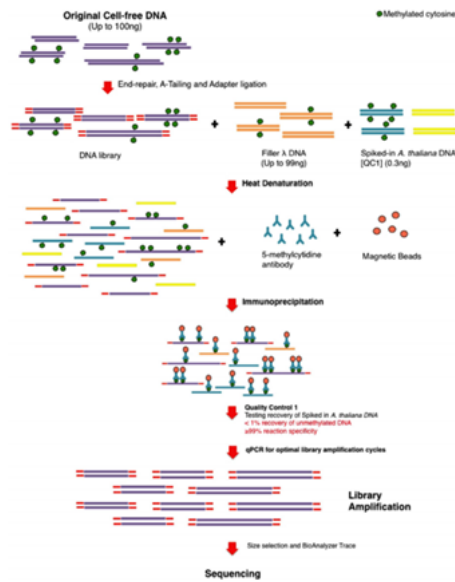


Nature: 重磅! 开发出cfMeDIP-seq技术, 最低仅需1ng血浆cfDNA就可检测早期癌症

发布时间: 2018-11-19 09:14:55 分享到:

在一项新的研究中, 在加拿大玛嘉烈公主癌症中心研究员Daniel De Carvalho博士的领导下, 一个研究团队以血液样本作为测试对象, 将“液体活检”、甲基化分析和机器学习相结合, 开发出一种灵敏的基于免疫沉淀的测试方法来分析少量血浆循环游离DNA (cell-free DNA, cfDNA) 中的甲基化组 (methylome), 从而能够在癌症的最早阶段检测它, 并对它进行分类。这种测试方法称为游离甲基化DNA免疫沉淀高通量测序 (cell-free methylated DNA immunoprecipitation and high-throughput sequencing, cfMeDIP-seq), 用于在不使用亚硫酸盐的情形下对血浆cfDNA进行全基因组甲基化分析。相关研究结果于2018年11月14日在线发表在Nature期刊上, 论文标题为“Sensitive tumour detection and classification using plasma cell-free DNA methylomes”。



图片来自Nature, doi:10.1038/s41586-018-0703-0.

de Carvalho说, 这些研究人员不仅描述了一种检测癌症的方法, 而且还有望能够在症状出现之前, 也是癌症更容易被治疗的时候, 更早地发现它。

de Carvalho说, “我们对这个阶段的发现感到非常兴奋。癌症的一个主要问题是如何尽早地发现它。如何在血液中找到十亿分之一的癌症特异性突变, 尤其是在早期阶段, 简直是‘大海捞针’。这是因为早期阶段, 血液中的肿瘤DNA含量是最低的。”

通过分析表观遗传变化 (具体指的是甲基化变化) 而不是突变, 这些研究人员能够鉴定出每种癌症类型特有的数千个甲基化。随后, 通过使用大数据方法, 他们利用机器学习构建出一种能够识别血液样本中癌症来源的DNA存在并确定哪种癌症类型的分类器。这基本上将这种“大海中捞一根针 (one needle in the haystack)”问题变成了一个更容易解决的“大海中捞数千根针 (thousands of needles in the haystack)”问题, 这样计算机仅需找到几根针, 就可确定大海何处有针。

这些研究人员比较了来自7个疾病部位 (肺癌、胰腺癌、结直肠癌、乳腺癌、白血病、膀胱癌和肾癌) 的300个患者肿瘤样本和来自健康供者的样本, 并分析了血浆循环cfDNA的甲基化模式来追踪癌症起源和类型。在每个样品中, “漂浮的”血浆cfDNA与肿瘤DNA相匹配。从那之后, 他们已经扩大了研究范围, 如今已对来自更多癌症类型的700多个肿瘤和血液样本进行了分析和成功匹配。他们还发现对1~10ng血浆cfDNA也可成功地开展cfMeDIP-seq分析, 远低于开展现有的MeDIP-seq (methylated DNA immunoprecipitation sequencing, 甲基化DNA免疫共沉淀测序) 分析所需的最低100ng DNA。

在实验室之外, 进一步验证这种方法的后续步骤包括分析来自已在几个国家中开展的大规模人口健康研究的数据, 其中在这些研究中, 血液样本是在癌症确诊前数月甚至数年收集的。再者, 最终还需在癌症筛查的前瞻性研究中验证这种方法。

来源: 生物谷

CAST-2019-01-000001

© 版权所有 中国实验动物学会 京ICP备14047746号 京公网安备11010502026480

地址: 北京市朝阳区潘家园南里5号 (100021) 电话: 010 - 67776816 传真: 010 - 67781534 E-mail: calas@cast.org.cn

技术支持: 山东瘦课网教育科技股份有限公司

| 站长统计

