
科学家如何利用算法加速癌症等人类疾病的研究？

作者：writer 来源：本站

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/1246.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！

2108年7月25日讯，多篇研究报告，共同解读科学家们如何利用算法来加速诸如癌症等多种人类疾病的研究，与大家一起学习!

【1】Oncogene：科学家发现膀胱癌新靶点

doi：10.1038/s41388-018-0367-0

膀胱癌是美国第六常见的癌症，根据美国癌症学会(ACS)的统计，2017年美国约有79000人被诊断为膀胱癌，将近17000人死于这种疾病。在过去几年中，逐渐形成了根据基因表达模式对膀胱癌进行分类的趋势。已知一种称为p53样膀胱癌(p53-like bladder cancer)的基因表达模式与侵袭性的肌肉浸润性疾病相关，但人们尚不清楚该亚型对患者预后有何影响。现在，纽约西奈山卫生系统(Mount Sinai Health System in New York)的研究者通过算法模型，确定了两种生物标志物，它们有可能帮助肿瘤学家预测p53样膀胱癌患者的预后，并对其进行针对性治疗。相关论文发表在近期的《Oncogene》上。

据ACS统计，肌肉浸润性膀胱癌的5年生存率最高为63%。患者对常规治疗(如化疗)的反应可能差异很大，因此需要有新的疗法来治疗这种疾病。近年来，使用免疫检查点抑制剂的免疫疗法成为膀胱癌治疗的重大进展，但是一些患者变得耐药。去年，罗氏(Roche)发现一种名为TGF- β 的蛋白质与患者对PD-L1抑制剂Tecentriq的反应相关，如果将Tecentriq与抗TGF- β 化合物联用，可以提高其有效性。

【2】Genome Med：科学家利用计算机算法成功绘制出了癌细胞对疗法耐药性的图谱

doi：10.1186/s13073-018-0545-2

近日，一项刊登在国际杂志Genome Medicine上的研究报告中，来自约翰霍普金斯大学的研究人员通过研究开发了一种新方法来分析头颈癌对疗法耐受性的进化改变特性。研究人员想知道随着时间延续癌症如何对疗法产生一定的耐受性，以及能利用计算机建模的手段来分析这些改变从而确定患者机体癌细胞产生耐受性的特定时间轴。

研究者表示，我们所开发的名为CoGAPS(The Coordinate Gene Activity in Pattern Sets algorithm)的算法能够用来确定癌症耐药性发生过程中与耐药相关的分子改变，同时他们还需要开发新方法收集来自体外细胞魔性的数据，并且开发出计算机分析手段来测定此前在癌症研究中并未观察到的结果。

研究者Elana Fertig博士说道，这篇文章的最大亮点之处在于我们把时间看做一个变量，而且我们必须证明在给病人增加负担之前这一点很重要。文章中研究者在为期11周的时间内检测了西妥昔单抗疗法对头颈部鳞状细胞癌细胞的效应，在同一研究时间内，研究者对相同的细胞进行理想观察这一时间段内发生的事件，同时研究者还试图避免使用不同批次细胞所带来的外部变量。

【3】Nat Genet：突破!科学家利用新型算法成功追踪癌症的扩散过程!

doi：10.1038/s41588-018-0106-z

近日，一项刊登在国际杂志Nature Genetics上的研究报告中，来自普林斯顿大学的研究人员通过研究开发出了一种新型的计算方法，其能够帮助有效追踪癌细胞如何从体内一个部位扩散到其它部位的，相关研究或为研究人员开发抑制癌症扩散的新型干预手段提供新的思路和希望。

细胞的迁移就会诱发转移性疾病的发生，其常常会诱发实体瘤中90%的患者发生死亡(实体瘤即表现为大量细胞生长在诸如乳腺组织、前列腺或结肠等器官中)，阐明癌症的转移机制或能帮助研究人员开发出新型疗法，来阻断癌症在机体中的扩散。

研究者Ben Raphael说道，这些转移性细胞内部是否存在特殊的突变来驱动其转移呢?这项研究中我们通过研究开发出一种新型算法，其能够通过将细胞中的DNA序列信息进行整合，来追踪癌症的转移过程，研究者将这种算法称之为MACHINA(metastatic and clonal history integrative analysis，转移和克隆历史整合分析)。

【4】科学家开发出新型算法 能整合群体智慧来开发新型癌症靶向疗法

新闻阅读：New algorithm predicts treatment targets for cancer using wisdom of the crowd

近日，来自新加坡A*STAR研究所的研究人员在如何有效治疗癌症上取得了重大发现，当我们提及癌症治疗靶点时，或许许多计算机程序是一个不错的选择，这项研究中，研究人员开发出了一种先进的系统，其能够通过强大的共识算法整合群体智慧(wisdom of the crowd)，来发现每一种癌症肿瘤的弱点，从而帮助研究人员更好地研究不同类型的癌症并开发相应的靶向性疗法。

癌细胞中有成千上万个不同的遗传病变，但仅有一小部分突变会诱发肿瘤，因此鉴别出促进癌细胞无限生长的基因突变或许就是未来精准化癌症研究领域科学家们所面临的一大挑战，这项研究中，研究人员首次开发出了一种一致性算法，其能整合多个专家系统，并对单一癌症靶向疗法进行准确预测。

【5】AI诊断新算法 可提前十年查出老年痴呆症

阿尔茨海默病(Alzheimer disease, AD)，又叫老年性痴呆，是一种中枢神经系统变性病，起病隐袭，病程呈慢性进行性，是老年期痴呆最常见的一种类型。主要表现为渐进性记忆障碍、认知功能障碍、人格改变及语言障碍等神经精神症状，严重影响社交、职业与生活功能。AD的病因及发病机制尚未阐明，特征性病理改变为 淀粉样蛋白沉积形成的细胞外老年斑和tau蛋白过度磷酸化形成的神经细胞内神经原纤维缠结，以及神经元丢失伴胶质细胞增生等。

近日，意大利巴里大学的研究人员研究出一种新算法，可以在阿尔兹海默症状出现前10年，发现由疾病引起的大脑微小的结构变化，以达到尽早检测出阿尔兹海默症的目的。

研究小组通过对67个核磁共振成像扫描来训练他们的人工智能，其中有38个来自老年痴呆症患者，29个来自健康人的控制。研究人员将扫描结果分成小区域，并让他们的人工智能分析神经元之间的连接。在训练完成后，他们通过对148个实验对象进行脑部扫描来测试这种算法。在这些测试之外，还有48次对患有此症的病人进行扫描，48次对患有轻度认知障碍的人进行扫描，最终，人工智能得以全面地检测阿尔茨海默症。

【6】Nature：利用开发出的算法揭示T细胞免疫识别机制

doi：10.1038/nature22383

在一项新的研究中，来自美国圣犹大儿童研究医院和弗雷德哈钦森癌症研究中心等研究机构的研究人员开发出一种功能类似于罗塞塔石板(Rosetta Stone)的算法，该算法有助破解免疫系统如何识别和结合抗原。它应当有助开发更加个人化的癌症免疫疗法，并且有助加快诊断和治疗传染病。相关研究结果于2017年6月21日在线发表在Nature期刊上，论文标题为Quantifiable predictive features define epitope-specific T cell receptor repertoires。

免疫系统依赖于T细胞表面上的T细胞受体(TCR)分子识别来自病毒感染细胞、肿瘤和其他威胁的外源抗原，并且对它们作出反应。基因组重排意味着大量的不同T细胞受体的存在是可能的。每个人能够拥有大约1亿个不同的T细胞受体(它们一起被称作T细胞受体库)，即便在双胞胎之间，也很少存在重叠的T细胞受体。在这种T细胞受体库中的每个T细胞受体能够识别以一种不同的抗原和发起免疫反应来应对威胁。

【7】计算机算法能够帮助定位癫痫病的发病来源

新闻阅读：Pinpointing where seizures are coming from， by looking between the seizures

波士顿儿童医院开发出的一项新的计算机技术能够帮助癫痫病患者提高手术后的恢复效果。这一手段能够使得手术过程变得更加可控，对于患者来说手术的风险也会变得更低。

目前，对于一些患者来说，如果想要找到癫痫病发作的大脑病变部位，就需要进行有创性的手术，将电极安插在大脑的表面。之后，医生们需要对患者进行为期一周的观察，捕捉他们在癫痫发作时的大脑变化。之后，患者还需要进行第二次手术，从而去除这一病变的部位。

这一新的技术则能够帮助患者在短期内对对癫痫症进行诊断，从而避免了等待真正癫痫的发作。患者们因此能够直接进行病变组织去除的手术。该技术能够削减治疗费用以及手术风险。

【8】人工智能新算法可识别不同类型细胞甚至癌细胞

英国斯旺西大学日前发布的一项新研究说，该校研究人员参与开发的一种人工智能算法可高效识别包括癌细胞在内的不同类型细胞。这项技术得以应用后不但能提升科研效率，还可助力癌症等疾病治疗。

要在一个健康的细胞群内识别癌细胞等特定细胞，目前的做法是让荧光剂附着在这些细胞内，然后通过显微镜观察进行识别，但这种做法容易干扰细胞行为，影响观察结果。

斯旺西大学研究人员与来自美、德等国的同行共同在计算机上开发了这一人工智能算法，它对细

胞的识别过程无需使用染色剂，很好地避免了上述问题。

【9】Bioinformatics：新算法将更好组装DNA序列 检测特殊遗传突变

doi：10.1093/bioinformatics/btv548

刊登在国际杂志Bioinformatics上的一项研究论文中，来自杨百翰大学(Brigham Young University)的研究人员开发了一种新方法来进行人类基因组的装配，而且这或许可以帮助鉴别引发常见遗传障碍的新型突变。

这种新方法依赖于一种新算法，其可以非常敏感地检测DNA序列的特异性改变，Paul Bodily博士说道，目前还需要对该技术进行优化研究，而且当前结果并不是我们原本计划进行调查所得，我们仅仅是继续往前深入研究，但并不清楚其最终会走向哪里。

每个人机体的每个细胞中都存在两个拷贝的基因组，每一个基因组都来自于上一代母体，两个拷贝的基因组序列通常主要部分是一样的，但在某些地方的序列或许就会反转，这种现象称之为倒转。倒转现象在生物学上通常非常重要，此前研究结果阐明了基因组倒转和智力缺陷、糖尿病、癫痫症、精神分裂症和自闭症直接相关。

【10】Nat Biotechnol：科学家开发出一种可预测癌症药物敏感性的新型算法

doi：10.1038/nbt.2877

近日，刊登在国际著名杂志Nature Biotechnology上的一篇研究论文中，来自赫尔辛基信息技术研究所的科学家通过研究开发了一种新型算法，该算法可以及基于细胞的基因组数据来帮助预测乳腺癌细胞系对药物的敏感性。

James Costello博士表示，开发这种新型算法的思路很简单，我们发现了问题并且主动去解决寻找解决问题的答案，问题就是是否我们可以找到足够的基因突变信息、基因表达以及甲基化信息等等，以此来预测癌细胞对药物的反应。

本文的研究对于解决基础的生物医学领域的问题提供了很好的研究模板，研究者的目的就是将开放的科学以及开放的数据入口提供给医生们和研究者们供其研究。这种算法可以将对28种治疗性化合物极度耐药和极度敏感的18种乳腺癌细胞系成功进行分类，研究者预期的目的就是揭示哪种抗癌药物可以用于预测那些我们并不知道的癌细胞药物敏感性，这或许就成为了开发新型抗癌疗法的依据。

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](http://www.iikx.com)转发