

综述

表遗传学与肿瘤

林昀²; 黄健²; 韩泽广^{1, 2}

200025 上海 上海交通大学医学院附属瑞金医院上海血液学研究所1

201203 上海 国家人类基因组南方研究中心2

收稿日期 2005-8-17 修回日期 网络版发布日期: 2006-5-22

摘要 通常认为遗传学上的基因突变是肿瘤发病机制中的关键事件，尤其是抑癌基因的体细胞突变与肿瘤的发生有着密切的关系。但是，近年来随着对肿瘤认识的深入，人们发现DNA序列以外的调控机制异常在肿瘤的发生、发展过程中更为普遍，也更为重要。这种调控机制被称为表观遗传学(Epigenetics)，研究没有DNA序列变化的，可遗传的表达改变。例如基因启动子区CpG岛甲基化模式的异常与许多肿瘤的发生有着密切的关系。除了DNA甲基化调控形式外，表观遗传学还包括基因组印迹、染色质组蛋白修饰、隔离蛋白以及非编码RNA（包括microRNA）等DNA序列本身以外的各种调控方式。本文将就表观遗传学调控机制与肿瘤发生的关系作一简要综述。

关键词 表观遗传学 甲基化 基因组印迹 染色质组蛋白修饰 隔离蛋白 非编码RNA

分类号

Epigenetics and Tumor

LIN Yun^{1, 2}; HUANG Jian²; HAN Zeguang^{1, 2}

1Shanghai Institute of Hematology, Ruijin Hospital affiliated to Shanghai Jiaotong University school of medicine, Shanghai, 200025

2Chinese National Human Genome Center at Shanghai, Shanghai, 201203

Abstract Gene mutation, especially tumor suppressor gene mutation in somatic cell, was usually considered as a key event in tumorigenesis mechanism. Recently, aberrant mechanism named epigenetics was found to be more prevalent and important in tumorigenesis. Epigenetics refers to the study of heritable changes in gene expression that occur without a change in DNA sequence. These changes in gene expression include DNA methylation, genomic imprinting, chromatin histone modification, CTCF, non-coding RNA. Here we briefly summarize the relationship between epigenetic mechanism and tumorigenesis.

Key words Epigenetics Methylation Genomic imprinting Chromatin histone modification CTCF Non-coding RNA

DOI

扩展功能
本文信息
▶ Supporting info
▶ PDF(572KB)
▶ [HTML全文](0KB)
▶ 参考文献
服务与反馈
▶ 把本文推荐给朋友
▶ 加入我的书架
▶ 复制索引
▶ Email Alert
▶ 文章反馈
▶ 浏览反馈信息
相关信息
▶ 本刊中包含“表观遗传学”的相关文章
本文作者相关文章
· 林昀
· 黄健
· 韩泽广