

---

# 研究开发蛋白质迁移学习方法助力膀胱癌诊断

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/35535.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！**

膀胱镜被视为诊断膀胱癌的“金标准”，但其侵入性使众多患者望而却步。临床上，超过一半患者确诊已属晚期。如何用简便、无创、准确的方法，尽早“筛”查高风险人群，成为研究重点。

血液与尿液相比于膀胱镜，具有获取便捷、依从性高、无创等优势，是最普遍的诊断样本来源之一。近日，中国科学院杭州医学研究所科研团队，将纳米蛋白组学技术从血液拓展到尿液，较传统尿蛋白沉淀法，提升55.5%的蛋白质组覆盖深度且稳定性更好。

传统尿液蛋白质组研究方法，存在异质性强、复杂度高、覆盖深度有限等问题，传统机器学习方法也难以有效、高质量整合多源数据，因此亟待开发新方法来提升诊断准确性。

团队利用纳米颗粒，“捕获”体液中低丰度蛋白，依托血清蛋白冠和尿液蛋白冠，构建出两个分别含有956种血清蛋白和4730种尿液蛋白的配对蛋白质组数据库。

同时，在自主研发的蛋白质组迁移学习算法（ProteoTransNet）助力下，尿液与血清两类蛋白质组之间实现膀胱癌相关蛋白信息迁移。

依托两个数据库共有蛋白，构建可比表征空间，以源域（血清或尿液蛋白质组）预训练模型，再将其迁移至目标域（尿液或血清蛋白质组）。进而，通过高斯混合模型筛选高可信样本，并通过类别原型对齐与迭代，逐步缩小尿液数据和血清数据间分布差异。

这一策略在统一判别边界内，将尿液的“敏感性”与血清的“稳定性”互补叠加，提升了膀胱癌尿液样本诊断的准确性和鲁棒性。

ProteoTransNet整合数据后，膀胱癌诊断AUC（指roc受试者工作特征的曲线下面积）达0.996，分期分类AUC为0.914，优于传统方法。

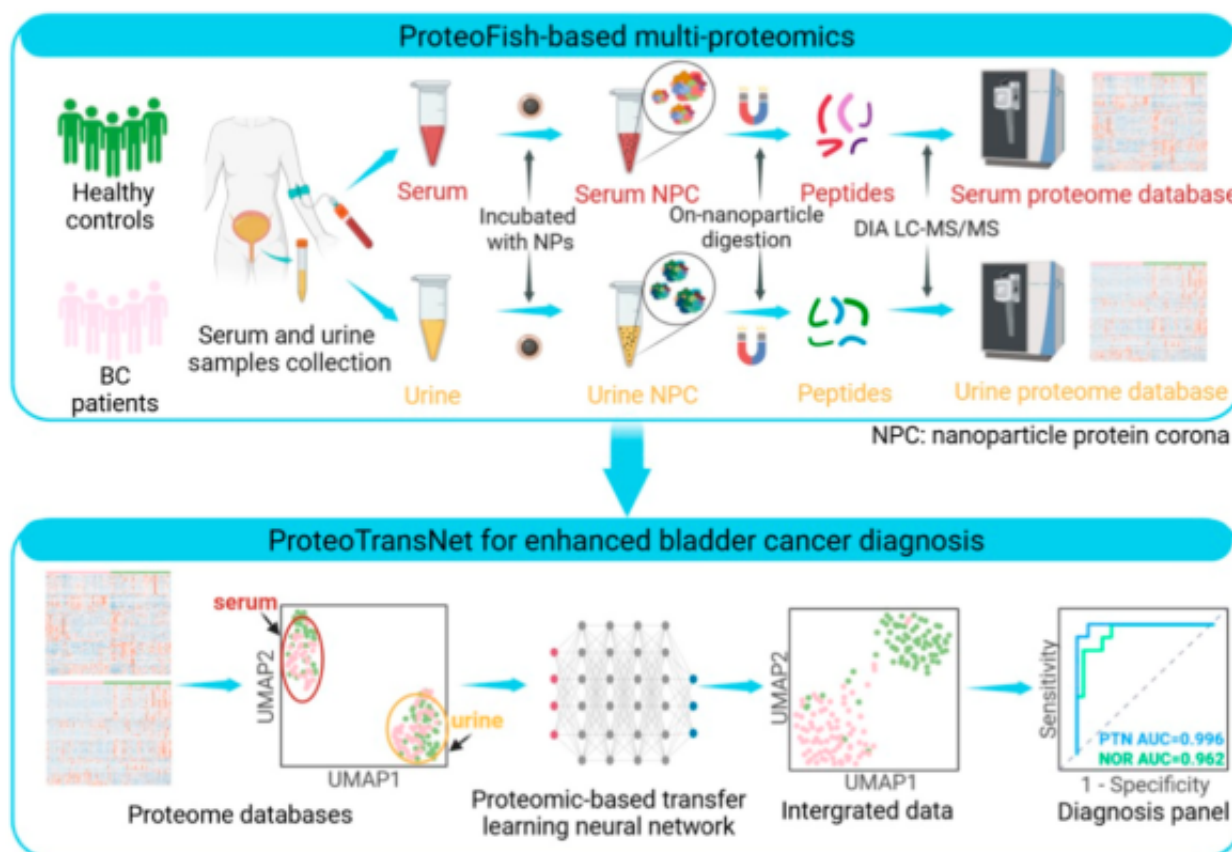
该技术避免了传统膀胱镜侵入性痛苦，通过技术创新与方法突破，构建出膀胱癌诊断新体系。纳米蛋白组学技术解决了血液与尿液蛋白质组深度不足问题，ProteoTransNet模型实现了血清与尿液数据的高效整合，有望实现仅凭一次抽血，一次留尿就可以对膀胱癌早期患者进行高效准确的诊断与筛查。

未来，有望扩大临床样本量，克服配对血清和尿液样本收集难度大、数量有限等问题，进一步验证模型普适性与可靠性；可整合组织蛋白质组等更多维度数据，结合膀胱癌病理机制，挖掘更全面的疾病相关生物标志物，提升诊断与预后评估精准度。

同时，ProteoTransNet有望推广至基因组、转录组等其他组学数据整合，也可应用于其他癌症类型，探索其在多癌种诊断、治疗方案制定和疗效监测方面的潜力，为精准医学领域提供更高效的多组学整合工具与研究思路。

相关研究成果发表在ACS Nano上。

[论文链接](#)



研究开发蛋白质迁移学习方法助力膀胱癌诊断

研究团队单位：杭州医学研究所

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](#)转发