**综合分析凝血相关基因以及单基因RABIF在乳腺癌中的预后和免疫治疗作用**

**研究目的：**近年来，关于凝血系统异常与肿瘤进展的研究被广泛报道，本研究拟探索凝血基因与乳腺癌（BRCA）发生发展及其预后的关系。

**研究方法：**在本研究中，基于KEGG数据库中的凝血相关基因（CRGs），通过TCGA数据分析BRCA患者CRGs的生物学功能，建立了凝血相关风险评分预后模型，用于风险分层和预后预测。我们在TCGA和GEO队列中应用ROC曲线和C指数验证了该模型的预测能力，结合临床病理特征建立了列线图。基于Timer、TCIA、药物敏感性基因组学项目(GDSC)等数据库，探索了CRGs参与肿瘤微环境（TME）发展、药物反应的过程。我们还深入研究了该模型中的核心基因RABIF，在乳腺癌细胞系中用实时荧光定量PCR (qRT-PCR)证实其表达，同时对我们的组织样本进行RABIF蛋白表达的免疫组织化学染色分析（IHC）。

**研究结论：**我们得出结论，在BRCA中，CRGs相关风险评分可以作为一种可靠的预后生物标志物，参与TME及药物反应，我们建立的列线图可以促进该风险评分的临床应用。RABIF基因在乳腺正常组织、乳腺癌组织和转移性乳腺癌组织中的表达存在差异，可能参与BRCA的转移进程。综上所述，我们系统地分析了CRGs在BRCA患者的诊断、预后和个体化治疗中的意义。