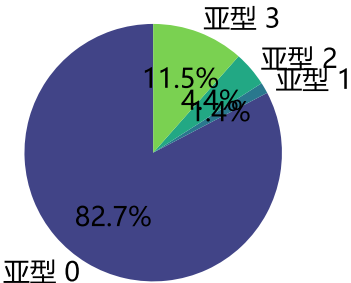


胃癌多组学整合分子分型系统

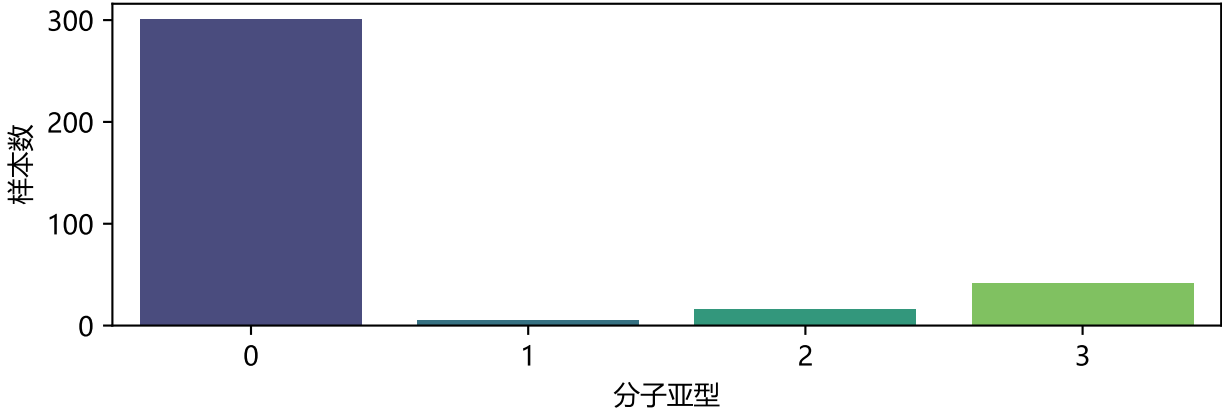
综合研究报告

生成日期: 2025-04-19

胃癌分子亚型分布



各亚型样本数量



分子亚型特征概述

分子亚型 0 特征概述:

- 生存事件: 124.0/301 (41.2%)
- MSI-H比例: 16.6%
- 晚期(III+IV)比例: 53.8%
- 高表达基因: CHRDL2, C7, PLXNA4, FBLN1, CCL19
- 显著甲基化位点: cg06746426, cg14078162, cg17295957, cg00114160, cg14967020
- 特征miRNA: MIMAT0000770, MIMAT0022695, MIMAT0022471, MIMAT0004565, MIMAT0006764
- 显著缺失基因: FHIT, GMD5, U3|ENSG00000212211.1, RBFOX1, FOXP1
- 高频突变基因: FCGBP, RYR3, NBEA, CUBN, PTPRT

分子亚型 1 特征概述:

- 生存事件: 1.0/5 (20.0%)
- MSI-H比例: 40.0%
- 晚期(III+IV)比例: 40.0%
- 高表达基因: KIF1A, TMPRSS3, C3orf67, C9orf152, UNC93A
- 显著甲基化位点: cg07241660, cg17322044, cg02611934, cg08083251, cg01729717
- 特征miRNA: MIMAT0005889, MIMAT0027531, MIMAT0003245, MIMAT0004772, MIMAT0015053
- 显著扩增基因: CYP4F35P, snoU13|ENSG00000238455.1, CHST9, FGF14, LINC00283
- 高频突变基因: NEB, DST, COL12A1, PXDN, NAV3

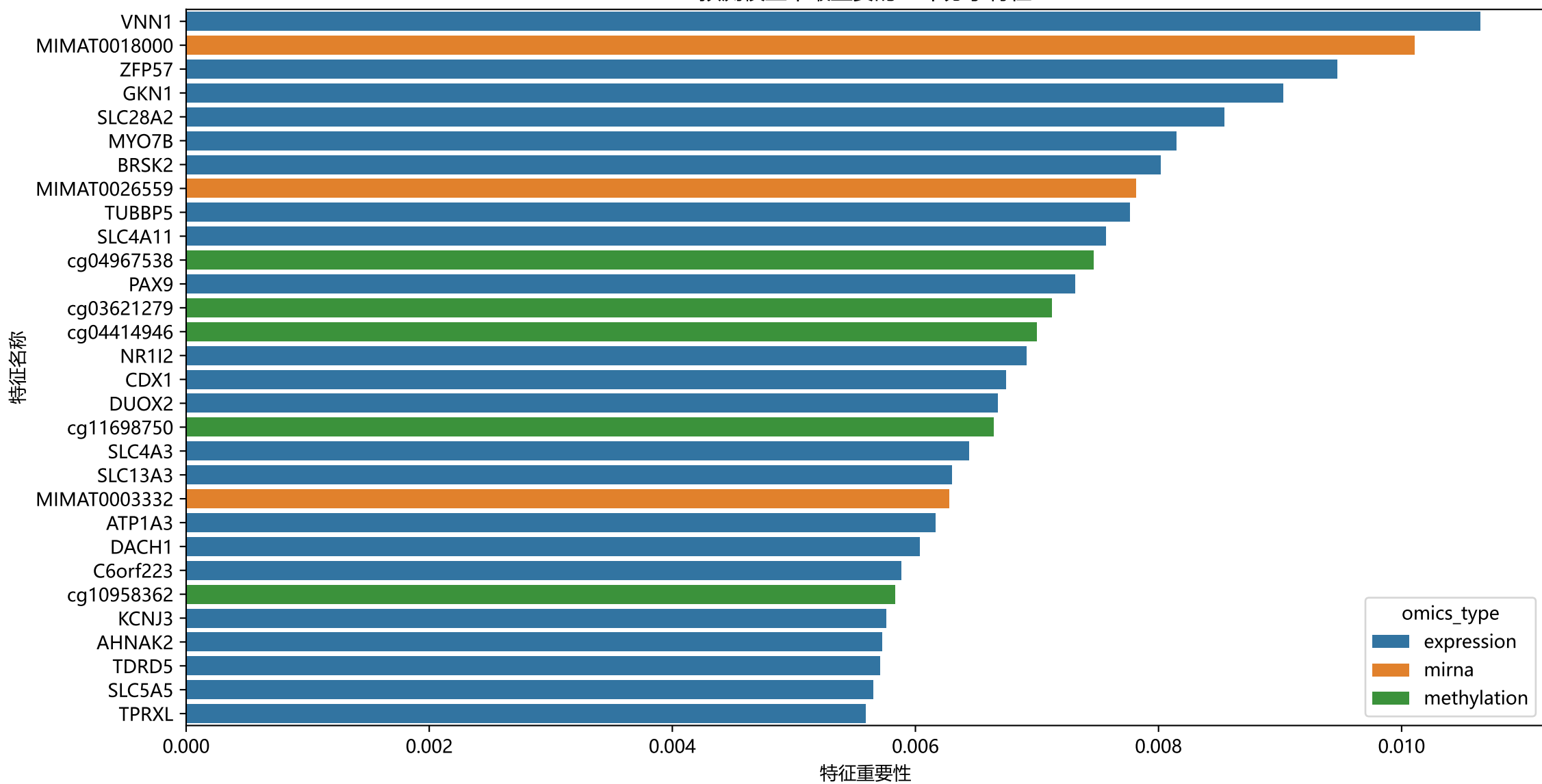
分子亚型 2 特征概述:

- 生存事件: 3.0/16 (18.8%)
- MSI-H比例: 6.2%
- 晚期(III+IV)比例: 31.2%
- 高表达基因: AKR1C1, MTTP, NLRP6, DSG3, CXorf61
- 显著甲基化位点: cg05904135, cg03684807, cg11421768, cg06705265, cg01259329
- 特征miRNA: MIMAT0003235, MIMAT0022698, MIMAT0026623, MIMAT0025460, MIMAT0026482
- 显著扩增基因: DLC1, GSDMB, GATA4, XKR6, ITGAV
- 高频突变基因: DNAH5, CNTNAP5, TTN, TP53, LRRK2

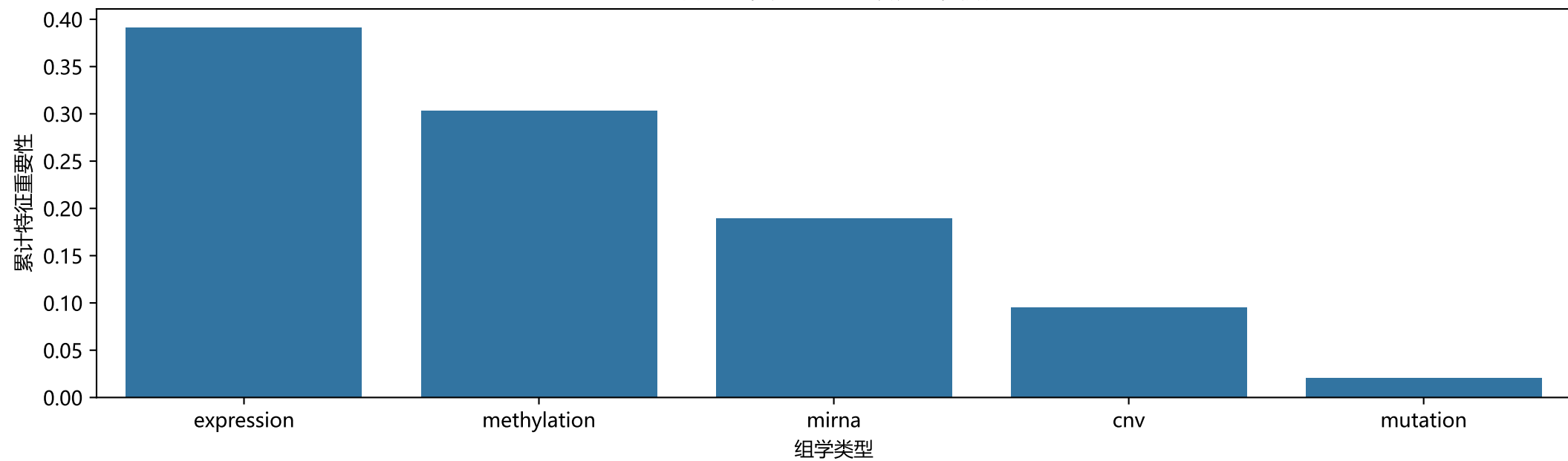
分子亚型 3 特征概述:

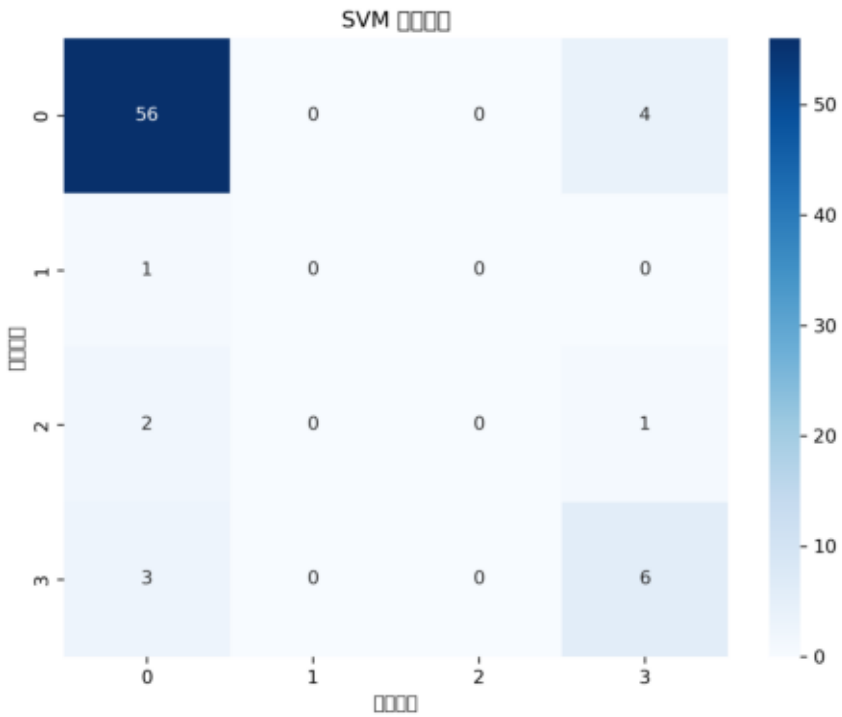
- 生存事件: 13.0/42 (31.0%)
- MSI-H比例: 23.8%
- 晚期(III+IV)比例: 54.8%
- 高表达基因: APOH, SPINK1, ROS1, SPIB, DEFB1
- 显著甲基化位点: cg18800479, cg09559047, cg26119894, cg07087293, cg19352193
- 特征miRNA: MIMAT0026718, MIMAT0019059, MIMAT0027458, MIMAT0004674, MIMAT0019218
- 显著扩增基因: MIR595, KMT2C, DNAJB6, ACTR3C, DPP6

预测模型中最重要的30个分子特征



各组学类型对亚型预测的贡献





分类性能报告:

	precision	recall	f1-score	support
0	0.90	0.93	0.92	60
1	0.00	0.00	0.00	1
2	0.00	0.00	0.00	3
3	0.55	0.67	0.60	9
accuracy			0.85	73
macro avg	0.36	0.40	0.38	73
weighted avg	0.81	0.85	0.83	73

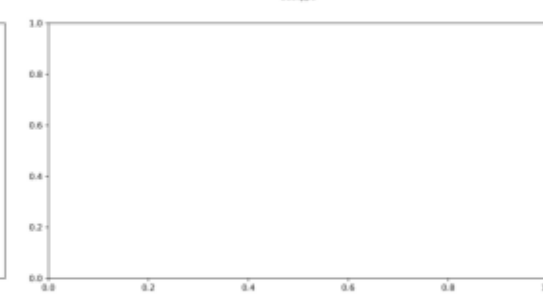
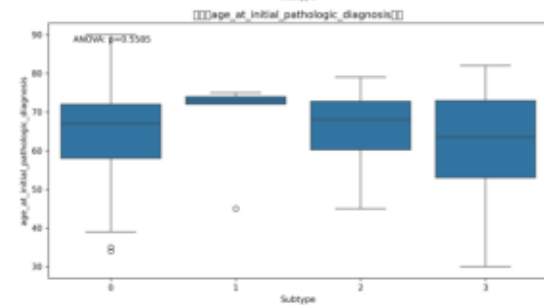
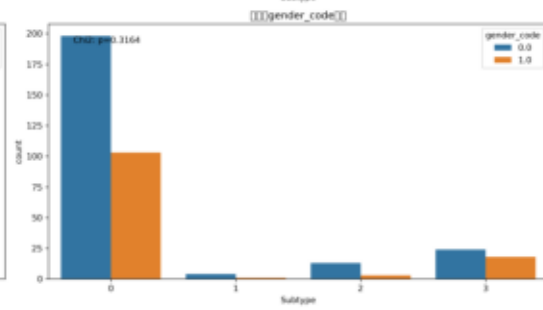
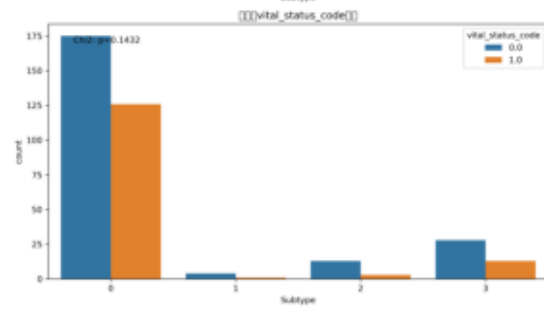
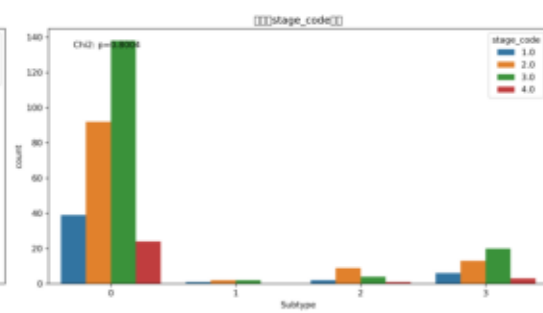
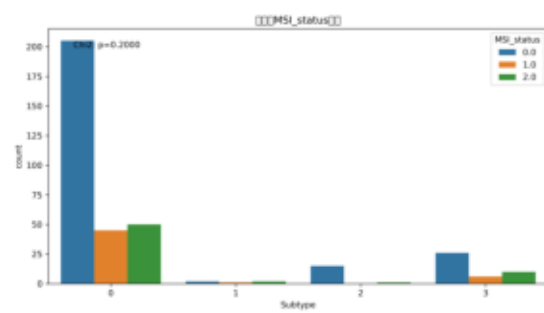
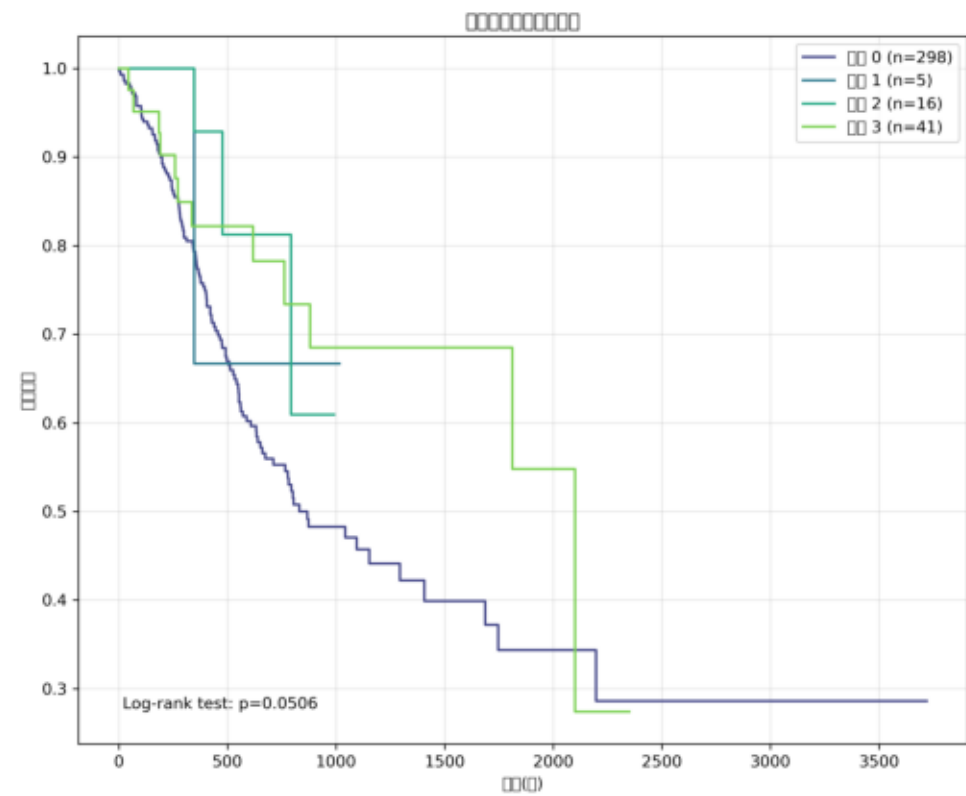
模型使用指南:

```
# 1. 加载训练好的预测模型:
with open('results/prediction_models/SVM_model.pkl', 'rb') as f:
    model = pickle.load(f)

# 2. 加载特征缩放器:
with open('results/prediction_models/scaler.pkl', 'rb') as f:
    scaler = pickle.load(f)

# 3. 准备新样本数据:
# 确保数据包含模型所需的所有特征
new_data = pd.DataFrame(...)

# 4. 预测分子亚型:
# 使用predict_subtype.py中的函数
from predict_subtype import predict_subtype
prediction, probabilities = predict_subtype(new_data)
```



胃癌分型系统评估结果

胃癌分子亚型评估总结
=====

- 1. 分型鲁棒性
 聚类方法间平均ARI: 0.8777
 评估结果: 高度稳定，不同聚类方法产生高度一致的结果
- 2. 与文献分型比较
 已完成与TCGA和ACRG分型系统的比较
 详细对应关系见subtype_correspondence.txt文件
- 3. 临床相关性
 0/3个临床指标与亚型显著相关
 评估结果: 临床相关性较弱，需进一步优化分型系统
- 4. 总体评价
 本研究的分型系统展现了一定的潜力，但在稳定性或临床相关性方面仍有提升空间，
 建议通过整合更多数据或优化算法进一步改进系统。