



个性化医疗的基础是尿的组学数据

高友鹤

(北京师范大学生命科学学院, 北京 100875)

个性化医学正推动人类医学史上前所未有的范式革命, 远期愿景不仅是精准诊疗, 还将重塑全民健康管理生态系统, 实现“每个个体在正确时间获得最优干预”。个性化识别并不困难, 但个性化医疗需要大量描述健康状态的指标。基因组学数据虽能揭示疾病分子基础, 提升癌症疗效, 但其难以灵敏反映身体生理病理状态的即时变化, 且基因与疾病表型只是间接相关联。蛋白质是生命活动主要执行者, 代谢产物是生物化学反应最终产物, 它们直接参与细胞生理过程。蛋白质组和代谢组变化与疾病表型关联紧密, 机体发生生理病理变化时, 二者会迅速改变。生理方面, 昼夜节律、生长发育会引起蛋白质组和代谢组改变; 病理方面, 癌症、神经退行性疾病等会导致体内蛋白质组和代谢组轮廓大幅波动; 外界环境变化也会促使二者发生适应性改变。它们相互关联, 研究其动态变化有助于理解生命活动, 为疾病诊疗和预防提供新思路。血液受内环境稳态机制严格调控, 在稳态机制被破坏后, 血液蛋白质组和代谢组才会产生稳定变化, 这些变化与疾病相关, 研究血液相关组学有助于理解疾病机制和诊断疾病。相比之下, 尿液作为代谢产物主要载体, 成分变化能反映机体健康状态。尿液不受稳态机制严格控制, 疾病发生早期, 尿液蛋白质组和代谢组就会显示变化, 且收集尿样为非侵入性, 简单便捷, 能提供丰富的生物标志物信息, 在临床诊断和健康管理领域前景广阔。

质谱分析在蛋白质组学和代谢组学研究中起着至关重要的作用。在蛋白质组学研究中, 它能直接识别和鉴定氨基酸序列, 提供无偏见、系统的蛋白质表达、修饰和相互作用分析数据, 帮助发现疾病相关蛋白质和生物标志物。在代谢组学研究中, 质谱可用于尿液中小分子代谢物的定性和定量分析, 以揭示身体内各系统发生的与疾病相关的代谢变化。随着质谱方法学的进步, 工作流程更加稳健, 灵敏度和通量越来越高。

人工智能在健康领域发展迅速, 但基于人工智能的健康个性化数据分析离不开尿蛋白质组和代谢组数据, 这些数据能反映人体生理和病理状态。尿液样本的收集保存、组学鉴定、数据保存和分析是未来科学竞争前沿。尿液样本全流程研究是全球科技竞争新赛道。最近, 100 多位中国科学家、企业界代表等联名倡议的“中国尿计划”, 旨在唤起科学界对尿液组学数据的重视^[1]。希望能收集保存被废弃的尿液样本, 利用富余的质谱资源, 构建具有巨大价值的人尿液组学数据库, 为人民健康服务。结合英国、美国科学家一起倡议的“世界尿计划”, 希望能同时唤起全球对尿液组学数据潜力的重视, 促进国际尿液标志物领域的学术交流和发

参考文献:

- [1] 中国尿计划共同倡议人, 高友鹤, 孙伟, 吴建强. 中国尿计划倡议书[J]. 中国科学: 生命科学, 2025, 55(2): 393-396.
China Urine Project, GAO Youhe, SUN Wei, WU Jianqiang. China Urine Project proposal[J]. Science China-Life Sciences, 2025, 55(2): 393-396(in Chinese).
- [2] GAO Y, CRNOGORAC-JURCEVIC T, BUDNIK B. World urine project[J]. *Advances in Biomarker Sciences and Technology*, 2024, 6: 226.