青岛能源所提出微生物组相似度新算法DMS

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/7541.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！

自然界中，微生物组（亦称“菌群”）无所不在，其结构深刻体现着生态系统的健康状态，因此微生物组结构比对是菌群检测服务于精准健康、精准护理与精准营养的核心环节之一。中国科学院青岛生物能源与过程研究所单细胞中心提出了Dynamic Meta-Storms（DMS）算法，能够更精确地计算菌群相似度。该研究在线发表于*Bioinformatics*。

鸟枪法元基因组（shotgun metagenomics）通过直接测定菌群总体DNA序列，来刻画一个菌群的结构和功能。然而如何精确地计算鸟枪法元基因组数据点之间的量化差异，一直是业界的热点问题。副研究员苏晓泉带领的单细胞中心生物信息研究组，针对上述关键技术瓶颈开发了Dynamic Meta-Storms（DMS）算法。DMS充分利用菌群中已知物种的生物分类和进化关系，对未知物种的进化位置进行理性推测（图1），从而能够全面、精确地计算元基因组之间物种水平的相似度（图2a）。

与此同时，得益于高性能并行计算优化技术，在计算百万数量级之元基因组样本的相似度时（5×10^{11}次相似度计算），DMS在单个计算节点上仅用6.4小时即可完成，与目前最快算法相比，速度提高了20%，同时还节省了40%的内存使用率（图2b）。

http://mse.ac.cn
），直接服务于地球微生物组计划（EMP）、人体微生物组计划（HMP）、中科院微生物组计划等大科学计划，从而支撑基于菌群测序的精准健康、精准护理与精准营养。

该论文的并列第一作者是生物信息研究组荆功超和张玉凤，由苏晓泉主持完成，并获得国家自然科学基金、山东省自然科学重大基础研究项目、中科院微生物组计划等的支持。

论文信息：Jing G.[1], Zhang Y.[1], Liu L., Yang M., Xu J. and Su X.[*] *Dynamic Meta-Storms enables comprehensive taxonomic and phylogenetic comparison of shotgun metagenomes at the species level. Bioinformatics*(2019) DOI: 10.1093/bioinformatics/btz910.

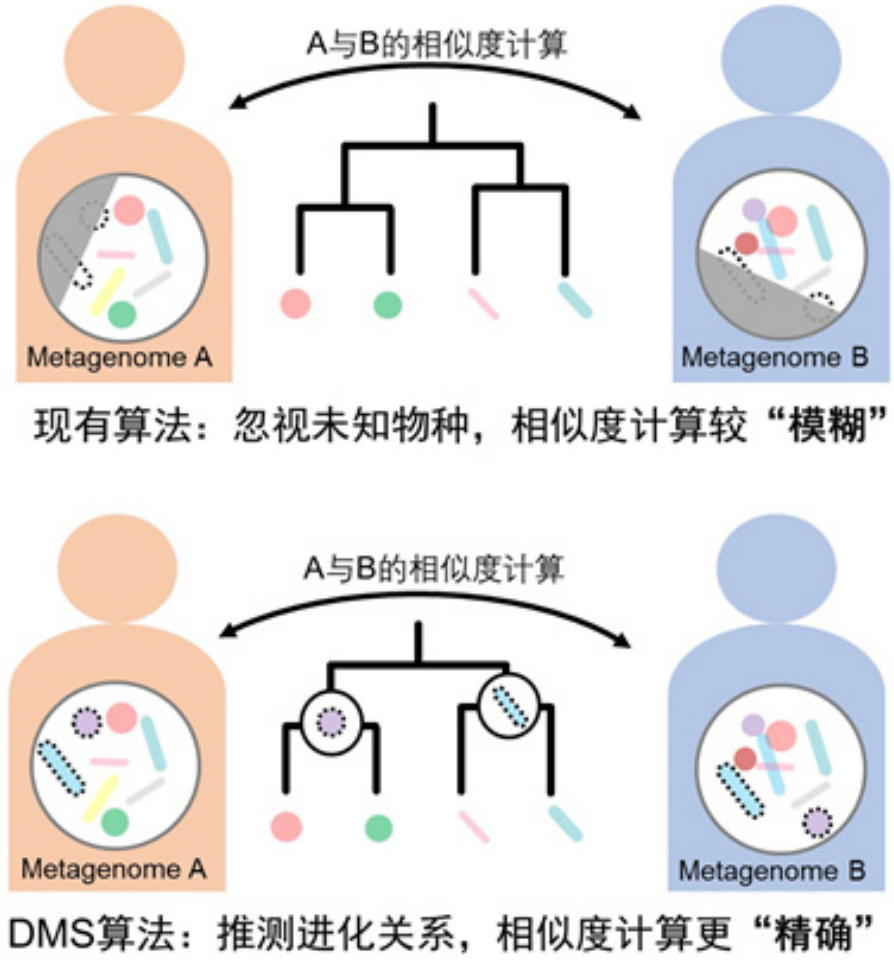


图1 Dynamic Meta-Storms能全面、精确地计算元基因组之间物种水平的相似度。

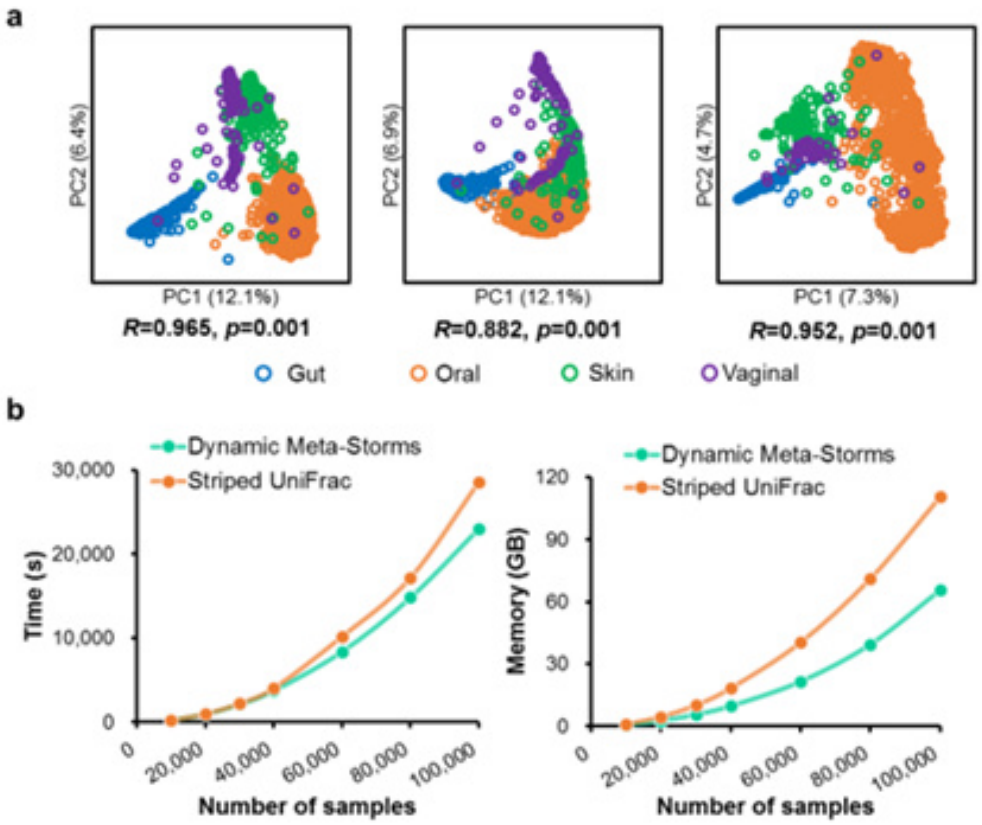


图2 与其他算法相比，Dynamic Meta-Storms能够更精确地计算菌群之间相似度（a），同时在计算速度和计算资源利用率上有显著提升（b）。

研究团队单位：青岛生物能源与过程研究所

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转发