



## 抑癌基因调控前列腺癌机理获阐明

文章来源: 中国科学报 张旦昕 黄辛

发布时间: 2013-03-20

【字号: 小 中 大】

日前, 肿瘤领域期刊《临床肿瘤研究》在线发表了上海交大基础医学院王建华课题组的最新研究成果, 该研究从表观遗传学修饰新角度, 阐明了抑癌基因在调控前列腺癌的发展、转移中的作用机制, 有助于为前列腺癌的早期诊断和治疗提供新的思路, 同时也为构建新的前列腺癌小鼠模型奠定理论基础。

据王建华介绍, 前列腺癌是男性泌尿生殖系统常见的恶性肿瘤之一, 其发病率和死亡率在整个西方国家的男性恶性肿瘤中高居第二位。近年来, 该疾病的发病率在中国也呈显著上升趋势。

尽管在过去的数十年间, 西方国家已经对前列腺癌研究投入了大量的人力、财力, 但目前人们对前列腺癌的病因、发病机理、进展的机制及临床治疗方法仍然缺乏完整和深入的了解。

博士生郑江花在建华的指导下, 发现在前列腺癌实体肿瘤组织中抑癌基因HIC1启动子呈现高度甲基化, 这可能导致其表达沉默而失去抑癌功能。5-Aza处理前列腺癌细胞系后, HIC1甲基化降低, HIC1表达上调。体内外实验表明, 恢复表达HIC1可显著降低癌细胞增殖、侵袭、转移及成瘤等能力; 相反, shRNA沉默HIC1的表达后, 癌细胞这些特性将被显著增强。

据悉, 该课题获得了国家自然科学基金委、科技部“973”等项目的经费支持。