



美国国家科学院院刊发布我院肿瘤中心王红霞团队乳腺癌代谢血清指纹图谱研究成果

2022-03-31

乳腺癌位于女性恶性肿瘤发病率的首位，高效的分析工具对于乳腺癌的早期有效诊断和预后预测至关重要。目前，临床上仍依赖于乳房X光摄影、磁共振成像和超声检查等组织病理学分类的常规检测方法，在早期诊断和发现复发转移方面有一定的滞后性。2022年3月19日，美国国家科学院院刊（PNAS）在线发表了我院肿瘤中心王红霞团队关于高效乳腺癌代谢指纹图谱用于乳腺癌诊断和预后预测的研究成果。

乳腺癌发生和复发转移中伴随着癌细胞生物学表型和代谢供能方式的改变，对其代谢特征的分析有助于揭示疾病进展的实时状态。王红霞团队采用高通量的NP/ELDI-MS技术替代传统质谱检测，通过大样本的临床队列研究，解析了乳腺癌患者、良性乳腺疾病和健康人群的血清代谢指纹图谱（serum metabolic fingerprints, SMFs）。研究表明，从乳腺癌获得的基于SMFs的代谢组学信息在乳腺癌患者和非乳腺癌个体之间显著不同；SMFs在乳腺癌和非乳腺癌患者的早期诊断方面性能优良（AUC为0.948，95% CI：0.922-0.973，准确率为88.8%，敏感性为88.9%，特异性为88.8%），显示了很好的临床应用前景。

在此基础上，研究团队采用Cox回归模型构建了一个基于4种代谢物的代谢预后评分系统（MP-score）。ROC分析表明，基于4种代谢产物的MP-score无论在测试队列和验证队列评估中都显示出对于乳腺癌患者预后、复发转移监测的高灵敏性和特异性，显著优于传统的TNM分期系统。由SMFs建立的代谢预后评分系统可有效地预测患者的预后和生存率（ $p < 0.005$ ）。该指纹图谱与检测技术具有良好的再现性、快速分析能力（每个样本仅需30秒）和样本消耗量小（仅需100 nL血清）等优势，便于在临床大规模应用推广，使高性能快速血检成为可能。

这项研究由我院肿瘤中心主任王红霞与上海交通大学生物医学工程学院钱坤研究员共同合作开展，黄议达硕士研究生、杜少倩硕士研究生、刘俊副主任医师为共同第一作者。这项工作为乳腺癌代谢组学研究的后续开展提供了新的靶点。同时，血清代谢指纹图谱的构建提供了一个可用于临床血液学检测的有效工具，并强调代谢特征是疾病的潜在诊断和预后因素，可拓展应用于除乳腺癌外的其他肿瘤。我院肿瘤中心长期招收博士后，有意者请将个人简历发至：whx365@126.com。

（通讯员/肿瘤中心 陶威）

上一条: 我院临床研究院王宏林团队在EMBO Reports再次发表自身免疫性疾病治疗创新性成果

下一条: 医疗队为“大小战友”递上手绘贴纸 援鄂“95后护士”再执画笔原创