

多组学分析揭示了硒在克罗恩病中控制T细胞分化的关键作用

Multimomics analyses reveal a critical role of selenium in controlling T cell differentiation in Crohn's disease

研究对象: 克罗恩病 期刊: Immunity 影响因子: 31.740 发表时间: 2021年8月

炎症性肠病 (IBD) 主要包括克罗恩病 (CD) 和溃疡性结肠炎 (UC), 这两种疾病以慢性复发的肠道炎症为特征, 显著影响患者的生活质量, 目前无法治愈, 故又被称为“绿色癌症”。IBD 由多种因素相互作用所致, 包括环境、遗传、感染和免疫因素, 其中, 肠道粘膜免疫系统异常反应所导致的炎症反应在 IBD 发病中起着重要作用。该研究以 CD 和 UC 患者作为研究对象, 利用单细胞转录组测序、非靶向代谢组学和定量蛋白质组等技术, 揭示了肠道免疫细胞组成及代谢改变, 并阐明了硒调控 Th1 细胞分化的分子机制, 为 CD 的发病机制提供了新的理论依据。此外, 该研究还发现补充硒制剂有望通过抑制 Th1 细胞的分化缓解 CD 患者肠道炎症。**该研究的非靶向代谢组学由诺禾致源提供。**

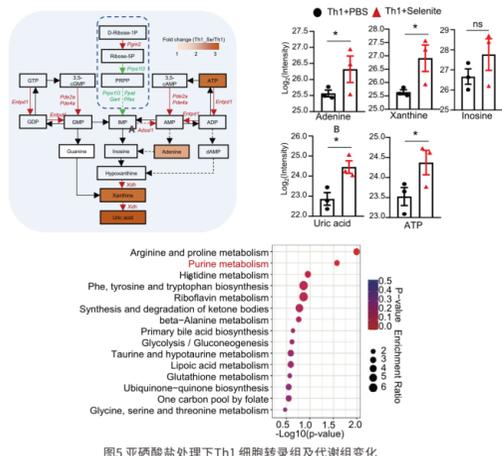
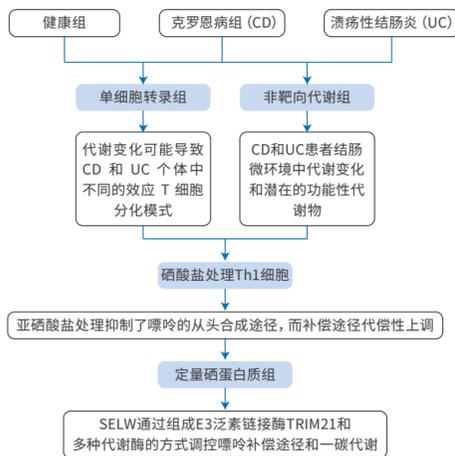


图5 亚硒酸盐处理下Th1 细胞转录组及代谢组变化

参考文献

Huang L J, Mao X T, Li Y Y, et al. Multimomics analyses reveal a critical role of selenium in controlling T cell differentiation in Crohn's disease[J]. Immunity, 2021, 54(8):1728-1744.

诺禾致源质谱部分高分文章列表

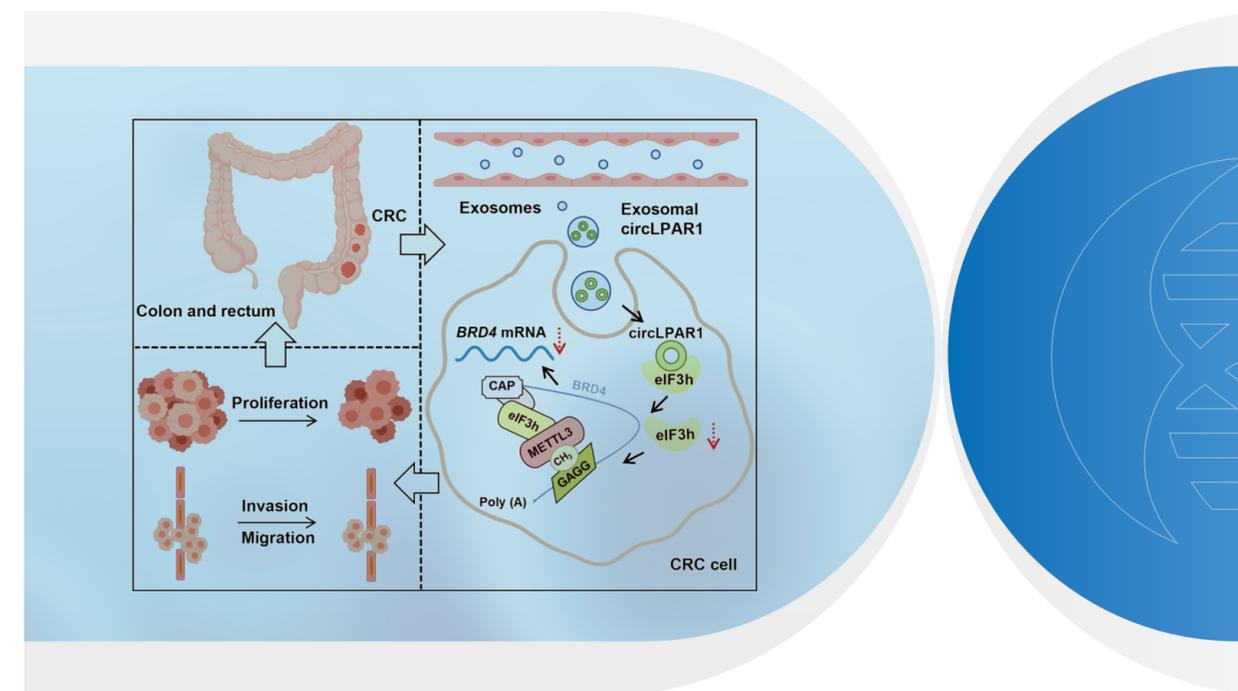
发表时间	合作单位	期刊名称	影响因子	文章题目	研究对象	组学方法
2022年	南京医科大学	Molecular Cancer	27.401	Exosomal circLPAR1 functions in colorectal cancer diagnosis and tumorigenesis through suppressing BRD4 via METTL3-eIF3h interaction	结直肠癌	TMT 定量蛋白质组
2022年	浙江工商大学	Allergy	13.146	Variations in oral microbiota and salivary proteomics reveal distinct patterns in polysensitized individuals	过敏反应	TMT 定量蛋白质组
2022年	宁夏医科大学基础医学院	Applied Materials Today	11.041	Targeting and promoting atherosclerosis regression using hybrid membrane coated nanomaterials via alleviated inflammation and enhanced autophagy	动脉粥样硬化	非靶向代谢组 + 靶向代谢组 + 转录组
2021年	浙江大学	Immunity	31.745	Multimomics analyses reveal a critical role of selenium in controlling T cell differentiation in Crohn's disease	克罗恩病	非靶向代谢组
2021年	中国航天员研究训练中心	European Heart Journal	29.983	3' untranslated region of Ckip-1 inhibits cardiac hypertrophy independently of its cognate protein	心肌肥大	非靶向代谢组 + 靶向代谢组 + 转录组
2021年	华中科技大学同济医学院附属协和医院	Molecular Cancer	27.401	CircLIFR synergizes with MSH2 to attenuate chemoresistance via MutSa/ATM-p73 axis in bladder cancer	膀胱癌	蛋白质组
2021年	华中科技大学同济医学院附属协和医院	Cancer Research	12.701	Circ008399 interaction with WTAP promotes assembly and activity of the m6A methyltransferase complex and promotes cisplatin resistance in bladder cancer	膀胱癌	蛋白质组
2021年	华中科技大学同济医学院附属协和医院	Theranostics	11.556	Relieving lipid accumulation through UCP1 suppresses the progression of acute kidney injury by promoting the AMPK/ULK1/autophagy pathway	急性肾损伤	脂质组
2020年	西安交通大学	Science Advances	14.143	Natural polymorphism of Ym1 regulates pneumonitis through alternative activation of macrophages	肺部炎症	Label-free 定量蛋白质组
2020年	华中科技大学同济医学院附属协和医院	Science Advances	14.143	Irradiated tumor cell-derived microparticles mediate tumor eradication via cell killing and immune reprogramming	肿瘤放射疗法	Label-free 定量蛋白质组
2020年	华中科技大学	Clinical and Translational Medicine	11.492	Mannose synergizes with chemoradiotherapy to cure cancer via metabolically targeting HIF-1 in a novel triple-negative glioblastoma mouse model	多形性胶质母细胞瘤	类靶向代谢组
2020年	第四军医大学	Diabetologia	10.122	Akap1 deficiency exacerbates diabetic cardiomyopathy in mice by NDUFS1-mediated mitochondrial dysfunction and apoptosis	心肌病	蛋白质组
2019年	中国农业科学院哈尔滨兽医研究所等	Science	47.728	Architecture of African Swine Fever Virus and implications for viral assembly	非洲猪瘟病毒	蛋白质组
2019年	浙江大学、东南大学等	Cell	41.584	Stress-induced metabolic disorder in peripheral CD4+ T cells leads to anxiety-like behavior	焦虑行为	非靶向代谢组 + 转录组
2019年	浙江大学医学院第一附属医院	GUT	23.059	Integrated multiomic analysis reveals comprehensive tumour heterogeneity and novel immunophenotypic classification in hepatocellular carcinomas	肝癌	基因组 + 转录组 + 定量蛋白质组 (TMT) + 非靶向代谢组
2019年	山东省立医院	Nature Communications	14.919	KIBRA controls exosome secretion via inhibiting the proteasomal degradation of Rab27a	外泌体	iTRAQ 定量蛋白质组

医学领域高分客户文章应用实例

平均IF 25+ → 汇集医学领域多篇高分文章

多组学联合 → 转录组学/蛋白质组学/代谢组学, 多维度探索机制, 助力精准靶向治疗

丰富的研究方向 → 聚焦肿瘤、疾病、心血管、免疫、过敏等多个前沿热点方向



北京诺禾致源科技股份有限公司
北京市朝阳区酒仙桥北路甲10号院301号楼101栋
天津市武清区创业总部基地B07/B08/B09栋
南京市浦口区浦滨路211号基因大厦A座三楼

T. 400-658-1585
E. service@novogene.com

www.novogene.com

可信赖的科研合作伙伴



外泌体circLPAR1通过METTL3-eIF3h相互作用抑制BRD4，从而在结直肠癌诊断和肿瘤发生中发挥作用

Exosomal circLPAR1 functions in colorectal cancer diagnosis and tumorigenesis through suppressing BRD4 via METTL3-eIF3h interaction

研究对象: 结直肠癌 期刊: Molecular Cancer 影响因子: 27.401 发表时间: 2022年2月

外泌体含有丰富的环状RNA (circRNAs), 已成为多种肿瘤的生物标志物, 但其circRNAs 用于诊断结直肠癌 (CRC) 的分子机制尚不清楚。该研究中, 作者对CRC组织和癌旁组织进行了高通量RNA测序(RNA-seq), 发现了circLPAR1特异性的生物标志物, 并通过组织微阵列、细胞系和外泌体分析对结果进行了验证。随后, 评估了靶向外泌体circRNAs在血浆中的诊断能力, 并结合 TMT 蛋白质组学全面阐明了外泌体 circRNA参与CRC发生的生物学功能。从机制上而言, 外泌体circLPAR1通过与eIF3h结合抑制METTL3-eIF3h相互作用, 使得BRD4的水平降低, 从而显著抑制CRC的发展。该研究的TMT定量蛋白质组学由诺禾致源提供。

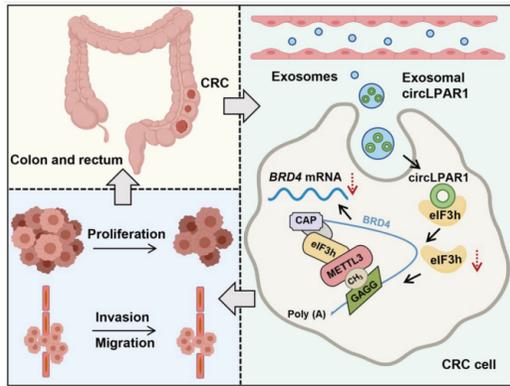
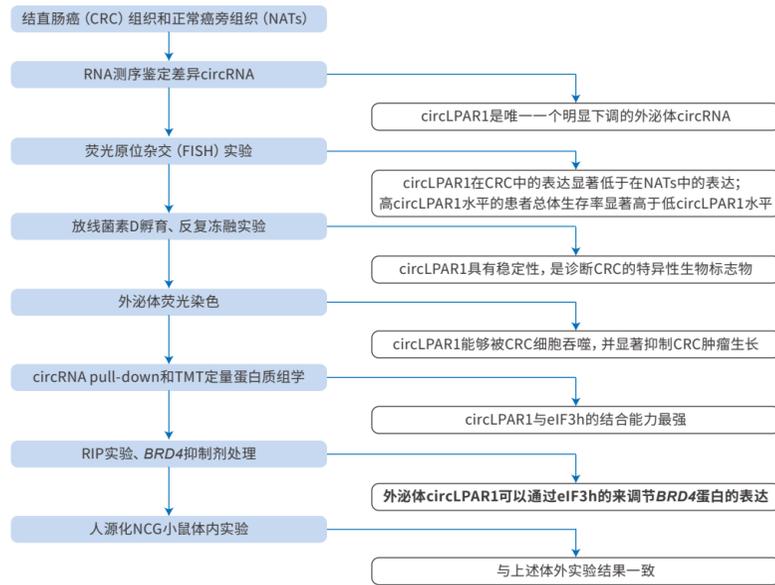


图1 靶向外泌体circLPAR1在体内的作用

参考文献

Rui Zheng, Ke Zhang, Shanyue Tan, et al. Exosomal circLPAR1 functions in colorectal cancer diagnosis and tumorigenesis through suppressing BRD4 via METTL3-eIF3h interaction [J]. Mol Cancer. 2022, 21(1): 49.

多组学分析揭示肝癌的广泛异质性发现新型免疫分型

Integrated multiomic analysis reveals comprehensive tumour heterogeneity and novel immunophenotypic classification in hepatocellular carcinomas

研究对象: 肝癌 期刊: GUT 影响因子: 23.059 发表时间: 2019年6月

肝细胞癌 (HCC) 是异质性的, 在多灶性肿瘤中, 异质性问题尤为明显, 但基因组、转录组层面的异质性研究尚未推进到临床应用。因此, 有必要对HCC中肿瘤异质性开展全面研究, 明确肝癌中不同组学维度异质性传递规律, 找到有效可行的HCC治疗新策略。该研究利用多组学联合分析的方法, 发现HCC的肿瘤间以及结节间异质性在基因组、转录组、蛋白质组、代谢组层面都相当大, 而肿瘤微环境免疫异质性相对较低, 表明靶向局部免疫有望成为一种合适的HCC干预手段。此外, 将HCC分为了三个亚型: 免疫活性、免疫缺陷以及免疫抑制型, 不同亚型表现为特定的代谢特征, 能够用于患者预后情况评估。该研究的基因组学、转录组学、TMT定量蛋白质组学及非靶向代谢组学由诺禾致源提供。

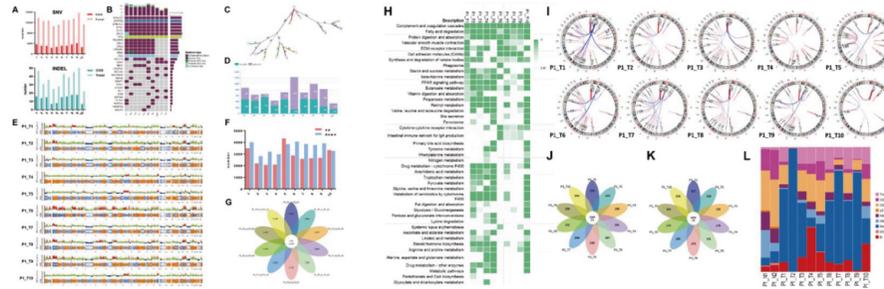


图2 不同组学层面 HCC 肿瘤内结节间的异质性

参考文献

Qi Zhang, Yu Lou, Jiaqi Yang, et al. Integrated multiomic analysis reveals comprehensive tumour heterogeneity and novel immunophenotypic classification in hepatocellular carcinomas[J]. Gut, 2019, 68(11): gutjnl-2019-318912.

口腔微生物群和唾液蛋白质组学的变化揭示了多致敏表型的独特模式

Variations in oral microbiota and salivary proteomics reveal distinct patterns in polysensitized individuals

研究对象: 过敏反应 期刊: Allergy 影响因子: 13.146 发表时间: 2022年3月

过敏性疾病是严重影响人体健康的全球性疾病, 其中, 哮喘、过敏性鼻炎、过敏性皮炎及食物过敏的现象尤为普遍。该研究以多致敏表型过敏患者的口腔环境为研究重点, 通过多组学联合分析, 揭示了不同表型过敏症患者口腔微环境的变化, 证实了多致敏表型与口腔黏膜功能障碍和局部免疫失衡密切相关, 突出了复杂的口腔环境在调节多发病和多重致敏方面的作用。研究结果可为过敏性疾病的表型研究提供支持, 并为过敏性多发病的预防和治疗提供潜在靶点。该研究的TMT定量蛋白质组学由诺禾致源提供。

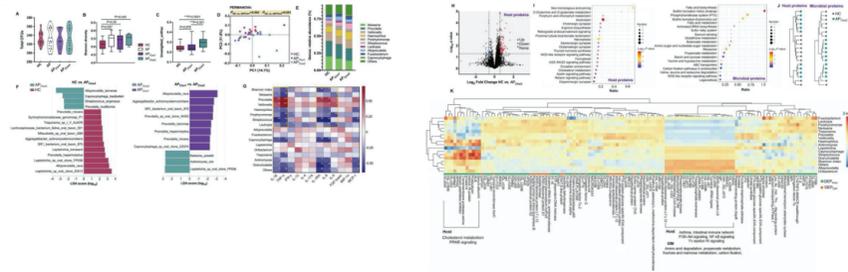


图3 多致敏表型患者的口腔微生物群与口腔微环境和唾液蛋白质组的紊乱相关

参考文献

Yanbo Wang, Qiaozhi Zhang, Chong Wang, et al. Variations in oral microbiota and salivary proteomics reveal distinct patterns in polysensitized individuals[J]. Allergy, 2022.

Ckip-1 的3' 非翻译区独立于其同源蛋白可抑制心肌肥大

3' untranslated region of Ckip-1 inhibits cardiac hypertrophy independently of its cognate protein

研究对象: 心肌肥大 期刊: European Heart Journal 影响因子: 29.983 发表时间: 2021年8月

病理性心肌肥大最终可导致心脏衰竭(HF), 为了改善临床结果和避免心衰的发生, 需要针对心肌肥大进行精确调节, 而RNA分子作为基因和蛋白质连接的重要一环, 在心脏发育和疾病中发挥着重要作用。mRNA的结构包括编码区(CDS)和5'和3'非翻译区(UTR), 3'UTR则在脊椎动物基因组中高度保守, 在生物中起到重要的调节作用。该研究中, 作者对公共数据库中人类心衰样本的转录组测序数据进行了分析, 发现Ckip-1 mRNA的3'UTR和CDS存在表达不一致情况; 通过构建Ckip-1 mRNA的3'UTR过表达转基因小鼠模型, 发现Ckip-1 3'UTR的过表达降低了横向往动脉缩窄(TAC)后心肌肥厚的严重程度, 并且能在不依赖Ckip-1蛋白的情况下实现。Ckip-1 3'UTR的过表达抑制了脂肪的积累, 并通过TCA循环促进了ATP的生成。此外, 后续实验发现Ckip-1 3'UTR可以竞争结合Let-7f起到隔离和抑制Let-7f的作用, 导致CaMKK2表达和AMPK活性增加。Ckip-1 3'UTR代表了一种有吸引力的RNA治疗工具, 是治疗心肌肥厚和心力衰竭的一种潜在的疗法。该研究的非靶向代谢组学、靶向代谢组学和转录组学由诺禾致源提供。

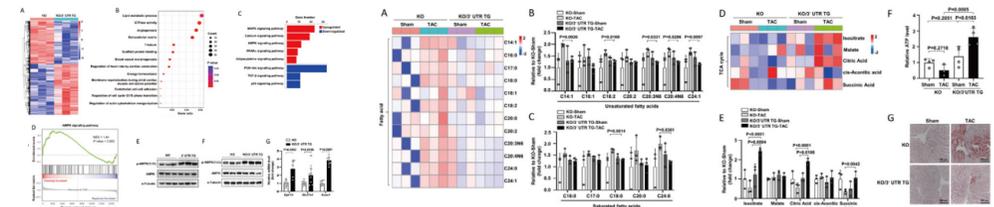
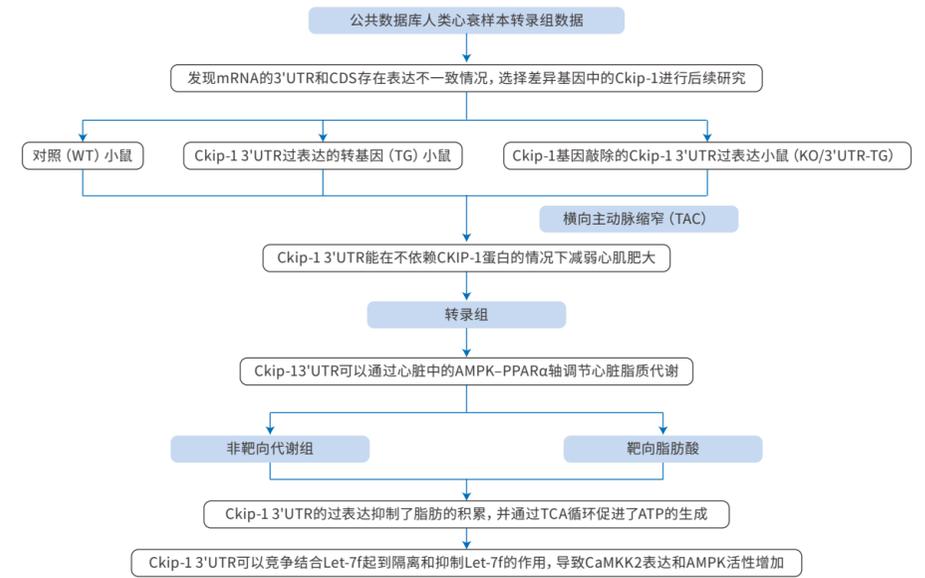


图4 基因敲除的转基因小鼠心脏的转录组结果

参考文献

Yinlong Zhao, Shukuan Ling, Jianwei Li, et al. 3' untranslated region of Ckip-1 inhibits cardiac hypertrophy independently of its cognate protein[J]. European Heart Journal, 2021, 42(36): 3786-3799.