



面向世界科技前沿，面向国家重大需求，面向国民经济主战场，率先实现科学技术跨越发展，率先建成国家创新人才高地，率先建成国家高水平科技智库，率先建设国际一流科研机构。

——中国科学院办院方针

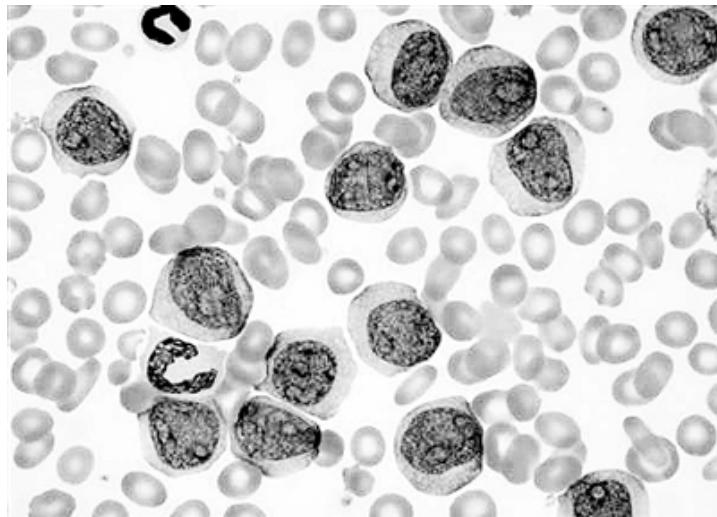


染色质基因分析可识别癌症起源

能确定白血病源头细胞类型

文章来源：科技日报 刘海英 发布时间：2016-07-13 【字号：[小](#) [中](#) [大](#)】

[我要分享](#)



白血病细胞

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7月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。

热点新闻

“一带一路”国际科学组织联盟...

中科院党组学习贯彻习近平总书记致“...”
中科院A类先导专项“深海/深渊智能技术...
中科院与多家国外科研机构、大学及国际...
联合国全球卫星导航系统国际委员会第十...
中科院A类先导专项“地球大数据科学工程...”

视频推荐



【新闻联播】“率先行动”计划 领跑科技体制改革



【新闻直播间】全球卫星导航系统国际委员会第十三屆大会——北斗系统国际合作成果显著

专题推荐



(责任编辑：侯青)



© 1996 - 2018 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号 京公网安备110402500047号 联系我们

地址：北京市三里河路52号 邮编：100864