
肠道菌群可助诊断鼻咽癌？研究发现诊断新思路

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/39667.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！

肠道菌群可助诊断鼻咽癌？研究发现诊断新思路。中山大学肿瘤防治中心教授麦海强/唐林泉团队与中国农业科学院深圳农业基因组研究所研究员刘永鑫团队合作，首次在大规模人群中系统描绘鼻咽癌患者的肠道菌群特征，揭示其与EB病毒（EBV）载量的显著关联，并构建了高精度的诊断与预后预测模型。相关成果近日发表于《肠道》（Gut）。

过去10年，肠道菌群已被证实与结直肠癌、肝癌、胰腺癌等多种癌症相关，但其在EBV相关鼻咽癌中的作用尚不明确。全球超90%的人曾感染EBV，仅少数人发展为鼻咽癌。研究团队认为，宿主微环境与免疫状态（包括肠道菌群）可能是决定疾病转归的重要因素。

为此，研究团队共纳入516例鼻咽癌患者与263例健康对照者的粪便样本，进行宏基因组测序。结果显示：鼻咽癌患者肠道菌群显著失衡——产丁酸等有益代谢物、参与免疫调节的细菌（如Roseburia、Blautia）明显减少，而与炎症相关的条件致病菌（如Escherichia coli、Desulfovibrio piger）显著增多。

值得关注的是，患者血浆EBV DNA载量越高，肠道菌群紊乱程度越严重，两者高度同步。这是首次在大规模人群中描绘出肠道菌群特征与EBV状态之间的潜在关联图谱。

研究团队利用机器学习筛选出26个关键菌群标志物，构建鼻咽癌诊断模型。单独使用肠道菌群标志物具有较高灵敏度；将其与EBV标志物（EBV DNA+EBNA1抗体+VCA抗体）联合诊断，特异性由79.6%提升至96.2%，呈现1+1>2的协同效应。在早期（I-II期）患者中，联合检测效能仍显著优于任一单一指标，显示出良好的早期诊断潜力。由于菌群检测无创、便捷，可作为EBV检测的有力补充，尤其适用于早期筛查与高危人群识别。

该研究还筛选出16个与生存相关的菌种，构建预后微生物评分（PMS）。高PMS组3年总生存率为76.4%，低PMS组为95.6%。即使校正年龄、性别、EBV DNA、TNM分期后，PMS仍是独立预后因子（HR=3.40）。联合PMS与EBV DNA可进一步细化风险分层：高风险组（PMS高+EBV DNA高）3年总生存率仅67.2%，低风险组（PMS低+EBV DNA低）达98.2%。

基于36例鼻咽癌患者的肿瘤组织RNA测序分析发现：高PMS+高EBV DNA组患者肿瘤微环境中功能性早期耗竭T细胞比例显著下降。提示肠道菌群失衡可能通过系统性免疫调节，加剧EBV诱导的T细胞耗竭，进而促进肿瘤进展。

该研究是目前鼻咽癌领域规模最大的肠道菌群宏基因组学研究。结果表明，鼻咽癌患者肠道菌群

具有独特特征，且与EBV DNA载量显著相关。这些菌群特征不仅可用于早期识别与预后预测，还与肿瘤免疫状态密切相关，暗示肠道微生物可能参与影响鼻咽癌的发生、发展与转归。（来源：中国科学报 朱汉斌）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1136/gutjnl-2026-338223>

作者：麦海强等 来源：《肠道》

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](https://www.iikx.com)转发