

doi:10.3971/j.issn.1000-8578.2019.02.0001

• 肿瘤资讯 •

人工智能判断卵巢癌恶化程度



一项目前发表于预印本服务器arXiv的研究（Deconvolving convolution neural network for cell detection）显示，人工智能正在帮助研究人员发现恶性卵巢癌。英国伦敦癌症研究所的Yinyin Yuan和同事利用人工智能寻找肿瘤细胞形状的差异。他们分析了514名女性卵巢癌患者的组织样本图像，发现畸形细胞核同该病的恶性程度（5年生存率为15%）存在对应关系。

科学家虽擅长研究细胞，但对细胞之间的差别进行量化非常困难，并且需要耗费大量时间。Yuan表示，正因如此，他们利用了人工智能。

美国波士顿达纳—法伯癌症研究所的Kevin Elias认为，上述测试的应用就目前而言尚存在局限。“如果告诉患者结果，但无法提出替代性疗法，它也就没什么用了。”

在癌症研究中，人工智能正越来越多地用于筛选数据，以通过各种方式帮助医务工作者，比如追踪肿瘤变化和改善诊断。下一步，Yuan及其团队将利用人工智能研究能抵抗化疗的癌症，从而开发针对性更强的疗法。（来源：中国科学报）

肺癌早期诊断迎来新突破 有望在发病前就进行诊治

肺癌的早期病变里，大约有一半会发展成真正的肺癌，而剩下的一半则是良性，不会造成危害。即便是在显微镜下，我们也看不出两者的区别。“一刀切”的治疗方案显然是不可取的。

来自英国伦敦大学学院（University College London）一支科研团队在这一方面取得了突破。这项研究的成果发表在了《自然》子刊《自然医学》（Nature Medicine）上。

为了开发一种能准确找到“致癌性”病变的方法，这群研究人员们通过与伦敦大学学院的医院合作，招募了140名患者，并从符合条件的85名患者身上，获取了129份活检样本。这些样本随后被用于各种分析：包括基因表达图谱分析、甲基化图谱分析以及全基因组的测序分析。随后，研究人员们平均对每名患者进行了为期5年的追踪，看看哪些患者最终病情发展到了肺癌阶段。此外，他们也将患者的年龄、性别、吸烟史、肺部疾病史等纳入了考量。在获得了大量的信息后，他们成功找到了许多遗传学特征，包括基因突变、基因表达的变化以及染色体的不稳定性等。这足以预测哪些早期的病变会最终发展成肺癌。

从检验的结果来看，研究人员找到的这些特征在预测准确度上“几乎完美”。这也是我们首次能够准确区分哪些早期病变会变得更有侵袭性，哪些则将继续保持无害的状态。这对于患者来说，可能意义重大。通过对早期病变组织进行分析，我们能制定个体化的治疗方案：对于那些最终会发展成肺癌的患者，我们需要尽早进行手术，或者通过其他手段进行病情控制。而对于那些肺癌风险较低的患者，这样的手术就可以避免。

更重要的是，这项研究中找到的一些遗传学特征，可以用来开发其他肺癌诊断技术。比如说，可以在血液中寻找预示肺癌的基因突变，从而预估肺癌发生的概率。（来源：科学网）

研究发现可让癌细胞“冬眠”的免疫细胞

澳大利亚泰莱松儿童研究所等机构研究人员在英国《自然》杂志上报道（Tissue-resident memory CD8+ T cells promote melanoma-immune equilibrium in skin）说，他们发现一种名为TRM细胞的免疫细胞能让黑色素瘤细胞处于“冬眠”状态。

这项研究发现，在有TRM细胞存在的时候，黑色素瘤细胞的增长受到抑制，就像“冬眠”了一样。但如果去除TRM细胞，则黑色素瘤细胞会快速增长，导致癌症症状加重。

研究人员说，此前科学界已经知道恶性肿瘤细胞在引发危及生命的症状之前，可能在人体内“和平潜伏”几年甚至几十年的时间，但对相关机制一直缺乏深入了解。本次发现的TRM细胞可能对其他类型癌细胞也有效，这有助于开发治疗癌症的新方法。（来源：新华网）

汇集上万BRCA基因突变信息 美国国家癌症研究所启动BRCA数据库

日前，美国国家癌症研究所（NCI）宣布启动BRCA Exchange。这是一个汇集了全球成千上万个遗传性BRCA1和BRCA2基因变异信息的数据库。大众可以通过一个网站和一款智能手机app来获取数据库中的信息。这一数据资源让临床医生们可以参考专家们对不同BRCA基因变异与癌症关系的评估，从而对解决与癌症预防、筛查和干预相关的多种复杂问题进行指导。

BRCA基因是影响癌症风险的重要基因之一，著名影星安吉丽娜-朱莉因为带有遗传性BRCA基因突变，不但选择了乳腺切除手术，还进行了卵巢和输卵管切除手术来预防乳腺癌和卵巢癌的发生。某些遗传性BRCA基因变异确实会提高乳腺癌、卵巢癌和其他类型癌症的患病风险。然而，遗传性BRCA基因变异有上万种，医生们和患者需要确切了解特定变异与疾病的关系和携带这种基因变异导致癌症发生的几率。只有掌握了这些信息，医生和患者才能做出适合他们的预防或治疗选择。在BRCA Exchange出现之前，这些与遗传性基因变异相关的信息并没有被整合起来。

BRCA Exchange的数据库包括从乳腺癌信息核心（Breast Cancer Information Core）、ClinVar等已有临床数据库的数据，还包括从临床医生、临床实验室和世界各地的研究人员那里获得的人口数据库和数据。目前，它包括了超过20 000个独特的BRCA1和BRCA2基因变异。其中超过6100个基因变异被专家小组审核过，大约3 700个基因变异已被证明与疾病相关。由于BRCA Exchange汇集了来自世界各地的数据，这一数据库中包含了很多被观察到的罕见基因变异。

NCI癌症流行病学和遗传学部主任Stephen J. Chanock博士说：“癌症易感性研究迫切需要数据的分享。BRCA Exchange表明，大规模的合作和数据分享是可能的，而且它可以提供质量最高的最新信息，帮助临床医生们和患者改善医疗护理。”（来源：药明康德）

我国院士团队发现乳腺癌患者易发淋巴结转移新机制

中国工程院院士、南开大学校长曹雪涛与第二军医大学医学免疫学国家重点实验室副教授顾炎、天津医科大学附属肿瘤医院教授付丽等合作，揭示了B细胞能够通过分泌靶向肿瘤抗原HSPA4的病理性抗体，促进乳腺癌淋巴结转移。相关研究结果在线发表于1月15日《自然·医学》，题为“Tumor-educated B cells selectively promote breast cancer lymph node metastasis by HSPA4-targeting IgG”。

研究团队利用小鼠乳腺癌原位模型，发现在肿瘤转移前，引流淋巴结中B细胞的比例与数量显著增加。并发现此类肿瘤驯化的B细胞可分泌大量抗体入血而促进乳腺癌淋巴结转移，实验性清除B细胞及其分泌的抗体，可以阻止乳腺癌淋巴结转移。随后，研究人员利用蛋白质谱技术筛选到此类病理性抗体靶向的肿瘤膜抗原HSPA。进一步通过临床乳腺癌样本研究发现，乳腺癌患者血清存在高浓度抗HSPA4抗体水平，预示其易发淋巴结转移、患者生存期短、预后差。“这提示HSPA4抗体水平有望成为乳腺癌淋巴结转移预测、患者预后判断的指标，也为乳腺癌的治疗提供了新的潜在靶标。”曹雪涛说。

研究人员表示，本研究阐明了B细胞及抗体介导的体液免疫在淋巴结转移前微环境形成及肿瘤淋巴结转移中的重要功能。

此外，本研究首次发现除调节性B细胞介导的负向免疫调控功能外，B细胞能够通过分泌靶向肿瘤抗原的病理性抗体直接促进肿瘤转移，同时寻找到糖基化的肿瘤膜抗原在病理性抗体的产生及促转移中的重要功能，为深入认识体B细胞介导的体液免疫功能及肿瘤转移前微环境的形成提供了新的视角。（来源：科学网）

河北省启动抗肿瘤药物临床应用情况监测工作

2019年1月21日，河北省正式启动抗肿瘤药物临床应用情况监测工作，旨在掌握抗肿瘤药物临床应用情况，加强肿瘤规范化诊疗管理，有效减轻肿瘤患者用药负担。据介绍，开展监测工作的医院为登记肿瘤科的三级综合医院及肿瘤专科医院，其监测的主要内容包括：恶性肿瘤患者的门诊、住院、诊断、治疗、检查检验、随访等相关数据，抗肿瘤药物采购和使用清单数据等。国家卫生健康委将定期组织国家癌症中心对上报数据开展质量控制和核查，并定期将相关数据分析结果反馈填报单位。（来源：河北新闻网）