

Ślinowa metabolomika w diagnostyce nowotworów systemowych – przegląd systematyczny

Jakub Zdrojewski ¹, Kacper Nijakowski ², Monika Nowak ¹, Dawid Gruszczyński ¹, Filip Knoll ¹, Anna Surdacka ²

¹Studenckie Koło Naukowe przy Klinice Stomatologii Zachowawczej i Endodoncji; Opiekunowie: dr n. med. Kacper Nijakowski, dr n. med. Anna Lehmann

²Klinika Stomatologii Zachowawczej i Endodoncji; Kierownik: prof. dr hab. n. med. Anna Surdacka



Wstęp

Nowotwory są główną przyczyną zgonów na świecie. Najczęstsze nowotwory dotyczą piersi, płuc oraz jelita grubego, jak również głowy i szyi. Profilowanie ślinowego metabolomu jest innowacyjną nieinwazyjną metodą w diagnostyce onkologicznej.

Cel pracy

Odpowiedź na pytanie: „Czy ślinowe metabolity są wiarygodne w diagnostyce nowotworów systemowych?”

Materiał i metody

- Przegląd systematyczny przeprowadzono do 25.10.2022 r., zgodnie z wytycznymi PRISMA, korzystając z baz danych PubMed, Scopus i Web of Science.
- Na podstawie kryteriów włączenia i wyłączenia, 19 badań zostało włączonych do przeglądu.

Tabela 1. Kryteria włączenia i wyłączenia według PECOS.

Parametr	Kryteria włączenia	Kryteria wyłączenia
Populacja	pacjenci w wieku od 0 do 99 lat, obojga płci	
Narażenie	nowotwory układowe	inne nowotwory (np. jamy ustnej)
Porównanie	nie dotyczy	
Wyniki	metabolity śliny jako markery	inne składniki śliny jako markery
Projekt badania	badania kliniczno-kontrolne, kohortowe i przekrojowe	przeglądy literatury, opisy przypadków, ekspertyzy, listy do redakcji, doniesienia z konferencji
	opublikowane po 2000 roku	nieopublikowane w języku angielskim

Tabela 2. Charakterystyka przykładowych włączonych prac.

AUTOR, ROK	DIAGNOZA	RODZAJ ŚLINY I METODA ZBIERANIA	POTENCJALNE METABOLITY W ŚLINIE
Bel'skaya et al., 2022	rak piersi	niestymulowana ślina pełna 5 ml zebrana przez płucie do sterylnych probówek polipropylenowych; pobieranie próbek śliny przeprowadzono na czczo po przepłukaniu jamy ustnej wodą w godzinach 8:00–10:00	wzrost: ogólna zawartość α-aminokwasów, mocznik; spadek: białko całkowite, kwas moczowy
Asai et al., 2018	rak trzustki	niestymulowana ślina 400 µl zebrana do probówki polipropylenowej o pojemności 50 cm ³ (do pobierania śliny użyto słomki polipropylenowej o średnicy 1,1 cm) po przepłukaniu jamy ustnej wodą w godzinach 8:00–11:00	wzrost: spermina, N ¹ -acetylospermidyna, N ¹ -acetylospermina, 2-aminobutanian
Chen et al., 2018	rak żołądka	niestymulowana ślina pełna 4 ml zebrana po oczyszczeniu jamy ustnej	wzrost: tauryna, glutamina, etanoloamina, histydyna, alanina, kwas glutaminowy, prolina
Bel'skaya et al., 2021	rak płuc	niestymulowana ślina pełna 5 ml zebrana przez płucie do sterylnych probówek polipropylenowych; pobieranie próbek śliny przeprowadzono na czczo po przepłukaniu jamy ustnej wodą w godzinach 8:00–10:00	koniugaty dienowe, kwas moczowy (w zależności od historii palenia i ciężkości POChP)

Wyniki

- Zmiany w ślinowym metabolomie były najczęściej określane u pacjentów z **rakiem piersi, rakami przewodu pokarmowego oraz rakiem płuc**.
- Wśród wykrytych ślinowych metabolitów, najczęściej obserwowano zaburzenia w szlakach metabolicznych **aminokwasów i poliamin**, które wykazywały znaczące wartości predykcyjne w diagnostyce onkologicznej.

- Większość badań dotyczyło **niestymulowanej śliny mieszanej** jako materiału diagnostycznego, ocenianego różnymi metodami spektroskopowymi.

Wnioski

Ślinowe metabolity wydają się być potencjalnie wiarygodne do wykrywania najczęstszych nowotworów systemowych. Jednakże, dalsze badania są konieczne do potwierdzenia dotychczasowych wyników oraz poszukiwania nowych potencjalnych metabolicznych biomarkerów w ślinie.