

我国研究发现非吸烟肺腺癌人群中关键致癌基因突变谱

肺癌具有非常高的发病率和致死率，在全球范围内其五年存活期大约在15%。在我国，每年约有40万人死于肺癌。卫生部门公布的第三次死因调查结果显示，肺癌导致的死亡人数在过去三十年中上升了465%。从病理学的角度，肺癌大致可以分为小细胞肺癌和非小细胞肺癌，其中后者又可细分为腺癌、鳞癌和大细胞癌。目前腺癌是肺癌的各种亚型中最为常见的，在每年全球确诊的新增病例中约占到40%。

早在上世纪五十年代，人们就逐渐认识到了肺癌与吸烟的相关性，其中以小细胞肺癌与吸烟的关系最为密切。90%以上的小细胞肺癌患者来源于吸烟人群；而75%左右的鳞癌患者来源于吸烟人群；相比较而言，只有50%的肺腺癌患者是吸烟者。基于肺腺癌在我国的高发，来源于非吸烟人群的肺腺癌患者已经不在少数，而且在非吸烟的肺腺癌患者中女性占到绝大多数。因此，由非吸烟人群来源的肺腺癌已经成为了一种新型的疾病。肺腺癌中存在的关键基因突变或基因融合一方面对于肿瘤细胞的存活是至关重要的，另一方面为肿瘤的分子靶向治疗提供了有效的靶标。如果知道了是哪些基因发生了突变并导致癌症的发生发展，在临床上就有可能选择性地给患者提供针对性的靶向治疗，即个体化治疗

(Personalized therapy)。因此，揭示非吸烟肺腺癌人群中关键的致癌基因突变谱，将为临床的靶向治疗提供理论依据和新的策略。

中国科学院上海生命科学研究院生化与细胞所季红斌研究员与复旦大学附属肿瘤医院胸外科陈海泉教授合作，在建立高质量的肺癌样本库的基础上，分析了非吸烟肺腺癌患者来源的肿瘤样本中关键致癌基因的突变。研究表明，在52例非吸烟肺腺癌患者来源的肿瘤样本中，其中90%存在着已知的致癌基因突变或融合，包括41例有EGFR激酶域突变；2例有HER2激酶域突变；3例有EML4-ALK基因融合；1例有KRAS的突变。

这是国际上首次报道非吸烟肺腺癌患者来源的肿瘤样本中所有关键致癌基因的突变谱，将为临床上这一肺癌患者人群的个体化治疗提供理论基础和实践指导。由于目前临床上已经有一些小分子药物可以有效地抑制突变的EGFR、HER2和ALK的活性，因此这项研究表明，绝大多数非吸烟的肺腺癌患者是有可能从这些药物的治疗中获益的。这一研究成果发表在国际知名学术期刊《临床肿瘤学杂志》(*Journal of Clinical Oncology*)。

该研究课题获得国家科技部、国家自然科学基金委和上海市科委的项目经费资助。

[更多阅读](#)

[《临床肿瘤学杂志》发表论文摘要（英文）](#)

特别声明：本文转载仅仅是出于传播信息的需要，并不意味着代表本网站观点或证实其内容的真实性；如其他媒体、网站或个人从本网站转载使用，须保留本网站注明的“来源”，并自负版权等法律责任；作者如果不希望被转载或者联系转载稿费等事宜，请与我们联系。

 打印 发E-mail给：



以下评论只代表网友个人观点，不代表科学网观点。

目前已有0条评论