



www.most.gov.cn

我国科学家发现血液中的嵌合常染色体变异有望作为一类新型标志物预测肺癌的发病风险

日期：2022年12月16日 19:15 来源：科技部生物中心 【字号：大 中 小】

肺癌是全球癌症死亡的主要原因。人群风险筛查可有效降低肺癌发病率和死亡率。遗传和非遗传因素都会影响肺癌的发生和发展。全基因组关联研究已经确定了肺癌的许多遗传基因易感位点。通过结合这些易感位点构建的多基因风险评分(PRS)已被证明可有效地量化肺癌的个体风险。然而，由于非遗传因素的影响，PRS的预测性能在个体之间差异较大。因此，将PRS与其他非遗传因素相结合，可能有助于提高肺癌的个体化风险预测性能。

近日，我国南京医科大学研究团队在《The Lancet Oncology》期刊上发表题为“Association of the interaction between mosaic chromosomal alterations and polygenic risk score with the risk of lung cancer: an array-based case-control association and prospective cohort study”的文章，将PRS与非遗传因素—血液中的嵌合常染色体变异(mCAs)相结合，以提高肺癌的个体化风险预测性能。

该研究对南京肺癌队列(NJLCC)和英国生物样本库(UKB)队列的mCAs进行了检测分析。NJLCC共纳入10 248人，其中肺癌患者9298人，UKB共纳入450821人，其中肺癌患者为2088人。研究结果显示，与不携带mCAs的人群相比，NJLCC队列和UKB队列中携带mCAs的个体发生肺癌的风险分别增加19%和24%。该研究进一步分析发现，NJLCC队列中，PRS遗传风险低、不携带mCAs和PRS遗传风险高、携带mCAs参与者相比，患肺癌的风险增加了约6倍(OR 6.40 [95% CI 3.22 - 12.69])，而在UKB队列中，患肺癌的风险增加了近4倍(HR 3.75 [95% CI 1.86 - 7.55])。该研究结果显示，mCAs作为一种新的肺癌风险内源性指标，可与PRS联合使用，优化肺癌的个体化风险分层，提升肺癌的个体化风险预测性能。该研究的发现有助于完善肺癌高危人群的筛查策略，为肺癌的精准诊疗提供重要的理论依据。

论文链接：

[https://www.thelancet.com/journals/lanonc/article/PIIS1470-2045\(22\)00600-3/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lanonc/article/PIIS1470-2045(22)00600-3/fulltext)

注：此研究成果摘自《The Lancet Oncology》杂志，文章内容并不代表本网站的观点和立场，仅供参考。

扫一扫在手机打开当前页



打印本页

关闭窗口

