创新计算框架揭示癌症“进化策略”

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/33274.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！

创新计算框架揭示癌症“进化策略”
。科技日报北京5月15日电（记者张梦然）西班牙巴塞罗那生物医学研究所团队开发出一种名为DiffInvex的创新计算框架，其可追踪健康细胞转变为肿瘤，以及肿瘤在化疗过程中的基因进化压力。DiffInvex被应用于超过11000个样本，涵盖了大约30种不同组织类型的人类癌症和健康组织的基因组数据，成功识别出导致肿瘤对治疗“负隅顽抗”的路径，并指出了哪些基因可能引发耐药性。该研究结果发表于最新一期《自然·通讯》杂志。

正如物种在世代间适应环境一样，人体内的细胞在其生命周期中也会积累DNA变化。虽然大多数变化是无害的，但某些“驱动”突变会赋予细胞生长优势，可能导致癌症的发生。而化疗本身作为一种选择压力，促使细胞进一步发生基因改变，最终可能导致肿瘤复发。

尽管化疗仍然是当前癌症治疗的核心手段之一，但许多肿瘤最终都会产生耐药性。由于化疗会引起新的DNA损伤，并且患者往往需要接受多种药物联合治疗，因此要明确究竟是什么原因让癌细胞在化疗中存活下来。这一直是非常巨大的挑战。

DiffInvex通过分析重要编码基因区域与非编码区域的突变情况，确定了“中性”突变率的基线。这种方法消除了评估中的不确定性。通过对来自约30种组织类型的11000多个人类基因组的数据进行分析，DiffInvex鉴定出了11个在特定类型化疗后突变频率显著增加的基因，其中包括IK3CA、SMAD4和STK11等已知的关键驱动基因。

此外，该研究还对比了1722个来自健康组织和相应肿瘤类型的基因组，进而发现一些所谓的癌症驱动因子可能是进化的产物，而不是疾病启动的直接原因。

这一研究为合理设计药物组合提供了可能性，例如将标准的化疗与针对PIK3CA或STK11信号通路的抑制剂结合使用，或会延缓或阻止癌症复发。其同时有助于改进早期检测方法，减少患者的不必要焦虑。

作者：张梦然 来源：科技日报

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转发