



## BMC Biology 等杂志背靠背发表菌群研究方法及菌群性别的系列论文

2024-10-25 来源: 计算生物与医学生态学组 浏览量: 367



金秋10月收获季节，马占山学科组连续在线发表五篇医学生态学领域重要论文，其中包括：

BMC 旗下综合期刊BMC Biology背靠背发表两篇论文：第一篇作为研究方法(Methodology Paper) 发表了一项鉴定菌群样本中特有物种、富集物种的算法。该算法实际发明于大约10年前，因为申请国家发明专利而拖延到现在正式发表。另一篇则是应用该方法鉴定出了男女在15个相对应身体部位（例如男生口腔与女生口腔）各自特有或者富集的细菌种类。

这一组研究意义在于，研究方法可以应用于生物信息学领域绝大多数“特有（富集）”问题的分析，例如基因、宏基因、单细胞表达、SNP突变、代谢产物、血清学等分析。事实上，这一算法技术也可以应用于生物医学领域之外的问题。例如如果将宇宙中不同星球比喻为具有不同生态环境特征的“组别（groups or treatments）”（例如，火星、水星...），则寻找特有物种的问题可以转化为寻找特有外星人的算法。事实上，这一问题的变换其实不需要比喻就不难理解。寻找菌群中特有物种和宇宙中外星人问题区别可以归纳为两点：其一、宇宙中星球数量可能是无穷而不仅仅是火星与水星，该算法独特优点恰恰是处理具有“无限”特征的问题，因为它提供了一种缓解NP-Hard问题的算法。NP-hard 问题是指需要超大规模算力才能找到最优解的问题。“超大规模”可以理解为小到需要计算百万CPU小时，大到耗费“光年”CPU时间级别的问题。可以说，NP-hard问题解决是人类计算事业努力的终极挑战，包括当今“火热”的AI技术。其二，目前人类仅仅是掌握了地球上生物清单，连月球上清单也几乎一无所知。因此，也就谈不上该方法的应用，但其适用性原理则是显而易见。

而第二篇应用研究其实是对作者2019年发表于Advanced Science 关于“菌群性别”研究的进一步扩展，2019年研究揭示了人类男女在7个方面的差异，当时为了保护专利申请，男女特有（富集）物种清单没有公布。2019年论文分析数据来自于2012年发布的人类菌群宏基因组计划（HMP）研究，该数据缺乏男性生殖系统菌群数据。最新研究包括了人类性行为之前和之后精液和阴道各自独特和富集的物种。显然，特有物种和富集物种清单的掌握对于研究人类健康和疾病具有重要意义—包括益生菌开发、疾病风险评估的生物标记物等。

第三篇论文为与李连伟博士合作完成的肺部肿瘤组织特有（富集）的菌种清单，显然为上述方法在肿瘤研究领域的应用。

第四篇为博士生乔玉亭关于肺部肿瘤组织菌群物种多样性以及网络多样性的研究，系学科组与华西医院胸外科梅建东主任合作完成。发表于欧洲微生物学会旗下的 FEMS Microbiology Letters。其中关于网络多样性研究应该是网络多样性方法在人类菌群领域首次应用，其方法年初发表于昆明动物所新创立期刊《Zoological Research: Biodiversity and Conservation》。

第五篇为马占山在哈佛大学研究成果，研究示范了异质性(Heterogeneity)与多样性(Diversity)的区别和相似性。论文有意提醒学界在诸多场合，异质性分析能够揭示多样性分析所难以企及的特征，因为多样性度量忽视了物种之间的相互作用。该论文发表于生态学领域知名期刊 Oikos。审稿人在向编辑推荐中使用了“extremely important” 的字眼。哈佛大学内部报告交流中也给予了很高评价。

### 相关论文清单：

[1] Ma ZS (2024) Species specificity and specificity diversity (SSD) framework: a novel method for detecting the unique and enriched species associated with disease by leveraging the microbiome heterogeneity. *BMC Biology*, <https://doi.org/10.1186/s12915-024-02024-7>

[3] Ma ZS & Li LW (2024) Identifications of the potential in-silico biomarkers in lung cancer tissue microbiomes. *Computers in Biology and Medicine*, Vol. 183 (2024) 109231,


<https://doi.org/10.1016/j.combiomed.2024.109231>

[4] Qiao YT, JD Mei, ZS Ma (2024) Species Diversity and Network Diversity in the Human Lung Cancer Tissue Microbiomes. *FEMS Microbiology Letters*, <https://doi.org/10.1093/femsle/fnae087>

[5] Ma ZS & AM Ellison (2024) Cross-scale scaling-law analyses for the heterogeneity and diversity of animal gut microbiomes from community to landscape. *Oikos*,

doi: 10.1111/oik.10598



Copyright © 2018-2024 中国科学院昆明动物研究所 .All Rights Reserved  
地址：云南省昆明市盘龙区茨坝街道龙欣路17号 邮编：650201  
电子邮件：yangxi@mail.kiz.ac.cn  
滇ICP备05000723-1号  滇公网安备 53010202000920号

