Written by Administrator
Friday, 20 October 2017 10:26 -

Una până la zece mutații genetice sunt necesare pentru dezvoltarea unui caz de cancer, se arată într-un studiu publicat joi în jurnalul american "Cell", citat de Xinhua.

Concluziile cercetării au arătat, de asemenea, că numărul de mutații ce conduc la formarea tumorii variază considerabil de la un tip de cancer la altul.

Spre exemplu, circa patru mutații per pacient, în medie, sunt responsabile de declanșarea cancerului de ficat, în timp ce o tumoare la nivel colorectal presupune existența a circa zece mutații.

"Am abordat o întrebare care persistă de multă vreme în domeniul studiului cancerului, dezbătută încă din anii '50: de câte mutații este nevoie pentru ca o celulă normală să devină una canceroasă?", a notat într-o declarație Peter Campbell de la Wellcome Trust Sanger Institute din Marea Britanie, autor principal al cercetării.

"Răspunsul este: doar câteva", a precizat el.

Descoperirile studiului s-au bazat pe analiza a 7.664 de tumori cuprinzând 29 de cancere diferite cu ajutorul unei tehnici adaptate din domeniul evoluției.

Una dintre cele mai uimitoare descoperiri ale cercetării a fost aceea că mutațiile sunt în general bine tolerate de celulele corpului. Acest lucru a fost surprinzător deoarece mutațiile pe care indivizii le moștenesc de la părinții lor sunt de obicei puțin tolerate și sunt, în mare parte, pierdute de-a lungul evoluției. Însă, în celulele corpului, pe măsură ce cancerul se dezvoltă, aproape toate mutațiile persistă fără a afecta supraviețuirea celulei.

În cadrul studiului, oamenii de știință au mai dezvăluit că aproximativ jumătate dintre aceste mutații care declanșează cancer apar în gene care nu sunt încă identificate drept gene canceroase.

"Există deja multe informații cu privire la cele mai importante gene implicate în cancer; însă sunt încă multe alte gene care trebuie descoperite", a declarat Inigo Martincorena de la Wellcome Trust Sanger Institute, autor principal al studiului. "Va fi nevoie să compilăm un număr și mai mare de cancere studiate prin secvenționarea ADN-ului, până la ordinul zecilor de mii, pentru a identifica aceste gene evazive", a adăugat el.

AGERPRES