
全球最大规模结直肠癌多组学研究成果发布

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/28757.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！

全球最大规模结直肠癌多组学研究成果发布

。结直肠癌被称为“沉默杀手”，全球每年结直肠癌新增病例约190万例，发病率居所有癌症第三位。更可怕的是，约20%的患者在确诊时已发生转移，其死亡率更是高居各类癌症第二位。

面对这一严重威胁人类生命健康的重大疾病，科学界近期传来好消息——8月7日，中国科学院杭州医学研究所组学与智慧医疗中心联合瑞典乌普萨拉大学、华大生命科学研究院、华大基因智慧医学研究院，共同在《自然》杂志上发表研究论文，公布了全球首个大规模结直肠癌多组学的研究结果，并结合临床信息系统总结了与临床结果和疾病进展密切相关的分子特征。

“这是目前全球最大的结直肠癌多组学研究。”论文通讯作者、中国科学院杭州医学研究所—华大生命组学中心研究员吴逵表示，该研究对1063例结直肠癌样本进行了全基因组及转录组测序分析，发现了一系列与癌症不同阶段相关的基因，并识别了结直肠癌关键预后因子，为结直肠癌的预防、治疗及预后都提供了数据基础。

这些结果提示，整合基因组和转录组数据的分子分型能得到更精细准确的患者预后分层，而这将优化临床肿瘤分型，指导结直肠癌精准治疗具有重要意义——新构建的表达谱精细分型将在未来指导结直肠癌个性化诊疗中发挥重要作用。

“ U-CAN大规模的临床患者队列与测序及数据分析能力相结合，对于本项目的成功至关重要。”文章通讯作者、乌普萨拉大学教授托比亚斯·谢尔布洛姆表示，这项研究实现了迄今为止最大规模的结直肠癌基因组和转录组的综合分析，并将分子层面的发现与高质量的临床数据相结合，从而识别关键预后因子，“这使这项研究有别于其他绝大多数癌症基因组学的研究”。

据了解，研究团队基于深度学习算法ResNet50开发的CRPS分型工具已经在github开源，为结直肠癌后续的研究和治疗提供更加精准的分子分型，为预后评估和深入理解疾病机制提供了重要信息和方法。

相关论文信息：

<https://www.nature.com/articles/s41586-024-07769-3>

作者：赵广立,吴逵 来源：中国科学报

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