

---

# 科学家提出高精度单细胞与空间组学整合算法

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/36598.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！*

科学家提出高精度单细胞与空间组学整合算法。在国家自然科学基金、国家重点研发计划等项目资助下，中国科学院广州生物医药与健康研究院研究员陈捷凯、副研究员林立惠团队研究提出了一种创新性的空间数据整合算法——Polyomino。该算法能够在单细胞分辨率下，高效且精准地重建空间转录组图谱。相关成果近日以封面文章形式在线发表于《基因组研究》（Genome Research）。

在生命体内，细胞并非孤立存在，而是依据空间位置相互通信，共同构建出精密的组织与器官结构。空间转录组学作为揭示这一细胞空间组织蓝图的关键技术，近年来发展势头迅猛。然而，现有的单细胞数据与空间数据整合方法，在处理动辄百万级规模的细胞数据时，往往面临运算效率低下和噪声干扰严重的双重挑战，难以同时保证处理速度与结果精度。

# GENOME RESEARCH



当期期刊封面。研究团队供图

---

针对上述科学问题，研究团队借鉴了图像处理中感兴趣区域的先进理念，创新性地提出通过多层次区域约束来精准分配细胞位置。与传统方法直接进行细胞分配不同，Polyomino算法先将空间数据划分为多个格子单元，利用水平/垂直条带、空间聚类等多层次区域化信息来约束细胞定位，进而在格子内部进行精细匹配。这一独特设计不仅大幅降低了计算量，还有效抵御了细胞分割误差、细胞类型比例失衡等常见噪声干扰。

在一系列模拟实验和真实数据评估中，Polyomino算法展现出了卓越的性能：

一是计算效率极高。在整合约1.5万个单细胞和近2万个空间点的数据时，Polyomino仅用141秒便完成计算，比现有算法快10至1000倍，是目前唯一能够在单次运行中高效处理百万级细胞整合任务的算法。

二是精度与鲁棒性并重。在多种噪声场景（如细胞分割误差、比例偏差）下，Polyomino均能保持高精度；在小鼠胚胎和大脑皮层的验证实验中，该算法均能准确重建细胞的空间分布。

三是应用前景广阔。在结直肠癌肝转移组织的分析中，Polyomino揭示了常规树突状细胞在肿瘤与旁肿瘤区域的空间亚群差异，并识别出与血管生成密切相关的免疫信号网络，为深入理解肿瘤微环境提供了全新视角。

Polyomino算法不仅成功突破了大规模数据整合的计算瓶颈，更为研究组织发育、疾病机制乃至未来临床应用提供了更高分辨率的分析工具。研究者认为，随着单细胞与空间组学数据量的持续增长，Polyomino有望成为构建全景细胞图谱、解析器官发生与病理变化的重要方法学支撑。

值得一提的是，该研究工作是人类细胞谱系大科学研究设施系统四的重要组成部分。（来源：中国科学报 朱汉斌 胡冰鑫）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1101/gr.280532.125>

作者：陈捷凯等 来源：《基因组研究》

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