
研究发现一种预测乳腺癌新辅助化疗敏感性的方法

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/15598.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

近期，中国科学院合肥物质科学研究院健康与医学技术研究所研究员杨武林课题组、研究员戴海明课题组在肿瘤分子标志物领域取得进展，发现一个可预测乳腺癌新辅助化疗敏感性的基因标签。乳腺癌是一种生物学特征高度异质性的恶性肿瘤。预测乳腺癌的治疗敏感性，选择最有效的治疗方法可避免过度治疗，是其精准治疗的基础。该研究构建了与乳腺癌新辅助化疗敏感性相关的25个基因构成的基因标签，可通过计算预测评分，准确预测乳腺癌患者对紫杉醇和蒽环新辅助化疗的反应，甄别患者是否从化疗中获益，从而指导化疗方案的选择。

该基因标签同时在不同数据平台和不同乳腺癌亚型上表现出良好的预测能力和泛化能力，具有临床应用潜力。基于基因功能富集的分析显示，这组基因标签主要由免疫调节基因所构成，表明肿瘤组织的免疫微环境在化疗疗效中发挥作用。

相关成果发表在Frontiers in Immunology上。研究得到中科院合肥肿瘤医院、安徽医科大学第二附属医院、中国科学技术大学附属第一医院等支持，国家自然科学基金、安徽省医学物理重点实验室基金等资助

[论文链接](#)

研究团队单位：合肥物质科学研究院

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](#)转发