



中国科学家揭示乙肝病毒相关性肝癌的多维蛋白基因组学特征

日期: 2019年12月06日 15:23 来源: 科技部

肝细胞癌 (Hepatocellular Carcinoma, HCC) 是全球第四大癌症死亡原因, 占有原发性肝脏恶性肿瘤的85%-90%。HCC诱发的主要原因包括乙型肝炎病毒 (Hepatitis B Virus, HBV) 和丙型肝炎病毒 (Hepatitis C Virus, HCV) 慢性感染、酗酒以及代谢综合征。其中, 85%的中国HCC患者是由HBV感染引起的。尽管既往研究已经成功地绘制了HCC的遗传图谱, 但是HBV感染诱发HCC的过程中遗传突变驱动癌症表型的机制仍然未知。

2019年10月3日, 由复旦大学附属中山医院、中国科学院上海药物研究所及生物化学与细胞生物学研究所联合的中国科学家团队在国际学术期刊Cell杂志上在线发表了题为“Integrated Proteogenomic Characterization of HBV-Related Hepatocellular Carcinoma”的研究论文。研究人员利用多种先进技术平台对159例乙肝病毒相关性肝癌 (HBV-Related Hepatocellular Carcinoma, HBV-HCC) 患者的肿瘤和癌旁组织进行了多维蛋白质基因组学测定。研究结果揭示了全景式中国肝癌队列的蛋白基因组学与关键信号通路的激活状态和肝特异性代谢相关蛋白表达异常之间的关系。通过多维组学数据分析, 可将HBV-HCC分为三个亚型: 代谢驱动型、微环境失调型和增殖驱动型, 并发现了两个与亚型相关的生物标志物PYCR2及ADH1A。

本研究利用最先进的组学技术对HBV-HCC进行多维蛋白质基因组学特征进行全面分析, 研究结果不仅为肝癌的基础研究提供了高质量的数据资源, 同时也为肝癌的精准分型与个体化治疗、疗效监测和预后判断提供了新的思路和策略。

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bm0600001