

[Akceptuje](#)

W ramach naszej witryny stosujemy pliki cookies w celu świadczenia państwu usług na najwyższym poziomie, w tym w sposób dostosowany do indywidualnych potrzeb. Korzystanie z witryny bez zmiany ustawień dotyczących cookies oznacza, że będą one zamieszczone w Państwa urządzeniu końcowym. Możecie Państwo dokonać w każdym czasie zmiany ustawień dotyczących cookies. Więcej szczegółów w naszej [Polityce Prywatności](#)

[Portal](#) [Informacje](#) [Katalog firm](#) [Praca](#) [Szkolenia](#) [Wydarzenia](#) [Porównania międzylaboratoryjne](#)
[Kontakt](#)



[Laboratoria](#)
[.net](#)
[Innowacje](#)
[Nauka](#)
[Technologie](#)

[Logowanie](#) [Rejestracja](#) [pl](#)

Newsletter

zapisz się



- [Nowe technologie](#)
- [Felieton](#)
- [Tygodnik "Nature"](#)
- [Edukacja](#)
- [Artykuły](#)
- [Przemysł](#)

[Strona główna](#) > [Tygodnik "Nature"](#)

Odkryto nowe geny raka

Nowa metoda analizy pozwoliła zidentyfikować kolejne mutacje genów sprzyjające nowotworom na podstawie powszechnie dostępnych danych genetycznych - informuje pismo „Nature Communications”.

Nowotworom sprzyjają różnorodne czynniki genetyczne. Niektóre mutacje są dziedziczone po rodzicach, inne powstają w ciągu całego życia pod wpływem czynników środowiskowych czy błędów w kopiowaniu DNA.

Sekwencjonowanie genomu na dużą skalę zrewolucjonizowało rozpoznawanie nowotworów wywoływanych przez tę ostatnią grupę mutacji - mutacje somatyczne. Nie było jednak tak skuteczne

w identyfikacji sprzyjających nowotworom odziedziczonych wariantów genetycznych. Głównym źródłem identyfikacji mutacji odziedziczonych nadal są badania rodzinne.

Naukowcy z Center for Genomic Regulation (CRG) w Barcelonie opracowali metodę analizy statystycznej ALFRED i zidentyfikowali dzięki niej 13 genów, które prawdopodobnie sprzyjają nowotworom. W przypadku dziesięciu z tych genów rakotwórczość ich mutacji nie była wcześniej znana. Nowa metoda pozwala znaleźć mutacje nawet bez korzystania z próbki kontrolnej – nie trzeba zatem porównywać pacjentów z grupą ludzi zdrowych.

W badaniu przeanalizowano sekwencje genomów ponad 10 tys. pacjentów z 30 różnymi typami nowotworów, identyfikując zarówno znane już, jak i wcześniej nieznanne geny prawdopodobnie sprzyjające nowotworom. Okazały się one mieć istotny związek z chorobą – występują w 14 proc. guzów jajnika, 7 proc. raków piersi i około 1 na 50 wszystkich nowotworów. Na przykład odziedziczone warianty jednego z nowo proponowanych genów ryzyka - NSD1 - mogą być obecne co najmniej u 3 na 1000 pacjentów z nowotworami.

Jak zaznaczyli autorzy badań, im więcej udaje się poznać genów sprzyjających nowotworom, tym większe są możliwości diagnostyki i leczenia.

Wykorzystane do analizy dane pochodziły z kilku badań onkologicznych z całego świata, w tym projektu The Cancer Genome Atlas (TCGA), a także z kilku projektów nie mających nic wspólnego z badaniami nad rakiem. Jak podkreślają autorzy, ich sukces zwraca uwagę na korzyści z publicznego dostępu do tego rodzaju danych, pochodzących z różnych krajów, szpitali, od różnych grup chorych. (PAP)

Autor: Paweł Wernicki

Źródło: www.naukawpolsce.pap.pl

<https://laboratoria.net/naturecom/28566.html>

Informacje dnia: [Nowy wzór elektronicznej legitymacji studenckiej](#) [Kleszcz to tylko pośrednik](#) [Pod względem leczenia czerniaka](#) [Polska w czołówce Europy](#) [Przyszłość pszczół zależy od ochrony ich naturalnych siedlisk](#) [Powstała niewidzialna elektroda dla podczerwieni](#) [Choroby serca mogą zaczynać się już w czasie życia płodowego](#) [Nowy wzór elektronicznej legitymacji studenckiej](#) [Kleszcz to tylko pośrednik](#) [Pod względem leczenia czerniaka](#) [Polska w czołówce Europy](#) [Przyszłość pszczół zależy od ochrony ich naturalnych siedlisk](#) [Powstała niewidzialna elektroda dla podczerwieni](#) [Choroby serca mogą zaczynać się już w czasie życia płodowego](#)

Partnerzy