
10篇《Cell》文章及封面聚焦人类伟大成就：癌症基因组图谱TCGA！

作者：writer 来源：精准医学

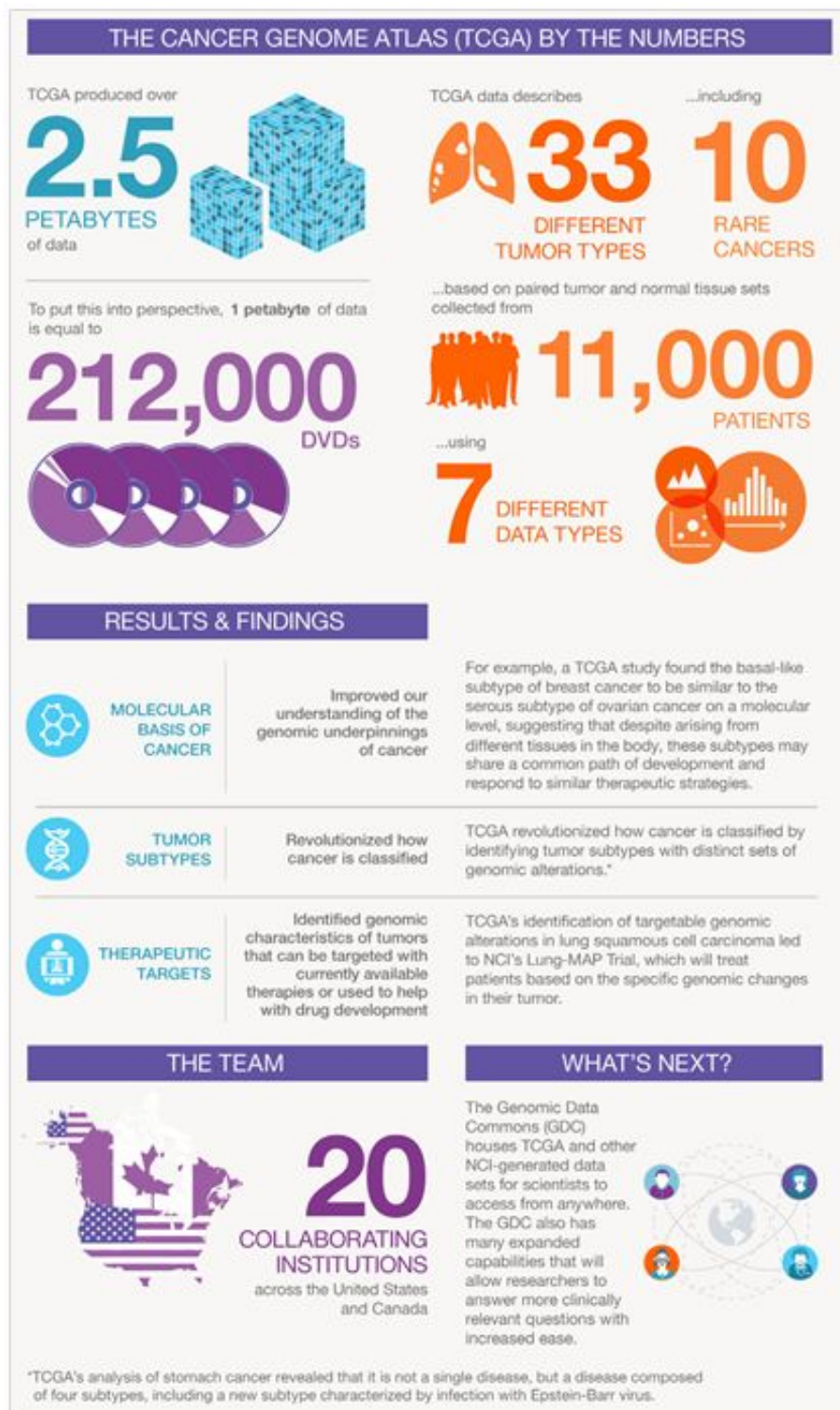
本文原地址：<https://www.iikx.com/news/topnews/203.html>

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！

国际顶级学术期刊《Cell》在最新一期中，采用封面形式，发表了包括评论和社论在内的超过8篇文章聚焦了人类的一项伟大成就：人类癌症基因组图谱(The Cancer Genome Atlas, TCGA)。而事实上，这些文章都是TCGA的收官项目之作-泛癌症图谱(Pan-Cancer Atlas)的部分文章，泛癌症图谱总共包括27篇文章，一共可以分成3个部分，每个部分由一篇重磅Cell文章领头，其他的文章已经发表于CellPress旗下的其他著名期刊，比如Cancer Cell等杂志。

癌症基因组图谱(The Cancer Genome Atlas, TCGA)想必早已为全世界广为知晓，这项计划于2005年提出，旨在通过基因组学分析技术，将人类全部癌症的基因组变异图谱绘制出来，从而更好地了解癌症发生和发展的机制。

尽管如今TCGA项目已经囊括了33种最常见癌症且超过11000个肿瘤样本的测序等工作，然而，它还没有完全结束。



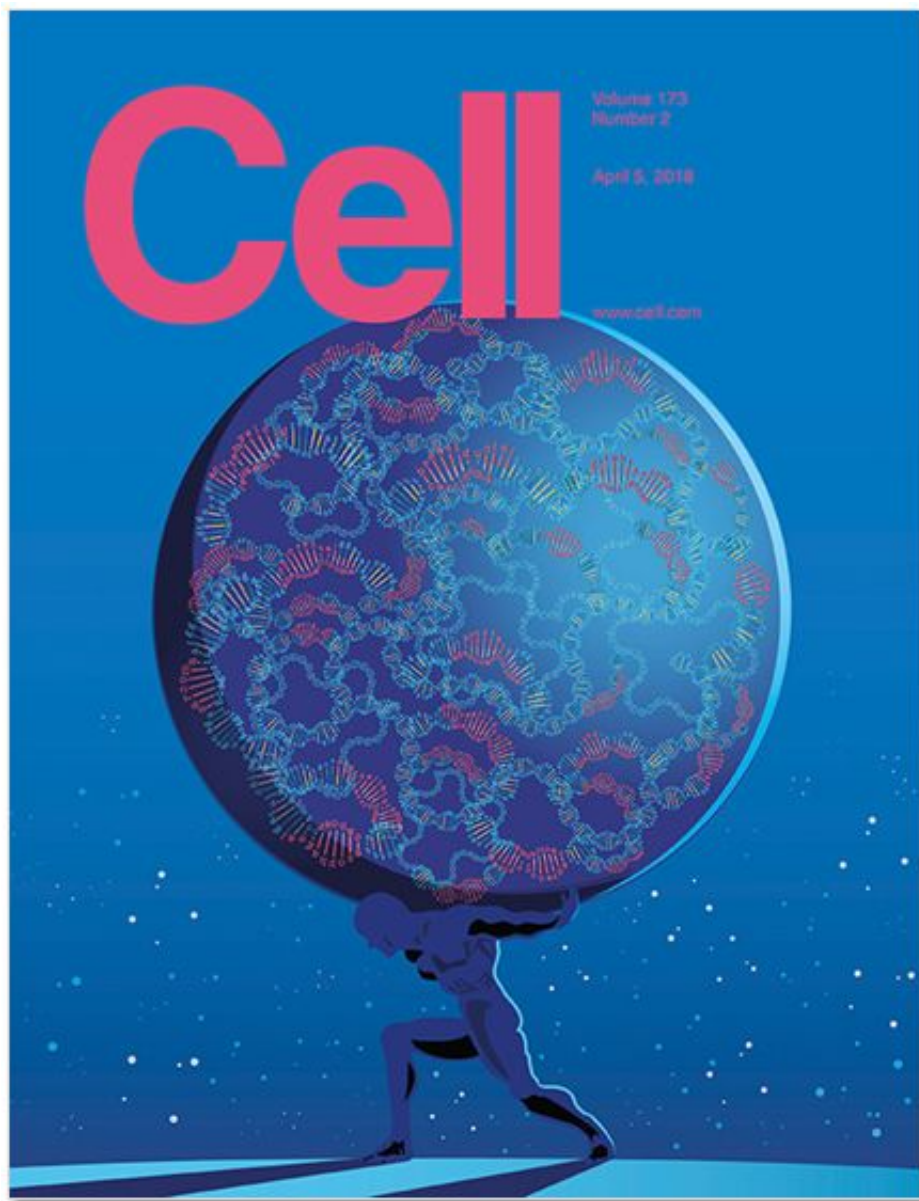
▲ TCGA的各项关键数据(图片来自CellPress)

因为，虽然获得了海量的数据(超过2.5PB，约为250万GB的数据，若是把数据放到DVD上面，得超过20万张DVD碟片)，然而，如何分析这些数据，如何通过这些数据来发现各种不同的常见癌症的命脉，仍然是一个巨大的挑战。

因此，一个叫做“泛癌症图谱(Pan-Cancer Atlas)”的计划跃然纸上，其目标是整合出不同肿瘤的

TCGA数据，然后对这些数据进行分析和解释，而如今，一大批重大成果已经完成，这些成果一共包括27篇文章，均发表在著名学术出版机构CellPress旗下的各种著名刊物比如《Cell》、《Cancer Cell》等上面。

4月5日，国际顶级学术期刊《Cell》在最新一期中，采用封面形式，发表了包括评论和社论在内的超过8篇文章聚焦了人类的一项伟大成就：人类癌症基因组图谱(The Cancer Genome Atlas, TCGA)。



▲ 最新一期著名学术期刊《Cell》以封面形式聚焦泛癌症图谱(Pan-Cancer Atlas)

今天必然是整个生物医学领域欢呼的一天!

美国国立卫生研究院院长Francis S. Collins博士说：“这个项目是10多年来突破性工作的结晶!为癌症研究人员提供了前所未有的工具，让他们理解肿瘤在人体内如何诞生、何处诞生、为何诞生，

并能更好地指导临床试验，使更好的疗法成为可能。”

事实上，泛癌图谱的这27篇文章一共分成三个部分，包括：cell-of-origin patterns, oncogenic processes以及oncogenic pathways这伞个部分，其中，每个部分由一篇重磅Cell文章领衔。

不但如此，CellPress还精心制作了一个网站：<http://www.cell.com/pb-assets/consortium/pancanceratlases/pancani3/index.html>(需复制登录)来将泛癌症图谱的这27篇文章分门别类介绍。



▲ 泛癌症图谱(Pan-Cancer Atlas)的重磅文章收录网站(图片来自CellPress)

我们这里来简单看看发表在最新一期《Cell》上面的关于泛癌症图谱相关的超过8篇重磅文章：

1. Charting%20a%20Course%20to%20a%20Cure 这一篇是《Cell》的社论，由其副主编Robert%20K ruger博士撰写，高度赞扬了TCGA癌症图谱计划取得的伟大成就，并隆重介绍泛癌症图谱(Pan-Cancer%20Atlas)，他在评论中针对泛癌症图谱计划写道：“这项工作就像是人类癌症研究的谷歌地球(Google%20Earth，一个由谷歌公司开发的强大的卫星地图软件)!”

2. The Cancer Genome Atlas: Creating Lasting Value beyond Its Data

这是一篇简短的评论文章，介绍了TCGA计划以及泛癌症图谱的情况，由NIH的Carolyn Hutter博士和Jean Claude Zenklusen博士撰写。

The Cancer Genome Atlas: Creating Lasting Value beyond Its Data

Carolyn Hutter* and Jean Claude Zenklusen*

National Human Genome Research Institute (CH) and National Cancer Institute (JCZ), National Institutes of Health, Bethesda, MD, USA

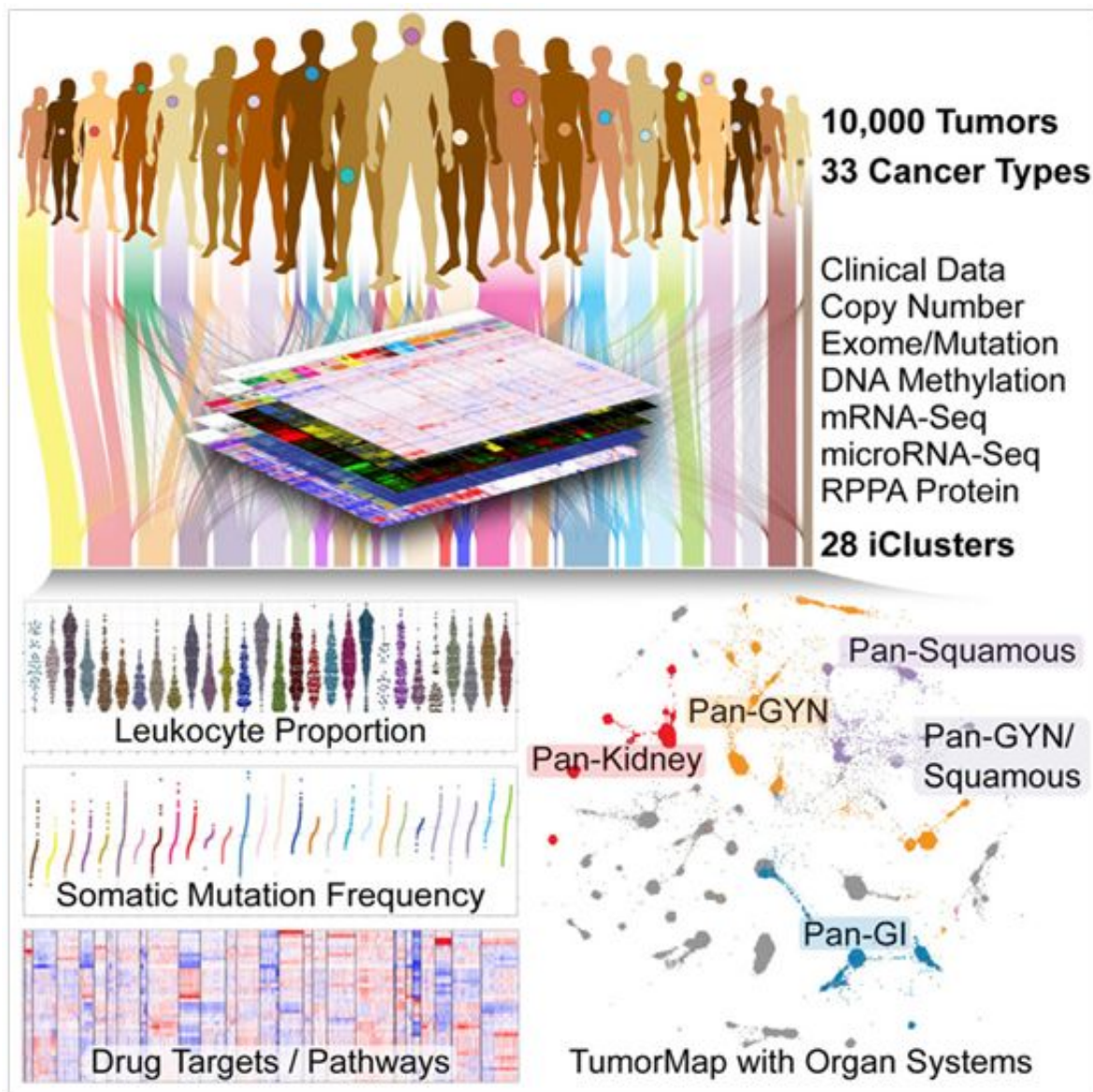
*Correspondence: carolyn.hutter@nih.gov (C.H.), zenklusj@mail.nih.gov (J.C.Z.)

<https://doi.org/10.1016/j.cell.2018.03.042>

The Cancer Genome Atlas (TCGA) team now presents the Pan-Cancer Atlas, investigating different aspects of cancer biology by analyzing the data generated during the 10+ years of the TCGA project.

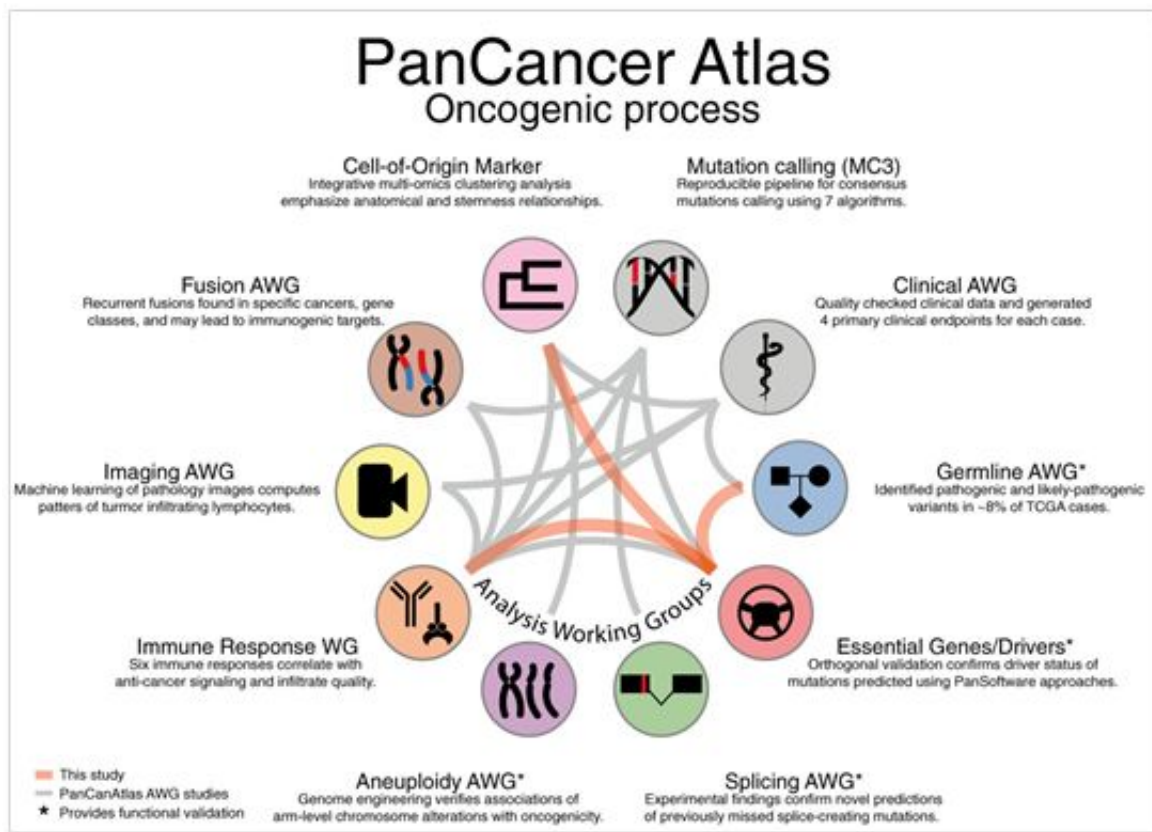
3. Cell-of-Origin Patterns Dominate the Molecular Classification of 10,000 Tumors from 33 Types of Cancer

这篇文章整合分析了TCGA数据库中33种癌症类型，超过10000例肿瘤的数据，在分子层面来分析不同类型肿瘤的异同，为寻找新的药物靶点提供了有用的信息。该文由北卡大学的Katherine A. Hoadley和Van Andel研究所的Peter W. Laird领衔。



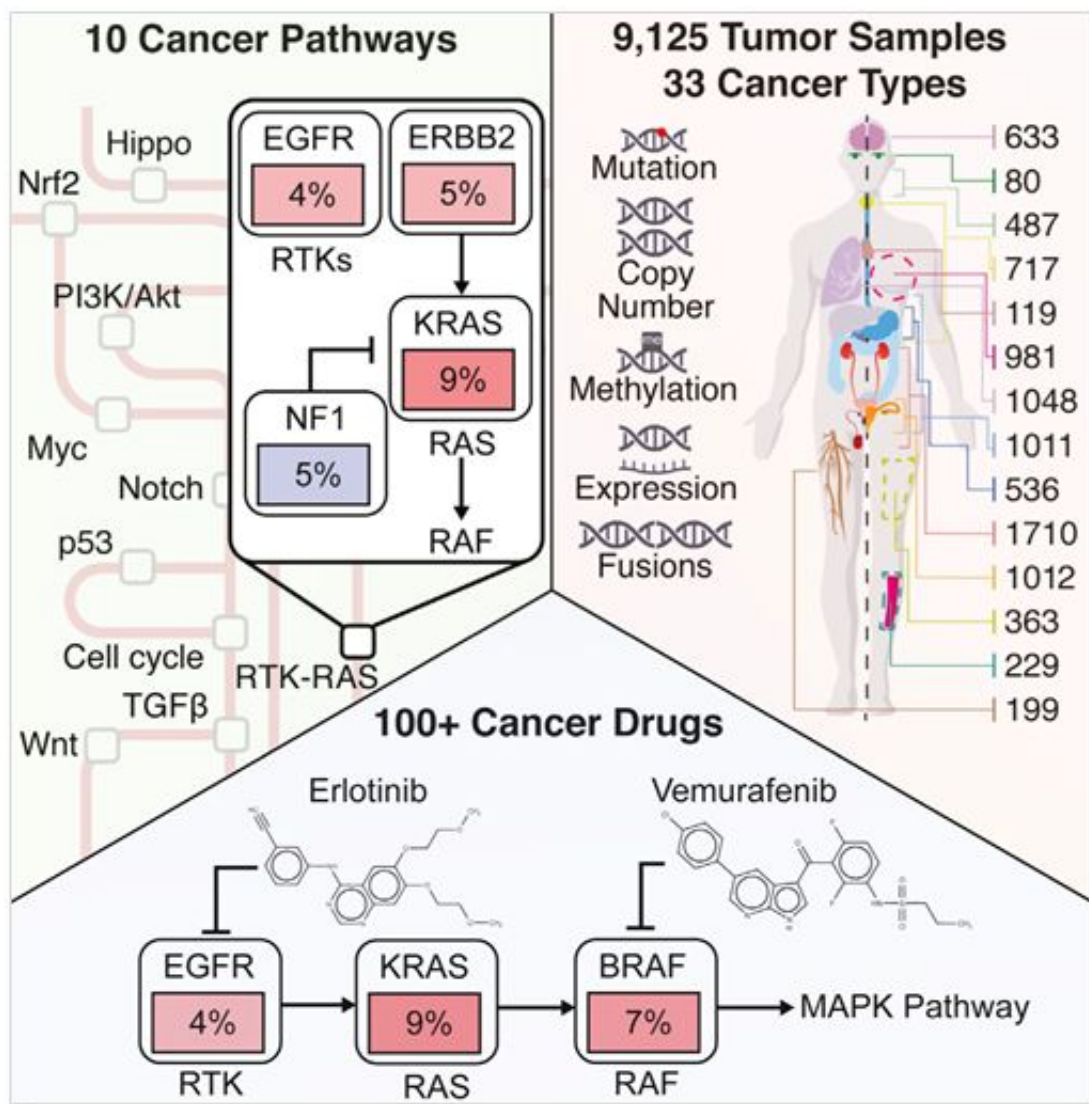
4. Perspective on Oncogenic Processes at the End of the Beginning of Cancer Genomics

这篇文章也是27篇文章中的旗舰文章之一，由华盛顿大学Ding Li教授、哈佛大学David A. Wheeler教授以及Broad研究所的Gad Getz教授领衔撰写，作者估计有数百位。该文章主要介绍了研究者们通过TCGA整合分析发现的调控肿瘤发生的分子过程。



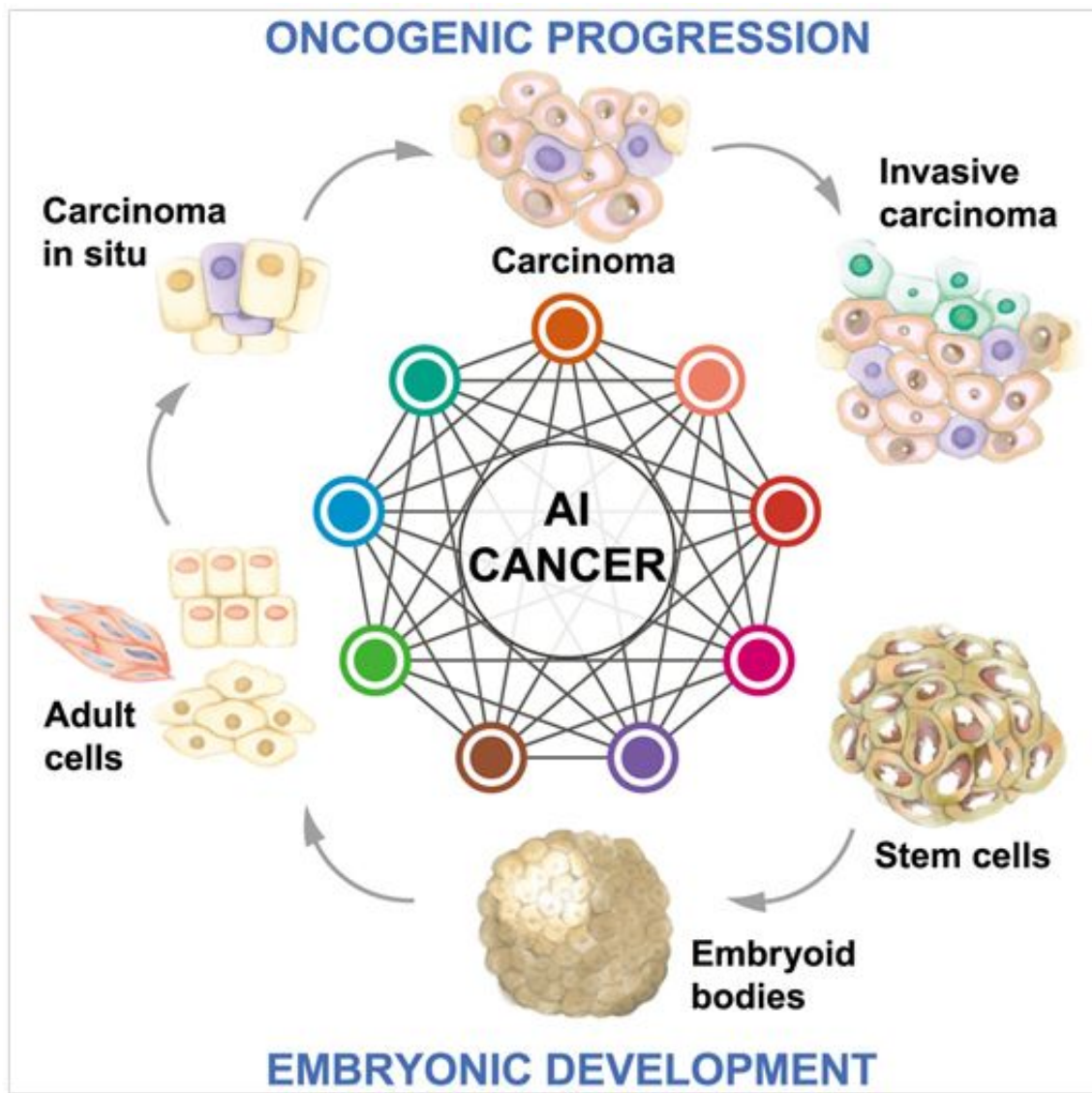
5. Oncogenic Signaling Pathways in The Cancer Genome Atlas

这篇文章主要整合了TCGA数据，分析了9000多例肿瘤样品的10条信号通路的海量数据，找到了一些代表性的信号通路，为进一步肿瘤治疗的药物开发提供了思路。



6. Machine Learning Identifies Stemness Features Associated with Oncogenic Dedifferentiation

该文利用人工智能深度挖掘TCGA数据库中表观遗传数据，寻找到肿瘤的干细胞相关特征，为药物开发和新的治疗方法提供新的见解。



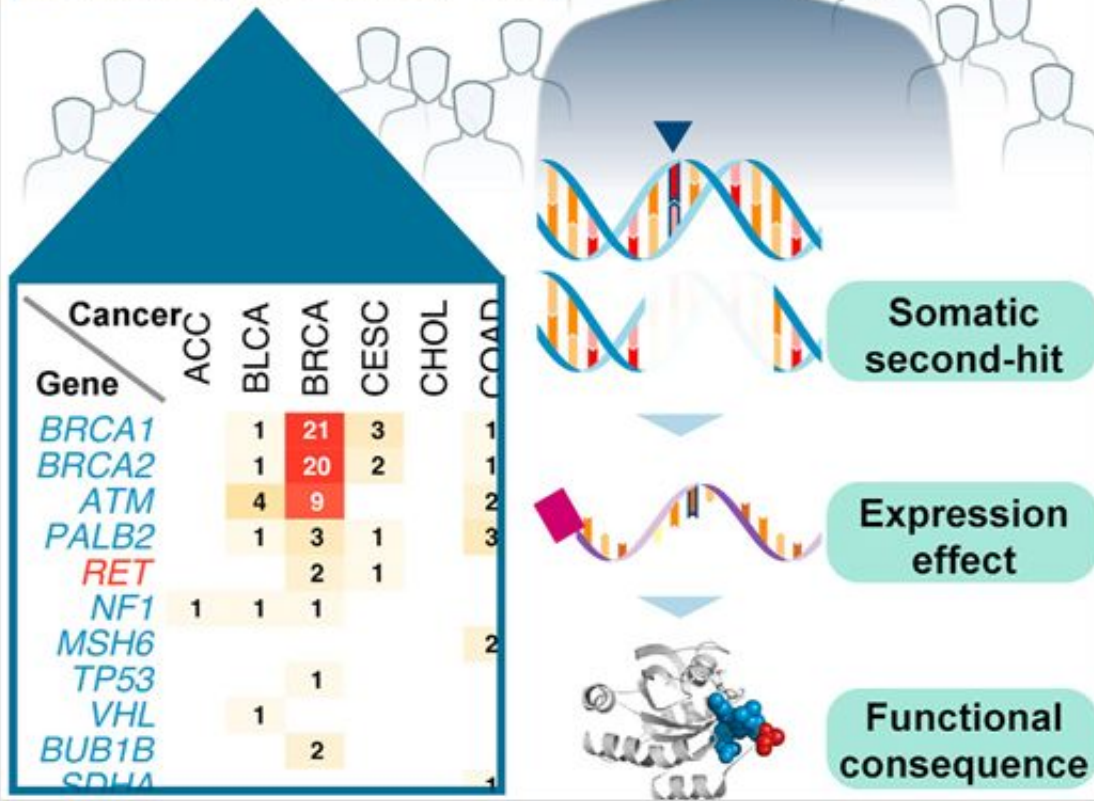
7.Pathogenic Germline Variants in 10,389 Adult Cancers

该文利用TCGA数据库整合分析了33种不同类型肿瘤的10389例样品的数据，发现了几百个germline变异。

Genetic predisposition in cancer

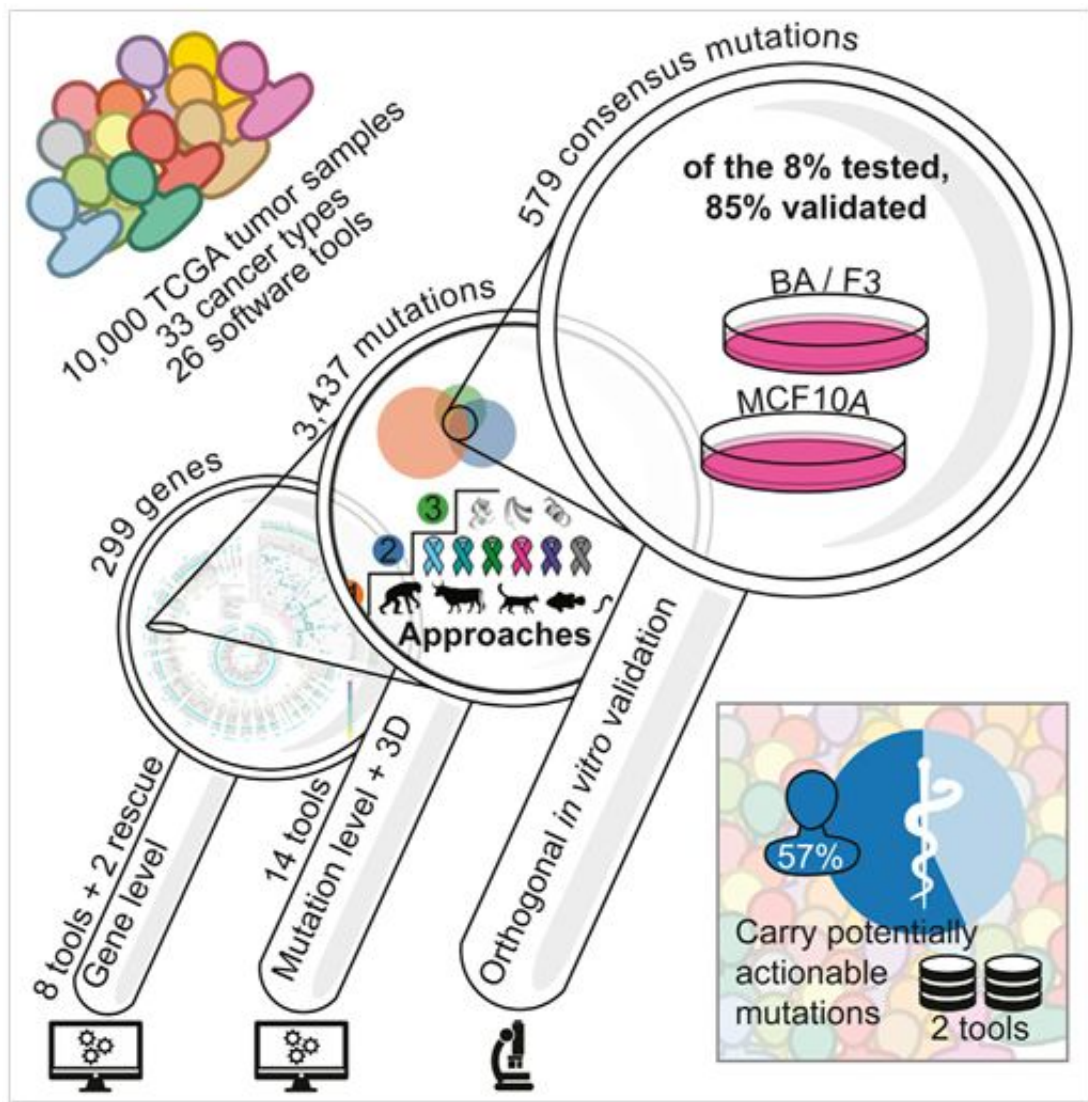
- 10,389 cases in 33 cancer types
- 1.46bn germline variant calls
- 871 predisposition variants (truncation, missense, CNV)

8% carriers



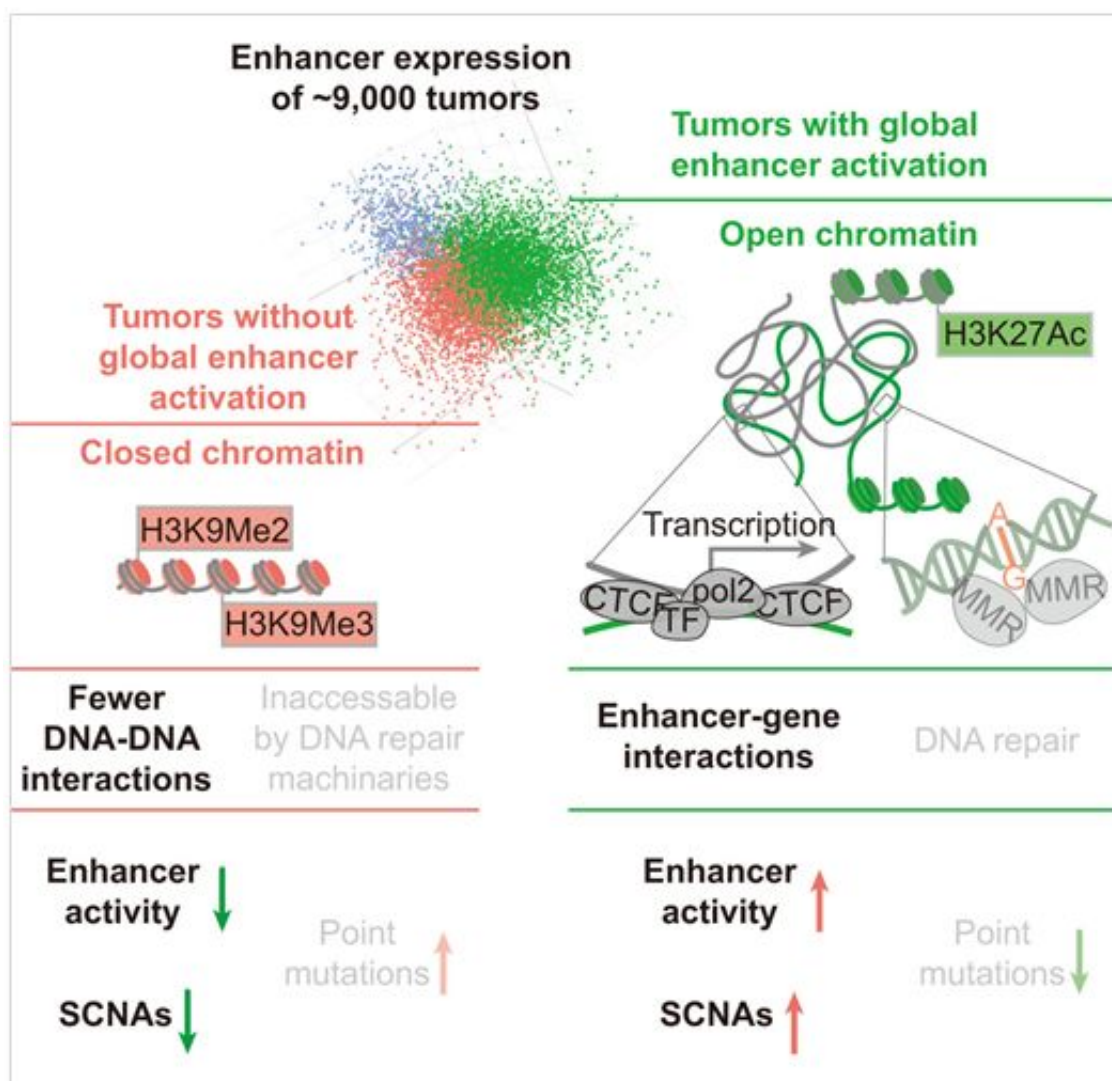
8. Comprehensive Characterization of Cancer Driver Genes and Mutations

这篇文章深入综合分析了来自于TCGA数据库的超过9000例肿瘤样品数据，鉴定了肿瘤驱动基因的突变。



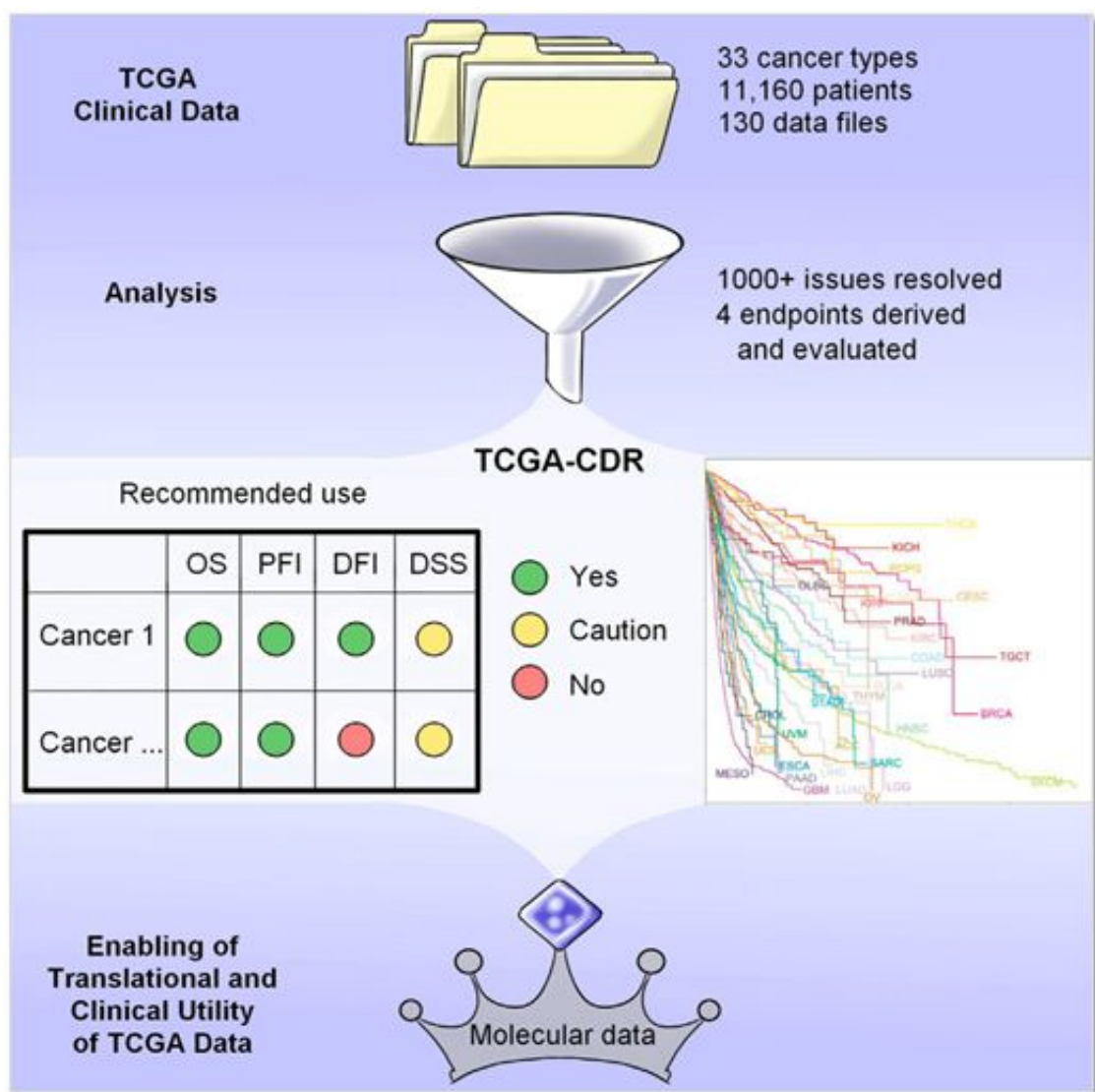
9.A Pan-Cancer Analysis of Enhancer Expression in Nearly 9000 Patient Samples

这篇文章整合分析了33种不同类型肿瘤的超过9000例样品的加强子(enhancer)情况。



10. An Integrated TCGA Pan-Cancer Clinical Data Resource to Drive High-Quality Survival Outcome Analytics

这篇文章从33种不同类型的肿瘤总共包括11160名患者整合分析产生了临床病理资料。



到这里已经罗列完今天发表在《Cell》上面的关于TCGA的文章了，其他剩余的文章可以在上面提到的网站中进一步查看。

毫无疑问，这个项目将造福于癌症研究与癌症新药的开发。

“ 这些最新的成果有望让医药公司开发全新的癌症免疫疗法，或是让已经获批、治疗其他疾病的药物用于癌症的治疗。 ” 加州大学旧金山分校(UCSF)的癌症与发育疗法项目主任 Christopher Benz教授评论道。

“ 是时候重写癌症的教科书了! ” Benz教授兴奋地说道。

更多 科研头条 请访问 <https://www.iikx.com/news/topnews/>

本文版权归作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://iikx.com)转发