

財團法人李美蓉癌症醫學研究基金會

109 年度研究成果報告摘要表



題目：藉目標基因定序來提高乳癌多基因標記
的預後及預測

計畫主持人：曾令民 醫師

財團法人李美蓉癌症醫學研究基金會

109 年度自行研究成果報告摘要表

研 究 題 目	藉目標基因定序來提高乳癌多基因標記的預後及預測
計 畫 主 持 人	乳房醫學中心 黃其晟、曾令民、劉峻宇、趙大中、蔡宜芳、林燕淑
研 究 期 程	109 年 1 月至 109 年 12 月
內 容 摘 要	一、研究緣起與目的 我們已發表的同向性基因標記是源自於基因組和基因轉錄間的一致性。確診乳癌受試者將會以乳癌多基因標記來檢驗，而被評估為高風險的乳癌將再對標靶基因做目標基因定序。這種整合方法會找出有臨床預後意義的可能治療標的，並藉此改善乳癌的風險預測。預測為高轉移或復發風險者應接受輔助化學或標靶治療，而治療引起的不適或合併症若考量其風險是可接受的。另一方面，預測為低風險者就可以考慮免除輔助治療來避免治療所引起的不適與傷害。本研究的目的是要利用次世代定序來提高乳癌同向性基因標記的預後和預測能力，並藉此建立一個台灣乳癌整合完善的分子圖譜，也會找出各種乳癌亞型在臨床上有意義的體細胞突變。 二、研究方法與過程 確診乳癌病人術後檢體將以乳癌多基因標記來檢驗，這是以基因表現量的圖譜來做區分，也就是以手術後剩餘檢體抽取出訊息 RNA 再以 microarray 定出基因的表現量。以中央研究院基因體研究中心實驗室 Clariom D Array 檢測乳癌腫瘤檢體基因體表達圖譜(transcriptome)。 三、研究發現與建議 結合多基因表現檢測作復發風險預測，再以次世代定序找尋可訴性突變(actionable mutations)來做為標靶治療的標的基因(targeted genes)，對於台灣乳癌精準與個人化醫

療，除了提升早期乳癌的風險預測，也增加中後期但尚未轉移乳癌可選擇的治療方式，接觸常規下無法取得的新療法如臨床試驗，進而提高其存活機率，這是我們今後努力的方向。