



研究人员揭示环状RNA或可成为阿尔兹海默症的临床新指标

日期: 2019年10月28日 08:11 来源: 科技部


2019年10月7日, 来自美国华盛顿大学医学院的Carlos Cruchaga教授研究团队在Nature Neuroscience 上在线发表题为“An atlas of cortical circular RNA expression in Alzheimer disease brains demonstrates clinical and pathological associations”的文章, 对阿尔兹海默症(AD)患者中环状RNA(circRNA)的差异表达及其与AD临床和神经病理学严重程度的关系进行了全circRNA转录组分析, 为我们解答了上述问题, 提出circRNA与AD发生发展进展关系密切, 并有望成为临床早期诊断的新靶标。

本文研究人员通过相对重要性分析、共表达网络分析和miRNA结合位点预测分析, 探讨AD相关circRNA的AD相关性和潜在的疾病影响机制。结果显示, 与已知的两个因素——APOE4等位基因的数量(AD最常用的遗传风险因子)和神经元估计比例——相比, circRNA的变化能更好的反映AD特征; 此外, AD相关的circRNA与已知的AD基因存在共表达关系, 并且这些circRNA存在潜在的microRNA结合位点, 可以用于预测以AD基因为靶点的microRNA。

本研究证实, 即使没有人口统计学或APOE4危险因素数据, circRNA的表达也能对AD的病情产生很强的预测能力; 同时, 结合circRNA在脑脊液和血浆等生物体液中的相对稳定性以及它们在外泌体中的富集的特点, circRNA也可能被用作症状前和症状性AD以及其他潜在的神经退行性疾病的外周生物标志物; 由此, 进一步强调了分析非线性RNA的重要性, 并为未来探索circRNA在AD发病机制中的潜在作用的研究提供了方向。

扫一扫在手机打开当前页

 打印本页

 关闭窗口



版权所有: 中华人民共和国科学技术部

地址: 北京市复兴路乙15号 | 邮编: 100862 | 联系我们 | 京ICP备05022684 | 网站标识码bm06000001