

科研人员建立单细胞谱系追踪的演化动力学推断框架

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/32733.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！

科研人员建立单细胞谱系追踪的演化动力学推断框架。演化动力学通过整合群体遗传学与动力学模型，利用基因序列构建的系统发育树推断种群扩张、迁移等演化参数，从而定量解析种群演化和病毒传播的群体动态规律。近年来，该方法被引入多细胞生物发育与肿瘤演化领域。

然而，传统模型难以精准刻画和推断真实组织中细胞谱系多样性、动态分化和增殖速率差异等复杂场景。

4月1日，中国科学院深圳先进技术研究院合成生物学研究所研究员胡政团队和厦门大学数学科学学院教授周达团队在《细胞系统》杂志发表最新研究，提出了新型单细胞演化动力学推断框架（命名为scPhyloX），揭示了器官发育稳态调控和肿瘤演化的动力学机制。

研究团队针对器官发育和肿瘤演化等不同生物学场景，建立了具有多层级结构的群体动力学模型，并开发了单细胞种系动力学推断算法。该算法突破传统固定参数模型的局限，通过细胞群体层次模型实现了对多层次发育结构和时变参数演化等复杂场景的精准定量推断。该算法仅需单时间节点谱系树数据，可快速重建器官发育与肿瘤演化的动态历史，并实现多个关键发育参数的同步推断。

利用该算法，研究团队发现在果蝇器官发育过程中，干细胞通过过度分裂模式降低发育期细胞死亡率并减少有害突变积累，人类造血干细胞则采用持续增长模式维持组织稳态。利用该模型，研究人员还量化了肿瘤生长中优势克隆的自然选择强度，发现了肿瘤早期演化呈现低突变率、高选择强度的规律，说明了肿瘤亚克隆扩张主要由优势克隆的扩增驱动而非突变积累。

尽管单细胞谱系追踪技术快速发展，但数据分析方法的滞后仍是领域瓶颈。该研究通过整合单细胞谱系追踪与群体动力学模型，有望揭示组织发育原理与疾病进展的新机制，并为相关研究提供新的定量理论工具。（来源：中国科学报 刁雯蕙）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.cels.2025.101244>

作者：胡政等 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](https://www.iikx.com)转发