
科学家开发面向空间组学的微环境解析工具包

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/32612.html>

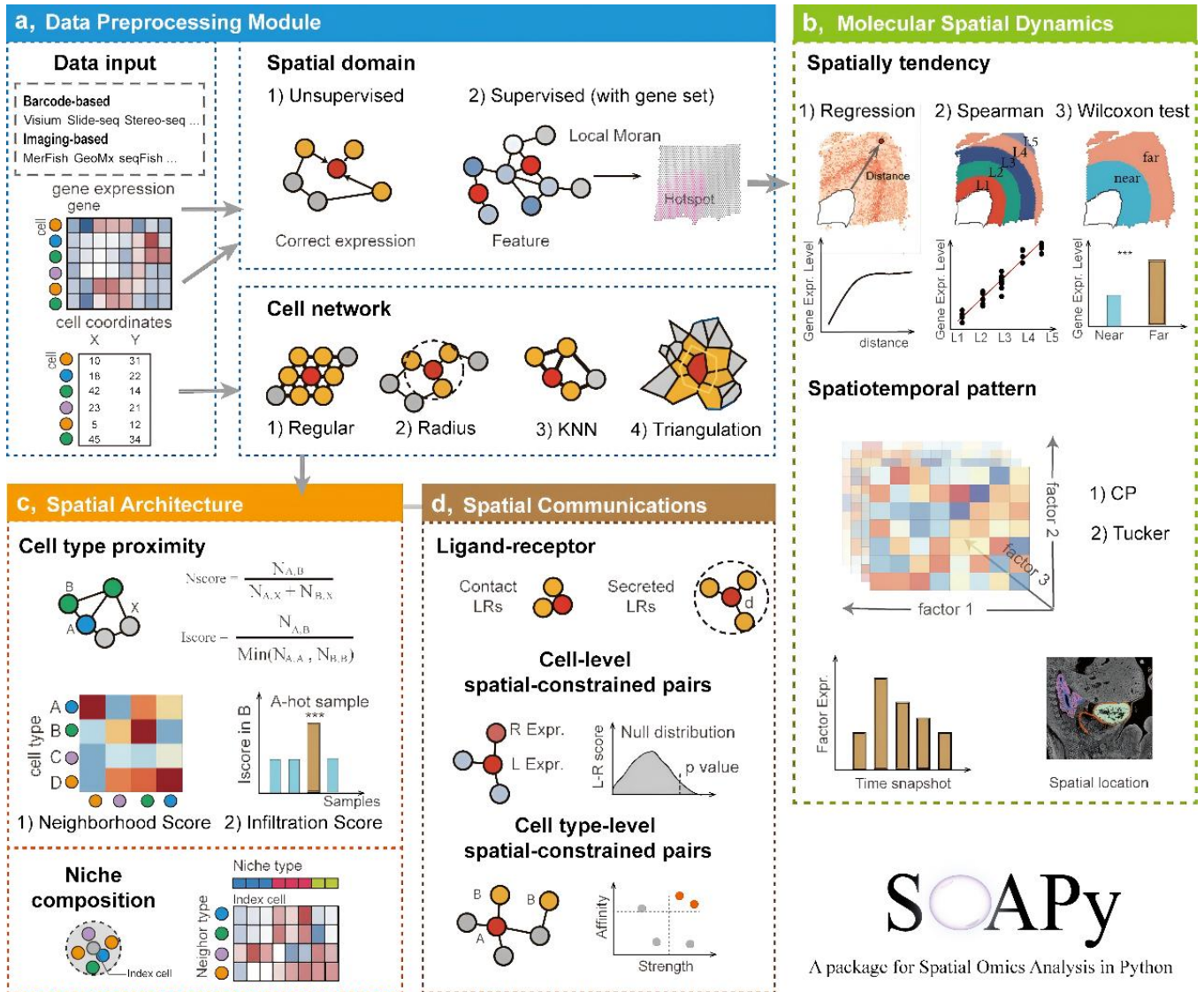
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

科学家开发面向空间组学的微环境解析工具包。中国科学院上海营养与健康研究所研究员李虹团队，推出了一款基于Python的空间组学集成分析工具包SOAPy，通过整合现有高性能算法与自主开发新方法，构建了一个灵活且多功能的分析框架，为解析空间微环境提供了多样化的分析策略。3月29日，相关研究发表于《基因组生物学》。

组织结构与微环境对于维持器官正常生理功能和疾病发生发展都起着极为关键的作用。近年来，空间组学实验技术的迅猛发展使得在组织原位上高通量捕获单细胞层面的分子特征成为可能，深化了科学家对组织微环境的理解。然而，空间组学数据的复杂性也带来了计算挑战，现有的分析方法较为零散，迫切需要一个对能够微环境空间结构进行综合分析的工具包。

基于灵活的预处理模块，SOAPy可兼容多种空间组学平台的数据，从空间域识别、空间表达趋势、时空表达模式、细胞共定位、多细胞生态位及细胞间通讯六个维度，系统解析空间组学中的常见问题。

研究团队利用多种空间组学技术的数据集对SOAPy进行了测试，结果证实了其在肿瘤和发育等多种应用场景下解析细胞和基因空间分布模式的优越性。例如，SOAPy针对细胞间通讯和受配体相互作用设计了新的度量指标，显著降低了假阳性并成功推断了分泌型配体与受体对（LR）介导的远距离相互作用和接触型LR介导的近距离作用；通过SOAPy的空间结构模块可定义肿瘤微环境中的细胞微生态，量化肿瘤的空间异质性并发现与患者预后相关的微生态；将SOAPy的时空分解模块应用于小鼠胚胎发育和肝损伤，可捕获时间和空间引起的基因表达变化。（来源：中国科学报 江庆龄）



面向空间组学的微环境解析工具包SOAPy。图片由研究团队提供

?

相关论文信息：<https://doi.org/10.1186/s13059-025-03550-5>

作者：李虹等 来源：《基因组生物学》

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