# 乙肝病毒基因组嵌入人类基因与癌变相关

作者：writer 来源：本站

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/722.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！*

2018年5月31日讯，日本理化学研究所和广岛大学近日宣布，他们的联合研究小组对肝脏感染乙型肝炎病毒(HBV)进行基因组分析，发现了乙肝病毒嵌入人类基因组的机制和病毒致癌的部分机制。

全世界约3.5亿人感染乙肝病毒，每年约88万人因乙肝病毒死亡。乙肝病毒感染治疗手段有限，主要使用干扰素和核酸模拟制剂，不但需要长期服药，还存在副作用和病毒耐药性等问题;而且治疗效果并不理想，多数患者仍然会从乙肝病毒感染转向慢性肝炎和肝癌。
一般认为感染乙肝病毒后，在人类肝细胞基因中发生乙肝病毒基因组嵌入，发展为肝癌。

此次研究小组对乙肝病毒感染者的肝癌和邻近肝组织及乙肝病毒感染小鼠模型中提取的DNA进行了检测，并详细分析了1600多处嵌入位点。结果发现，在感染3周至7周的小鼠模型中，乙肝病毒基因主要集中在线粒体基因中;在人类肝癌和邻近肝组织中每个样品被编入1279个位点，基因组嵌入部位多位于染色质开放的区域。在肝癌中，被编入特定的癌症相关基因，这被认为有助于发生癌变。

此外，研究小组还证实了乙肝病毒与人类融合基因的表达，并推测这与乙肝病毒感染和癌变有关。 该研究阐释了乙肝病毒对人类基因的嵌入机制，可望对乙肝引发肝癌的新治疗药物、预防方法以及以线粒体为靶点的新型病毒治疗药物的开发作出贡献。
研究成果近期刊登在《肿瘤靶点》(Oncotarget)杂志网络版。

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