

방광암의 진행 및 예후와 관련된 유전자군 발굴

생명정보센터
추인선 2010.5.

연구개요 · 유전체 및 생물정보학 기법을 이용하여 방광암의 진행 및 예후를 판별할 수 있는 새로운 유전자 발현 패턴을 규명함.

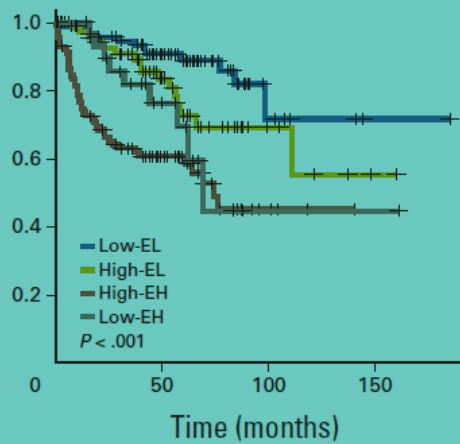
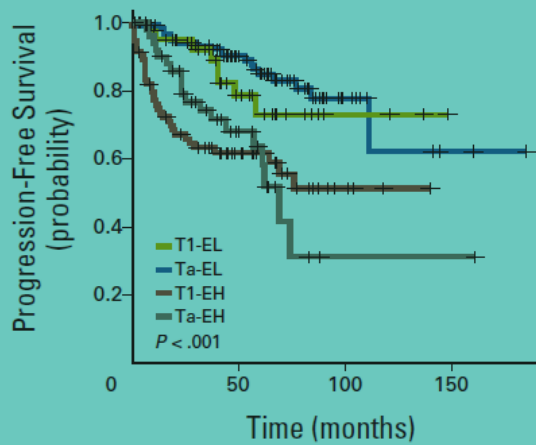
개발내용 · 한국인 방광암환자 165명의 종양조직을 포함한 233개의 방광조직의 시료에 DNA 칩을 이용하여 전체 유전자의 발현 패턴을 조사하고, 그 결과를 생물정보학적 기법으로 분석하여 방광암의 진행과 환자예후와 관련된 핵심 유전자군을 발굴하고 새로운 진단 기법의 근거를 제시함.

· 초기단계인 표재성 방광암 환자의 약 20%가 예후가 나쁜 침윤성 방광암으로 진행하는데, 이와 관련하여 중요 역할을 하는 E2F1을 중심으로 약 1,500개의 유전자를 발굴하고 이들 유전자의 발현 패턴에 따라 표재성 방광암 환자의 예후가 확연히 구분되는 것을 증명함.

· 이미 공개되어 있는 353명의 유럽인 방광암 환자 자료와 비교 분석한 결과도 동일하였으며 그 유효성을 확인함.

활용사례/효과 · ‘임상종양학회지(*Journal of Clinical Oncology*)’에 게재됨.

· 기존의 암진단 방법을 획기적으로 보완하여 환자의 예후예측의 정확도를 높일 수 있으며, 유전체 정보를 바탕으로 한 암환자의 개인 맞춤치료에 활용됨.



E2F1을 중심으로 한 유전자군의 발현패턴을 바탕으로 표재성 방광암 중에 극단적으로 예후가 나쁜 침윤성 방광암으로 진행하기 쉬운 환자그룹을 분류할 수 있고, 방광암 환자의 진단에 Stage(Ta, T1)와 Grade(Low, High)와 함께 활용할 수 있는 중요한 근거를 제시하였다.