



Tumori, nuovo test del sangue "low cost" promette di scoprire diversi tipi di cancro

Descrizione

(Adnkronos) "Un test del sangue semplice ed economico che dai primi risultati dello studio si è dimostrato promettente nel rilevare simultaneamente diversi tipi di cancro, varie patologie epatiche e anomalie di altri organi. Come? Analizzando i frammenti di Dna circolanti nel sangue. Lo hanno sviluppato i ricercatori dell'Ucla descrivendo i risultati in una ricerca pubblicata su "Proceedings of the National Academy of Sciences". La diagnosi precoce è fondamentale" spiega Jasmine Zhou, autrice senior dello studio, professoressa di Patologia e Medicina di laboratorio dell'Ucla Health Jonsson Comprehensive Cancer Center "I tassi di sopravvivenza sono molto più elevati quando i tumori vengono individuati prima che si diffondano. Se si diagnostica un tumore allo stadio 1, le prospettive sono nettamente migliori rispetto allo stadio 4".

Il nuovo metodo, chiamato "MethylScan", funziona analizzando il Dna libero circolante (cfDna), minuscoli frammenti di materiale genetico rilasciati nel sangue quando le cellule muoiono. Poiché le cellule di ogni organo rilasciano Dna nel flusso sanguigno, il cfDna trasporta segnali molecolari che riflettono ciò che sta accadendo in tutto il corpo. "MethylScan" quindi può funzionare come un radar per la salute dell'organismo, perché è in grado di leggere i segnali del Dna nel sangue e individuare quando organi specifici, come il fegato o i polmoni, sono sotto stress o danneggiati, anche senza conoscere in anticipo la patologia, affermano i ricercatori.

Ogni giorno, nel nostro corpo muoiono dai 50 ai 70 miliardi di cellule. Non semplicemente scompaiono, il loro Dna entra nel flusso sanguigno" ha proseguito Zhou "Questo significa che abbiamo già informazioni provenienti da tutti i nostri organi che circolano nel sangue". L'idea di utilizzare il sangue per individuare il cancro, a volte chiamata biopsia liquida, non è nuova. Alcuni test cercano già mutazioni nel Dna tumorale per lo screening di determinati tumori. Tuttavia, questi test spesso si concentrano su un numero limitato di alterazioni genetiche e possono essere costosi, in parte perché richiedono un sequenziamento profondo per rilevare segnali tumorali deboli. Invece di cercare mutazioni, il team dell'Ucla ha esaminato la metilazione del Dna, marcatori chimici attaccati al Dna che contribuiscono a regolare l'attività genica. I modelli di metilazione variano a seconda del tipo di tessuto e possono cambiare quando le cellule diventano cancerose o malate. "La metilazione del DNA riflette lo stato di salute di un tessuto" ha precisato il dottor Wenyan Li, professore di

Patologia e Medicina di laboratorio all'UCLA e coautore dello studio. È un segnale molto informativo. La difficoltà sta nel fatto che la maggior parte del Dna libero circolante nel sangue non proviene da tumori o organi danneggiati. Circa l'80-90% ha origine da cellule ematiche normali. Questo avverte la ricerca. Questo crea un rumore di fondo, rendendo difficile e costoso rilevare i frammenti relativamente rari che potrebbero segnalare un tumore in fase iniziale.

Per ovviare a questo problema, i ricercatori si sono basati su studi precedenti per sviluppare una tecnica che rimuova gran parte del Dna di fondo prima del sequenziamento. Utilizzando enzimi specializzati, tagliano selettivamente i frammenti di Dna non metilato che provengono principalmente dalle cellule del sangue. Progettando un pannello di ibridazione a livello genomico, i frammenti di Dna catturati vengono arricchiti di Dna metilato proveniente da organi solidi, inclusi quelli potenzialmente malati. Rimuovendo il rumore di fondo, i ricercatori affermano di poter ridurre drasticamente la quantità di sequenziamento necessaria, abbassando i costi e mantenendo la sensibilità. Secondo lo studio, raggiungere una profondità di sequenziamento effettiva di 300X per campione richiede solo 5 Gb di dati, che costerebbero meno di 20 dollari se il prezzo per Gigabase fosse inferiore a 4 dollari.

Per testare l'accuratezza di MethylScan, i ricercatori hanno analizzato campioni di sangue di 1.061 persone, tra cui pazienti affetti da tumori al fegato, ai polmoni, alle ovaie e allo stomaco; individui con malattie epatiche come epatite B, epatite C, epatopatia alcolica e malattie epatiche metaboliche; persone con noduli polmonari benigni; e partecipanti sani. Sono stati quindi applicati algoritmi di apprendimento automatico per analizzare i complessi dati di metilazione. Per la rilevazione di pi¹ tumori, il test ha raggiunto un elevato livello di accuratezza complessiva. Con una specificità del 98%, ovvero un basso numero di falsi positivi, ha rilevato circa il 63% dei tumori in tutti gli stadi e circa il 55% dei tumori in fase iniziale, si legge nello studio.

Il test ha inoltre ottenuto buoni risultati nella sorveglianza del tumore al fegato in soggetti ad alto rischio, inclusi quelli con cirrosi epatica o epatite B, rilevando quasi l'80% dei casi con una specificità di poco superiore al 90%, ovvero un tasso di falsi positivi inferiore al 10%. prosegue la ricerca. Oltre a rilevare il cancro, i modelli di metilazione hanno contribuito a identificare la zona del corpo da cui proveniva il segnale, nota come tessuto di origine. Essere in grado di risalire all'origine dei segnali è importante perché un esame del sangue positivo deve essere seguito da esami di imaging o altre procedure diagnostiche mirate all'organo interessato, ha affermato Li.

I ricercatori hanno anche dimostrato che l'esame del sangue può distinguere tra diversi tipi di malattie epatiche, tra cui epatite virale e le malattie epatiche metaboliche. Ha classificato correttamente circa l'85% dei pazienti, suggerendo che i test del Dna basati sul sangue potrebbero ridurre la necessità di biopsie epatiche invasive. Sebbene siano necessari studi prospettici ampi per confermarne le prestazioni nello screening in condizioni reali, Zhou ha affermato che il lavoro rappresenta un passo importante verso un singolo test del sangue economico in grado di rilevare un ampio spettro di malattie in modo precoce e completo rispetto ai metodi attuali. In conclusione, questo studio dimostra che la profilazione della metilazione nel sangue può fornire informazioni clinicamente significative per diverse malattie, ha chiosato Zhou. È un progresso entusiasmante che ci avvicina alla realizzazione del sogno di un singolo test per la diagnosi universale delle malattie.

â??

cronaca

webinfo@adnkronos.com (Web Info)

Categoria

1. Comunicati

Tag

1. Ultimora

Data di creazione

Aprile 7, 2026

Autore

redazione

default watermark