

当前位置: 科技部门户 > 新闻中心 > 科技动态 > 国内外科技动态

【字体: 大 中 小】

染色质基因分析可识别癌症起源 能确定白血病源头细胞类型

日期: 2016年07月15日 来源: 科技日报

美国杰克逊实验室(JAX)的研究人员开发出一种新方法,通过对开放染色质进行全基因组分析,来确定导致既定类型白血病的细胞类型。这一方法对白血病的诊疗具有重要作用。相关研究11日发表在《自然—通讯》杂志上。

每种癌症都始于一个单细胞的异变。知道了癌细胞的起源细胞,研究人员就可以分析出癌症的亚型,进而开发出新的诊疗手段,但现有方法很难从大量肿瘤细胞样本中识别出其起源细胞。

染色质是细胞核内的重要成分,由DNA、组蛋白、RNA组成,在细胞进行分裂的特定阶段会聚缩成染色体。每种类型的细胞都有一个独特的染色质结构,封闭染色质会紧紧缠绕在核小体周围,相对不活跃;开放染色质与核小体的联系程度则相对松散,也更活跃。杰克逊实验室的助理教授珍妮弗·特罗布里奇博士通过分析肿瘤细胞中的开放染色质,改进了目前识别肿瘤细胞的起源细胞的方法。

特罗布里奇带领实验室同事构建了一个急性髓系白血病(AML)的小鼠模型。他们从人类和小鼠的骨髓中找出5种细胞:长期造血干细胞、短期造血干细胞、多能祖细胞、普通髓系祖细胞以及粒细胞巨噬细胞祖细胞。这些不同起源细胞引发的AML在小鼠身上显示出不同的侵入性:干细胞引发的病变更具侵入性,而祖细胞引发的病变的侵入性则要小很多。不同侵入性诱发白血病细胞出现的频率也有所不同:干细胞高,祖细胞低。

研究人员通过对不同AML细胞样本的开放染色质进行分析,并与正常细胞中开放染色质模式进行对比,进而确定了AML细胞样本中开放染色质的特征和基因表达模式,这使他们能将干细胞引发的AML与祖细胞引发的AML区别开来。

研究人员表示,通过对健康人群和AML患者群的干细胞和祖细胞的开放染色质进行进一步研究,他们就可以基于细胞起源来确定更精确的癌症生物标志,这对于癌症的诊断和治疗具有重要意义。

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 | 地理位置图 | ICP备案序号: 京ICP备05022684