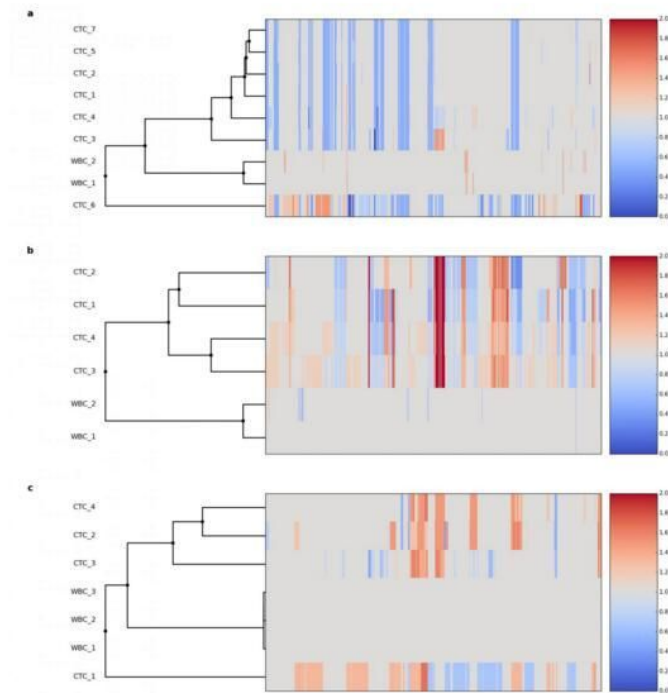


PLoS ONE: 科学家开发出了一种能在液体活检中研究肿瘤异质性的强大新技术

发布时间: 2018-04-10 13:50:48 分享到:

近日, 一项刊登在国际杂志PLOS ONE上的研究报告中, 来自德国海涅大学 (Heinrich Heine University) 医院的研究人员通过研究开发出了一种研究癌症异质性的新方法; 这种强大的精简方法能够通过单一的血液检测来对循环肿瘤细胞 (CTCs) 的全基因组拷贝数进行分析, 相比当前复杂昂贵的检测手段而言, 这种单管单步骤方法能够检测单一肿瘤细胞中的绝对拷贝数改变 (CNA), 相比常规的基因组分析步骤而言, 这种新方法还能以较低的成本保持较高的准确度, 这或为后期研究人员开发基因组驱动的靶向性疗法以及在液体活检中对患者的疾病进展进行检测提供了新的思路 and 希望。



图片来源: Terracciano M, et al. (2018)

肿瘤细胞的基因组通常会经历多个异常事件, 而这些均与肿瘤生物背后发生的机制密切相关, 同时其也能反映在整个基因组的CNA剖面上, 而最近研究人员对多种癌症类型进行的研究也都阐明了这一事实, 即肿瘤细胞所发生的异常改变模式与癌细胞对不同药物耐受性的增加直接相关, 这些药物包括经典化疗、PARP抑制剂乃至免疫检查点抑制剂等。

研究者Nicolo Manaresi表示, 如今我们开发出了多种分析技术能够对癌细胞中的拷贝数改变情况进行分析, 然而其并不适用于对CTCs的临床应用, 这项最新研究中我们开发出了一种新型廉价的手段, 来对单一癌细胞中全基因组中的CNA进行深入分析。文章中研究人员阐明了这种创新性工作站 (Ampli1 LowPass kit) 的特征, 该技术在降低检测成本的同时, 还能样本进行高通量分析。

研究者Manaresi说道, 相比此前在临床诊断中筛选CNAs的方法aCGH而言, 本文中所开发的新技术能够降低分析的费用, 同时还能提供更高的优越性和可比性; 此外, 该技术还能确定完全拷贝数变化, 未来这种新型的分析技术能够降低研究人员进行单一拷贝分析的成本, 同时也为研究人员在液体活检中开发更加简便的血液检测技术分析癌症异质性提供了新的思路 and 希望。

原始出处:

Ferrarini A, Forcato C, Buson G, et al. A streamlined workflow for single-cells genome-wide copy-number profiling by low-pass sequencing of LM-PCR whole-genome amplification products. PLoS One. 2018 Mar 1;13(3):e0193689. doi: 10.1371/journal.pone.0193689. eCollection 2018

来源: 生物谷

