

无创血检可提前4年发现癌症

■本报见习记者 辛雨 记者 黄辛

近年来,血液中的循环肿瘤DNA(ctDNA)已成为一种很有前景的癌症生物标志物,即“液体活检”。ctDNA已被证明在癌症的非侵入性检测、晚期癌症的个体化治疗,以及治疗期间和治疗后的监测方面具有重要价值。

日前,复旦大学泰州健康科学研究院和人类表型组研究院联合加利福尼亚大学圣迭戈分校、山东大学齐鲁医院等团队在《自然-通讯》发表成果称,团队开发的一种非侵入性血检——ctDNA甲基化多癌筛查技术PanSeer,有望在常规诊断前4年对5种常见的癌症作出早期检测。

瞄准 ctDNA 甲基化

当前,恶性肿瘤的发病率和死亡率呈逐年上升趋势,尽早发现肿瘤对于癌症治疗至关重要。目前,仅有的癌症筛查都是针对几种特定的癌症类型,如结肠镜检查、前列腺特异抗原等。

要对早期肿瘤检测和筛查进行验证和研究,不仅需要高效、灵敏的技术,更关键的是需要在确诊前即对肿瘤患者进行血液和生物样本采样。论文第一作者、复旦大学泰州健康科学研究院和人类表型组研究院研究员陈兴栋表示,这意味着需要有大、长期的人群队列数据,来支撑探索新的早期癌症筛查技术。

研究团队在复旦大学建设的泰州队列基础上,开始筛选研究对象。截至目前,已有近20万社区人群参加该项研究。研究团队通过

系统的队列随访,长期跟踪队列人群各种重大慢性疾病的发生情况,并且在无症状人群中于多个时间节点跟踪采集了150余万份各类生物样本长期保存。

陈兴栋表示,在癌症发展早期,甚至在无症状未确诊的若干年前,癌症病人的血液中便已存在癌症信号。此次发表的研究成果纳入了191个在采样时间点1~4年后确诊肿瘤的病人血液样本,223个在当地医院确诊后采集的肿瘤病人血样,以及414个随访超过10年且未被诊断为肿瘤的病人样本作为对照人群。其中确诊的肿瘤病人所患癌症为结肠癌、食管癌、肝癌、肺癌和胃癌。基于以上数据,研究人员发现了上述5种癌症患者血液中的ctDNA甲基化的特异性。

ctDNA是脱落或细胞凋亡后释放进入循环系统的肿瘤细胞体细胞DNA,是一种特征性的肿瘤生物标志物。通过ctDNA检测,能够检出血液中的肿瘤踪迹。

“ctDNA甲基化是肿瘤发生的一种信号,在达到现有临床确诊标准之前,甚至在病人出现自觉症状前,ctDNA甲基化就存在于血液循环之中。肿瘤细胞和正常细胞的DNA甲基化不同,因此,通过捕捉血液中的ctDNA,检测其甲基化特征,可提前判断肿瘤的发生。”陈兴栋告诉《中国科学报》。

筛查技术敏感度特异度双高

基于ctDNA甲基化特质,研究人员研发设计了PanSeer技术。PanSeer是一种半靶向

技术,可以精确筛查出人体内非常微小的ctDNA甲基化水平。

“由于ctDNA在血液中的含量非常少,因此我们首先需要解决的问题是富集血液中的ctDNA。”陈兴栋指出,该检测方法的另一个关键是需要确定癌症甲基化筛查的特定基因。

为严格控制大数据分析中常见的过拟合隐患,研究团队采用计算样本中每个靶基因区域的平均甲基化水平和集合logistic回归分类器的组合,并充分考虑大量的干扰因素,以完成区分健康患者与癌症患者的分类模型搭建。

为进一步了解该方法的精确度和准确度,研究额外分析了223名癌症患者的血浆样本,200份原发肿瘤和正常组织。在一个独立的测试样本集中,研究团队发现在207个健康对照样本重现96%的特异性的前提下,PanSeer技术在113个确诊后采集的病人样本上达到88%的敏感性。接下来,在98名未确诊前1~4年采集的样本中,PanSeer技术达到了95%的检测敏感性。

该研究证实,这一原创技术对结肠癌、食管癌、肝癌、肺癌和胃癌等5个不同癌种的检测敏感性与在确诊前不同时间采集的血样相似。这说明癌症信号在病症发展早期甚至在无症状未确诊的若干年前就存在于血液中。

“也就是说,该研究已在严格意义上证明PanSeer技术较传统诊断方法能更早地发现癌症。”陈兴栋说。

癌症早筛未来可期

目前,用于癌症诊断的血液测试包括全血细胞计数、血液蛋白测试、肿瘤标志物测试和ctDNA测试等。陈兴栋介绍,临床上常用的血液检测方法多辅助于肿瘤诊断。“肿瘤血检一般与影像学检查配合使用,且血检对肿瘤的诊断效果并不是特别好,无法实现早期诊断。”

该研究通讯作者、复旦大学泰州健康科学研究院和人类表型组研究院院长金力院士指出,结合泰州队列研究和PanSeer技术,至少能证明癌症早期筛查可以通过无创血液检测完成,便于对无症状癌症易感人群的“早发现”及“早干预”,具有十分重要的应用价值。

接下来,研究团队将扩大癌症种类的筛查范围,扩增至肝癌、宫颈癌、前列腺癌、乳腺癌等肿瘤的筛查。

“目前,PanSeer技术还不能确定阳性患者所患哪种肿瘤,下一步我们会进一步优化检测方法,明确肿瘤类型。”陈兴栋表示,团队将在全国多中心开展队列研究,扩大区域人群的验证推广工作。

英国癌症研究中心资深专家Samantha Harrison表示:“PanSeer检测技术已经取得了令人鼓舞的初步结果。更令人欣慰的是,它能提前至少4年从血样中检测出癌症。目前这些仅为早期期待,需进行更大规模研究来验证,我仍期待那一天的到来。”

相关论文信息:
<https://doi.org/10.1038/s41467-020-17316-z>

发现·进展

中科院海洋研究所

5个深海生物新物种正式公布



海洋所所长茎海绵(新种)

本报讯(记者廖洋 通讯员王敏)8月1日,在中科院海洋研究所70周年纪念活动上,5个以该所命名的深海生物新物种正式公布,分别是海洋所紫珊瑚(新种)、海洋所裸毛鳞虫(新种)、海洋所三歧海牛(新种)、海洋所异胸虾(新种)、海洋所所长茎海绵(新种)。

据介绍,海洋生物分类是中科院海洋所自建所起孕育形成的特色学科,汇聚了曾呈奎、刘瑞玉、郑守仪院士为代表的许多分类学家,创建了全国海洋生物门类最为齐整、研究力量最为雄厚的分类学和生物多样性研究团队,涉及了几乎所有重要海洋生物门类的分类研究,是我国海洋生物多样性研究的中心和策源地。

近年来,从近海走向深海,海洋所在西太平洋海山、热液和冷泉等深海的生物多样性探测与研究领域取得重要进展,获得大量新发现。

在此次发布的5个深海生物新物种中,海洋所紫珊瑚(新种)高约33厘米,呈扇状,亮紫色,隶属珊瑚纲、软珊瑚目、紫珊瑚科。2019年发现于西太平洋卡罗琳海山1549米水深处。

海洋所裸毛鳞虫(新种)长6~7厘米,体覆闪亮的金色鱼叉状刚毛,隶属多毛纲、鳞沙蚕科、裸毛虫属。于2019年发现于卡罗琳海山888~980米的岩石底。

海洋所三歧海牛(新种)体长达12厘米,前部呈粉红色,以红珊瑚为食,是首次在西太平洋发现的深海海蛞蝓(又称海兔),隶属腹足纲、裸鳃目、三歧海牛科。2019年发现于西太平洋卡罗琳海山970~1262米深的岩石底。

海洋所异胸虾(新种)是铠甲虾新种,隶属甲壳动物亚门、软甲纲、十足目、异胸科。成体长约18厘米,头胸甲胃区长有六边形排列的刺,螯足和步足细长,长有6或7列尖刺。该种与珊瑚共生,于2017年、2018年分别发现于卡罗琳海山和麦哲伦海山1246~1366米深处。

海洋所所长茎海绵(新种)高达450厘米,长茎杆上生有多个分支,顶端具蘑菇状的小海绵体,隶属六放海绵纲、松骨海绵目、花骨海绵科。2017、2019年发现于西太平洋卡罗琳海山859~1054米深的岩石上。

中国农科院油料作物研究所

首个油菜基因转录数据库构建成功



研究中所使用的油菜品种“中双11号”。
中国农科院油料作物研究所供图

本报讯(记者李晨)近日,中国农科院油料作物研究所油料作物基因组学与抗病性改良创新团队破译了油菜基因组的全转录信息密码,构建了油菜十余万个基因的转录全景图,使得油菜基因功能研究第一次有了标准的可参考的基因转录数据库,将有力支撑油菜功能基因的相关研究。相关论文在线发表于《植物学报》。

团队首席科学家刘胜毅介绍,油菜基因组包含约12亿个碱基和十余万个基因,如何解读这些海量的基因组信息成为功能基因组研究的重要任务。

根据中心法则,基因通过转录形成mRNA再翻译成蛋白质。由于基因的转录通常存在多种可变的剪切方式,一个基因可以形成许多种不同的mRNA。此前,受技术和资源的限制,油菜一直缺乏全基因组水平所有基因的转录mRNA数据库,导致油菜基因功能研究缺乏可查询和可参考的基因注释信息。

为了突破这一瓶颈,该团队采用最新的三代测序技术准确测定了油菜全长转录组,并自主开发了一套用于多倍体油菜复杂基因组的分型方法,绘制了油菜基因组的转录全景图,构建了油菜的标准参考转录本数据库。

该成果更新了人们对油菜基因和基因组的认识和理解,将为甘蓝型油菜功能基因和遗传改良研究及基因组设计育种提供数据基础和理论指导。

相关论文信息:<https://doi.org/10.1111/tpj.14754>

简讯

2020 上海国际青少年科技博览会举行

本报讯 近日,由上海市教委和上海市科委联合主办的2020(第八届)上海国际青少年科技博览会在沪开幕,并通过网络进行线上直播。

本届博览会以“科技·创新·梦想”为主题,收到来自中国、加拿大、芬兰等9个国家的405项青少年科创项目,主办方从中精选出150项亮相该博览会。展馆共设“青少年科技创新成果”“明日科技之星优秀作品”“科技创新教育区教育局”“科学创新实践工作站”“示范性科普场馆”“科技创新教育企业机构”六大展区和200多个展位供青少年“云上”探索。(黄辛)

第三届绿色经济(广州)创新创业大赛颁奖

本报讯 近日,由广州市市场监督管理局(知识产权局)指导、广东省知识经济发展促进会主办的第三届绿色经济(广州)创新创业大赛颁奖典礼暨项目路演在广州举办。“超临界真空萃取流体技术—萃取高纯度竹叶黄酮素”等10个优质项目分别荣获一、二、三等奖,12个项目被评为优秀奖。

本届大赛参赛获奖项目分别来自生物医药、节能环保、新能源、新材料、生态农业等相关领域。与往届相比,本届大赛参赛项目更多、技术创新水平更高,发明专利申请量也更多。参赛项目累计申请发明专利200余项,经过大赛辅导新增发明专利申请数十项。(朱汉斌)

中科院烟台海岸带所与烟台签署战略合作协议

本报讯 近日,烟台市海洋发展和渔业局与中科院烟台海岸带研究所共同签订了战略合作框架协议,双方在蓝色种业硅谷建设、海洋监测与生态修复、现代化海洋牧场建设、水产品精深加工体系、海岸带保护与利用规划等方面达成广泛合作意向。

据悉,2019年烟台市全市海洋经济增长率达到10.7%,产值约占全市GDP的1/4。此次签约,对于进一步贯彻落实海洋强国战略与生态文明建设战略,推动烟台市海洋经济更快更好地发展,加快海洋大市建设,促进产学研合作具有积极的意义。(廖洋 高丽梅)

杭州立法 禁止向钱塘江投放外来物种

据新华社电 为了保护钱塘江及两岸区域的自然资源、人文资源,浙江省十三届人大常委会第二十二次会议7月31日批准《杭州市钱塘江综合保护与发展条例》,明确提出禁止向钱塘江投放外来物种。

条例指出,参与钱塘江综合保护与发展工作的单位和个人应当严格保护钱塘江及两岸区域内的自然资源、人文资源和生态环境,保持地区特色和传统风貌。同时,杭州市要建立乡土物种保护制度,保护具有重要生态、观赏价值的乡土景观植物群落、乡土物种组成的生态系统。(岳德亮)



7月31日,在青海野生动物救助中心野外放归地,一只被放归的红隼雏鸟准备出笼。当日,青海野生动物救助中心(西宁野生动物园)对近期救助的5只红隼进行野外放归。这5只红隼均为市民发现并主动联系救助中心进行救助,经过一段时间的观察和精心照顾,目前它们已具备基本野外生存能力,工作人员在放归后会在放归点投放食物并定时观察,确保雏鸟放归期安全,直到它们完全融入自然环境。

在放归活动中,有一只红隼飞行能力较弱,工作人员决定将其回收,继续强化训练。

新华社记者张龙摄

MMA 生产新工艺完成千吨级中试

本报讯(记者刘万生 通讯员苗翠兰)近日,“纳米金催化甲基丙烯酸酯一步法氧化酯化制MMA新工艺”在辽宁盘锦通过了中国石油和化学工业联合会组织的科技成果鉴定。鉴定委员会专家一致认为,该成果属于国内首创,总体上达到国际先进水平,建议加快示范工程建设和推广应用。

“纳米金催化甲基丙烯酸酯一步法氧化酯化制MMA新工艺”技术由中科院大连化学物理研究所研究员黄家辉团队历时6年研发试验,并与青岛三力本诺新材料股份有限公司、清华大学化学工程系紧密合

2020 之江杯全球人工智能大赛开锣

本报讯(记者丁佳)8月1日,由之江实验室、中国信息通信研究院、中国人工智能产业联盟和杭州市人民政府共同举办的2020之江杯全球人工智能大赛正式启动。本届大赛共设置多个奖项,奖金总额达260万人民币,同时还会有产业及人才政策等相关支持。

“我们从人工智能技术在实际应用中的安全可靠问题出发,设计了本届大赛的四大赛题——零样本目标分割、语音鉴伪、视频生成和无人车安全驾驶仿真。这些都是目前人工智能基础算法寻求突破,且在产业创新应用方面大有可为的技术难题。”

作和攻关,于2019年8月在该所盘锦产业技术研究院启动千吨级中试装置建设。今年7月,该技术通过中国石油和化学工业联合会组织的72小时满负荷连续稳定运行考核,结果表明,甲基丙烯酸酯转化率93.2%,MMA选择性达96.9%,各项指标达到预期目标。

MMA即甲基丙烯酸甲酯,是一种重要的化工原料,是有机玻璃、涂料、润滑油添加剂等材料的基础原料。我国MMA年需求量近百万吨,实际产量约70万吨/年,缺口部分依赖进口,特别是高端MMA产

品高度依赖进口。目前国内MMA人均消费量只有日本、美国的约1/5,未来市场需求量很大。

黄家辉介绍“甲基丙烯酸酯一步法氧化酯化制MMA新工艺”具有流程短、反应条件温和、无有毒物质排放、转化率和选择性高等优点,与“乙烯氨甲酰化制丙醛”“丙醛甲基羟醛缩合制甲基丙烯酸”工艺结合,可以形成乙烯三步法合成MMA的新工艺。该项目开拓了MMA合成的新途径,将有效弥补我国MMA生产工艺水平落后的现状,具有很好的应用前景。

“语音鉴伪挑战赛”的赛题任务是对使用AI算法模拟伪造生成的音频文件进行准确识别,同时对真实录制的音频文件

进行说话人识别。”陈刚表示,这道赛题的难度在于同时对算法的伪语音判断力和说话人识别准确率提出了很高要求。

视频生成挑战赛是一项结合了计算机视觉、自然语言处理和对抗神经网络的综合任务。任务要求选手的算法模型要利用断续的帧图像结合描述性文本,生成符合要求的单帧图像,并且要求最终生成的所有单帧图像能够自动合成流畅连贯的视频。

无人车安全驾驶仿真赛则是针对近年来大热的无人驾驶技术,提出的一项测试无人车安全驾驶算法及系统的赛题。

团队首席科学家刘胜毅介绍,油菜基因组包含约12亿个碱基和十余万个基因,如何解读这些海量的基因组信息成为功能基因组研究的重要任务。

根据中心法则,基因通过转录形成mRNA再翻译成蛋白质。由于基因的转录通常存在多种可变的剪切方式,一个基因可以形成许多种不同的mRNA。此前,受技术和资源的限制,油菜一直缺乏全基因组水平所有基因的转录mRNA数据库,导致油菜基因功能研究缺乏可查询和可参考的基因注释信息。

为了突破这一瓶颈,该团队采用最新的三代测序技术准确测定了油菜全长转录组,并自主开发了一套用于多倍体油菜复杂基因组的分型方法,绘制了油菜基因组的转录全景图,构建了油菜的标准参考转录本数据库。

该成果更新了人们对油菜基因和基因组的认识和理解,将为甘蓝型油菜功能基因和遗传改良研究及基因组设计育种提供数据基础和理论指导。

相关论文信息:<https://doi.org/10.1111/tpj.14754>