
Nature Commun：乳腺癌复发的新机制

作者：writer 来源：本站

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/1872.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！

2018年9月6日讯，根据贝勒医学院圣路易斯华盛顿大学医学院和不列颠哥伦比亚大学的研究人员的研究，大型基因组分析将某些DNA突变与雌激素受体阳性乳腺癌复发的高风险联系起来，而其他突变与更好的结果相关联。这些知识可以帮助预测哪些患者最有可能患上癌症，并且可以帮助指导治疗决策。它还为新发现的高危突变患者开辟了更积极的治疗方法。该研究于9月4日刊登在Nature Communications杂志上。

研究人员分析了超过2,500名雌激素受体阳性乳腺癌患者的肿瘤样本，这是该疾病最常见的形式之一。这些癌细胞具有与细胞核中的激素雌激素结合并驱动肿瘤生长的受体。根据美国癌症协会的数据，美国每年有超过266,000名女性被诊断出患有浸润性乳腺癌，并且约70%的患者是雌激素受体阳性。ER阳性乳腺癌患者有许多治疗选择，阻止雌激素受体阻止肿瘤生长。这种激素疗法比传统的化学疗法和放射疗法有效且毒性更小。但是一些肿瘤对这些治疗产生了抵抗力，这些治疗方法的变异促使生长发育，而不依赖于雌激素的存在。这些类型的突变引起了极大的兴趣，因为它们是导致乳腺癌死亡的主要原因。

我们希望帮助医生找出可能做得好的患者与那些可能复发的患者，第一作者Obi L. Griffith博士说，他是医学助理教授，也是麦克唐纳基因组研究所的助理主任。在华盛顿大学医学院。那些与良好预后相关的突变可能需要较少的强化治疗，但是如果患者的肿瘤具有与高复发风险相关的突变，那么早期知道它们可以更积极地治疗是有用的。治疗甚至可能针对其特定突变的潜在研究疗法。这项新研究证实了过去的研究表明，MAP3K1和TP53基因中相对常见的突变对肿瘤侵袭性有相反的影响。MAP3K1突变的患者表现良好，而TP53突变的患者可能复发。该研究还确定了三种基因--DDR1，PIK3R1和NF1--具有相对不常见的突变，这些突变与癌症复发和扩散有关。

尽管DDR1和NF1的突变被认为是罕见的，但它们与早期复发有关，这使得它们在不幸死于该疾病的患者中更为常见，因此可能成为关键的治疗靶点，Matthew J. Ellis，MB说。

贝勒医学院的BChir博士。

他们的鉴定也为我们提供了非常重要的分子线索，探讨了侵袭性肿瘤行为的本质。很可能这些基因现在将被纳入基因组测试，特别是在开发针对这些突变的临床试验时需要如此Ellis补充道。这项研究的一个独特要素是样本的年龄。许多人已超过20岁，让研究人员了解患者的病史。但与最近的癌症测序研究不同，这些患者的健康组织和血液样本都不会被收集或存储在肿瘤旁边。这意味着旧的肿瘤样本无法与来自同一患者的正常DNA进行比较。比较同一患者的健康组织与肿瘤组织的DNA可以帮助识别驱动癌症的突变。

根据共同第一作者，格里菲斯实验室的研究生Nicholas C. Spies的说法，科学家现在有足够的健康

基因组测序，能够在广泛的人群水平上比较正常的基因组与癌症基因组，并使用大数据生物信息学方法来拉动即使在那些无法与同一患者的健康DNA进行直接比较的旧样本中，也可能导致癌症的突变。研究人员还指出了继续对癌症基因组进行测序的重要性。

格里菲斯说：随着所有乳腺癌的测序已经完成，人们很容易认为我们已经找到了重要的东西。但是这项研究告诉我们还有更多要发现的东西。

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](http://www.iikx.com)转发