

روش کم‌هزینه برای شناسایی تومورهای سرطانی

پژوهشگران سوئدی، روش جدیدی برای شناسایی تومورهای سرطانی ابداع کرده‌اند که نسبت به روش‌های کنونی، هزینه کمتری به دنبال دارد.



پژوهشگران سوئدی، روش جدیدی برای شناسایی تومورهای سرطانی ابداع کرده‌اند که نسبت به روش‌های کنونی، هزینه کمتری به دنبال دارد.

به گزارش ایسنا و به نقل از وب سایت رسمی موسسه کارولینسکا، پژوهشگران، روش جدید و کم هزینه ای برای تشخیص تومور ابداع کرده‌اند که می تواند تومورهای ناهمگون حاد را شناسایی کند و نیاز به درمان های تهاجمی را از بین ببرد.

یکی از ویژگی های معمول سلول های سرطانی، تغییر در تعداد کپی از کروموزوم یا ژن هایی است که در ژنوم وجود دارند. این پدیده، با نام "تغییر تعداد کپی ها" (CNAs) شناخته می شود. ممکن است سلول های یک تومور، حامل تنوع بسیاری از تغییر تعداد کپی ها باشند. تومورهایی که تنوع تعداد کپی در آنها بالاست، معمولا بسیار تهاجمی تر هستند و اغلب حتی پس از درمان، تغییر شکل می دهند.

پژوهشگران "موسسه کارولینسکا" (KI) در سوئد برای حل این مشکل، یک روش ژنومی خاص ابداع کرده‌اند. این روش موسوم به "کات سک" (CUTseq) می تواند میزان و نوع تنوع تعداد کپی را در بسیاری از بخش های متفاوت ژنوم یک تومور مورد بررسی قرار دهد. کات سک نسبت به فناوری های کنونی، هزینه بسیار کمتری دارد.

کات سک، کار خود را با بررسی DNA استخراج شده از بافت هایی انجام می دهد که طی آزمایش بافت برداری جمع آوری شده‌اند و معمولا برای تشخیص سرطان، زیر میکروسکوپ مورد بررسی قرار می گیرند.

"نیکلا کروسِتو" (Nicola Crosetto)، از پژوهشگران این پروژه گفت: انتظار ما این است که کات سک بتواند کاربردهای سودمندی در تشخیص سرطان داشته باشد. توالی تومور در مراحل تشخیص سرطان و شناسایی بیماران مبتلا به تومورهای ناهمگون که به درمان تهاجمی نیاز دارند، بسیار مهم است. من باور دارم که روش ما می تواند نقش مهمی در این میان داشته باشد.

به گفته پژوهشگران این پروژه، کاربردهای کات سک فقط به تشخیص سرطان، محدود نمی شود. "مگدا بینکو" (Magda Bienko)، از پژوهشگران این پروژه گفت: شاید بتوان کات سک را به عنوان پلتفرمی برای شناسایی سلول و بررسی ثبات ژنوم در بانک های زیستی به کار گرفت.

این پژوهش، در مجله "Nature Communications" به چاپ رسید.