

# 赵丽敏课题组新进展：基于年龄相关的异常可变剪接在老年乳腺癌分子特征分类中的研究

乳腺癌是全球女性最常见的恶性肿瘤之一。年龄是乳腺癌发生发展的关键风险因素，65 岁及以上女性的发病率与死亡率显著上升。随着全球人口老龄化，老年乳腺癌患者群体日益庞大，其临床与分子特征往往有别于年轻患者，导致标准治疗方案效果有限。此前，赵丽敏团队发现老年乳腺癌存在显著差异的衰老亚群，并开发机器学习评分模型（*Molecular Therapy - Nucleic Acids*.2024. doi:10.1016/j.omtn.2024.102309），基于此模型，同步开发了在线分析平台（<http://zhaoliminlab.cn:8080/GBC/index.jsp>）：用户可通过上传自有数据，实现对老年乳腺癌患者的预后风险分析与个性化治疗反应预测。然而，驱动老年乳腺癌独特性的具体分子机制，尤其是与年龄相关的转录后调控变化，尚不明确。

赵丽敏团队近日利用大规模数据库系统性分析揭示，老年乳腺癌患者中存在更高频率的异常可变剪接事件，并从中鉴定出 390 个老年患者特有的高变异性剪接事件。基于这些独特的剪接变异谱，团队将老年乳腺癌患者划分为三种具有显著差异的分子亚型。进一步分析表明，这三种亚型不仅对应着截然不同的肿瘤免疫微环境浸润模式，也预示着显著差别患者预后。为解析这些剪接亚型背后的调控网络，团队进行了深入的剪接活性分析，成功锁定 68 个关键的 RNA 结合蛋白，它们被认为是驱动这些年龄相关异常剪接的核心调控因子。基于上述发现，团队采用 SelectKBest-SVM 机器学习算法，构建了一个良好预后预测模型，为老年乳腺癌患者的预后评估提供了独立量化工具。这项研究揭示了异常可变剪接是老年乳腺癌重要的分子特征，并据此建立了与前期“衰老亚群”互补的、系统的分子分型框架与预测工具，推动了老年乳腺癌精准医疗的理论依据发展。

该项研究成果于 12 月 16 日以原创性研究论文（Article）的形式发表于 Nature 旗下期刊《*Communications Biology*》（中科院一区），文章标题为“Age-related aberrant alternative splicing as a prognostic tool in older breast cancer patients”。具体的文章链接如下：<https://www.nature.com/articles/s42003-025-09330-y>

陈梦馨（南昌大学硕士生）、肖泰平（南昌大学硕士生）、柯浩助理研究员为该文的共同第一作者。赵丽敏教授（南昌大学）、袁火忠主任（赣州市人民医院）、邹阳研究员（江西省妇幼保健院）为该文的共同通讯作者。该研究工作受到复旦大学附属肿瘤医院马丁教授等的帮助与建议。该研究受到国家自然科学基金和江西省“双千”计划等项目的资助。

communications biology

View all journals | Search | Log in

Explore content | About the journal | Publish with us | Sign up for alerts | RSS feed

nature > communications biology > articles > article

Article | Open access | Published: 16 December 2025

**Age-related aberrant alternative splicing as a prognostic tool in older breast cancer patients**

Mengxin Chen, Taiping Xiao, Hao Ke, Chun Ye, Fan Yu, Jianbin Su, Shixin Yang, Yun Feng, Huaimeng Xu, Shiting Fu, Liang Lin, Junqiang Lin, Yao Xie, Qianzhe Ding, Ye Qiu, Ruifan Yu, Hongyu Lv, Wulian Li, Yuhan Zhang, Zhenluo Ding, Yang Zou, Huozhong Yuan & Limin Zhao

Communications Biology, Article number: (2025) | Cite this article

Download PDF

Sections

References

Abstract

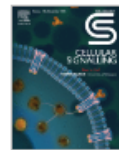
Data availability

Code availability

衰老是一个涉及分子、细胞和机体层面的系统性代谢失调过程，表现为衰老性厌食、睡眠结构紊乱等。核心问题之一是合成代谢与分解代谢的失衡。**RNA** 和蛋白质作为遗传信息载体和细胞功能的核心执行者，其稳态对维持细胞活力至关重要。团队指出 “衰老相关降解重编程”：它并非简单的降解功能全面衰退，而是一种选择性、异常的重编程过程：特定种类的 **RNA** 和蛋白质被异常加速降解，而另一些则异常地在细胞内积累。靶向 **RNA** 结合蛋白、修复蛋白酶体功能等这些“恢复降解平衡”干预策略，将可能是极具潜力的抗衰老治疗新轴线。此项研究成果于 12 月 2 日发表在《**Cellular Signalling**》（中科院二区）上，林俊强（南昌大学博士生）、邱烨（南昌大学本科生）为文章的共同第一作者，赵丽敏为通讯作者。



Cellular Signalling  
Volume 136, December 2025, 112166



## RNA and protein degradation in the aging process

Junqiang Lin <sup>a,1</sup>, Ye Qiu <sup>b,1</sup>, Chun Ye <sup>a</sup>, Yuhan Zhang <sup>a</sup>, Zile Zeng <sup>a</sup>, Bingtao Yao <sup>a</sup>, Yidan Hu <sup>a</sup>,  
Limin Zhao <sup>a</sup>

[Show more](#)