
研究提出可用于癌症驱动基因识别的图机器学习模型

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/31287.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！

研究提出可用于癌症驱动基因识别的图机器学习模型。

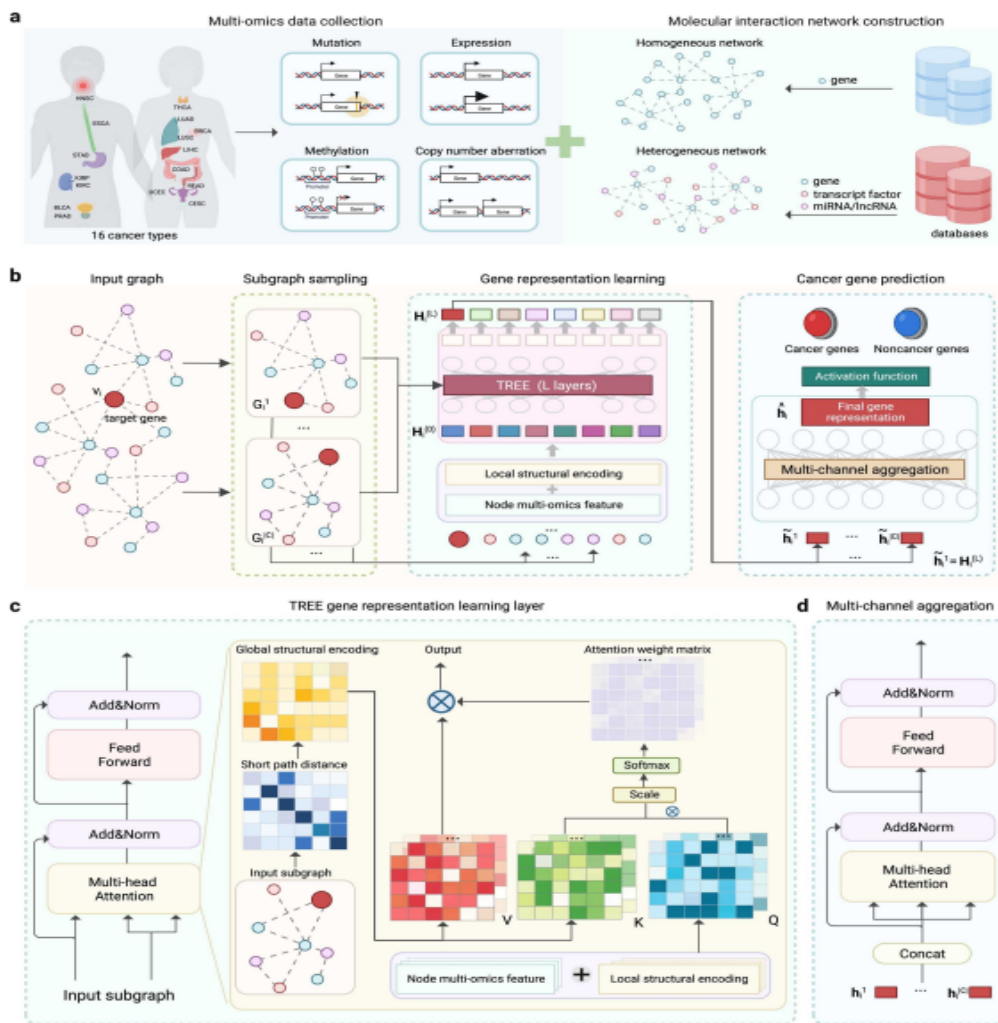
当前，全球癌症患者数量呈逐年上升趋势。癌症驱动基因识别在探讨癌症的发生机制中扮演着重要角色，能够为个性化精准治疗提供策略。而现有方法在泛化性和可解释性方面面临挑战。

中国科学院新疆理化技术研究所科研团队与合作者，提出了可用于癌症驱动基因识别的图机器学习模型。这一模型融合人工智能与生物医学的优势，具备可靠的预测性能，兼具泛化性和可解释性。该模型通过整合基因等生物分子的多组学数据以及同构/异构生物网络的结构信息，提高了癌症驱动基因预测的精确度，能够更准确地识别出与癌症发生发展密切相关的基因，为个性化治疗方案提供科学依据。同时，癌症驱动基因识别效率得到提升，利于癌症早期诊断和治疗策略制定。该模型通过解析多组学数据和网络结构中的高阶关联，增强了可解释性，为进一步探讨癌症的致病机制提供了线索，使得研究人员能够剖析癌症基因相关的调控机制，进而发现潜在的癌症驱动基因。

该模型通过构建精准的癌症基因调控图谱，有望为个性化医疗和精准药物研发开辟新途径。同时，该模型在整合多组学数据和复杂网络分析方面的优势，使其具备跨疾病和跨领域应用的潜力。

相关研究成果发表在《自然-生物医学工程》（Nature Biomedical Engineering）上。研究工作得到国家自然科学基金和中国科学院相关项目的支持。

[论文链接](#)



模型框架图

研究团队单位：新疆理化技术研究所

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](https://www.iikx.com)转发