浙江省科学技术奖公示信息表（单位提名）

提名奖项：自然科学奖

|  |  |
| --- | --- |
| 成果名称 | 前沿生物信息学驱动的肿瘤机制研究 |
| 提名等级 | 二等奖 |
| 提名书相关内容 | 代表性论文专著目录:1. Zhou, L., Qiu, Q., Zhou, Q., Li, J., Yu, M., Li, K., Xu, L., Ke, X., Xu, H., Lu, B., Wang, H., Lu, W., Liu, P., & Lu, Y. (2022). Long-read sequencing unveils high-resolution HPV integration and its oncogenic progression in cervical cancer. Nature Communication, 13(1), 2563.
2. Qian, X., Yang, J., Qiu, Q., Li, X., Jiang, C., Li, J., Dong, L., Ying, K., Lu, B., Chen, E., Liu, P., & Lu, Y. (2021). LCAT3, a novel m6A-regulated long non-coding RNA, plays an oncogenic role in lung cancer via binding with FUBP1 to activate c-MYC. Journal of Hematology & Oncology, 14(1), 112.

3. Zhang, L., Zhou, Q., Qiu, Q., Hou, L., Wu, M., Li, J., Li, X., Lu, B., Cheng, X., Liu, P., Lu, W., & Lu, Y. (2019). CircPLEKHM3 acts as a tumor suppressor through regulation of the miR-9/BRCA1/DNAJB6/KLF4/AKT1 axis in ovarian cancer. Molecular cancer, 18(1), 144.4. Wu, M., Qiu, Q., Zhou, Q., Li, J., Yang, J., Zheng, C., Luo, A., Li, X., Zhang, H., Cheng, X., Lu, W., Liu, P., Lu, B., & Lu, Y. (2022). circFBXO7/miR-96-5p/MTSS1 axis is an important regulator in the Wnt signaling pathway in ovarian cancer. Molecular cancer, 21(1), 137.5. Han, Y., Yang, J., Qian, X., Cheng, W. C., Liu, S. H., Hua, X., Zhou, L., Yang, Y., Wu, Q., Liu, P., & Lu, Y. (2019). DriverML: a machine learning algorithm for identifying driver genes in cancer sequencing studies. Nucleic acids research, 47(8), e45.6. Zheng, M., Hou, L., Ma, Y., Zhou, L., Wang, F., Cheng, B., Wang, W., Lu, B., Liu, P., Lu, W., & Lu, Y. (2019). Exosomal let-7d-3p and miR-30d-5p as diagnostic biomarkers for non-invasive screening of cervical cancer and its precursors. Molecular cancer, 18(1), 76.7. Zhou, L., Wang, W., Wang, F., Yang, S., Hu, J., Lu, B., Pan, Z., Ma, Y., Zheng, M., Zhou, L., Lei, S., Song, P., Liu, P., Lu, W., & Lu, Y. (2021). Plasma-derived exosomal miR-15a-5p as a promising diagnostic biomarker for early detection of endometrial carcinoma. Molecular cancer, 20(1), 57.8. Sun, X., Yi, J., Yang, J., Han, Y., Qian, X., Liu, Y., Li, J., Lu, B., Zhang, J., Pan, X., Liu, Y., Liang, M., Chen, E., Liu, P., & Lu, Y. (2021). An integrated epigenomic-transcriptomic landscape of lung cancer reveals novel methylation driver genes of diagnostic and therapeutic relevance. Theranostics, 11(11), 5346–5364.主要知识产权和标准规范目录：1. 授权发明专利：基于机器学习和多种统计学原理的癌症驱动基因鉴定方法，中国，ZL 201711496093.1，2020-04-10，第3748520号，浙江大学，刘鹏渊、韩毅、陆燕、周莉媛。2. 授权发明专利：通过计算机程序模拟产生简化DNA甲基化测序数据的方法，中国，ZL 201710576797.3，2020-01-24，第3675935号，浙江大学，陆燕、孙喜伟、刘鹏渊、周莉媛。3. 授权发明专利：一种血浆外泌体miRNA生物标记物及其应用，中国，ZL 202011596715.X，2022-07-05，第5279282号，浙江大学医学院附属妇产科医院，陆燕、刘鹏渊、吕卫国、周兰韵。4. 授权发明专利：一种基于样本变化稳定性特征构建的卵巢癌生存预测系统, 中国，ZL202210657074.7,2022-06-10, 第6169645号，浙江大学，陆燕、户家琪、刘鹏渊、周莉媛。5. 授权发明专利：一组结肠癌DNA甲基化分子标志物及其在制备用于结肠癌早期诊断试剂盒中的应用，中国，ZL202211089666.X，2022-09-07，第6365168号，浙江大学，陆燕、刘鹏渊、刘艺、穆罕默德·阿曼努拉、易佳妮、周莉媛。 |
| 主要完成人 | 1.陆燕，教授，浙江大学医学院附属妇产科医院；2.吕卫国，教授/主任医师，浙江大学医学院附属妇产科医院；3.周莉媛，助理研究员，浙江大学医学院附属邵逸夫医院；4.钱心怡，特聘研究员，浙江大学医学院附属邵逸夫医院；5.李佳，实验技术员，浙江大学医学院附属邵逸夫医院 |
| 主要完成单位 | 1.浙江大学医学院附属妇产科医院2.浙江大学医学院附属邵逸夫医院 |
| 提名单位 | 浙江大学 |
| 提名意见 | 申请人项目组长期致力于肿瘤生物信息学研究，在国家自然科学基金和国家重点研发计划等资助下，经过七年持续攻关，围绕肿瘤多组学大数据的深度解析，系统开展生物信息学算法与工具的原创性研发以及基于大数据的肿瘤标志物鉴定和发生发展机制研究，发展了一系列方法和平台，能高效鉴定病毒与宿主基因组精细整合结构、肿瘤驱动基因突变、tRNA衍生片段和表观遗传修饰等分子层面特征，在分析精度和适用性方面较现有工具有显著提升，为肿瘤大数据研究提供了先进的手段和重要资源，被国内外同行广泛引用。在应用层面，项目组阐明了多种RNA 分子在肿瘤发生发展中的作用机制，揭示其作为潜在靶向治疗新靶点的科学价值；同时系统鉴定了若干分子标志物，在肿瘤早期筛查和临床预后评估中展现出应用潜力，为肿瘤精准诊治和药物研发提供了坚实的理论基础，并为基础研究成果的临床转化探索了可行路径。本项目相关成果已发表SCI论文32篇，其中中科院一区论文12篇；论文总引用次数超过1300 次，被Nature Biotechnology、Nature Reviews Genetics等在内的高水平杂志正面引用；已获授权国家发明专利8项、软件著作权3项。这些原创性工作显示了申请人在国际肿瘤生物信息学领域的学术影响力和领先地位。提名该成果为省自然科学奖二等奖。 |