



科学家开发前列腺癌精准预测与评估模型

日期: 2021年10月15日 15:32 来源: 科技部生物中心 【字号: 大 中 小】

近日, 美国丹娜法伯癌症研究院、麻省理工学院和哈佛大学的研究团队利用前列腺癌患者的多组学数据, 开发了一款可用于前列腺癌预测与评估的机器学习分析模型P - NET (Pathway-aware multi-layered hierarchical network)。该研究在《Nature》上发表, 题为: Biologically informed deep neural network for prostate cancer discovery。

前列腺癌是男性高发恶性肿瘤之一, 探索其侵袭转移的分子机制、评估患者预后是前列腺癌防治研究中的重要方向。该研究团队基于1013例前列腺癌患者数据, 通过分析基因突变、基因拷贝数、基因融合等信息, 构建了基于生物信息学的深度学习模型。利用该模型可对前列腺癌患者进行危险分层, 评估靶向治疗相关分子驱动因素状况, 以及预测癌症状态等, 相关性能明显优于其它模型。

注: 此研究成果摘自《Nature》, 文章内容不代表本网站观点和立场。

论文链接: <https://www.nature.com/articles/s41586-021-03922-4>

扫一扫在手机打开当前页



打印本页

关闭窗口



版权所有: 中华人民共和国科学技术部

办公地址: 北京市西城区文兴东街1号国谊宾馆(过渡期办公) | 联系我们

邮政地址: 北京市海淀区复兴路乙15号 | 邮政编码: 100862

ICP备案序号: 京ICP备05022684 | 网站标识码: bm06000001 | 建议使用IE9.0以上浏览器或兼容浏览器