

摘要

東亞肺癌病人大多屬非抽菸、早發性及具有EGFR突變，雖然EGFR突變之病人可受惠於標靶療法，然而，多數病人在治療過程中會產生抗藥性，不同EGFR突變肺癌病人的總存活率與癌症進展不盡相同。為了解決臨床未滿足需求，我們設計一個前瞻性的非小型細胞肺腺癌族群實驗，收集台灣多數為早期與非抽菸的肺腺癌族群，進行病人的癌症及周邊正常組織之深度蛋白質體及磷酸化蛋白質體分析。此研究中，我們建構了一個分析流程，解析肺癌獨特的分子表徵，闡述了腫瘤進展的的蛋白體標誌，蛋白體分群提供一新穎分類法，用以區分EGFR突變早期病人的臨床特徵(包括惡性徵兆及存活率等)，有助於精準臨床診斷。

技術優勢

1. 我們所建立的蛋白體整合分析技術具高靈敏度，超越美國癌症研究所制定的標準(>10,000個蛋白質)，具有和基因體匹配的深度，以達高品質蛋白基因體分析。
2. 高效能蛋白體亞型分群分析技術篩選出惡性的臨床早期肺腺癌病人，為臨床分期判斷、早期癌症候選標記與用藥指標的選擇，提供了新的分子亞型分群。

本院覽號

03A-1090210

公告日期

2020-12-06

智財權狀態

美國臨時案已申請

應用範圍

1. 利用蛋白體亞型分群可區分早期病人的臨床特徵，及提升早期肺腺癌分層的臨床分期的準確性。
2. 利用蛋白體分群亞型揭露了在早期肺腺癌與腫瘤進展相關的分子重塑，並突顯出候選蛋白質生物標記與用藥指標。

創作人

陳誼如、張雅煊、俞松良、陳惠文、陳晉興、張基晟、楊泮池、陳璿宇、陳玉如、Jyoti S. Choudhary、Theodoros I. Roumeliotis

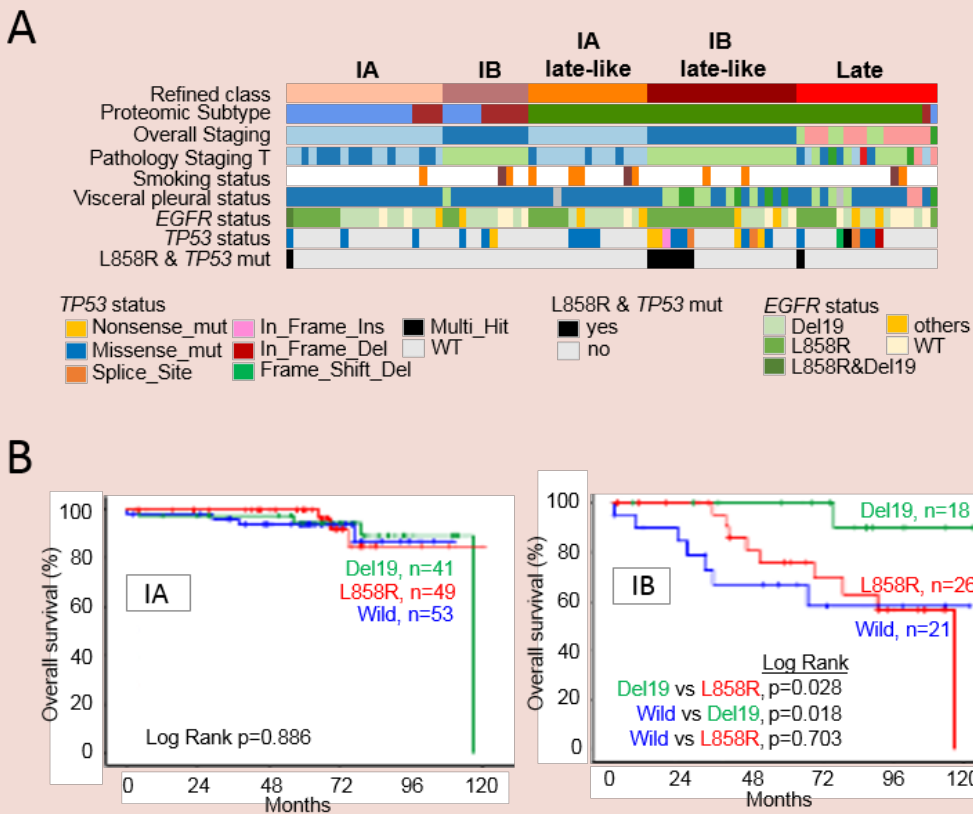


圖1. 蛋白體亞型分群(subtyping)提升對早期肺腺癌臨床分期的判斷

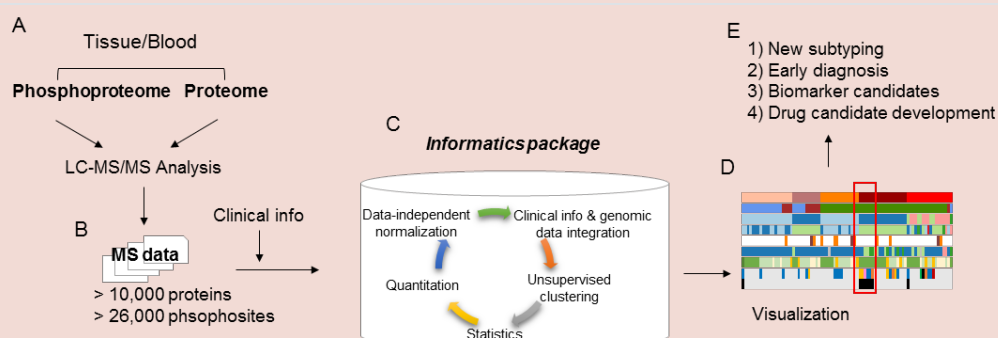


圖2. 以整合型深度蛋白體技術與生物資訊分析判斷早期肺腺癌病人之高風險存在之流程說明。