



您所在的位置： 专业版 >> 科学研究 >> 研究进展 >> 正文

科学研究

院所科研情况介绍

项目课题

研究进展

学术交流

科技成果

科研管理系统

仪器共享

科研动态

研究进展

中国人群结直肠癌分子病理流行病学研究

作者：病理科 应建明

字号：

发布时间：2016-01-20

分子病理流行病学 (Molecular pathological epidemiology, MPE) 是以分子病理和疾病异质性为基础, 运用流行病学研究设计方法, 综合分析暴露因素、生活习惯以及疾病个体分子水平上改变对疾病发展、预后和结局的影响。中国医学科学院肿瘤医院病理科应建明教授及其团队对945例中国人群进行结直肠癌分子病理流行病学分析, 通过系列研究部分阐明结直肠癌分子分型与疾病暴露因素及临床病理特征之间的关系。目前, 该研究发表在2015年《Oncotarget》上。

病理科分子病理实验室从2010年开展结直肠癌基因突变检测, 在工作中建立了基于石蜡组织、DNA标本、临床及病理资料、流行病学资料、分子检测结果的结直肠癌大数据库。在针对945例中国人群结直肠癌分子流行病学分析, 发现中国人群中KRAS基因突变率为36%左右, BRAFV600E 基因突变率为3.5%左右, KRAS突变的肿瘤好发生于女性及非吸烟人群, 此外该群患者术前肿瘤标志物CEA和CA19-9升高。KRAS基因特定突变位点与患者生存相关, 12号密码子突变的肿瘤淋巴结转移率更高且pTNM分期更高, 患者生存较差。此外, 利用错配修复基因 (Mismatch repair, MMR) 与KRAS突变状态对结直肠癌患者进行分层分析, 发现dMMR患者无论KRAS突变与否, 肿瘤多位于右半结肠 (72.4%), 且多为粘液性肿瘤。与pMMR- KRAS(-)相比, pMMR-KRAS(+)肿瘤淋巴结转移率最高。

该系列研究初步探索了结直肠癌分子病理流行病学研究方法, 并建立了基于组织病理诊断和分子病理检测的结直肠癌数据库。在更加注重个体和疾病异质性的精准医学时代, MPE研究能够在基因、分子、细胞和人群水平上, 结合生物大数据库、基因测序、临床病理特征, 阐释多因素参与下的结直肠癌发生发展机制, 提升结直肠癌早期预防及个体化治疗水平。

该研究受中国医学科学院肿瘤医院青年骨干计划 (应建明)、国家自然科学基金青年项目 (李文斌) 支持, 第一作者为病理科李文斌, 通讯作者为病理科应建明教授。全文链接:

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26530529

上一篇: ER阴性, 单PR阳性, HER2阴性的乳腺癌预后较...

下一篇: 乳腺癌保留乳房手术联合术中放射治疗获得国...

分享到:

友情链接 | 挂靠单位

中华人民共和国国家卫生健康委员会
北京市卫生健康委员会
中国医学科学院 北京协和医学院
39健康网
中国临床肿瘤学会

联系我们

医院微博
联系方式

关于网站

手机版下载
网站地图
版权声明
网站帮助

中国医学科学院肿瘤医院 版权所有

地址: 北京市朝阳区潘家园南里17号
邮编: 100021 联系电话: 010-67781331
京ICP备08103129号
京卫网审[2013]第0150号
文保网安备案号:1101050045
京公网安备 11010502031352号
工信部链接: http://beian.miit.gov.cn