



面向世界科技前沿, 面向国家重大需求, 面向国民经济主战场, 率先实现科学技术跨越发展,
率先建成国家创新人才高地, 率先建成国家高水平科技智库, 率先建设国际一流科研机构。

——中国科学院办院方针



官方微博



官方微信

首页 组织机构 科学研究 人才教育 学部与院士 资源条件 科学普及 党建与创新文化 信息公开 专题

搜索

首页 > 科研进展

昆明动物所开发出适用于高通量异质性数据算法 并成功揭示泛肿瘤存在基因表达紊乱共有模式

文章来源: 昆明动物研究所 发布时间: 2017-08-07 【字号: 小 中 大】

我要分享

挖掘肿瘤数据有助于识别和总结肿瘤发生、发展过程的分子变化规律。然而, 肿瘤组织高度异质性、批次效应等因素是肿瘤数据分析的重要难题, 而目前常用的转录组数据分析方法对于肿瘤离群值极度敏感, 容易产生假阴性结果。针对此, 中国科学院昆明动物研究所科研人员开发了一种新的不依赖均一化、非参的高维大数据分析算法(Cross-Value Association Analysis, CVAA)。基于对同一批转录组数据(1037个乳腺肿瘤和110个正常组织)的分析结果揭示: 与T-Test、edgeR及DESeq等常用算法相比, CVAA在处理异质性数据时能明显地减少异常样本的影响和假阴性结果。

进一步将CVAA应用于TCGA数据库的5540个肿瘤(13种实体瘤)及正常组织的RNA-Seq转录组数据, 研究人员成功鉴定到大量肿瘤显著差异表达基因, 且不同肿瘤之间存在很多相似的基因转录紊乱模式。进而, 针对甄别得到的新的肿瘤相关基因和生物学途径, 如酒精代谢途径(ADH1B基因)、补体途径(Adipsin)等, 研究人员筛选了10个未被报道的基因进行了体内外功能验证研究, 结果发现其表达量变化均能显著抑制肿瘤细胞的增殖和/或迁移, 且部分基因(ADH1B和NCAPH)表达量改变显著影响病人生存率和体外移植瘤的生长。因此, 该项工作不但成功鉴定出大量新的肿瘤相关基因和通路, 为深入理解肿瘤发生发展提供研究靶标, 同时也表明CVAA算法在大批量、异质性数据分析中具有重要的应用价值。

该研究成果于近期发表在国际期刊*Theranostics*上, 昆明动物所助理研究员李其刚、副研究员何永捍、博士生吴煊和副研究员杨翠萍为共同第一作者, 研究员孔庆鹏和陈勇彬为共同通讯作者。该项目得到中科院、国家自然科学基金、云南应用基础研究和中科院青年创新促进会等的项目的支持。

文章链接

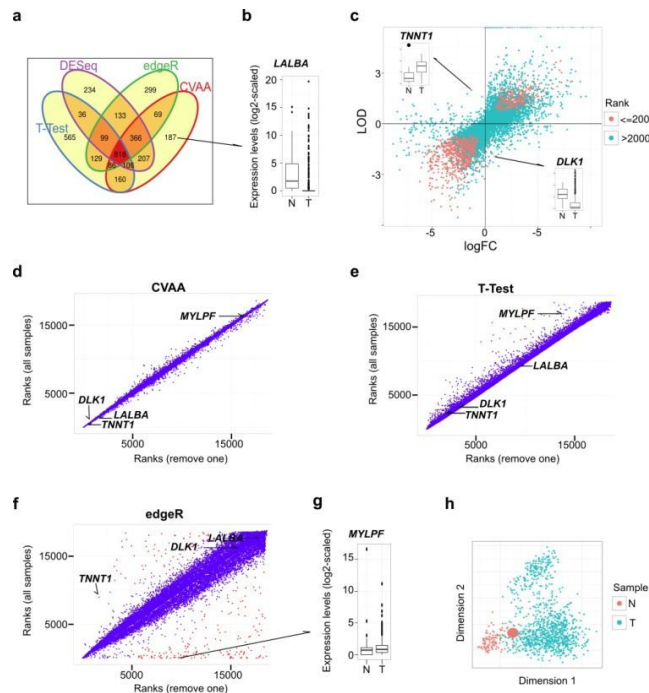


图1 CVAA与常用算法的比较

热点新闻

2018年诺贝尔生理学或医学奖、...

“时代楷模”天眼巨匠南仁东事迹展暨塑...
中科院A类先导专项“泛第三极环境变化与...
中国科大建校60周年纪念大会举行
中科院召开党建工作推进会
中科院党组学习贯彻习近平总书记在全国...

视频推荐



【新闻联播】“率先行动”
计划 领跑科技体制改革



【新闻直播间】物种演化新
发现 软舌螺与腕足动物有
亲缘关系

专题推荐



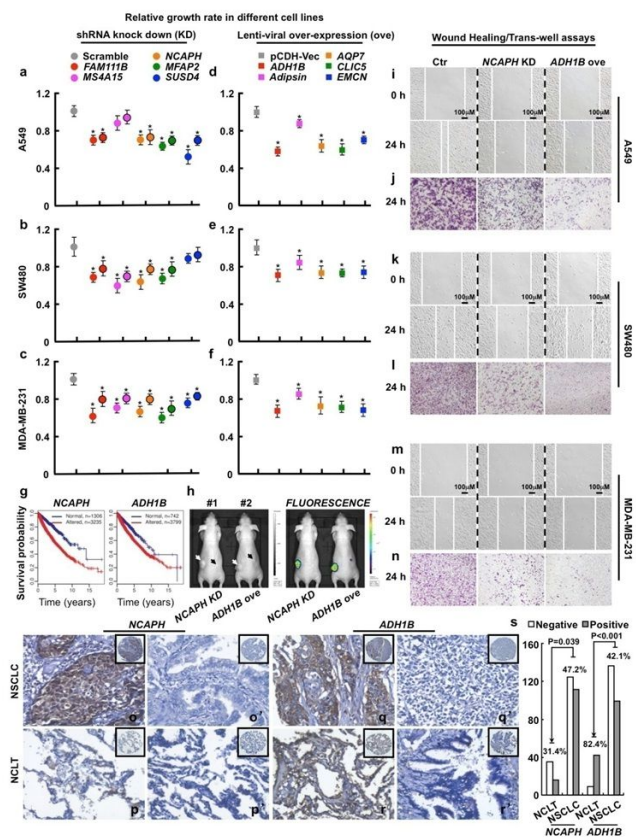


图2 体内外实验结果

(责任编辑: 叶瑞优)



© 1996 - 2018 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号 京公网安备110402500047号 联系我们
地址: 北京市三里河路52号 邮编: 100864