

Genom mikroorganizmów i badania krwi pozwolą na zdiagnozowanie nowotworu?

24 marca 2020

W 2017 roku Gregory Poore przeczytał w „Science” artykuł, którego autorzy opisywali mikroorganizmy obecne u pacjentów z nowotworami trzustki i informowali, że mikroorganizmy te rozkładają lek powszechnie stosowany przy leczeniu tego rodzaju nowotworu. Młodego naukowca zaintrygował wówczas pomysł, że wirusy i bakterie mogą mieć większy niż się sądzi udział w rozwoju nowotworów.

Teraz Poore jako doktorant w University of California San Diego School of Medicine, pisze doktorat pod kierunkiem profesora Roba Knighta, dyrektora Center for Microbiome Innovation. Poore i Knight wraz z interdyscyplinarnym zespołem współpracowników stworzyli nowatorczą metodę identyfikacji chorych na nowotwory. Ich metoda pozwala też często stwierdzić, jaki rodzaj nowotworu ma konkretna osoba. Diagnoza jest stawiana na podstawie analizy wzorców wirusowego i bakteryjnego DNA obecnych w krwi pacjenta.

„Dotychczas niemal zawsze uznawano, że guzy nowotworowe to środowisko sterylne i nie brano pod uwagę złożonych wzajemnych wpływów pomiędzy komórkami nowotworowymi, bakteriami, wirusami i innymi mikroorganizmami zamieszkującymi nasze ciała” – mówi Knight. „W naszych ciałach mamy więcej genów różnych mikroorganizmów niż naszych własnych genów, więc nic dziwnego, że na ich podstawie możemy zdobyć istotne informacje dotyczące naszego zdrowia” – dodaje uczony.

Naukowcy najpierw skorzystali z The Cancer Genome Atlas. To baza danych prowadzona przez amerykański Narodowy Instytut Raka i prawdopodobnie największa na świecie gaza zawierająca

informacje na temat genów mikroorganizmów znalezionych z ludzkich guzach nowotworowych.

Naukowcy mieli tam dostęp do 18 116 próbek guzów pobranych od 10 481 pacjentów z 33 rodzajami nowotworów. Zespół Knighta i Poore'a przeanalizował te dane w poszukiwaniu wzorców. Obok wzorców znanych, takich jak np. związek wirusa brodawczaka ludzkiego z rakiem szyjki macicy czy związek między Fusobacterium, a nowotworami układu pokarmowego, zauważono inne sygnatury mikroorganizmów, które były specyficzne dla różnych nowotworów. Stwierdzono np. że obecność Faecaliabacterium jest tym, co odróżnia raka jelita grubego od innych nowotworów.

Na podstawie tych danych naukowcy wytrenowali setki modeli do maszynowego uczenia się i sprawdzali, czy są one w stanie powiązać wzorce genomu mikroorganizmów z konkretnymi nowotworami. Okazało się, że komputery są w stanie postawić diagnozę na podstawie samych tylko danych z genomu mikroorganizmów znalezionej we krwi pacjenta.

W kolejnym etapie badań naukowcy usunęli z bazy dane dotyczące III i IV stopnia rozwoju nowotworów. Mimo to modele komputerowe nadal stawiały prawidłową diagnozę, co oznacza, że były w stanie odróżnić nowotwory na wcześniejszych etapach rozwoju. Jakby tego było mało, modele działały nawet wówczas, gdy z wykorzystywanej przez nie bazy usunięto ponad 90% danych.

Uczeni postanowili pójść o krok dalej i sprawdzić, czy modele te przydadzą się do rzeczywistego diagnozowania chorych. W testach wzięło udział 59 pacjentów z nowotworem prostaty, 25 z nowotworem płuc i 16 z czerniakiem. Plazmę z krwi każdego z tych pacjentów porównano z innymi oraz z 69 zdrowymi osobami z grupy kontrolnej. Okazało się, że w większości przypadków modele były w stanie odróżnić osobę z nowotworem od osoby zdrowej. Komputery prawidłowo zidentyfikowało 86% osób z nowotworami płuc i 100% osób, których płuca były zdrowe.

Często też były w stanie odróżnić typy nowotworów. Na przykład nowotwory płuc były w 81% przypadków prawidłowo odróżniane od nowotworu prostaty.

„Możliwość uzyskanie z jednej fiołki krwi profilu DNA guza i profilu DNA mikrobiomu pacjenta to ważny krok w kierunku lepszego zrozumienia interakcji pomiędzy gospodarzem a nowotworem” – mówi onkolog Sandip Pravin. Takie narzędzie może w przyszłości pozwolić nie tylko na prostszą i szybszą diagnostykę nowotworów, ale również na śledzenie postępów choroby.

Zanim jednak tego typu metoda wejdzie do użytku, konieczne będzie pokonanie wielu przeszkód. Przede wszystkim trzeba by ją przetestować na dużej grupie pacjentów. Ponadto konieczne będzie stworzenie definicji tego, jak wygląda skład genomu mikroorganizmów u zdrowych ludzi. Ponadto trzeba stworzyć metodę odróżniania, które z sygnatur genetycznych pochodzą od aktywnych mikroorganizmów, a które od nieaktywnych.

Sami naukowcy już mówią, że sama diagnostyka to dopiero początek możliwości. Lepsze zrozumienie tego, w jaki sposób wraz z rozwojem różnych nowotworów zmienia się populacja mikroorganizmów zamieszkujących nasze ciała, może otworzyć nowe możliwości terapeutyczne. Moglibyśmy dowiedzieć się, co te mikroorganizmy naprawdę robią, a może nawet zaprząć je do pracy przy zwalczaniu nowotworów.

Ze szczegółowymi informacjami można zapoznać się na łamach [„Nature”](#).

Autorstwo: Mariusz Błoński

Na podstawie: Health.ucsd.edu

Źródło: KopalniaWiedzy.pl