

苏州帕诺米克生物医药科技有限公司



诺米代谢
PANOMIX
Suzhou PANOMIX Biomedical Tech Co., LTD

Global Untargeted

Metabolomics

诺米代谢

全局精准非靶向代谢组学产品手册



颠覆算法革命

无偏向更聚焦

关于诺米代谢

苏州帕诺米克生物医药科技有限公司（简称：诺米代谢）于 2013 年在苏州工业园区成立，是中国最早成立、规模最大的代谢组学公司之一，致力于打造临床质谱和代谢组学全方案提供商。业务板块包括组学技术服务、临床质谱、组学临床产品与大数据平台。公司为客户提供更快更精准的代谢组学检测服务及产品。

公司布局

公司已获得元生创投、薄荷天使及沃生投资等行业知名基金的多轮投资，并取得科技领军企业、CMA 认证企业、高新技术企业、江苏省民营科技企业、ISO-9001 质量管理体系认证等资质，知识产权 30 余项，临床注册产品近 20 项。



800+ 合作高校、医院、研究所、企业

10000+ 合作项目数

200+ 学术期刊上合作发表文章

我们的客户



高校



医院



研究所



制药企业



乳品企业



生物公司



政府机构

产品应用方向



基础医学



临床医学



中医药



农林



畜牧



水产



轻工业



环境科学

项目经验

诺米代谢已完成包括动物组织、肿瘤样本、植物叶片等各类项目，积累了丰富的项目经验。基于自身完整的样品预处理平台、高分辨率质谱平台、海量代谢物库与核心匹配算法、及自主知识产权的云数据分析系统 BioDeep™，诺米代谢已为国内外 400 余家科研院所、300 余家三甲医院以及食品与制药企业提供全面、专业的代谢组学服务。

自主研发数据库

首家提供多种权威数据库注释，全面解析检测到的物质，强大的 BioDeepDB 自建数据库，融合了 MoNA、METLIN、HMDB、LipidSearch 数据库，实现超高量物质种类的鉴定。

代谢组学云平台——BioDeep™



全球领先的代谢组学云分析平台

轻松分析代谢组学数据，零基础也能一秒出图

一站式服务

诺米代谢专注科研服务，从售前实验方案设计，样本制备、质谱成像和数据处理及售后技术答疑等各环节全程跟踪，提供一站式空间代谢组研究解决方案。



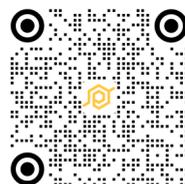
诺米代谢推出科研宝典

《代谢组学与多组学研究实用手册》

扫描二维码，关注公众号

回复“诺米代谢”

免费送 不限量



CMA 资质认证



主要组学平台



Thermo TRACE 1310-ISQ LT



LECO PEGASUS® BT



LECO Pegasus® BT 4D GCxGC-TOFMS



Thermo Q Exactive™ 系列



AB sciex 6500+



Thermo Orbitrap Fusion Lumos



AP-MALDI QE

产品管线

公司服务项目囊括非靶向代谢组学、靶向代谢组学、全靶、脂质组学、风味组学、空间及单细胞代谢组学，应用领域包括农业、环境、肿瘤、心血管疾病、代谢类疾病及肠道微生物相关的研究领域，覆盖 80 余项细分检测分析服务内容，为客户提供个性化的代谢组学科研及临床解决方案。

01 代谢组学

- 空间代谢组学
- 非靶向代谢组学
 - GC-MS代谢组学
 - GCxGC全二维代谢组学
 - LC-MS代谢组学
 - 全局精准非靶向代谢组学
 - 全局精准花青素非靶向代谢组学
 - 全局精准黄酮非靶向代谢组学
 - 风味组学
 - 成分组学
- 靶向代谢组学
 - 短链脂肪酸定量分析
 - 脂肪酸定量分析
 - 胆汁酸定量分析
 - TMAO及相关代谢物定量分析
 - 氨基酸定量分析
 - 黄酮类代谢物定量分析
 - 神经递质定量分析
 - 有机酸定量分析
 - 糖类定量分析
 - 植物激素定量分析
 - 类胡萝卜素定量分析
 - 单宁类定量分析
 - 酚酸类定量分析
 - 花青素定量分析
 - 维生素定量分析
 - 花生四烯酸定量分析
 - 代谢流定量分析
 - 能量代谢定量分析
 - 色氨酸代谢定量分析

02 蛋白质组学

- 定量蛋白质组学
 - 标记定量蛋白质组学
 - TMT/iTRAQ蛋白质组学
 - 非标记定量蛋白质组学
 - Label free蛋白质组学 (DDA模式)
 - 非标记蛋白质组学 (DIA模式)
 - PRM定量靶向蛋白质组学
- 修饰蛋白质组学
 - 磷酸化修饰蛋白质组学
 - 乙酰化修饰蛋白质组学
 - 泛素化修饰蛋白质组学
 - 糖基化修饰蛋白质组学
 - 甲基化修饰蛋白质组学
 - 乳酸化修饰蛋白质组学
 - 巴豆酰化修饰蛋白质组学
 - 二羟基异丁酰化修饰蛋白质组学
 - 琥珀酰化修饰蛋白质组学
- 4D-蛋白质组学
- 宏蛋白组学

03 脂质组学

04 转录组学

- 真核生物转录组学
- 原核生物转录组学
- LncRNA研究
- Small RNA 测序
- CircRNA 测序
- 全转录组测序
- 全长转录组测序
- 单细胞转录组测序

05 离子组学

- 多种物质离子组学研究

06 微生物组学

- 微生物多样性 (16S)
- 宏基因组
- 宏转录组

07 多组学整合

- 代谢组-蛋白质组研究
- 代谢组-转录组研究
- 代谢组-微生物组研究
- 代谢组-蛋白组-转录组-微生物组研究

08 脑肠轴研究

- 16S-非靶/全靶代谢组联合分析
- 16S-短链脂肪酸/胆汁酸/脂肪酸/TMAO/神经递质/氨基酸联合分析

09 外泌体研究

- 外泌体代谢组学
- 外泌体脂质组学
- 外泌体蛋白质组学
- 外泌体转录组学
- 外泌体提取
- 外泌体鉴定
 - WB鉴定
 - NTA鉴定
 - 电镜鉴定

10 数据分析

- 各组学数据分析
- 多组学整合分析
- 脑肠菌轴研究分析

诺米代谢全局精准非靶向代谢组学产品

什么是全局精准非靶向代谢组学

诺米代谢自主研发全局精准非靶向代谢组（“全靶” Global Untargeted Metabolomics）检测技术，具有自主知识产权，是基于常规非靶向代谢组检测的新一代技术。全靶技术以高通量、半定量和物质全注释为特征，用于考察生物体系受刺激或扰动后的体液、细胞和组织等样本中所有小分子代谢产物定性和定量的变化情况。

诺米代谢全靶技术专利（一种基于 UPLC-HRMS 的代谢组学相对定量分析方法）

全局精准非靶向代谢组学应用领域

医学领域	疾病标志物筛查 疾病的诊断和分型	病因与病理机制探究 临床疗效评价	疾病复发诊断 药物毒理学评价
生命科学	非生物环境关系研究 植物与微生物研究	代谢途径及功能基因组研究 药用植物研究	表型鉴定
工业领域	微生物发酵 食品生产和保存	大宗化学品 食品营养鉴定	精细化工

技术原理介绍

非靶向代谢组学尽可能多的采集物质信息，通过数据处理与搜库匹配获得代谢物，作为非靶的升级，全靶在实验环节和数据分析环节，做了革新性优化：以同位素内标和混合 QC（混合标准品）同时作为校正物质来计算代谢组学样本中代谢物的相对浓度值，通过一级分析获得一级变量的差异代谢物，通过二级分析得到代谢物全鉴定表格，特别是明确物质成分或结构的差异代谢物。

	全局精准非靶向代谢组学	普通非靶向代谢组学	市场类似产品
是否技术革新	是	否	否
内标	根据代谢物的结构分类， 对应 6 种同位素内标	化学内标 - 二氯苯丙氨酸	大部分不用内标或未提及同位素内标
数据库	自建库 5000+ 公共库 65 万 +	自建库 5000+ 公共库 65 万 +	不等
定性与定量标准	QC 混标校准 + 同位素内标	/	/

全靶特点

全靶在实验环节和数据分析环节，做了革新性优化：不同于以往的研究模式，**无需先从高分辨质谱数据中提取多反应监测模式（MRM）离子对**，再转移到三重四极杆质谱对这些离子对进行定量扫描，而是直接从高分辨率质谱数据中先提取质谱一级变量信息，以同位素内标和混合 QC（混合标准品）同时作为校正物质来计算代谢组样本中代谢物的相对浓度值。全靶无需同时使用两种质谱平台（四极杆质谱和高分辨质谱），仅用一种（高分辨质谱）即可满足定性和定量的双重需求，成本较低，操作简便，适用性广。

三大亮点

- 算法优选合适的同位素内标；
- 基于混合标准品校正；
- 差异代谢物关联分析新增关联渲染图、差异代谢物 ROC 分析（临床样本）、差异代谢物分析等。

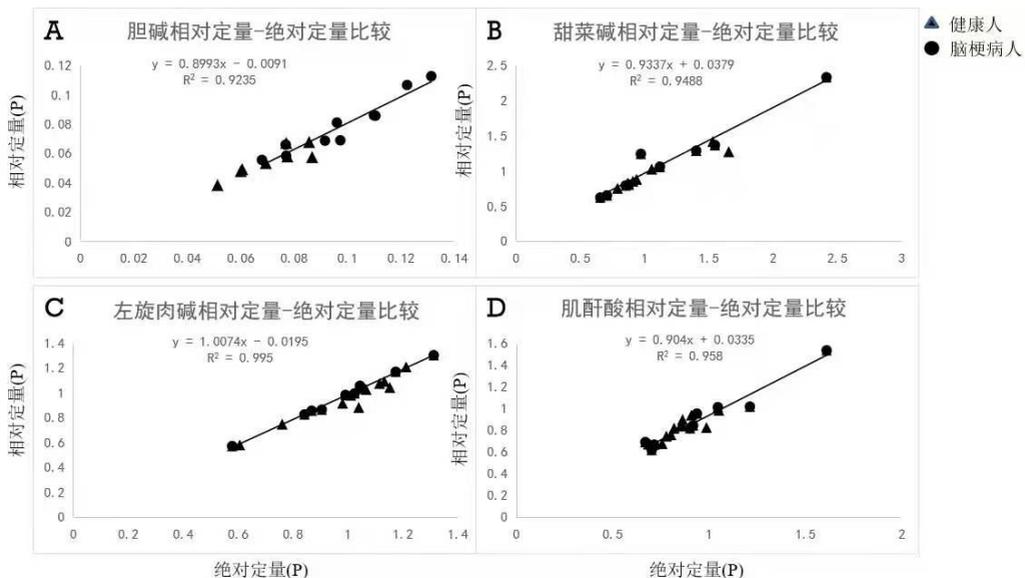
四大优势

1.Q Exactive™质谱平台，更准更稳

质谱仪采用 Thermo Scientific™ Q Exactive™ 质谱仪，组合型四极杆 Orbitrap 质谱仪提供的灵敏度、选择性、灵活性和易用性为目标和非目标化合物的筛查、定量、鉴定和确认设定了标准，更为准确高效地进行物质定性和定量。诺米代谢是 CMA 认证企业，Thermo Scientific™ Q Exactive™ 质谱仪已经过 3Q 认证。上机采用正负离子模式分开进样的方式，最大程度保证物质的不损失。

2. 双重标尺，严格定量

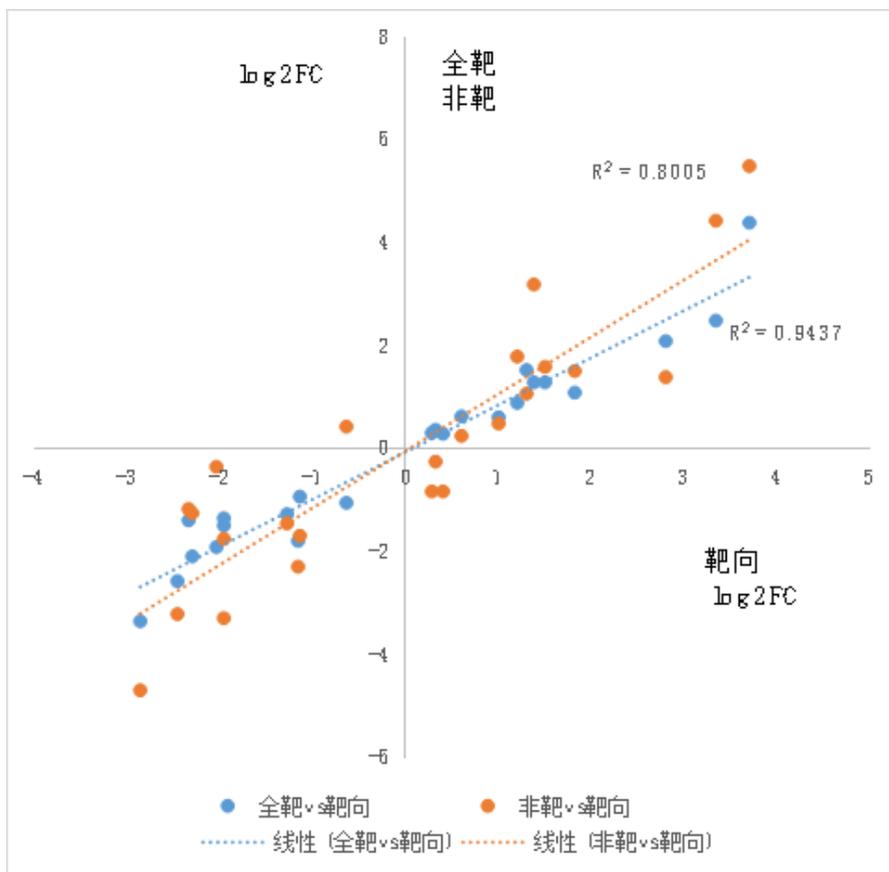
根据代谢物的结构分类，匹配 6 种同位素内标，稳定同位素标记内标 (SIL-IS) 可以提升质谱数据的稳健性，优于化学内标；样品提取之前加入，可以检测各样本的提取效率，并消除提取效率造成的误差；在 QC 样本中 SIL-IS 的色谱分离和质谱检测稳定，可以再现。基于混合 QC 制备不同浓度梯度标准曲线（每个物质都有一个标曲），用于数据分析环节的精准定量。



全靶相对定量结果与靶向绝对定量结果高度一致

3. 算法更精准，减少假阳性

严格数据质控，基于稳定同位素标记内标和混合 QC 的分析流程的算法优化，提升了非靶的定向和定量结果的准确性。如：RSD<30%；混合 QC 物质相应梯度是否线性；同时匹配度 $\geq 85\%$ ，保障鉴定到的物质真实可信，注释物质数量最高可达 1500 余种，相较于常规非靶，更精准地圈定目标代谢物范围。

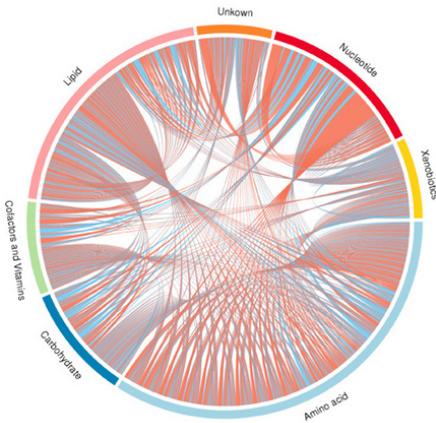


全靶和非靶的靶向验证率对比

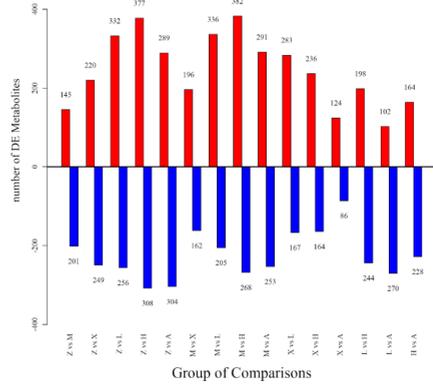
4. 最全数据整合，无偏好性检测

无偏好性检测，是“检测啥结果里就有啥”，不是“库里有啥才能检测啥”。代谢物的定性定量是基于诺米代谢自建数据库和公共数据库，不仅可对已知代谢物的检测，还能对未知代谢物预测。首家提供多种权威数据库注释，全面解析检测到的物质，强大的 BioDeep 自建数据库 5000+，融合了 MoNA、METLIN、HMDB、LipidSearch 等数据库，合计物质数量 65 万 +，实现超高量物质种类的鉴定。

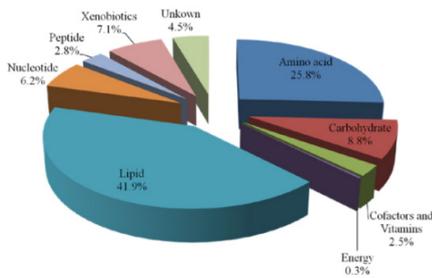
结果展示



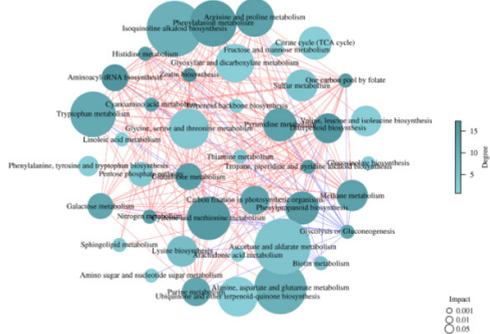
关联和弦图



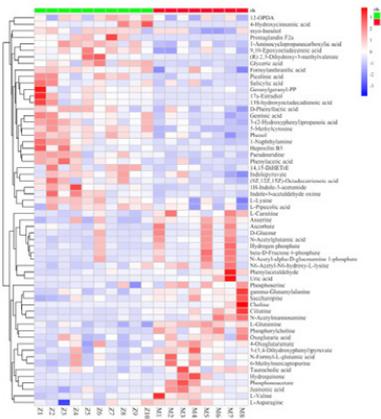
差异代谢物统计柱状图



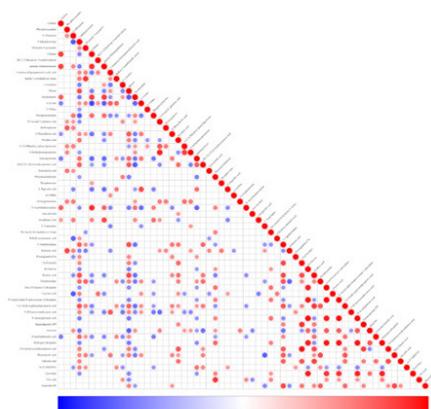
代谢物全鉴定分类图



代谢通路关联网络图



差异代谢物热图



差异代谢物关联热图

项目流程、项目经验及数据库

1. 项目流程如下：



2. 样本类型

诺米代谢已完成包括动物组织、粪便、血浆、血清、植物组织、土壤等各类项目 1000+, 积累了丰富的项目经验。

3. 诺米代谢代谢物质数据库

分类	常见物质	数量
氨基酸类	天冬酰胺、苯丙氨酸、缬氨酸、赖氨酸、丙氨酸、酪氨酸	300
脂肪酸类	己酸甲酯、辛酸甲酯、癸酸甲酯、十一烷酸甲酯、十二烷酸甲酯、十三烷酸甲酯、十四烷酸甲酯 / 肉豆蔻酸甲酯、甲酯、十五烷酸甲酯	60
中心碳代谢类	柠檬酸、 α -酮戊二酸、L-异亮氨酸、L-亮氨酸、L-赖氨酸、L-甲硫氨酸、L-苯丙氨酸、葡萄糖-6-磷酸、果糖-1,6-二磷酸、琥珀酸盐	60
脂质	11 去氢皮质激素、7 α 羟基胆固醇、20 羧基白三烯 B ₄ 、二十二碳五烯酸 (22n-3)、9,10-环氧十八烯酸、21 脱氧皮质醇、双氢睾酮、肾上腺素、植物鞘氨醇	1500
有机酸类	酒石酸、马尿酸、L-焦谷氨酸、5-羟甲基-2-糠酸、高香草酸、3-羟基-3-甲基谷氨酸、苯丙酮酸	500
神经递质类	5-羟吲哚乙酸、谷氨酰胺、色胺、褪黑素、5-羟基色氨酸、组氨酸、色氨酸、犬尿氨酸	50

胆汁酸类	别胆石酸、石胆酸、异石胆酸、去氧胆酸、鹅去氧胆酸、熊去氧胆酸、猪去氧胆酸、正胆酸、脱氢胆酸	70
黄酮类	儿茶素、染料木素、葛根素、黄芩苷、地奥司明、山奈酚、木樨草素、芦丁、大豆苷元、柚皮苷、淫羊藿苷、白杨素、水飞蓟宾、异槲皮苷、漆黄素、异牡荆素	1000
激素类	反式-玉米素、茉莉酸甲酯、油菜素内酯、吲哚乙酸、脱落酸、赤霉素、茉莉酸、水杨酸、脱氢异雄酮、二氢睾酮、孕烯醇酮、雌酮、17-羟孕烯醇酮、孕酮、雌二醇、雌三醇、醛固酮	70
色氨酸类	烟酸(维生素 B3)、吡啶甲酸、吲哚-3-甲醛、3-羟基邻氨基苯甲酸、色胺、吲哚-3-羧酸、喹啉酸、吲哚-3-乙酸	30
花青素类	锦葵色素、天竺葵色素、飞燕草素、芍药色素、槲皮素、芦丁(芸香苷)、山奈酚、异鼠李素	500
其他	...	1000

项目文章

Toxic Effects of Ammonia and Thermal Stress on The Intestinal Microbiota and Transcriptomic and Metabolomic Responses of *Litopenaeus Vannamei* 氨和热应激对凡纳滨对虾肠道微生物群的毒性效应及转录组和代谢组学反应

发表期刊: *Science of The Total Environment* (IF=7.961) | 发表时间: 2020 年

摘要

氨和热应激经常对水生动物产生有害影响。肠道是机体抵御压力的重要屏障。本研究研究了凡纳滨对虾在单独和联合氨氮和热胁迫下的肠道菌群、转录组和代谢组学反应。结果表明, 应激后肠道菌群变化明显, 厚壁菌门水平升高, 拟杆菌门和浮霉菌门水平降低。几种推定有益菌属 (*Demequina*、*Weissella* 和 *Bacteroides*) 数量较多, 而 *Formosa*、*Kriegella*、*Ruegeria*、*Rhodopirellula* 和 *Lutimonas* 减少; 弧菌属病原菌在个体胁迫下增加, 在联合胁迫下减少。肠道转录组显示了几个与周食膜和抗菌过程相关的免疫相关的差异表达基因。血淋巴代谢组分析表明, 应激干扰了对虾的代谢过程, 尤其是氨基酸代谢。本研究揭示了凡纳滨对虾肠道菌群、免疫和代谢对氨氮和热应激的响应机制; 鉴定了 10 个与应激相关的代谢标志物, 包括 L-乳酸、古洛糖酸、二十二碳六烯酸、L-赖氨酸、氨基丁酸、甲基丙二酸、反式肉桂酸、n-乙酰血清素、腺嘌呤和二氢尿嘧啶。

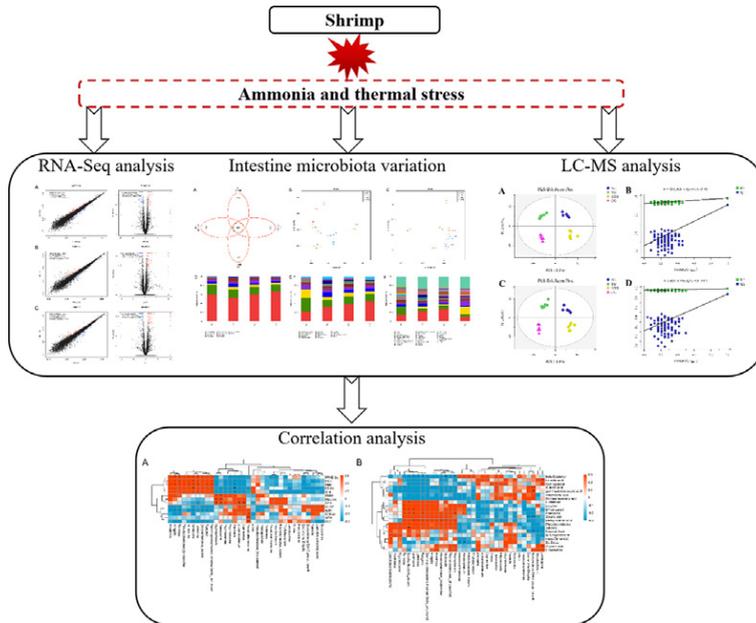
研究背景

在亚热带气候地区, 特别是夏季, 虾塘的水温经常超过 34°C。高温会引起应激反应, 引起虾的生理不适。氨是水生环境中常见的污染物, 主要由粪便、过量饲料等有机废物分解产生。氨应激影响虾的健康, 导致高死亡率、免疫紊乱和易感性疾病。在密集培养池中, 氨氮的浓度可提高到 46 mg/L。据报道, 氨的浓度受水温的影响, 随着水温的升高, 氨对水生动物的毒性增大。

肠道是宿主健康的屏障, 由肠道粘膜和功能稳定的微生物群组成, 肠道屏障不仅对维持体内环境的

稳定起着重要作用，而且能有效防止病原体的入侵和细菌内毒素的置换。一个稳定的功能微生物群有助于宿主健康，包括营养、代谢和免疫稳态，以及代谢功能。相反，微生物群的不平衡会损害宿主的健康，增加对疾病的易感性。特别是肠道菌群与宿主共代谢，菌群与宿主免疫系统可以在肠腔和粘膜表面以及体循环之间交换代谢物。有益的微生物代谢物会促进宿主的健康，而有害的微生物代谢物会导致宿主的疾病，因此，肠道菌群与宿主的免疫和代谢之间的相互作用对宿主的健康有着深远的影响。

技术路线



研究结果

1. 氨 - 热应激改变了凡纳滨对虾的肠道微生物组成，其中，变形菌门，拟杆菌门和厚壁菌门是凡纳滨对虾的优势肠道细菌。变形杆菌丰度变化表明，氨 - 热应激对变形杆菌的稳态有不同影响，其中热应激可能会降低变形杆菌对宿主代谢和消化的贡献，而复合应激则诱导它们的功能。厚壁菌门丰度升高，拟杆菌门丰度降低说明氨 - 热应激影响了凡纳滨对虾肠菌对营养物质的代谢能力。

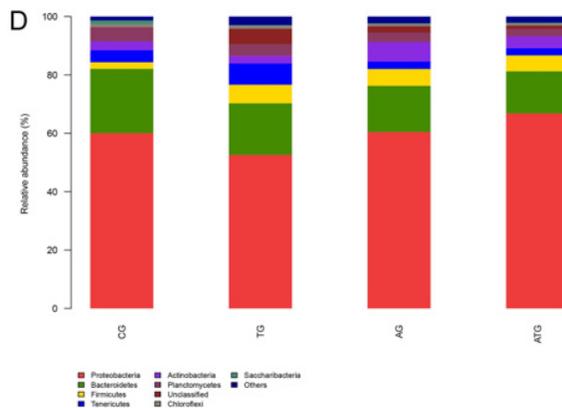


图 1. 优势细菌门的平均相对丰度

2. 采用 RNA-Seq 技术分析氨 - 热应激对凡纳滨对虾肠道转录组的影响。通过对 KEGG 通路分析，氨 - 热应激对肠道基因表达的影响是不同的。上调了 SPI8 和 $\alpha 2M$ 的表达，下调了 PPAE-2 α , MBP 和 Chit 的表达，提示氨 - 热应激可能会破坏虾肠道中的 proPO 系统，从而影响虾的抗菌过程。

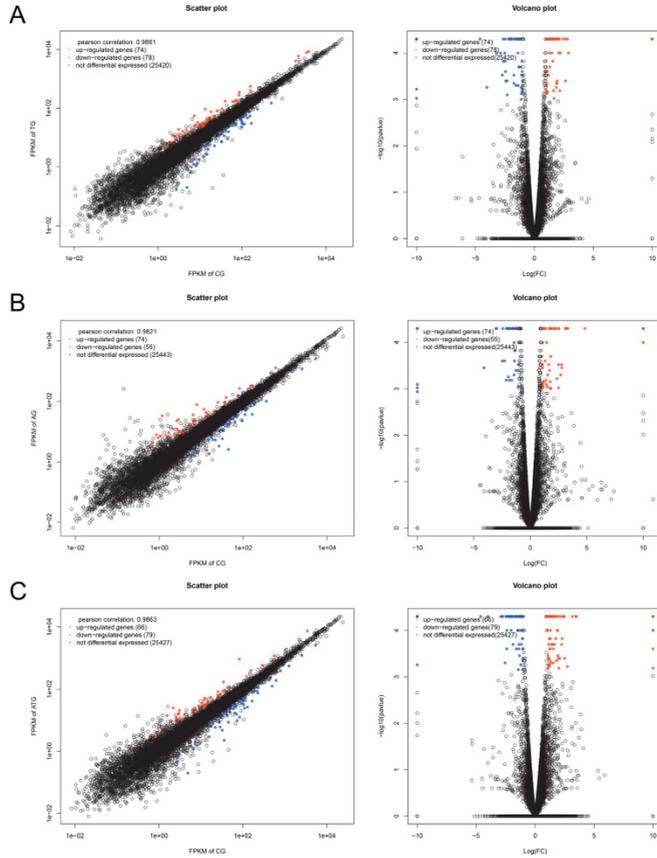


图 2. 氨和温度胁迫后肠道的散点和火山图

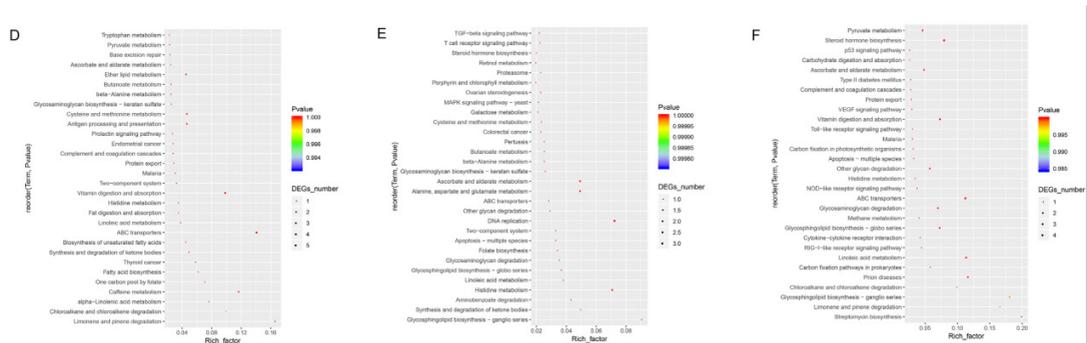


图 3. 氨和热应激后凡纳滨对虾肠道中富集的 GO 和 DEGs 的途径

3. 血淋巴代谢组学分析证明，氨-热应激影响了凡纳滨对虾的代谢功能，尤其是氨基酸代谢，VB6水平的降低进一步证实了氨-热应激导致了氨基酸代谢的紊乱。血淋巴代谢功能异常，鉴定了9个代谢标志物，包括乳酸、古洛糖酸、二十二碳六烯酸、赖氨酸、氨基丁酸、甲基丙二酸、肉桂酸、N-乙酰血清素和二氢尿嘧啶。

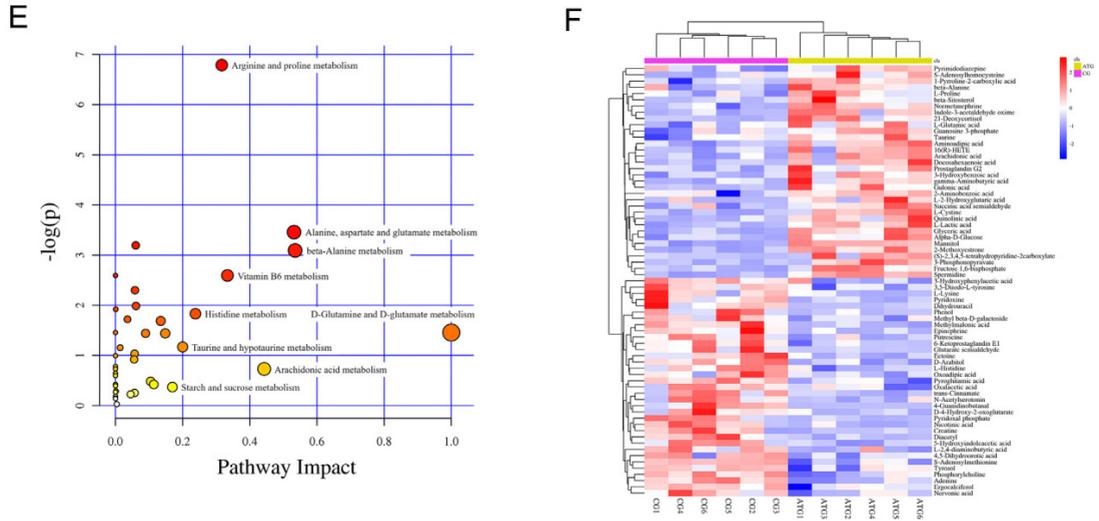


图 4. 氨和热应激后凡纳滨对虾血淋巴中富集的 KEGG 途径和层次聚类分析

4. 在肠道细菌与宿主免疫 DEGs 的相关性中，*Maribacter*, *Formosa*, *Kriegella*, *Muricauda* 和 *Lutimonas* 的降低与虾肠免疫相关基因 (*PT-1*, *PPAE-2α* and *MBP*) 呈正相关，揭示这些细菌可能影响了凡纳滨对虾的免疫和三羧酸循环。*Demequina* 作为一种淀粉降解菌，其水平的升高与免疫相关基因 (*PT-1*, *PPAE-2α* and *MBP*) 和糖酵解代谢产物的变化呈正相关，表明 *Demequina* 参与了凡纳滨对虾氨-热应激免疫反应和糖酵解。

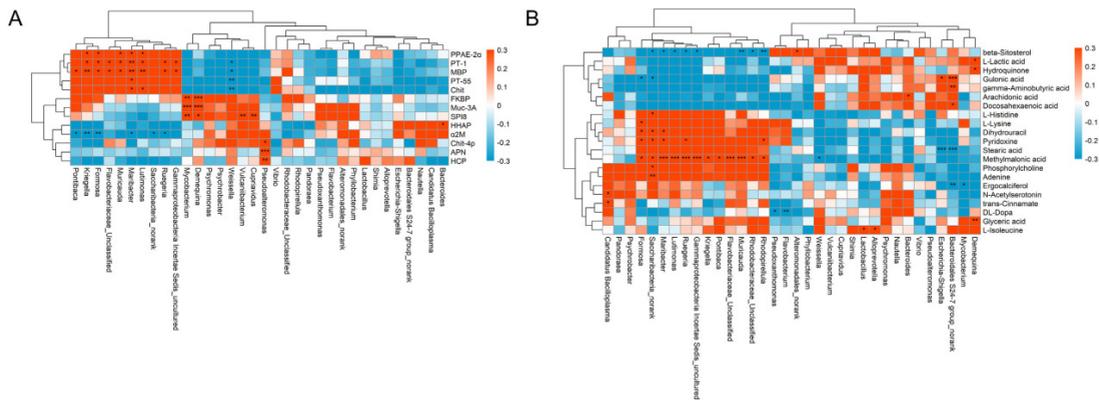


图 5. 肠道细菌在属水平上与 DEGs 和 DEMs 显著相关性

5. 腺苷和尿嘧啶水平的降低表明这些应激影响了能量和核酸物质的产生，因此，氨-热应激的单独和复合破坏了虾的代谢稳态。

结论

通过微生物组、转录组和代谢组的综合分析，研究了氨-热应激对凡纳滨对虾的毒性作用。结果表明，应激后肠道菌群变化明显，厚壁菌门升高，拟杆菌门降低。一些产生有益物质的细菌丰度降低了。单个应激下，弧菌属病原菌数量增加，复合应激下病原菌数量减少。肠道转录组结果显示免疫相关基因与围食膜和抗菌过程有关。在肠道细菌与宿主代谢产物的相关性中，*Demequina* 与甘油和 L-乳酸的变化呈正相关。拟杆菌类与花生四烯酸的变化呈正相关，而 *Lutimonas*, *Muricauda*, *Rhodopirellula*, 和 *Ruegeria* 与甲基丙二酸的变化呈正相关，与谷甾醇的变化呈负相关。本文中选择的几种高度相关的细菌、基因和代谢产物可以作为对氨-热应激反应的生物标记物。

本研究揭示了在氨-热应激条件下凡纳滨对虾的肠道菌群、免疫和代谢机制；鉴定了 9 种与应激相关的代谢物标志物，几种肠道细菌属与宿主基因和代谢标志物均存在显著相关性，但其机制尚需进一步探讨。

参考文献

Duan Y, D Xiong, Wang Y, et al. Toxic effects of ammonia and thermal stress on the intestinal microbiota and transcriptomic and metabolomic responses of *Litopenaeus vannamei*[J]. Science of The Total Environment, 2020, 754:141867.

The HGF-MET Axis Coordinates Liver Cancer Metabolism and Autophagy for Chemotherapeutic resistance

HGF-MET 信号通路协调肝癌代谢和自噬以抵抗化疗

发表期刊: *Autophagy* (IF=16.010) | 发表时间: 2019 年

研究背景

肝脏不仅是我们体内最大的代谢器官，而且还与几乎所有的中枢代谢过程有关，所以肝脏中的肿瘤发生或肿瘤进展不可避免地会导致代谢的重编程。在营养供应充足的情况下，Warburg 效应和谷氨酰胺分解是主要的特征代谢模式癌症。一般来说，与正常分化细胞相比，大多数癌细胞或未分化细胞（如干细胞）主要依赖于有氧糖酵解，而不是线粒体氧化磷酸化来代谢葡萄糖，为细胞过程产生能量。这种现象最早由奥托·Warburg 在 1924 年描述，因此被称为“Warburg 效应”。此外，许多癌细胞最好代谢谷氨酰胺，一种非必需氨基酸；这种现象被称为“谷氨酰胺溶解”。

谷氨酰胺不仅是氨基酸和核苷酸合成的氮源，也是三羧酸循环和大分子生物合成的主要碳源；因此，如果没有外源性谷氨酰胺供应，癌细胞就无法存活。然而，重新编程的代谢是否对肝癌的化疗耐药性有关键影响尚不清楚。更重要的是，除了 Warburg 效应和谷氨酰胺分解，癌症还可以依赖于自噬，一种保护性的“自我进食”代谢过程，循环过时的成分和补充能量，以支持代谢功能障碍或细胞遭受营养限制时的异常细胞生长，特别是在肝脏。值得注意的是，长期以来的推测是，Warburg 效应、谷氨酰胺溶解和自噬之间的密切联系和相互转换决定了癌症治疗疗效。即便如此，它们与肝癌化疗耐药的意义和相关性尚完全清楚。

尽管有许多治疗肝癌的药物，新出现的证据表明化疗耐药性是一个重大问题。肝细胞生长因子（hepatocyte growth factor, HGF）及其受体上皮间质转化因子（mesenchymal-epithelial transition factor, MET）在肝癌的发生和转移中发挥重要作用，而这主要依赖于受体酪氨酸激酶的活性。然而，由于未知的原因，迄今为止，所有 HGF/MET 信号通路激酶活性靶向药物在临床试验中均以失败或被暂停而告终。

研究思路



研究结果

在本研究中，我们首先观察到 HGF 刺激并促进了瓦博格效应和谷氨酰胺水解，从而加速了多种肝癌细胞的发生。我们研究了 MET 缺陷条件下的代谢改变，采用野生型 (WT) 和 METKO_{HepG2} 细胞，通过基于 GC/LC-MS 的实验进行非靶向代谢组学分析 (如图 2)，结果与 HGF 刺激下的原始结论基本一致。非靶向代谢组学分析的结果进一步证实了 MET 信号在癌症代谢中的重要性。然后，我们确定了丙酮酸脱氢酶复合物 (PDHC) 和 GLS/GLS1 是 HGF 活化 MET 激酶的关键底物。并且，MET 介导的磷酸化抑制了 PDHC 活性，但是却激活了 GLS，从而促进癌细胞的发生和代谢。与此同时，我们发现 MET 激酶活性的关键残基 (Y1234/1235) 构成了一个保守的 LC3 相互作用区域 (Y1234-Y1235-x-V1237)。因此，在抑制 HGF 介导的 MET 激酶活化的事件中，Y1234/1235 去磷酸化的 MET 诱导自噬，从而维持了癌细胞的存活。此外，我们证实了 Y1234/1235 去磷酸化 MET 与临床肝癌的自噬相关。最后，MET 抑制剂和自噬抑制剂的联合应用显著提高了肝癌在试管和小鼠的治疗效率。

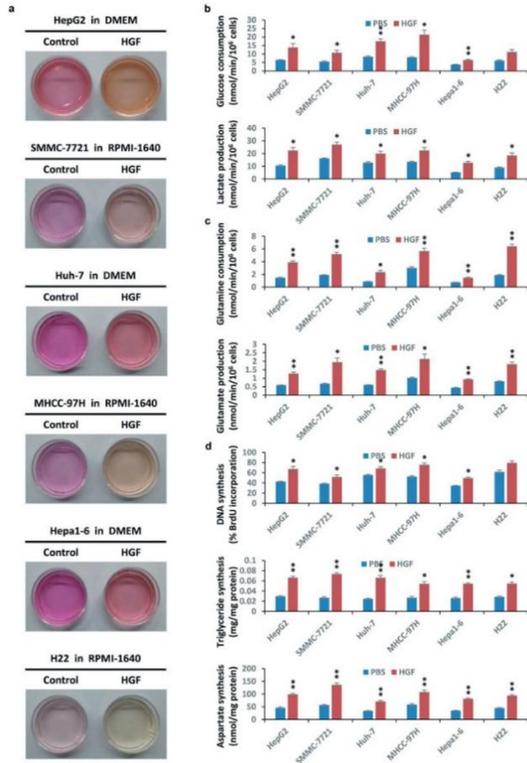


图 1. 肝细胞生长因子促进肝癌代谢和生物发生

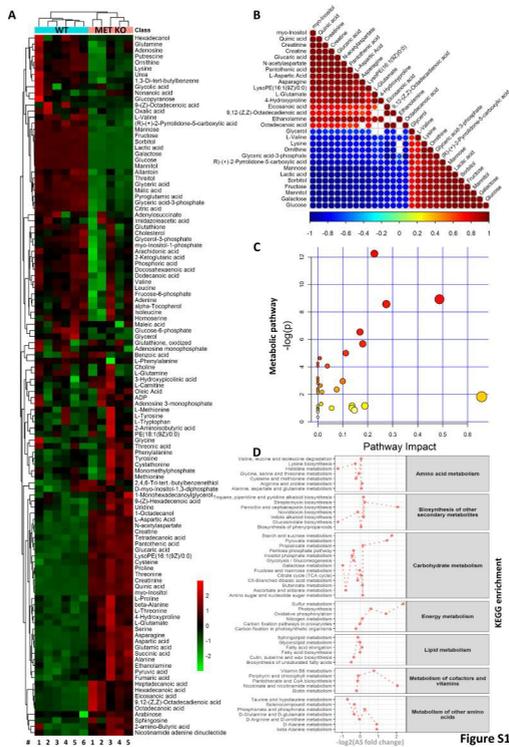


图 2. 肝癌 MET 缺失的非靶向代谢组学分析

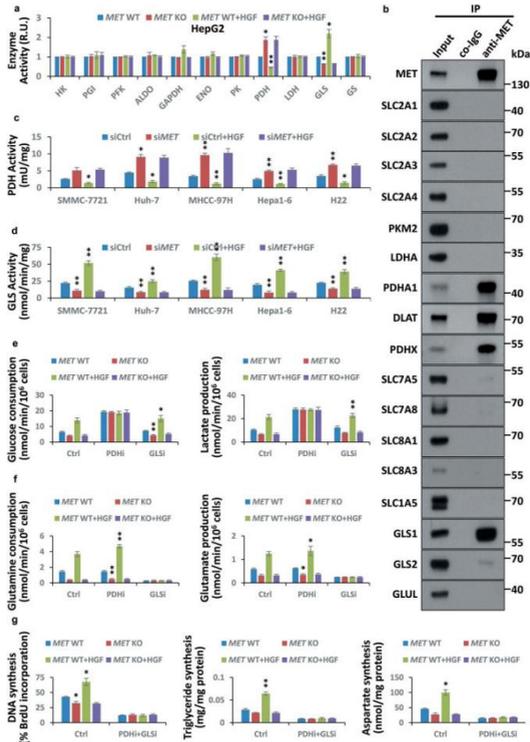


图 3. HGF-MET 信号通过 PDHC 和 GLS 促进肝癌代谢和生物发生

结论

研究结果揭示了酪氨酸激酶信号转导与自噬之间的 HGF-MET 通路协同功能相互作用，并探讨了一种 MET- 自噬双靶向策略来解决肝癌化疗耐药的方法。

参考文献

Huang X , Gan G , Wang X , et al. The HGF-MET axis coordinates liver cancer metabolism and autophagy for chemotherapeutic resistance[J]. *Autophagy*, 2019:1-22.



代谢组学行业领跑者



苏州帕诺米克生物医药科技有限公司

电话：0512-62959105

地址：江苏省苏州市工业园区新平街 388 号 2 号楼

邮箱：info@bionovogene.com

网址：<https://www.bionovogene.com>

<https://www.biodeep.cn>