# RRM1、BRCA1 表达与Ⅲ<sub>R</sub>/Ⅳ期肺鳞癌患者 GP 方案化疗疗效的相关性

万一元1,程劲松1,惠红霞1,王晓炜1,吴 健2

(1南京医科大学附属淮安第一医院肿瘤内科,2病理科,江苏 淮安 223300)

[摘 要] 目的:观察肿瘤组织核糖核酸调节亚单位 1(RRM1)、乳腺癌易感基因 1(BRCA1)表达与Ⅲ<sub>ℓ</sub>/Ⅳ期肺鳞癌采用吉西他 滨联合顺铂(GP)方案化疗疗效的相关性。方法:初治Ⅲ√Ⅳ期肺鳞癌且体能状态(PS)评分0~2分、预计生存期≥3个月的患者 入选本研究。入选患者均进行 GP 方案化疗,每 3 周为 1 个周期,每 2 个周期评价 1 次疗效,共 4 个周期,无效者更换二线化疗 方案。免疫组化检测肿瘤组织中 RRM1、BRCA1 表达。根据 RRM1、BRCA1 表达高低分为 A 组(RRM1-/BRCA1-)、B 组(RRM1+/ BRCA1+)、C组(RRM1+/BRCA1-)、D组(RRM1-/BRCA1+)。评价疗效指标:客观反应率(RR)、总生存时间(OS)、肿瘤至进展时间 (TTP)。结果: ①人组 78 例Ⅲ<sub>№</sub>/N期肺鳞癌患者,RRM1、BRCA1 表达阳性率分别为 47.4%(37/78)、51.3%(40/78),RRM1、 BRCA1 不同表达的患者临床特征比较差异无统计学意义; ②78 例患者 A 组 22 例, B 组 21 例, C 组 19 例, D 组 16 例。化疗前4 组间的临床特征比较差异无统计学意义。4 组患者 RR 分别为 59.1%、38.1%、42.1%、43.8%;OS 分别为 (617.4 ± 19.6)、(299.2 ± 20.5)、(336.6 ± 22.7)、(324.7 ± 24.2)d;TTP分别为(274.9 ± 21.8)、(138.8 ± 18.0)、(172.3 ± 17.3)、(167.3 ± 19.8)d。其中A组的 RR、OS 及 TTP 均优于其他 3 组,差异有统计学意义(P值分别为 0.039、0.000 和 0.000)。结论:RRM1、BRCA1 可作为 GP 方案疗 效的预测分子;RRM1、BRCA1 低表达的肺鳞癌患者,可能是 GP 化疗方案的优势人群。

[关键词] 核糖核酸调节亚单位 1;乳腺癌易感基因 1;癌;肺鳞癌;抗肿瘤联合化疗方案;疗效

[中图分类号] R730.53

[文献标志码] A

[文章编号] 1007-4368(2013)10-1405-05

doi:10.7655/NYDXBNS20131015

The correlation of chemotherapeutic efficacy with ribonucleotide reductase subunit I and breast cancer susceptibility gene 1 protein expression in the stage III p/IV squaomas lung cancer patients

Wan Yiyuan<sup>1</sup>, Cheng Jinsong<sup>1</sup>, Hui Hongxia<sup>1</sup>, Wang Xiaowei<sup>1</sup>, Wu Jian<sup>2</sup> (<sup>1</sup>Department of Medical Oncology, <sup>2</sup>Department of Pathdogy, Huaian First Hospital Affiliated to NJMU, Huaian 223300, China)

[Abstract] Objective: To determine whether the protein expression of ribonucleotide reductase subunit 1 (RRM1) and breast cancer susceptibility gene 1(BRCA1) in tumor tissue could predict the efficacy of gemcitabine combined with cisplatin (GP) on stage III<sub>B</sub>/IV squaomas lung cancer. Methods: A total of 89 stage III<sub>B</sub>/IV squaomas lung cancer patients were included, only 78 patients were evaluated. Bronchoscopy or lung puncture tumor biopsies samples were obtained and RRM1, BRCA1 protein expression were examined immunohistochemically before chemotherapy, then the patients were randomly assigned to received 4 cycles of GP chemotherapy regiments. Follow-up was done afterwards until the patient died or could not be informed. Response rate (RR), overall survival (OS) and time to tumor progression (TTP) were assessed. Results: Among 78 evaluated patients, the positive expression rates of RRM1 and BRCA1 were 47.4% (37/78) and 51.3% (40/78), respectively. There was no significant difference between positive expression rates and patients' clinical characteristics. According to the different levels of RRM1 and BRCA1, the patients were divided into four groups: group A (low expression of both RRM1 and BRCA1), group B (high expression of both RRM1 and BRCA1), group C (high expression of only RRM1) and group D (high expression of only BRCA1). The RR was higher in group A than in other three groups (group A 59.1%, group B 38.1%, group C 42.1%, group D 43.8%). The OS and TTP were longer in group A than in other three groups [OS:group A (617.4 ± 19.6)days,group B (299.2 ± 20.5)days,group C (336.6 ± 22.7)days,group D  $(324.7 \pm 24.2)$ days; TTP: group A $(274.9 \pm 21.8)$ days, group B $(138.8 \pm 18.0)$ days, group C $(172.5 \pm 17.3)$ days, group D $(167.6 \pm 1.0)$ days, 19.8)days]. There were no significant difference among group B, C, and D. Conclusion: The expression level of RRM1 and BRCA1 in

sequomas lung cancer is probably predictive factor of the efficacy of GP chemotherapy regiments. It is more suitable for squaomas lung cancer patients who expressing lower RRM1 and BRCA1 to adopt GP chemotherapy regiments.

[Key words] ribonucleotide reductase subunit 1; breast cancer susceptibility gene 1; carcinoma; squaomas lung cancer; antineoplastic combined chemotherapy protocols; treatment outcome

[Acta Univ Med Nanjing, 2013, 33(10):1405-1409]

肺癌是世界上最常见的恶性肿瘤之一,其发病 率和病死率仍呈不断上升趋势。肺鳞状细胞癌是非 小细胞肺癌(NSCLC)中最为常见的病理类型之一, 约占 NSCLC 的 25%~30%。 ECOG1594 研究结果表 明吉西他滨联合铂类(GP)方案治疗晚期 NSCLC 较 铂类联合其他第三代化疗新药(异长春花碱和紫杉 类等)能明显延长至疾病进展时间和改善患者体能 状态(PS)评分,但客观有效率、总生存时间均无明 显差异[1]。JMDB 研究亚组分析显示 GP 方案较培美 曲塞联合顺铂(PD)方案对于肺鳞癌具有较长的生 存优势[2]。因此,GP方案已成为晚期 NSCLC 特别是 肺鳞癌患者较为常用的一线方案之一。但 GP 方案 并非对所有肺鳞癌患者均有效,其原因可能存在药 物敏感性的差异而导致疗效的差异。要解决 GP 化 疗方案对肺鳞癌敏感性问题,需要分别对两个药物 的敏感性预测标志分子进行检测,以明确两种药物 对疗效的影响。药物基因组学的研究结果显示核苷 酸还原酶调节亚单位 1(RRM1)与乳腺癌易感基因 1(BRCA1)表达分别与吉西他滨、铂类敏感性相关。 本研究通过联合检测肺鳞癌组织中 RRM1 与 BR-CA1 表达,探讨其表达对 GP 方案化疗疗效的影响, 为临床合理制订化疗方案、实施个体化治疗提供理 论依据。

#### 1 对象与方法

#### 1.1 对象

选择 2006 年 1 月~2009 年 12 月南京医科大学 附属淮安第一医院肿瘤内科经病理确诊的肺鳞癌患者 89 例,经纤维支气管镜或 CT 引导下肺穿刺活检获取肿瘤组织。按 1997 年国际抗癌联盟(UICC)TNM标准进行分期。初治、NSCLC 临床 TNM 分期 III <sub>B</sub>/IV期、PS 评分 0~2 分、预计生存期≥3 个月的患者人选本研究。本研究获得南京医科大学附属淮安第一医院伦理委员会批准,入选的所有患者均签署知情同意书。

# 1.2 方法

1.2.1 分组

根据 RRM1 与 BRCA1 表达情况分为 4 组:A 组:RRM1、BRCA1 阴性表达;B 组:RRM1、BRCA1 阳性表达;C 组:RRM1 阳性表达、BRCA1 阴性表 达;D 组:RRM1 阴性表达、BRCA1 阳性表达。

#### 1.2.2 治疗方案

详细记录入组患者的年龄、性别、吸烟状况、PS 评分、病理分级及 TNM 分期等临床资料。4 组患者均采用 GP 方案化疗吉西他滨(1 000 mg/m²,静脉滴注,第 1天)+顺铂(25 mg/m²,静脉滴注,第 1~3 天),第 22 天再次重复,2 个周期评价 1 次疗效,共 4 个周期,2 个周期无效者更换二线化疗方案,本研究共有 16 例更换二线化疗方案。从初次化疗日期起开始随访,记录患者疾病进展时间、死亡时间、生存时间 [OS,为患者开始化疗日期至死亡或最后 1 次随访日期(失访的患者)]、至肿瘤进展时间[TTP,为患者开始化疗日期至疾病进展或最后 1 次随访日期(失访的患者)]。

#### 1.2.3 疗效评价标准

疗效评价按照实体瘤疗效评价标准 1.1 版 (RECIST1.1),分为完全缓解(CR)、部分缓解(PR)、稳定(SD)和进展(PD),CR+PR 为客观有效率(RR),CR+PR+SD 为临床获益率。

1.2.4 免疫组化技术检测 RRM1、BRCA1 蛋白表达 采用二步法免疫组化技术检测 RRM1、BRCA1 蛋白表达, 试剂盒购自北京中杉金桥生物技术有限 公司。肿瘤组织石蜡切片,常规脱蜡水化后预处理, 3%H₂O₂孵育 10 min,阻断内源性过氧化物酶,蒸馏水洗 3次,每次 2 min;滴加 1:100 鼠抗人 RRM1 单抗(Santa Cruz 公司,美国)或 1:100 鼠抗人 BRCA1 单抗(Santa Cruz 公司,美国),以 PBS 代替一抗作为 阴性对照,室温孵育 1~2 h,蒸馏水洗 3次,每次 2 min; 37℃孵育 20 min,蒸馏水洗 3次,每次 2 min; 滴加二抗工作液,37℃孵育 20~30 min,蒸馏水洗 3次,每次 2 min; 应用 DAB-H₂O₂ 显色 5 min; 冲洗,苏木素复染、脱水,二甲苯透明,中性树脂封片、编号。

由 2 名病理科高级职称医师共同阅片。RRM1 阳性染色以肿瘤细胞核、胞浆均呈棕黄色为标准, BRCA1 阳性染色以肿瘤细胞核呈棕黄色为标准。应用 Olympus 光学显微镜高倍镜下选择 5 个视野,每个视野计数 100 个细胞,根据细胞核染色程度和染色阳性细胞数所占百分比进行评分。染色程度:基本不着色计 0 分,着色呈淡黄色计 1 分,着色呈黄色计 2 分,着色呈棕黄色计 3 分。染色阳性细胞百分比:着色阳性细胞数占计数细胞< 5%为 0 分(-),5%~25%为 1 分(+),26%~50%为 2 分(++),>50%为 3 分(+++)。将细胞核染色程度与染色细胞百分比相乘,>4 分为阳性表达,0~3 分为阴性表达。

#### 1.3 统计学方法

采用 SPSS13.0 统计软件包,组间比较采用卡方 检验,OS 及 TTP 比较采用时序检验和 Kaplan-Meier 生存曲线进行统计分析,检验水准  $\alpha = 0.05$ 。

# 2 结 果

#### 2.1 一般临床资料

本组病例中临床资料完整、符合评价标准的患者 78 例,男 52 例,女 26 例。年龄 29~73 岁,中位年龄 56 岁。其中未分化型 13 例、低分化型 19 例、中分化型 37 例、高分化型 9 例;Ⅲ<sub>B</sub>期 27 例,Ⅳ期 51 例。78 例 NSCLC 患者均接受至少 4 个周期含 GP 方案化疗。截至 2010 年 12 月 31 日,死亡 46 例,存活 29 例,失访 3 例,随访 129~1 374 d,中位随访时间 392 d,失访率 3.85%(3/78)。

2.2 RRM1、BRCA1 不同表达的肺鳞癌患者临床特征比较

78 例患者中,RRM1 表达阳性率 47.4% (37/78);其中,Ⅲ<sub>B</sub>期阳性率 44.4% (12/27),Ⅳ期阳性率 49.0% (25/51)。BRCA1 表达阳性率 51.3% (40/78),其中Ⅲ<sub>B</sub>期阳性率 51.9% (14/27), Ⅳ期阳性率 51.0% (26/51)。RRM1、BRCA1 表达阴性与表达阳性患者的年龄、性别、吸烟状况、PS 评分、病理分级、TNM 分期的差异均无统计学意义(P > 0.05,表 1)。2.3 肺鳞癌患者肿瘤组织 RRM1、BRCA1 表达情况

根据 RRM1、BRCA1 免疫组化染色结果,A 组22 例,B 组21 例,C 组19 例,D 组16 例。化疗前 4 组肺鳞癌患者各临床特征间的差异均无统计学意义 (P>0.05,表2)。化疗后 A 组 RR 显著高于其他 3 组,差异有统计学意义 (P=0.026);C组、D组的 RR 虽高于 B组,但差异无统计学意义 (P=0.459)。随访结果显示:A 组 OS、TTP 显著长于其他 3 组,差异有统计学意义 (P<0.001);C组、D组的 OS、TTP 虽长于 B组,但差异无统计学意义 (P>0.05,表3)。

### 3 讨论

晚期肺鳞癌治疗通常以改善生活质量、延长生存期为目标,以铂类为基础联合第三代细胞毒药物是临床一线有效的化疗方案。影响晚期肺鳞癌患者化疗疗效及其生存的最主要原因是肿瘤细胞对抗癌药物的耐药性。近年来,随着药物基因组学研究的深入发展,不断发现一些基因表达与某些化疗药物耐药有关。因此不同肺鳞癌患者需要根据其基因组学特点选取敏感性高的化疗药物组合成"个体化"的化

表 1 RRM1、BRCA1 不同表达的肺鳞癌患者临床特征比较

Table 1 Comparison of clinical characteristics in the sequaomsa lung cancer with different expression of RRM1 and BRCA1

	RRM	1 表达	BRCA1 表达		
临床资料	阳性	 阴性	阳性	阴性	
n(男/女)	37(24/13)	41(28/13)	40(26/14)	38(26/12)	
年龄(岁, <b>X</b> ±s)	$56.45 \pm 8.62$	$57.64 \pm 10.29$	$57.37 \pm 9.65$	$56.14 \pm 10.81$	
吸烟(包/年,X±s)	$49.56 \pm 9.45$	$50.83 \pm 10.28$	$50.19 \pm 7.53$	$51.54 \pm 9.76$	
PS 评分 $(n)$					
0分	25	28	28	25	
1分	8	8	7	9	
2分	4	5	5	4	
肿瘤分期(n)					
Ⅲв期	12	15	14	13	
Ⅳ期	25	26	26	25	
肿瘤分级(n)					
未分化	4	9	5	8	
低分化	7	12	8	11	
中分化	20	17	22	15	
高分化	6	3	5	4	

#### 表 2 化疗前 4 组肺鳞癌患者临床特征比较

Table 2 Comparison of clinical characteristics among four groups before chemotherapy

							<u> </u>					
组别	n	年龄	吸烟	PS 评分(n)		PS 评分(n)肿瘤分期(n)		病理分级(n)				
	(男/女)	(岁)	(包/年)	0	1	2	Ⅲ <sub>в</sub> 期	IV期	ND	LD	MD	HD
A 组	22(15/7)	57.49 ± 12.36	52.66 ± 11.47	14	5	3	8	14	3	5	11	3
B组	21(24/7)	$56.82 \pm 11.73$	$50.94 \pm 10.85$	15	4	2	7	14	4	5	10	2
C 组	19(13/6)	$58.15 \pm 9.57$	$51.59 \pm 9.02$	14	3	2	6	13	3	5	9	2
D组	16(10/6)	$57.61 \pm 10.42$	$53.71 \pm 12.79$	10	4	2	6	10	3	4	7	2

ND:未分化;LD:低分化;MD:中分化;HD:高分化。

表 3 4 组肺鳞癌患者化疗疗效比较

Table 3 Comparison of chemotherapy efficacy among four groups

组别	n	RR[n(%)]	CR[n(%)]	PR[n(%)]	SD[n(%)]	PD[n(%)]	OS(d)	TTP(d)
A组	22	13(59.1)*	2(9.1)	11(50.0)	7(31.8)	2(9.1)	617.4 ± 19.6 * * *	274.9 ± 21.8 * * *
B组	21	7(38.1)	0(0.0)	7(38.1)	7(33.3)	7(38.1)	$299.2 \pm 20.5$	$138.1 \pm 18.0$
C 组	19	8(42.1)	1(5.3)	7(36.8)	6(31.6)	4(21.1)	$336.6 \pm 22.7$	$172.5 \pm 17.3$
D组	16	7(43.8)	0(0.0)	7(43.8)	6(37.5)	3(18.8)	$324.7 \pm 24.2$	167.3 ± 19.8

与B、C、D组比较,\*P<0.05,\*\*\*P<0.001。

疗方案,以提高化疗疗效。同时,在制订个体化化疗方案时,需要对不同的化疗药物及其相关的预测分子标志物的表达分别进行检测,才能制订更为科学、合理的化疗方案,真正实现晚期肺鳞癌患者个体化治疗。

核糖核苷酸还原酶 (ribonucleotide reductase, RR) 通过将 5'-二磷酸核糖核苷酸还原成 5'-二磷 酸脱氧核糖核苷酸参与 DNA 的合成和修复。RR 包 括2个亚单位,即RRM1和RRM2。RRM1是核苷酸 结合位点,控制底物的特异性和整个酶的活性,同时 也是核苷类似物的化疗药物的结合位点;Davidson 等[3]研究结果表明.RRM1 是核苷酸还原酶中唯一 影响吉西他滨疗效的成分,它参与肿瘤的生长、侵袭 和转移。过量表达的 RRM1 能清除吉西他滨,因此, 高表达与吉西他滨耐药相关。一项回顾性临床研究[4] 显示,187 例仅接受手术切除的 I 期 NSCLC 患者 中,肿瘤组织 RRM1 mRNA 高表达者总生存期(> 120 个月 vs 60.2 个月 P = 0.02)、无疾病生存期 达者, 因此 RRM1 mRNA 表达水平是生存预后指 标。Rosell 等[5]采用 RT-PCR 法对 100 例晚期 NSCLC 患者的石蜡组织进行检测,发现21例接受吉西他 滨/顺铂治疗的患者中 RRM1 mRNA 低表达组较高 表达组的中位生存期、无疾病进展期均明显延长 月,P=0.020);对67例Ⅱ<sub>B</sub>、Ⅲ<sub>A</sub>和Ⅲ<sub>B</sub>期术后接受含 吉西他滨方案化疗的 NSCLC 患者肿瘤组织进行检 测,进一步证实了RRM1 mRNA 低表达组较高表达 组的死亡风险降低了 70%,中位生存期明显延长 (52 个月 vs 26 个月,P = 0.018),并且 RRM1 mRNA 低表达组具有更好的肿瘤缓解率、完全切除率和病理 完全缓解率 [6]。 Ceppi 等 [7]对 70 例晚期NSCLC 患者进行的回顾性研究,也证实 RRM1 mRNA 低表达组中位生存期明显延长 (13.9 个月 vs 10.9 个月,P = 0.039)。 Bepler 等 [8] 在对 35 例局部进展期NSCLC 患者设计的一项前瞻性的 II 期临床试验中,采用 RT-PCR 技术检测 RRM1 mRNA 表达水平,发现完成了 2 个周期吉西他滨/顺铂方案化疗患者的 RRM1 mRNA 表达水平与临床疗效呈负相关 (r = -0.498,P = 0.002),因此认为接受吉西他滨/顺铂方案化疗的患者中肿瘤组织低表达 RRM1 mRNA 者更能获益。该中心 2009 年进一步完成的 III 期临床试验也同样证实了上述结论 [9]。

BRCA1 作为一种抑癌基因,主要通过 DNA 修复、mRNA 转录、细胞周期的调节以及蛋白泛素化等途径参与细胞的各种应答反应。BRCA1 可使细胞周期阻滞于 G2/M 期,并诱导细胞凋亡。它还通过与其他修复因子的直接相互作用或通过 DNA 调控通路中其他基因的表达水平来介导损伤修复,是一个重要的细胞周期负调控子。研究发现上调 BRCA1表达可使细胞对 DDP 耐药增加,认为 BRCA1高表达可能使细胞修复能力增强,不易被化疗药物杀死而导致耐药;而 BRCA1 低表达可降低铂类耐药产生,从而增加化疗药物的敏感性,提高化疗疗效。Taron等[10]分析 55 例术前接受 GP 方案化疗的 NSCLC 组织中BRCA1 mRNA表达情况,结果显示,低、中表达者较

高表达者死亡风险明显下降。Rosell 等[11]对 111 例晚期鳞癌患者 BRCA1 mRNA 进行前瞻性的分组检测,低表达者接受 GP 方案,中表达者接受多西他赛联合顺铂方案,而高表达者仅接受多西他赛化疗,结果 3 组的总生存期无明显差异,但 2 年生存率分别为41.2%、15.6%、0。提示低表达者才可能从顺铂中获益,而高表达者可能对多西他赛耐药。

本研究根据 RRM1 和 BRCA1 表达高低分成 4 组,观察近期疗效,化疗前 4 组患者性别、年龄、吸烟状况、PS 评分、病理类型、分期等临床资料均衡可比。 经 4 个周期化疗后结果显示,A 组 RR(59.1%)显著高于其他 3 组(38.1%、42.1%、43.8%),差异有统计学意义(P=0.026);而 C 组、D 组 RR 虽高于 B 组,但差异无统计学意义(P=0.459)。随访结果亦显示:A 组 OS、TTP 显著长于其他 3 组;而 C 组、D 组 OS、TTP 虽长于 B 组,但差异无统计学意义。提示,仅 RRM1、BRCA1 均低表达的肺鳞癌患者才有可能是 GP 化疗方案真正的靶向人群。

本研究仅从 GP 方案中针对吉西他滨、顺铂敏 感性预测分子 RRM1、BRCA1 进行检测,还有其他 预测因子如影响顺铂化疗敏感性的相关基因:错配 切除交叉互补修复酶 1 (ERCC1)、X 线修复交叉互 补基因 1 (XRCC1)、色素性干皮症 D 型相关基因 (XPD)等;影响吉西他滨化疗敏感性的相关基因如 胸苷酸合成酶(TS)基因等;再者,本研究仅从蛋白 水平分析基因表达差异,其在 mRNA 水平表达差异 是否与此结果相一致,RRM1、BRCA1多个位点的单 核苷酸多态性与 DDP、GEM 疗效的相关性如何仍需 进一步研究,加之本研究样本数较少,因此有必要从 肺鳞癌化疗耐药的不同机制、基因不同检测水平以 及基因位点单核苷酸多态性等多个层面进行广泛、 深入的研究,同时开展多中心、前瞻性临床研究,进 一步扩大样本量,使研究结果更加可信,更好地指导 临床,真正达到肺鳞癌化疗个体化,使患者获得最大 益处。

# [参考文献]

- [1] Schiller JH, Harrington D, Belani CP, et al. Comparison of four chemotherapy regimens for advanced non-small-cell lung cancer[J]. N Engl J Med, 2002, 346(2):92-98
- [2] Scagliotti GV, Parikh P, von Pawel J, et al. Phase III study

- comparing cisplatin plus gemcitabine with cisplatin plus pemetrexed in chemotherapy-naive patients with advanced-stage non-small-cell lung cancer [J]. J Clin Oncol, 2008, 26(21):3543-3551
- [3] Davidson JD, Ma L, Flagella M, et al. An increase in the expression of ribonucleotide reductase large subunit1 is associated with gemcitabine resistance in non-small lung cancer cell lines [J]. Cancer Res, 2004,64 (11):3761– 3766
- [4] Zheng Z, Chen T, Li XL, et al. DNA synthesis and repair gene RRM1 and ERCC1 in lung cancer [J]. N Engl J Med, 2007, 356(8);800-808
- [5] Rosell R, Danenberg K, Alberola V, et al. Ribonucleotide reductase messenger RNA expression and survival in gemcitabine/cisplatin-treated advanced non-small cell lung cancer patients [J]. Clin Cancer Res, 2004, 10(4): 1318-1325
- [6] Rosell R, Felip E, Taron M, et al. Gene expression as a predictive marker of outcome in stage IIB-IIIA-IIIB non-small cell lung cancer after induction gemcitabine-based chemotherapy followed by resectional surgery [J]. Clin Cancer Res, 2004, 10(12pt2);4215s-4219s
- [7] Ceppi P, Volante M, Novello S, et al. ERCC1 and RRM1 gene expressions but not EGFR are predictive of shorter survival in advanced non-small cell lung cancer treated with cisplatin and gemcitabine [J]. Ann Oncol, 2006, 17 (12): 1818-1825
- [8] Bepler G, Kusmartseva I, Sharma S, et al. RRM1 modulated in vitro and in vivo efficacy of gemcitabine and platinum in non-small cell lung cancer[J]. J Clin Oncol, 2006, 24(29):4731–4737
- [9] Reynolds C,Obasaju C,Schell MJ, et al. Randomized phase III trial of gemcitabine-based chemotherapy with in situ RRM1 and ERCC1 protein levels for response prediction in non-small cell lung cancer [J]. J Clin Oncol, 2009,27(34):5808-5815
- [10] Taron M,Rosell R,Felip E,et al.BRCA1 mRNA expression levels as an indicator of chemoresistance in lung cancer[J]. Hum Mol Genet, 2004, 13(20): 2443-2449
- [11] Rosell R, Perez-Roca L, Sanchez JJ, et al. Customized treatment in non-small-cell lung cancer based on EGFR mutations and BRCA1 mRNA expression[J]. PLoS One, 2009,4(5):e5133

「收稿日期] 2013-07-09