







肺癌蛋白质组学常用研究方法

穆龙龙 北京东城区王府井帅府圆1号 中国医学科学院 中国协和医科大学 北京协和医院核医学科 100730

朱朝晖 北京东城区王府井帅府圆1号 中国医学科学院 中国协和医科大学 北京协和医院核医学科 100730

摘要: 肺癌是死亡率较高的一种常见恶性肿瘤。因缺乏有效的早期诊断手段,多数患者诊断时已处于中晚期,预后很差。近年来,通过对肺癌患者进行相关的蛋白质组学研究,搜寻与肺癌相关的特异性肿瘤标志物,为临床肺癌的早期诊断、评估和预后提示许多新的发展方向。本文主要介绍与肺癌蛋白质组研究相关的实验技术,并综述近期研究进展。

关键词: 肺癌,蛋白质组,质谱,2D-PAGE

文章全文为PDF格式,请下载到本机浏览。[下载全文]

如您没有PDF阅读器,请先下载PDF阅读器 Acrobat Reader [下载阅读器]

Common methods for proteomic analysis of lung cancer

100730

100730

Abstract: Lung cancer is a common malignant tumor with high mortality. Lack of effective means for early diagnosis, the prognosis of lung cancer patients are usually very poor. The basic proteomic researches of lung cancer aim to find out potential bio-markers for early diagnosis, evaluation and prognosis of lung cancer. And the new developments are promoting the technologies possibile for clinical application. This article introduced the common technologies for proteomic analysis of lung cancer, and reviewed the new developments in this field.

Key words: Lung cancer, Proteomics, Mass Spectrometry(MS), 2D-PAGE

【大中小】 [关闭窗口]