者检测种类丰富，但逐点取样方式增加了实验成本和规模。

PLATO在断层扫描成像的重构原理中汲取灵感，通过降维后的平行流投影与深度学习算法Flow2Spatial相结合，重构出蛋白质的高分辨率空间分布。Flow2Spatial运用自编码器模型，将平行流投影的实验过程模拟为“降维编码”，并通过整合其他空间组学数据如组织学染色、空间转录组学等，对蛋白质空间分布进行高精度“升维解码”。这一原创算法突破了传统技术难以获取空间信息的限制，提高了空间蛋白质组的覆盖度和分辨率，为解析其他组学分子的空间分布提供了新方案。

在原位采样方面，PLATO结合微流控技术，开发了高通量、低成本的灵活采样平台，可实现25微米至100微米分辨率范围内进行精确采样。相比于传统方法，PLATO通过并行原位采样提高了实验效率，降低了对复杂昂贵设备的依赖，使得这一技术更经济实用，为复杂组织的高分辨率空间解析提供了可靠工具。

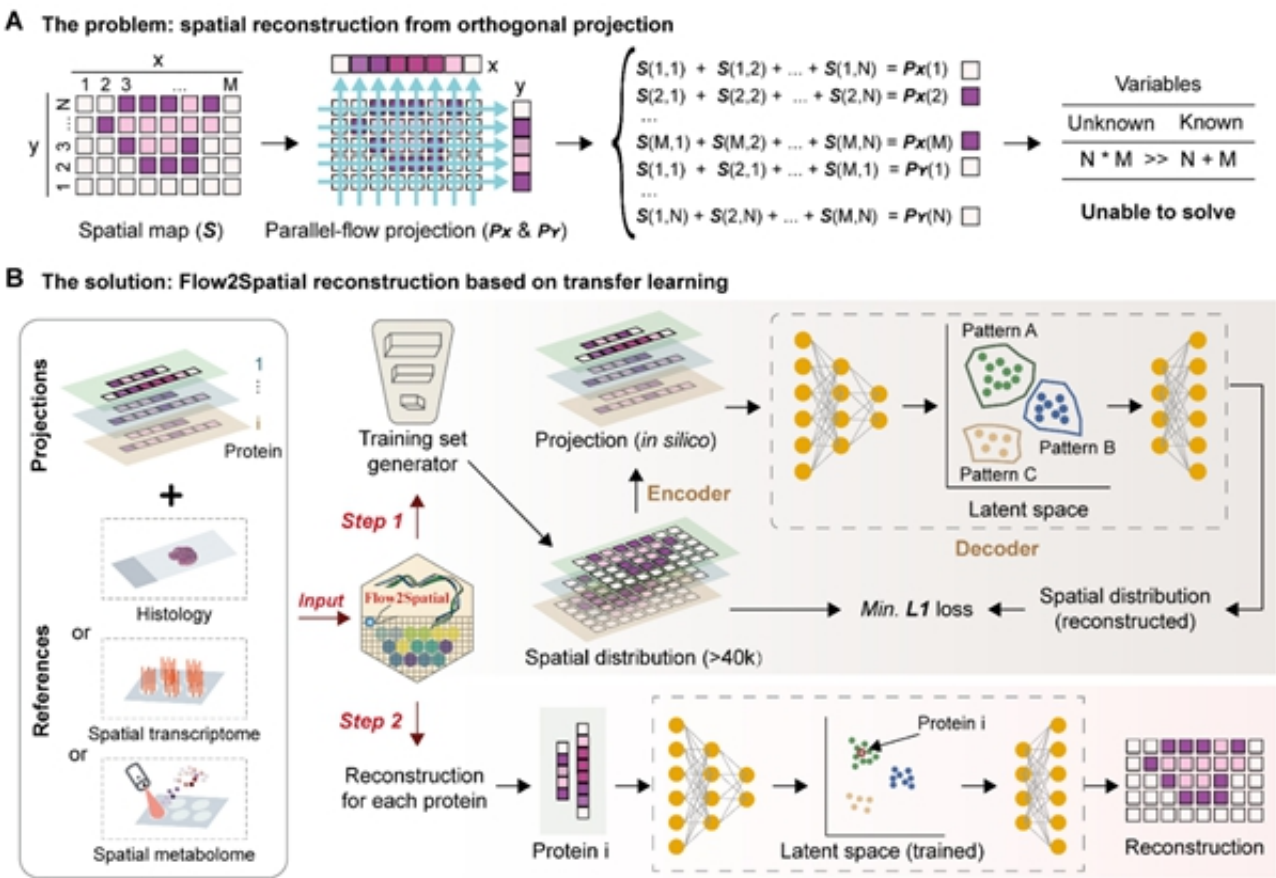
该研究通过计算模拟、显微切割和免疫荧光验证了PLATO的高精确性。结果显示，PLATO能够准确重构组织切片中蛋白分子的空间分布，空间分辨率最高达25微米。同时，针对不同类型样本如冰冻切片和FFPE组织，分别建立了实验流程，证明了PLATO在多种组织类型中的适用性。进

一步，研究对小鼠脑组织、肠道绒毛和乳腺癌等复杂组织进行高分辨率蛋白质空间分布解析，验证了其在不同应用场景和研究方向中的潜力，为揭示蛋白质动态分布和探究复杂生物过程的分子机制提供了支持。

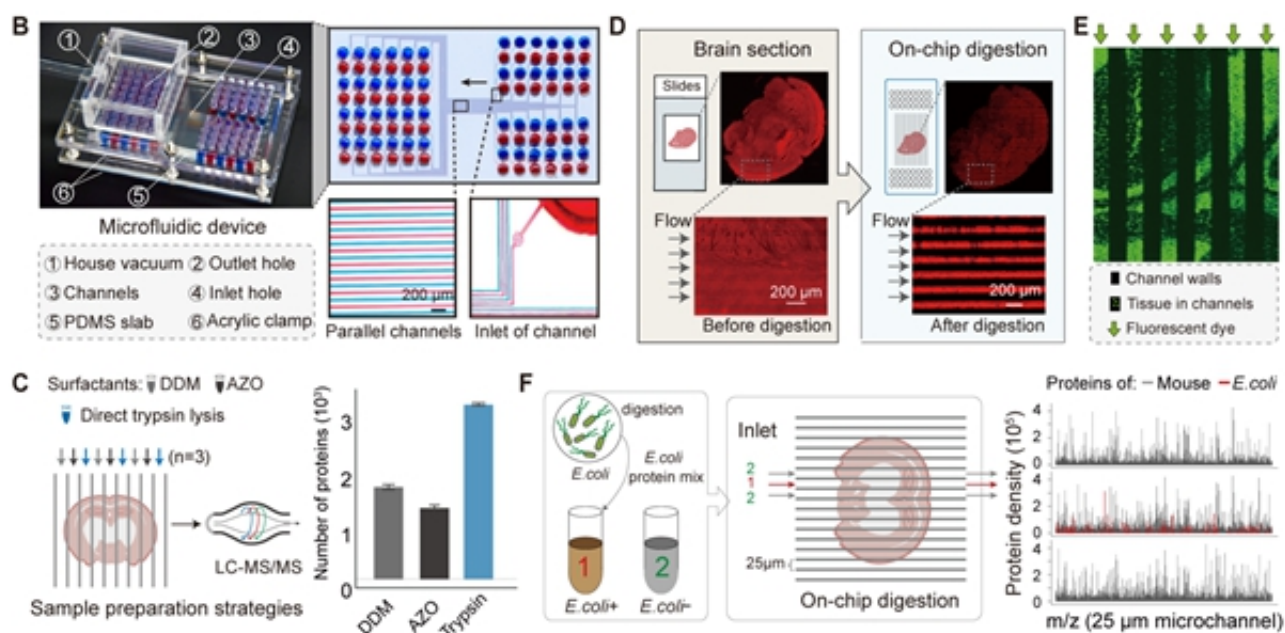
PLATO深度融合了人工智能算法、微流控和质谱技术，随着技术迭代创新，有望成为推动生命科学科学研究的重要工具。

研究工作得到国家杰出青年科学基金、国家重点研发计划和北京市自然科学基金等的支持。

[论文链接](#)



基于深度学习算法的蛋白质空间分布重构流程图



PLATO的微流控芯片装置图和原位采样结果

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/>

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