

肿瘤转移： microRNA 的超甲基化

microRNA的超甲基化能够导致其表达失控，并参与肿瘤的转移过程。

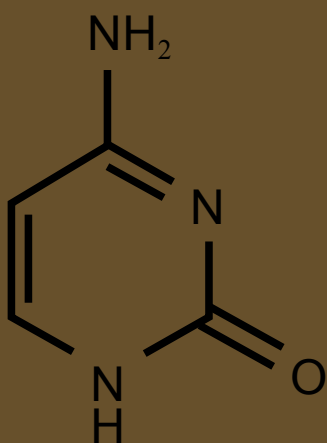
microRNA表达失控失控参与了肿瘤转移过程。Manel Esteller等人的最新研究表明，microRNA超甲基化是其表达失控的原因。

非编码的microRNA受到后生性调控的这一现象促使Esteller等人发出这样的疑问：在人类肿瘤形成过程中，是否存在明显的microRNA超甲基化现象？他们采用DNA甲基化抑制剂5-氮杂-2'-脱氧胞苷处理了三种人类转移性肿瘤细胞株。对经处理和未经处理的细胞进行RNA分析显示，在经5-氮杂-2'-脱氧胞苷处理过的细胞内，389个microRNA中有57个表达水平增高，其中27个都被嵌入一个典型的CpG岛（一段超甲基化的DNA结构）中。发现在肿瘤细胞中MiR-148a、miR-34b/c和miR-9这三种microRNA都发生了明显的超甲基化，并且在动物模型体内移植的肿瘤细胞（xenograft models）中外源表达这三种microRNA分子可以抑制肿瘤细胞的生长和转移。该抑制现象与microRNA靶基因（例如MYC基因和E2F3基因）的表达被抑制有关。更重要的是，作者还发现，这些microRNA的超甲基化与207例原发性肿瘤患者中出现的淋巴结转移现象有关。

如果上述观点得到证实，则超甲基化的microRNA可以用于发现更有可能发生肿瘤转移的患者。同时，上述研究结果还提示我们，能使DNA去甲基化的药物也许能用于治疗肿瘤转移的患者。

原文检索：<http://www.signaling-gateway.org/update/updates/200810/nrc2513.html>

 Kitty/编译



microRNA的超甲基化（Hypermethylation）能够使其表达失控，该过程与肿瘤转移有关。

图片说明：CpG岛

小词典

CpG岛：

CpG岛结构基因含有很多CpG结构。此结构含有大量相连的胞嘧啶（C）、鸟嘌呤（G），以及使两者相连的磷酸酯键（p）。基因组中60%~90%的CpG都被甲基化，未甲基化的CpG成簇地组成CpG岛，位于结构基因启动子的核心序列和转录起始点，不仅作为基因的一种标志，而且还参与基因表达调控过程以及影响染色质的结构。