
新算法为组织发育和疾病研究提供重要支撑

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/31600.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！

新算法为组织发育和疾病研究提供重要支撑。2月3日，西南华大生命科学研究院科研团队成功开发了推断细胞时空分化轨迹的新算法SpaTrack，该算法可充分整合细胞的转录组和空间信息，构建细胞分化的动态轨迹，为揭示组织发育、器官再生和疾病进展的动态研究提供了有效的方法支持与重要见解。相关成果在线发表于Cell旗下子刊《细胞系统》。

空间坐标和取样时间可以作为补充转录组特征的重要约束条件，用于细胞分化的轨迹推断。基于最优传输理论和单细胞空间转录组学，研究团队开发了新算法SpaTrack，自然地将空间距离纳入细胞分化的成本测量中，能够准确捕捉生物组织的局部分化细节、空间上不连续的分化轨迹。

研究团队介绍，利用算法优势，SpaTrack能够实现以下几个主要功能：一是从单细胞空间转录组数据中，直接构建精细的细胞分化轨迹；二是通过直接细胞映射，追踪跨时间样本的细胞分化轨迹；三是通过建模预测转录因子在分化过程中对基因表达的调控关系，捕捉发育的驱动因素。

研究团队对SpaTrack在多种模拟和真实的分化场景下进行了性能测试，并与多种现行方法进行比较，均表明SpaTrack在稳定性和准确性上具有优势。进而，研究团队将SpaTrack应用于多个生物系统的研究中，结果表明，SpaTrack在重建细胞分化轨迹、揭示相关分化事件和寻找驱动因素等方面表现出色，并帮助研究取得了新的发现。

例如，研究团队重构了蝾螈端脑的受损再生过程，揭示了蝾螈脑在损伤区域和正常区域不同的分化轨迹；在解析小鼠胚胎的中脑发育过程中，研究团队观察到多个关键前体细胞在多时间点样本中的分化过程和空间协调特征；在肿瘤的生长和转移过程的研究中，SpaTrack帮助发现了肿瘤的生长扩增表现出了空间异质性，其中一条以上皮间质转化为特征的分化路径，其肿瘤细胞发生了转移，在淋巴结区域形成了转移位的肿瘤。

文章共同通讯作者、西南华大生命科学研究院副研究员秦鹏飞表示：本次开发的新算法借助空间转录组信息，在解析组织发育和疾病进展的时空动态上取得了初步成效。接下来团队将进一步实现时空多组学的融合，解析多源分化、复杂分化等复杂问题。（来源：中国科学报 刁雯蕙）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.cels.2025.101194>

作者：秦鹏飞等 来源：《细胞系统》

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](http://www.iikx.com)转发