

Gene Set: WANG_TUMOR_INVASIVENESS_UP

Genes Up-regulamentada no subpopulação de células Pymt invasivos (câncer de mama) em comparação com a população em geral de células Pymt.

Correlacionando o comportamento de células tumorais in vivo com os padrões de expressão genética levou a novos insights sobre o microambiente das células tumorais do tumor primário. Até agora, estes estudos foram realizados com tumores derivados de linhas celulares . No presente estudo, analisamos, em meio polyoma T oncogene tumores mamários (Pymt) derivados , o comportamento das células tumorais e os padrões da subpopulação invasiva de células tumorais por imagens intravital baseada multiphoton e expressão à base de microarray de perfil , respectivamente de expressão gênica . Os nossos resultados indicam que os padrões de comportamento de células que contribuem para a invasão e metástase de tumor Pymt são semelhantes aos observados anteriormente em tumores mamários derivado da linha de células MTLn3 rato . As células tumorais invasivas coletados de tumores mamários Pymt rato, como os seus homólogos de tumores mamários xenoenxerto rato , são uma população que é relativamente nondividing e nonapoptotic mas quimioterapia resistente e quimiotática . As alterações na expressão de genes que ocorrem exclusivamente na subpopulação de células tumorais invasivas nos tumores mamários Pymt que caem sobre o complexo Arp2 / 3 , níveis máximos de proteínas e cofilina vias apresentam um padrão semelhante ao observado previamente em células do tumor invasivo da célula MTLn3 Os tumores derivados de linhas . Estas alterações prever uma atividade aumentada da via cofilina, e isto foi confirmado em células tumorais Pymt invasivo isolado . Conclui-se que mudanças na expressão gênica e suas alterações relacionadas no comportamento celular , que foram identificados nas células tumorais invasivas de tumores derivados de linhas celulares, são conservadas nas células tumorais invasivas de tumores mamários do mouse Pymt derivados , embora estes tipos de tumores têm diferentes origens genéticas .

LEE_AGING_MUSCLE_DN

Abaixo Regulamentado no músculo gastrocnêmio de ratos adultos com idade (30 meses) vs adulto jovem (5 meses).

O perfil do processo de envelhecimento, a expressão do gene foi analisada no músculo esquelético de ratinhos. O uso de matrizes de oligonucleótidos de alta densidade representando 6347 genes revelaram que o envelhecimento resultou num padrão de expressão diferencial de genes indicativo de uma resposta ao stress acentuada e menor expressão dos genes de biossíntese e metabólica. A maioria das alterações foram completamente ou parcialmente impedida pela restrição calórica, a única intervenção conhecidas para retardar o envelhecimento em mamíferos. Padrões de transcrição de animais com restrição de calorias sugerem que a restrição calórica retarda o processo de envelhecimento, fazendo com que uma mudança metabólica para o aumento da rotatividade de proteína e menor dano macromolecular.

Gene Set: PENG_LEUCINE_DEPRIVATION_DN

Genes reprimidos em células BJAB (B-linfoma) após leucina [PubChem = 857] privação.

RAFT1/FRAP/mTOR é um regulador chave de crescimento e divisão celular e o alvo da rapamicina em mamíferos , um imunossupressor e droga anticâncer . Privação rapamicina e privação de nutrientes têm efeitos similares sobre a atividade de S6 quinase 1 (S6K1) e 4E-BP1 , dois processadores de efeitos a jusante de RAFT1 , mas a relação entre as vias sensíveis à rapamicina em nutrientes e é desconhecido. Usando o perfil de transcrição , que mostram que, em células de linfoma B de murinos e humanos BJAB CTLL - 2 de linfócitos T , rapamicina tratamento afeta a expressão de muitos genes envolvidos no metabolismo de nutrientes e de proteínas . O perfil da transcrição induzida por rapamicina é distinto dos induzidos pela glicose, glutamina, leucina ou privação, mas é mais semelhante à induzida por privação de aminoácidos. Em particular, o tratamento rapamicina e privação de ácido amino -regulam genes envolvidos no catabolismo e produção de energia de nutrientes e baixo -regular genes que participam de lipídios e síntese de nucleotídeos e na síntese de proteínas , volume de negócios, e dobrar. Surpreendentemente, no entanto , a rapamicina teve efeitos opostos dos de inanição de aminoácidos sobre a expressão de um grande grupo de genes envolvidos na síntese, o transporte e a utilização de aminoácidos. Suportado por medições de utilização de nutrientes, os dados sugerem que RAFT1 é um sensor de energia e de nutrientes e que imita rapamicina um sinal gerado pela inanição de aminoácidos, mas que é improvável que seja a ausência dos próprios aminoácidos do sinal. Estas observações reforçam a importância do metabolismo no controle da proliferação de linfócitos e oferecer uma nova explicação para a imunossupressão por rapamicina.