



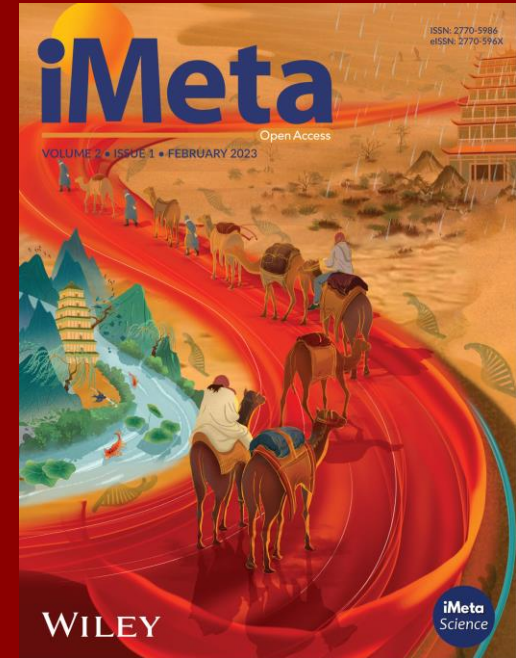
基于口腔宏基因组 对牙周炎进行普遍特征分析

耿明艳^{1, 2, 3#}, 李敏^{3#}, 李雲³, 竺嘉滢³, 孙楚晴³,
王燕^{1*}, 陈卫华^{3*}

¹滨州医学院人工智能研究院

²滨州医学院第二临床医学院

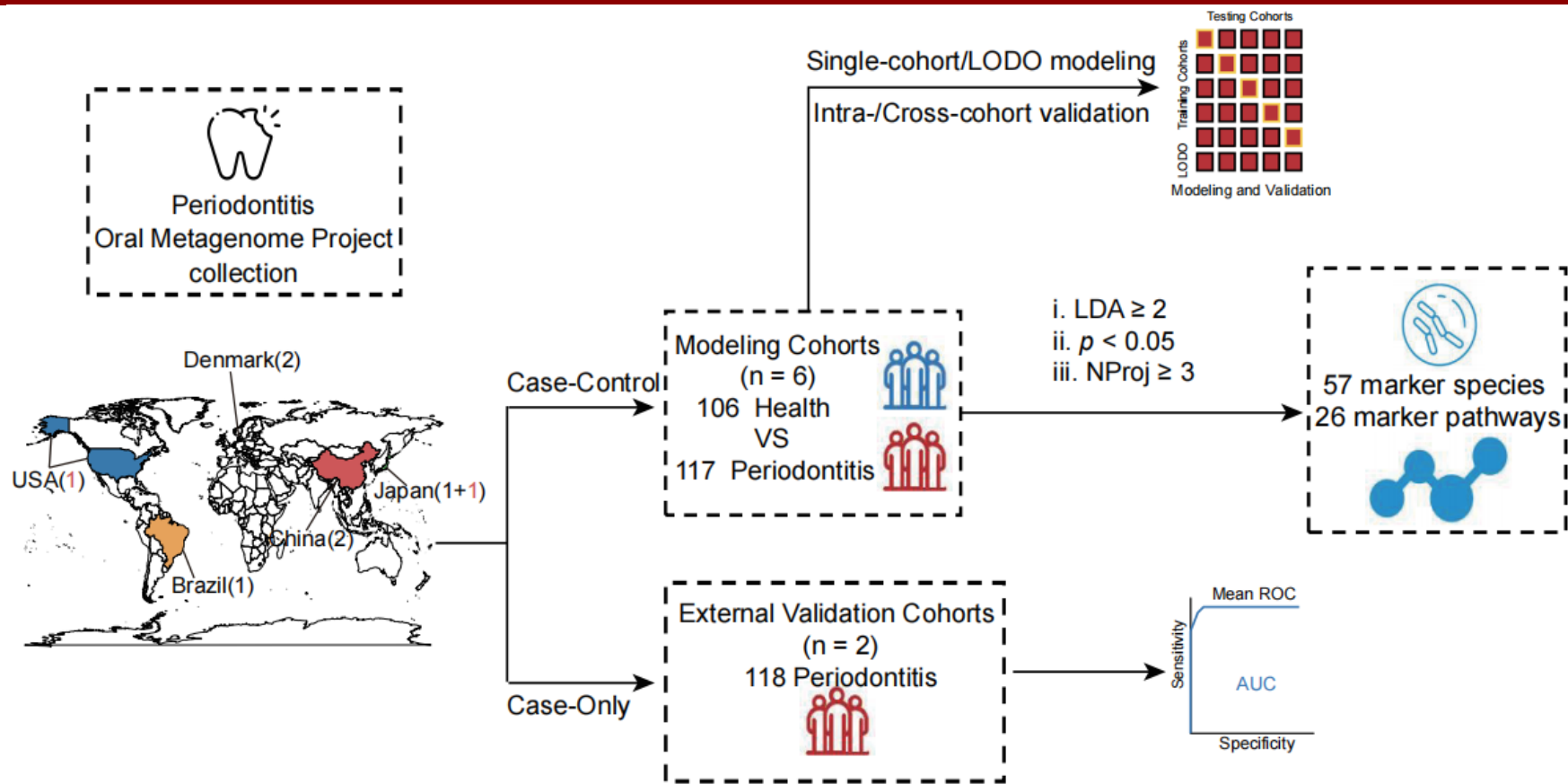
³教育部分子生物物理重点实验室, 湖北生物信息学与分子成像重点实验室,
生物信息学和系统生物系人工智能生物学中心, 华中科技大学生命科学技术学院



Geng, Mingyan, Min Li, Yun Li, Jiaying Zhu, Chuqing Sun, Yan Wang, and Wei-Hua Chen. 2024.
“A Universal Oral Microbiome-Based Signature for Periodontitis.” *iMeta* 3: e212. <https://doi.org/10.1002/imt2.212>



背景



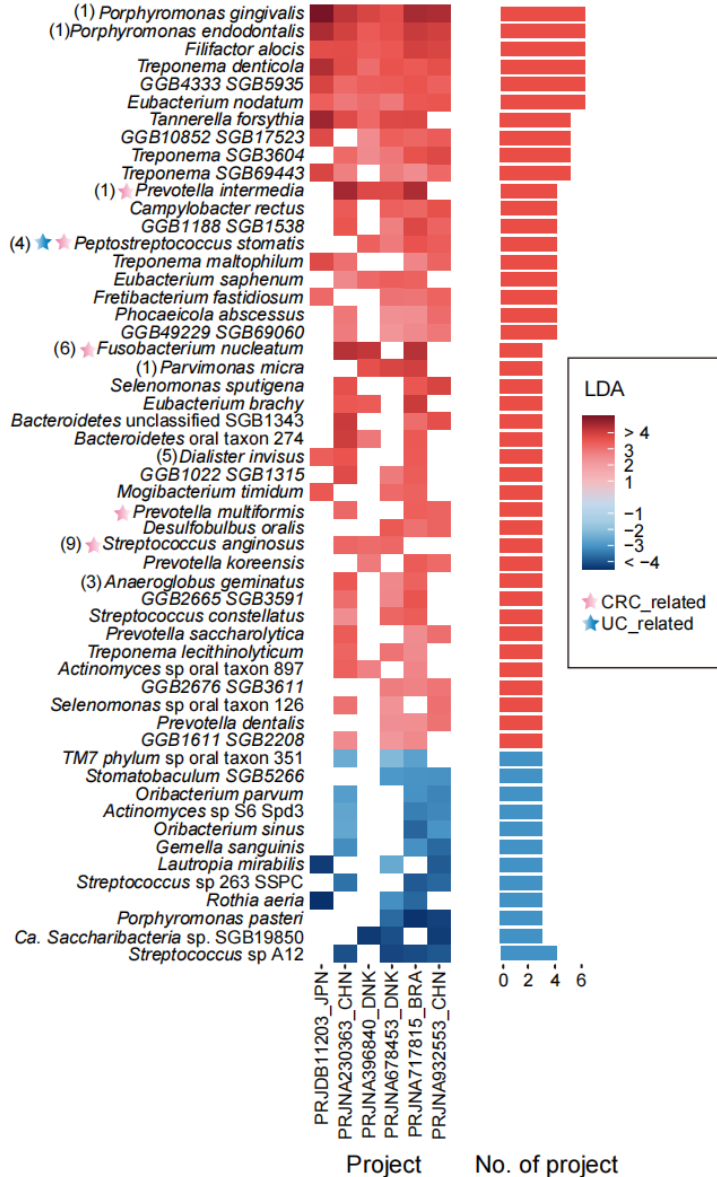
- 牙周炎是全球普遍担忧的一个口腔健康问题，并且会增加全身系统性疾病的风险。
- 早期的研究使用16S测序基于属水平口腔微生物组开发了牙周炎机器学习模型，但受到分类分辨率低、数据集有限以及缺乏全球普遍性人群等影响，使得模型普适性和泛化能力较低。



结果

◆ 牙周炎跨队列一致性物种生物标志物的鉴定

(B)

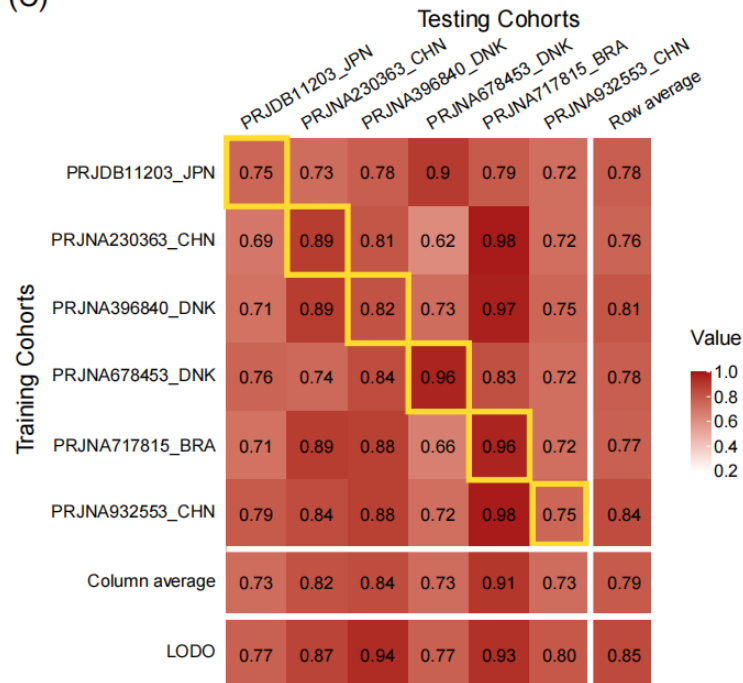


- 鉴定了54个在3个及以上队列中具有一致趋势的生物标志物，分别包括42个疾病富集标志物和12个健康富集标志物。
- 疾病富集标志物包括许多已知的牙周炎相关物种，包括“红色复合体”成员（即牙龈卟啉单胞菌、连翘坦纳菌和齿垢密螺旋体）以及牙髓卟啉单胞菌、龈沟产线菌和缠结优杆菌。
- 我们还鉴定到了未广泛研究的新疾病富集物种，包括在6个队列中富集的 *GGB4333 SGB5935* 和其它在5个队列中富集的3个新物种。
- 我们发现，其中一些口腔生物标志物也在结肠直肠癌（CRC）和克罗恩病（CD）患者的肠道中富集。

结果

◆ 基于分类丰度谱的机器学习分类器具有较高的分类性能和跨队列泛化能力

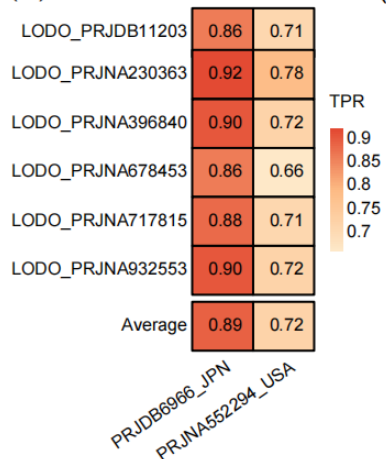
(C)



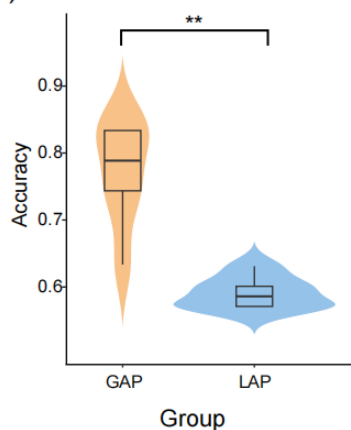
- 我们使用口腔宏基因组数据随机森林分类器来区分牙周炎疾病组和对照组，获得了内部AUC为**0.86**，外部AUC为**0.79**。LODO分析将外部AUC提高到**0.85**。

- 我们的LODO分类器是非常稳健的，在两个患者队列（PRJDB6966和PRJNA552294）中进行外部验证，TPRs分别为**89%**和**72%**。

(D)



(E)

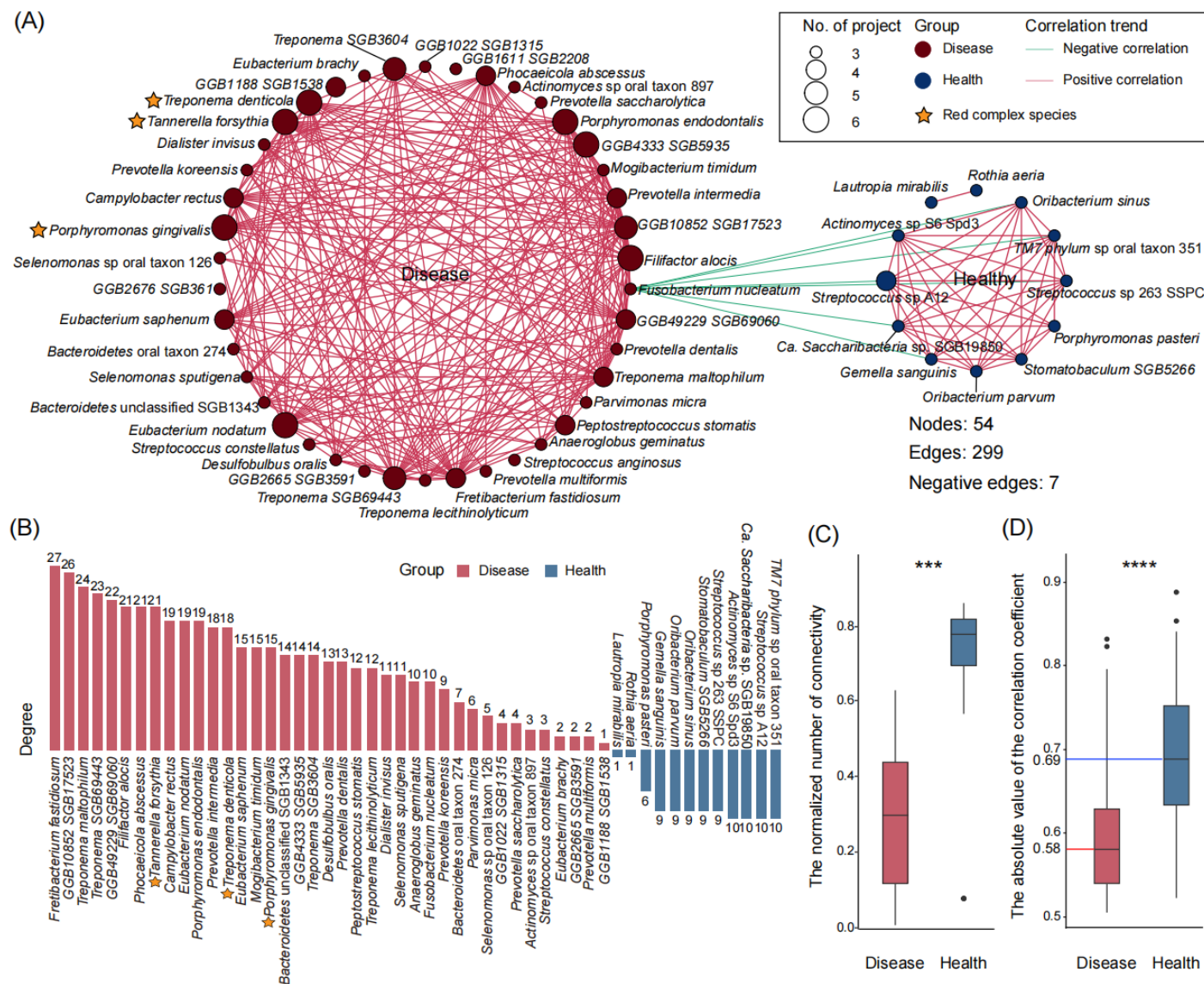


- 根据疾病严重程度对疾病样本进行分组，全身侵袭性牙周炎（GAP）的TPR接近80%，局部侵袭性牙周炎（LAP）的TPR接近60%，显示出较高的精度和良好的敏感性。



结果

◆ 相关性网络分析揭示了健康或疾病组内部生物标志物之间主要相互作用为正相关



- **相关网络分析:** 使用斯皮尔曼相关系数 (SCC) 绝对值大于0.5和p 小于0.05, 在 54个生物标志物之间共鉴定出**299对**相互作用关系。

- **新物种的作用:** 新物种 *GGB10852* *SGB17523* 与众多疾病富集物种显著相关, 其在牙周炎致病机制中的潜在作用应受到关注。

- **连通性和相关性强度:** 健康富集生物标志物表现出更强的相关性和更高的同步性, 表明与疾病生物标志物相比, 健康富集物种在口腔环境中的适应能力更好。



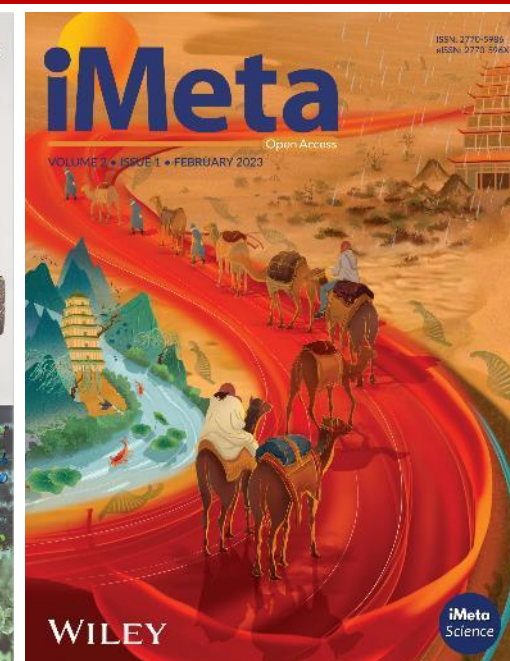
总结

鉴定了3个及以上队列中跨队列一致性的生物标志物，包括54个物种标志物和26个代谢途径标志物。鉴定出的物种生物标志物既包括已知物种又包括一些一致性的新物种。

构建了基于口腔宏基因组数据随机森林分类器来区分牙周炎疾病组和对照组，获得了内部AUC为0.86，外部AUC为0.79。LODO建模分析将外部AUC提高到了0.85。

发现了健康或疾病组内部生物标志物之间主要相互作用为正相关，强调了物种之间潜在的协同作用或共同生长要求，凸显了采用整体方法改善口腔生理条件的必要性，有利于健康生物标志物生长的同时，抑制疾病生物标志物的生长。

Geng, Mingyan, Min Li, Yun Li, Jiaying Zhu, Chuqing Sun, Yan Wang, and Wei-Hua Chen. 2024. "A Universal Oral Microbiome-Based Signature for Periodontitis." *iMeta* 3: e212. <https://doi.org/10.1002/imt2.212>



“**iMeta**”由威立、肠菌分会和华人科学家出版的开放获取期刊，主编由中科院微生物所刘双江和荷兰格罗宁根大学傅静远教授共同担任。目的是发表原创研究、方法和综述以促进宏基因组学、微生物组和生物信息学发展。目标是发表前10%(IF>20)的高影响力论文。期刊特色包括视频投稿、可重复分析、图片打磨、青年编委、中英双语、50万用户的社交媒体宣传等。2022年2月发行，相继被ESCI、[Google Scholar](#)、[DOAJ](#)、[Scopus](#)等数据库收录，发文161篇，被引2316次([Dimension](#), 2024/2/19)!



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>



投稿: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>



office@imeta.science



宣传片



[iMeta](#)

