科学家揭示高危前列腺癌代谢干预机制及诊断标志物

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/29709.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

科学家揭示高危前列腺癌代谢干预机制及诊断标志物。

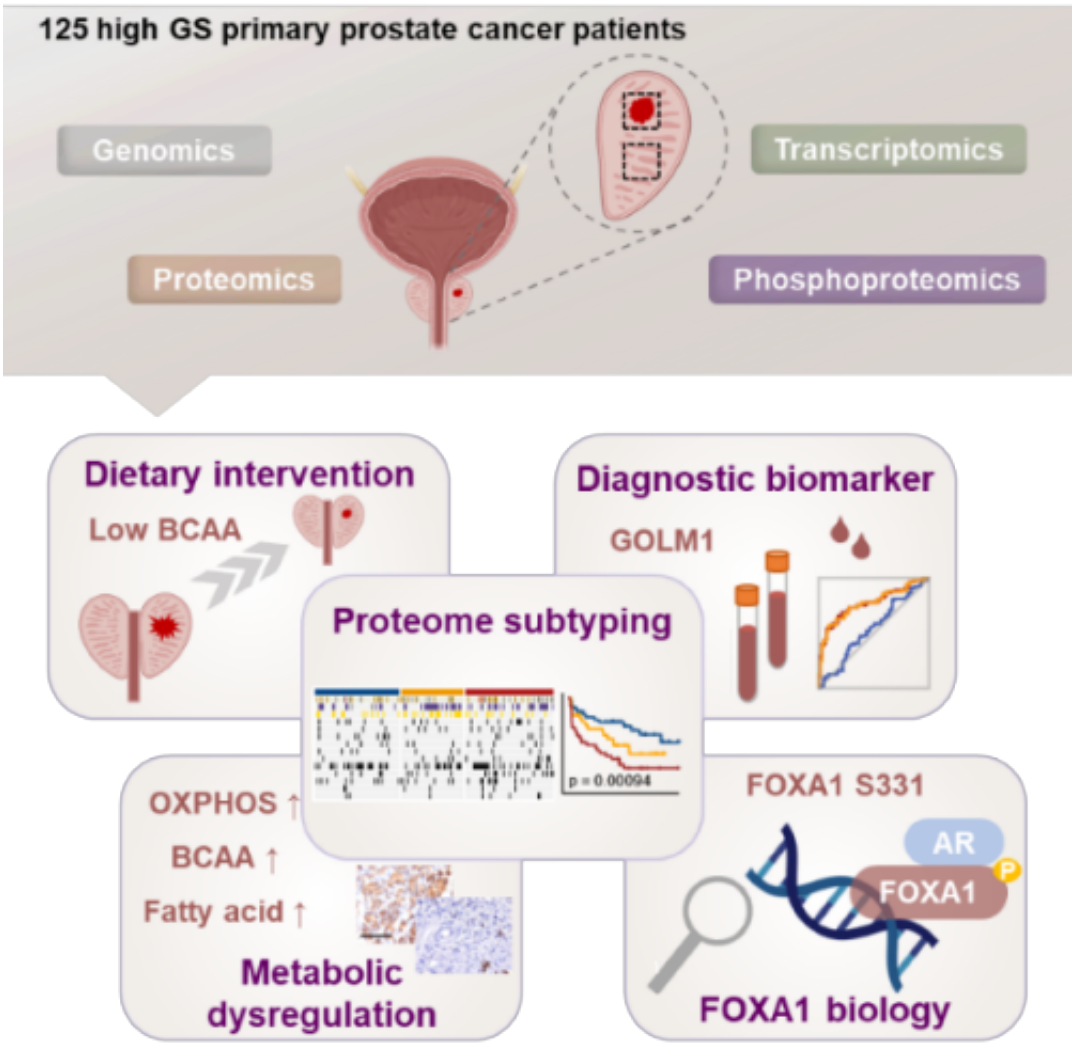
近日，中国科学院上海药物研究所谭敏佳课题组、中科中山药物创新研究院徐骏宇课题组，联合中国科学院营养与健康研究所秦骏课题组、上海交通大学附属仁济医院薛蔚和董柏君团队、上海交通大学生命科学技术学院李婧课题组，在《自然-癌症》（*Nature Cancer*）上发表了题为*Integrative proteogenomic profiling of high-risk prostate cancer samples from Chinese patients indicates metabolic vulnerabilities and diagnostic biomarkers*的研究论文。

该研究综合基因组、转录组、蛋白质组和磷酸蛋白质组数据，揭示了基因组和转录组分析未完全阐明的前列腺癌分子机制和疾病亚型，加深了科学家对前列腺癌临床特征的生物学认知。

前列腺癌呈现出东西方人群基因组层面的差异性，并反映在癌症基因组和疾病进展的不同变化中。该研究对125例癌和癌旁配对的临床原位高危前列腺癌样本进行了蛋白基因组学的全景解析，以提升对于高危前列腺癌预后、诊断和治疗的认知。科研人员致力于揭示不同预后特征的分子亚型、剖析关键的致癌磷酸化事件以及探索精准诊断和预后的生物标志物。研究基于蛋白质组学的分子分型发现，预后最差的S-III亚型中代谢信号和癌症通路更显著地被激活。进一步，机制解析显示，支链氨基酸代谢途径关键酶BCAT2的高表达提高了癌组织对支链氨基酸的利用效率，促进了前列腺癌的增殖。研究基于磷酸化组学的全景分析发现，FOXA1-S331磷酸化修饰能够促进下游AR信号通路的活化过程，而抑制FOXA1-S331磷酸化修饰水平则能够减缓前列腺癌的进展过程。同时，研究基于蛋白质组学和临床数据的整合分析发现，GOLM1可以作为潜在生物标志物，用于诊断前列腺癌特异性抗原（PSA）“灰区”的前列腺癌患者。研究表明，在PSA“灰区”，血清GOLM1具有更高的特异性和灵敏度。

研究工作得到国家自然科学基金等的支持。

论文链接



中国人群前列腺癌整合的蛋白质组学分子图谱全景

研究团队单位：上海药物研究所

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发