

[收藏本站](#)[设为首页](#)[English](#) [联系我们](#) [网站地图](#) [邮箱](#) [旧版回顾](#)

面向世界科技前沿，面向国家重大需求，面向国民经济主战场，率先实现科学技术跨越发展，
率先建成国家创新人才高地，率先建成国家高水平科技智库，率先建设国际一流科研机构。

——中国科学院办院方针

[搜索](#)[首页](#) [组织机构](#) [科学研究](#) [人才教育](#) [学部与院士](#) [资源条件](#) [科学普及](#) [党建与创新文化](#) [信息公开](#) [专题](#)

首页 > 科研进展

北京生科院等绘制出中国人群甲状腺乳头状癌的遗传图谱

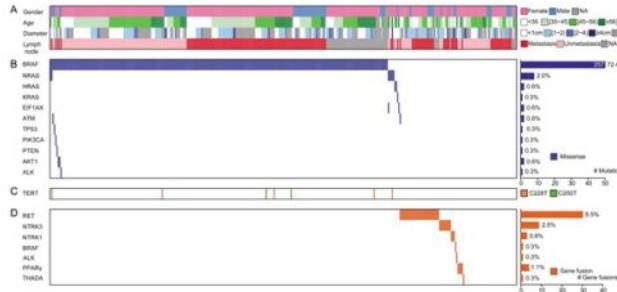
文章来源：北京生命科学研究院 发布时间：2018-01-22 【字号：[小](#) [中](#) [大](#)】[我要分享](#)

近日，中国科学院北京生命科学研究院孙中山研究团队与北京大学肿瘤医院头颈外科刘宝国课题组合作，收集了355例甲状腺乳头状癌的瘤组织和瘤旁组织样本，运用目标区域扩增了测序技术和RNA目标区域捕获测序技术对癌症样本中的点突变和基因融合做了全面检测，绘制了中国人群甲状腺乳头状癌的遗传图谱。

甲状腺乳头状癌是内分泌系统中发病率最高的恶性肿瘤，发病率在近30年的时间里上升了3倍。体细胞遗传变异是甲状腺乳头状癌致病的决定性因素，鉴定瘤组织的体细胞遗传变异对于甲状腺乳头状癌的精准诊断、治疗和预后判断至关重要。日前，国际上大规模的全基因组重测序和转录组测序已经鉴定出多个甲状腺乳头状癌驱动变异，但研究对象主要是西方人群。由于癌症的驱动遗传变异具有地域和人群的特异性，故而研究中国人群甲状腺乳头状癌的遗传学极为重要。在这项研究中，研究人员运用自主开发的目标区域DNA及RNA捕获测序技术，对355例中国人群的甲状腺癌患者进行了遗传学分析，绘制了中国人群甲状腺乳头状癌的遗传图谱，揭示了中外人群甲状腺乳头状癌遗传图谱的差异。该研究通过整合分析遗传变异和患者的临床病理资料，揭示了发生激酶基因融合的甲状腺乳头状癌患者的基本临床特征，鉴定出了7例新的激酶基因融合事件，为中国人群甲状腺乳头状癌的分子诊断提供了理论依据，为甲状腺乳头状癌的药物治疗提供了新的潜在靶点。

相关研究成果发表在病理学期刊The Journal of Pathology上。该研究由北京生科院博士研究生梁加龙、博士蔡万世，北京大学肿瘤医院硕士研究生冯冬冬等在研究员孙中山、教授刘宝国的共同指导下完成。该研究得到了国家重点研发计划、国家高技术研究发展计划、国家自然科学基金、阿斯利康中国创新中心等的资助。

论文链接



中国人群甲状腺乳头状癌的遗传图谱

(责任编辑：程博)



© 1996 - 2018 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号 京公网安备110402500047号 联系我们

地址：北京市三里河路52号 邮编：100864

热点新闻

中国科大建校60周年纪念大会举行

- 中科院召开党建工作推进会
- 中科院纪检监察组发送中秋国庆期间廉…
- 中科院党组学习贯彻习近平总书记在全…
- 国科大举行2018级新生开学典礼
- 中科院党组学习研讨药物研发和集成电路…

视频推荐



【新闻联播】“率先行动”
计划 领跑科技体制改革



【安徽卫视】中国科学技术大学建校60周年纪念大会在合肥隆重举行

专题推荐

