

[首页](#) | [关于我们](#) | [登录](#) | [搜索](#) | [最新一期](#) | [过刊浏览](#) | [公告](#)
[稿约](#) | [在线投稿](#) | [Online submission](#) | [Endnote](#) 参考
[文献模板](#)
[提前在线出版](#)

[首页](#) > [卷 17, 编号 3 \(2014\)](#) > [XIA](#)

高分辨率熔解曲线法在BIM基因2,903 bp 片段插入/缺失检测中的应用

Jinjing XIA, Hao BAI, Liwen XIONG, Rong LI, Bo YAN, Minhua SHAO, Baohui HAN





摘要

背景与目的 BIM基因编码的蛋白属于BCL2蛋白家族的成员, 作为凋亡调控因子参与多种细胞活动。BIM基因上2,903bp的插入缺失片段与非小细胞肺癌EGFR-TKI靶向用药的获得性耐药相关。建立并优化HRM方法有助于快速、准确地检测BIM基因2,903 bp片段的缺失, 为临床工作提供指导性的意见。本研究建立与稳定了HRM的检测方法, 并在30例肺癌样本以及30例正常对照样本中检测BIM基因缺失情况。 **方法** 设计、合成针对BIM基因片段缺失的引物, 优化高分辨率熔解曲线 (high resolution melting, HRM) 分析方法。并选取部分样本通过普通PCR方法和直接测序法检测BIM基因缺失情况。野生型模板扩增产物其解链温度要高于缺失型产物的解链温度。野生型和缺失型产物的熔解曲线可见明显差异, 相应的T_m值相差约2.5 oC。 **结果** 经过HRM基因突变分析方法, 在30例肺癌样本中检测到1例为BIM基因纯合缺失型, 7例为杂合缺失型, 22例为野生型。在30例正常对照样

ARTICLE TOOLS

-  [索引源数据](#)
-  [如何引证项目](#)
-  [查找参考文献](#)
-  [审查政策](#)
-  [Email this article \(Login required\)](#)

RELATED ITEMS

-  [Related studies](#)
-  [Database](#)
-  [Web search](#)
-  [Show](#)

ABOUT THE AUTHORS

本中检测, 2例为杂合缺失型, 28例为野生型。结论 本研究建立的对BIM基因片段缺失的高分辨率熔解曲线法是一种, 灵敏、准确、快速、高通量的方法。

DOI: 10.3779/j.issn.1009-3419.2014.03.10

关键词

高分辨率熔解曲线法; BIM基因; 肺肿瘤

全文: [PDF](#) [HTML](#)



Jinjing XIA
200030 上海, 上海交通大学医学院附属上海市胸科医院呼吸内科
(通讯作者: 韩宝惠, E-mail: xkyyhan@gmail.com; 邵敏华, E-mail: queenexp@gmail.com)

Hao BAI
200030 上海, 上海交通大学医学院附属上海市胸科医院呼吸内科
(通讯作者: 韩宝惠, E-mail: xkyyhan@gmail.com; 邵敏华, E-mail: queenexp@gmail.com)

Liwen XIONG
200030 上海, 上海交通大学医学院附属上海市胸科医院呼吸内科
(通讯作者: 韩宝惠, E-mail: xkyyhan@gmail.com; 邵敏华, E-mail: queenexp@gmail.com)

queenixp@g

Rong LI

200030 上海，上海交通大学医学院附属上海市胸科医院呼吸内科

（通讯作者：

韩宝惠， E-

mail:

xkyyhan@gma

邵敏华， E-

mail:

queenixp@g

Bo YAN

200030 上海，上海交通大学医学院附属上海市胸科医院呼吸内科

（通讯作者：

韩宝惠， E-

mail:

xkyyhan@gma

邵敏华， E-

mail:

queenixp@g

Minhua

SHAO

200030 上海，上海交通大学医学院附属上海市胸科医院呼吸内科

（通讯作者：