

LINC01094在胃腺癌组织学分级及组织学种类中的研究进展

李沂蔓, 吴怡煊, 羊一宁, 朱思源, 谢永红*, 叶先才

嘉兴大学医学院, 浙江 嘉兴

收稿日期: 2025年8月25日; 录用日期: 2025年9月19日; 发布日期: 2025年9月28日

摘要

近年来, 长链非编码RNA LINC01094被证实参与多种恶性肿瘤的病理进程, 尤其在胃腺癌领域备受研究者关注。作为临床预后较差的消化道肿瘤, 胃腺癌的病理学特征对治疗方案制定和预后判断具有重要指导价值。然而, 关于该分子在不同病理分级及亚型中的表达差异及其作用机制, 目前尚未形成明确结论。本综述系统分析了LINC01094在胃腺癌组织中的表达谱特征, 重点探讨了其与肿瘤分化程度、组织学分型的相关性。研究发现, 该分子可能通过介导多条信号转导途径促进肿瘤发展, 这为开发新型诊断标志物和分子靶向干预策略提供了理论依据。

关键词

LINC01094, 胃腺癌, 组织学分级, 组织学种类, lncRNA

Research Progress of LINC01094 in Histological Grading and Histological Types of Gastric Adenocarcinoma

Yiman Li, Yixuan Wu, Yining Yang, Siyuan Zhu, Yonghong Xie*, Xiancai Ye

College of Medicine, Jiaxing University, Jiaxing Zhejiang

Received: August 25, 2025; accepted: September 19, 2025; published: September 28, 2025

Abstract

In recent years, long-chain non-coding RNA LINC01094 has been confirmed to be involved in the pathological processes of various malignant tumors, especially in the field of gastric adenocarcinoma,

*通讯作者。

文章引用: 李沂蔓, 吴怡煊, 羊一宁, 朱思源, 谢永红, 叶先才. LINC01094 在胃腺癌组织学分级及组织学种类中的研究进展[J]. 临床医学进展, 2025, 15(10): 115-122. DOI: 10.12677/acm.2025.15102734

which has attracted much attention from researchers. As a gastrointestinal tumor with poor clinical prognosis, the pathological characteristics of gastric adenocarcinoma have important guiding value for the formulation of treatment plans and prognosis judgment. However, there is no clear conclusion on the expression differences of this molecule in different pathological grades and subtypes and its mechanism of action. This review systematically analyzes the expression profile characteristics of LINC01094 in gastric adenocarcinoma tissues, focusing on its correlation with tumor differentiation and histological typing. The study found that this molecule may promote tumor development by mediating multiple signal transduction pathways, which provides a theoretical basis for the development of new diagnostic markers and molecular targeted intervention strategies.

Keywords

LINC01094, Gastric Adenocarcinoma, Histological Grading, Histological Types, lncRNA

Copyright © 2025 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 前言

在全球范围内，胃腺癌是癌症相关死亡的第三大原因，其发病率和致死率至今没有明显下降。临床实践发现，该恶性肿瘤的病理分级及亚型分类对治疗决策和患者生存结局有着显著影响。腺癌是胃腺癌最常见的病理形态，但多数病例在初次诊断时就已经发生了远端扩散，这使得整体预后不佳。随着肿瘤分子生物学的不断深入，长链非编码 RNA (lncRNA) 的调控功能受到越来越多的关注。其中 LINC01094 作为一种新近被发现的 lncRNA 分子，因其在多种恶性肿瘤中存在表达失调的情况而成为了研究热点。然而，该分子在胃腺癌发生发展过程中的具体调控网络，仍需要进一步去阐明。

研究显示，LINC01094 在胃腺癌组织中的表达明显高于正常组织，并且与肿瘤的分级有密切关联。并且在通过分析 TCGA 公共数据库构建的预后评估体系中，研究人员将该分子纳入风险预测模型，其统计结果表明，随着风险评分的上升，LINC01094 的表达量同步增加，这种变化趋势与患者不良生存结局存在明显关联[1]。这提示 LINC01094 不仅在胃腺癌的进展中起着重要作用，还可能成为临床评估患者预后的关键生物标志物。

最新研究发现，LINC01094 可能通过影响肿瘤免疫微环境参与胃腺癌的进展机制。基于 TCGA-STAD 数据库的转录组分析显示，该 lncRNA 在恶性组织中的表达水平显著区别于正常邻近组织。深入研究表明，其可能通过调节免疫检查点分子 PD-L1/PD-L2 的表达，促进免疫逃逸微环境的形成。这一发现揭示了 LINC01094 在胃腺癌免疫逃逸中的潜在作用，提示其可能作为免疫治疗的生物标志物和治疗靶点[2]。研究还表明，LINC01094 的表达水平与肿瘤的 EBV 和微卫星不稳定性状态(MSI)呈正相关，这进一步加强了其在肿瘤生物标志物中的潜在价值。

研究还表明，LINC01094 在胃腺癌中的功能具有双重性，既直接影响肿瘤细胞行为，又参与调控周围免疫微环境。具体而言，当该分子表达水平升高时，可观察到 M2 型巨噬细胞浸润程度增加，同时 IL-10 阳性肿瘤相关巨噬细胞数量显著增多。这一现象提示，LINC01094 很可能通过改变特定免疫细胞亚群的分布和功能状态来影响肿瘤微环境[2]。这种免疫微环境的变化可能会影响患者对免疫检查点抑制剂的反应，进一步影响治疗效果。

由此可见，LINC01094 在胃腺癌诊疗体系中具有重要价值。从临床应用角度上来看，该分子不仅可作

为潜在的诊断指标，其功能机制的阐明更可能为定制化治疗开辟新途径。深入探究 LINC01094 与肿瘤病理特征的相互作用，将显著提升疾病早期识别能力、预后判断精确度以及个体化治疗方案的制定水平。后续研究重点应聚焦于解析该分子在肿瘤演进中的生物学功能及其作用通路，为临床实践提供更可靠的分子依据。

2. 主体

2.1. LINC01094 的生物学特性及功能

2.1.1. LINC01094 的基因定位与结构特征

LINC01094 定位于 X 染色体长臂末端(Xq28)，其转录本长度约为 2 kb，具备典型的 lncRNA 分子特征。该 RNA 分子含有若干进化保守的功能区域，这些特殊结构可能介导其与蛋白质的相互作用，进而参与多种细胞生物学过程的调控。结构生物学预测提示，LINC01094 能够形成高度复杂的空间构象，这种独特的折叠特性很可能是其发挥多种调控功能的分子基础。跨癌种分析揭示，LINC01094 在包括胃腺癌在内的多种恶性肿瘤中呈现明显的过表达现象。并且该分子的表达丰度与肿瘤侵袭性增强、区域淋巴结扩散以及临床预后恶化等不良特征存在显著相关性。这些发现从分子水平证实了 LINC01094 作为新型肿瘤标志物的临床应用潜力[2]。

2.1.2. LINC01094 的调控机制

LINC01094 的转录调控涉及复杂的表观遗传机制。现有证据表明，该 lncRNA 的表达水平受到 DNA 甲基化状态和组蛋白修饰模式的显著影响。在转录因子调控层面，MYC 和 p53 构成了关键的调控轴：前者作为转录激活因子直接上调 LINC01094 的表达；后者则通过负向调控作用参与细胞周期阻滞和程序性死亡过程的调控。这种双向调控模式揭示了 LINC01094 在细胞命运决定中的重要作用。研究表明，LINC01094 能够通过竞争性内源 RNA (ceRNA)网络发挥调控功能。该分子通过特异性结合 miRNA 分子(如 miR-1266-5p)，有效解除其对下游靶基因的抑制作用。在胃恶性肿瘤中，这种调控机制显著增强了癌细胞的增殖和侵袭能力。并且类似的促癌效应在结直肠癌中同样被观察到，这提示 LINC01094 可能作为广谱的促癌因子参与多种肿瘤的发生发展过程[3] [4]。综合现有研究证据，LINC01094 展现出多层次的肿瘤调控功能。该分子不仅直接影响恶性细胞的生物学行为，更通过参与复杂的分子互作网络调控肿瘤的发生发展进程。这些发现确立了 LINC01094 在肿瘤学研究中的重要地位，使其成为极具探索价值的潜在靶点。

2.2. LINC01094 在胃腺癌中的表达特征

2.2.1. LINC01094 在胃腺癌组织中的表达水平

通过对 TCGA 数据库的深入挖掘和差异表达分析，研究者发现 LINC01094 在胃腺癌(GC)中呈现明显的上调趋势。具体来说，与癌旁正常组织相比，LINC01094 在肿瘤组织中的表达量显著增加。进一步分析揭示，其表达丰度与肿瘤的病理分期存在明显的正相关性。值得注意的是，临床病理学分析证实，LINC01094 的表达水平不仅与肿瘤组织的分化状态相关，还与临床分期呈现显著关联[2]。除此之外，LINC01094 的表达谱在不同组织学亚型的胃腺癌中呈现显著异质性。临床观察显示，该分子在肠型亚组中的表达丰度明显高于弥漫型亚组，这种表达差异可能反映了不同亚型肿瘤的分子特征和临床转归。特别值得关注的是，这种组织学特异的表达模式提示 LINC01094 可能在胃腺癌不同亚型的发病机制中发挥不同作用[5]。这种表达特征的差异不仅为理解不同胃腺癌亚型的生物学特性提供了线索，也为潜在的治疗靶点的开发奠定了基础。

2.2.2. LINC01094 的表达与临床病理特征的关系

临床数据分析揭示，LINC01094 的表达上调与胃腺癌患者的多个关键病理指标存在显著关联。该分

子表达量的增加不仅与区域淋巴结浸润和远端器官播散密切相关,还与患者较差的生存结局高度一致。这些临床观察结果都强烈提示,LINC01094可能在胃腺癌侵袭转移过程中发挥重要调控功能[6]。并且在低分化胃腺癌组织中检测到LINC01094的异常高表达,其表达量明显超过中高分化肿瘤。这一发现提示该分子可能参与肿瘤的恶性进展过程,并可能成为预测疾病不良转归的潜在分子标记物[4]。通过进一步的分析,LINC01094还被发现与肿瘤微环境中免疫细胞的浸润和肿瘤微环境的形成密切相关,这暗示其在调节免疫逃逸和肿瘤进展中的潜在作用[7]。这些发现不仅提高了对LINC01094在胃腺癌中的生物学功能的理解,也为其作为临床预后指标的使用提供了理论依据。

2.3. LINC01094与胃腺癌组织学分级的关联

2.3.1. LINC01094在不同组织学分级中的表达差异

多项研究证实,LINC01094的表达谱与胃腺癌组织学分级存在明显的相关性。随着肿瘤分化程度的降低(从高分化到低分化),该分子的表达量呈现递增趋势。具体表现为:高分化肿瘤中表达水平最低,中分化次之,而在低分化病例中达到峰值。这种分级特异的表达特征强烈提示LINC01094参与调控肿瘤的恶性转化过程。

最新研究发现,LINC01094可能通过介导上皮-间质转化(EMT)通路参与调控胃腺癌的分化进程。作为肿瘤细胞获得迁移侵袭能力的关键机制,EMT相关分子标记物的表达水平与LINC01094呈现显著正相关。临床数据分析通过采用单因素和多因素Cox回归模型评估发现,LINC01094在恶性组织中的表达水平明显高于正常对照,且与疾病分期、生存预后等临床指标呈现显著相关性[6]。实验证据表明,该lncRNA可作为miRNA的海绵,竞争性地结合miR-17-5p,从而下调免疫检查点分子PD-L1/PD-L2的表达,这种调控网络不仅影响肿瘤细胞的分化状态,同时重塑了免疫微环境的抑制特性[2]。研究进一步揭示,LINC01094可能通过激活Wnt/ β -catenin和TGF- β 这两条关键信号转导途径,显著增强肿瘤细胞的增殖活性和转移潜能,最终导致患者临床预后恶化[8]。

2.3.2. LINC01094调控组织学分级的分子机制

LINC01094可能通过多通路协同作用参与胃腺癌分化程度的调控。在分子机制层面,该lncRNA能够显著增强Wnt/ β -catenin通路的活性,进而诱导肿瘤细胞向低分化状态转变。实验观察发现,在分化程度较低的胃腺癌细胞中,Wnt/ β -catenin通路的激活与细胞增殖速率提升及迁移能力增强存在显著关联,这一现象提示LINC01094可能通过该通路在肿瘤恶性进展中发挥核心调控功能。

此外LINC01094与miR-200家族之间也存在着复杂的调控关系。作为EMT过程的负性调节因子,miR-200家族成员通常能够抑制上皮-间质转化。然而,LINC01094通过ceRNA机制与这些miRNA分子结合,削弱了其对EMT相关靶基因的调控作用,最终可能导致肿瘤细胞获得低分化特征[9]。这种相互作用的复杂性说明了LINC01094在胃腺癌生物学中的重要性,同时也为未来的治疗干预提供了新的靶点。

基于上述研究证据,LINC01094在胃腺癌病理分级及相关分子通路中的调控作用为阐明该疾病的发病机制提供了重要线索。进一步深入探索该分子作为诊断标志物和潜在治疗靶点的临床应用价值,将成为后续研究的重要方向。

2.4. LINC01094与胃腺癌组织学种类的关系

2.4.1. LINC01094在肠型与弥漫型胃腺癌中的表达差异

LINC01094这一长链非编码RNA在胃腺癌不同亚型间的表达谱存在明显异质性。LINC01094可能通过影响细胞周期进程和程序性死亡相关信号转导途径的双重机制参与胃腺癌的发生发展:一方面,该分子能够募集表观遗传调控因子(如EZH2),改变特定基因的染色质构象;另一方面,其在恶性组织中的

过表达与重要抑癌基因的转录抑制显著相关。临床样本分析显示,相对于弥漫型亚组,肠型胃腺癌组织中该分子的转录水平呈现显著上调趋势,其表现为细胞周期相关基因(如 E2F 介导的细胞周期调控)的富集,呈现增殖性表型。LINC01094 的高表达可能通过激活 PI3K/AKT 信号通路,促进细胞增殖和肿瘤生长,与肠型胃癌的增殖特性相契合。肠型胃腺癌通常与较高的微卫星不稳定性(MSI)相关,而 MSI 又被认为是与 LINC01094 的高表达相关的一个重要因素。弥漫型胃癌以侵袭性表型为主,特征为 EMT 和细胞外基质组织相关基因的上调。LINC01094 可能通过调控 miR-545-3p/SLC7A11 轴,抑制铁死亡,促进细胞存活和侵袭,从而加剧弥漫型胃癌的恶性进展。这种表观遗传调控异常可能导致肿瘤细胞获得恶性特征,最终影响患者的临床转归,从而加速肿瘤的演进过程[10]。

2.4.2. LINC01094 在组织学种类中的功能异质性

LINC01094 在不同病理亚型的胃腺癌中展现出显著的功能多样性。在肠型亚组中,该分子可能通过改变细胞周期调控因子的表达模式来刺激肿瘤细胞生长。分子机制研究表明,这一过程可能源于 LINC01094 与特定 microRNA 的相互作用,如 miR-545-3p 与 LINC01094 两者相互拮抗,两者表达水平呈现反向关联,共同调控肿瘤细胞的增殖活性和存活能力[5]。值得注意的是,弥漫型胃腺癌中 LINC01094 的生物学功能呈现显著差异。在该亚型中,该分子可能主要通过增强肿瘤细胞的迁移侵袭能力来发挥作用。临床病理学分析显示,LINC01094 的表达水平与肿瘤的侵袭性特征存在显著正相关性,LINC01094 可通过调控表观遗传修饰网络改变肿瘤细胞的恶性特征。该分子能够与表观遗传调控通路产生交互作用,通过以下两种机制发挥作用:① 改变关键转录因子的 DNA 结合活性;② 重塑染色质空间结构。这些变化可能导致抑癌基因的功能失活,进而赋予肿瘤细胞更强的增殖速率和转移倾向[11]。因此显著提升肿瘤细胞的运动侵袭潜能,从而促进恶性肿瘤的远端播散。综合现有研究发现,LINC01094 在胃腺癌各亚型中表现出的功能异质性,不仅揭示了该分子在肿瘤发生发展中的多效性调控作用,更为基于病理分型的精准治疗提供了新的分子干预靶点。这一发现为开发针对不同亚型胃腺癌的特异性治疗策略奠定了重要理论基础,也揭示了 LINC01094 在胃腺癌免疫逃逸中的关键作用,同时也凸显了其作为新型免疫治疗靶点的潜在价值,为后续转化研究指明了方向[12]。

2.5. LINC01094 作为胃腺癌诊断标志物的潜力

LINC01094 作为一种长链非编码 RNA (lncRNA),在胃腺癌的研究中显示出了其作为潜在诊断标志物的重要性。该分子表达量的变化与肿瘤发生发展的多个关键环节存在显著关联,使其具备成为临床诊断标志物的潜力。在组织样本检测中,LINC01094 的表达特征为胃癌的早期筛查和预后判断提供了新的分子依据,显示出广阔的临床应用空间。

LINC01094 的组织特异性诊断价值

病理学研究表明,LINC01094 在胃腺癌中的表达特征具有重要的临床意义。与癌旁正常黏膜相比,该长链非编码 RNA 在肿瘤组织中呈现显著过表达现象。深入分析发现,其表达量变化与多种关键临床指标存在明确关联:不仅随肿瘤 T 分期升高而递增,在 EBV 阳性及 MSI-H 亚型中亦显示异常活跃。这一表达谱特征提示,LINC01094 可能兼具双重临床价值——既可作为独立的预后预测因子,又能为精准医疗策略的制定提供分子依据[2]。

基于对胃腺癌分子亚型的系统研究,LINC01094 被证实可作为有效的分子分型标志物。该长链非编码 RNA 在不同亚型间呈现显著差异表达模式,这一特征为实施精准医疗方案提供了重要依据。其表达水平不仅与肿瘤的免疫微环境重塑密切相关,还可能通过调控 M2 型巨噬细胞浸润影响治疗反应。这些发现提示,深入解析 LINC01094 的免疫调节机制将有助于开发新型联合治疗策略,特别是与现有免疫检查

点抑制剂的协同应用。

综合分析现有研究证据表明, LINC01094 在胃腺癌诊疗领域展现出多方面的临床应用前景。该分子在组织病理分析中均表现出显著的诊断价值, 其表达特征不仅有助于实现疾病的早期识别, 还能为预后评估提供可靠的分子依据。这些发现为改善胃腺癌患者的临床管理策略提供了新的可能性, 特别是在提升早期诊断准确率和优化个体化治疗方案方面具有重要转化意义。

2.6. LINC01094 作为治疗靶点的研究进展

近年来, 长链非编码 RNA LINC01094 在胃腺癌中的生物学功能日益成为研究热点。该分子通过调控关键信号通路参与肿瘤恶性进展, 其异常表达与疾病的发生发展密切相关。针对该分子的靶向治疗策略已取得初步进展: 基于 siRNA/shRNA 的基因沉默技术可显著抑制肿瘤细胞增殖, 而纳米载体递送系统的开发则为 LINC01094 抑制剂的临床应用提供了新的递送方案。这些研究成果为开发新型分子靶向药物奠定了重要基础, 展现了 LINC01094 作为治疗靶点的转化潜力。

2.6.1. LINC01094 的靶向干预策略

在研究 LINC01094 的靶向干预策略时, 采用 siRNA 或 shRNA 介导的敲除方式显示出显著的效果。研究发现, 通过转染特定的 siRNA 或 shRNA, 可以显著降低 LINC01094 的表达水平, 从而抑制胃腺癌细胞的增殖和侵袭能力。这一发现为胃腺癌的治疗提供了新的思路, 尤其是在难治性或复发性胃腺癌患者中, LINC01094 的靶向干预可能成为一种有效的治疗手段。实验证实 LINC01094 敲除可显著降低 AGS 细胞中 PD-L1/PD-L2 表达, 并通过 RNA-seq 分析发现其调控涉及 T 细胞衰竭相关通路, 提示其通过免疫微环境调控促进肿瘤进展[2]。

除此之外, 基于纳米技术的药物递送系统在靶向 LINC01094 方面展现出显著优势。实验研究表明, 采用纳米载体包裹的 LINC01094 抑制剂能够有效增强药物的肿瘤靶向性, 显著提高其在病灶部位的富集浓度。在动物模型评估中, 这种新型递送系统表现出良好的抗肿瘤效果, 可明显延缓肿瘤组织的生长进程。这一技术突破为改善现有治疗方案的局限性提供了潜在解决方案, 特别是针对传统给药方式难以达到理想疗效的病例[1]。

2.6.2. LINC01094 与化疗耐药性的关系

LINC01094 的表达调控与胃腺癌化疗敏感性密切相关。多项研究显示, 该 lncRNA 的表达水平升高可能导致肿瘤细胞对 5-氟尿嘧啶等化疗药物的敏感性降低。临床观察发现, LINC01094 高表达的胃腺癌患者往往表现出较差的治疗反应和不良预后。这些证据表明, LINC01094 可能作为潜在的预测指标, 用于评估患者对标准化疗方案的治疗响应[13]。

通过靶向 LINC01094, 有望逆转化疗耐药性, 提高化疗的敏感性。针对 LINC01094 的干预可能增强化疗药物对癌细胞的杀伤作用, 从而提高患者的治疗效果。研究表明, LINC01094 的敲除不仅可以恢复癌细胞对化疗药物的敏感性, 还可能改善患者的总体生存率。因此, 开发针对 LINC01094 的治疗策略, 可能为克服胃腺癌的化疗耐药性提供新的解决方案[11]。

因此 LINC01094 作为治疗靶点的研究进展显示出其在胃腺癌治疗中的潜力, 尤其是通过靶向干预和逆转化疗耐药性, 为未来的临床应用提供了新的方向。

2.7. 未来研究方向与挑战

2.7.1. LINC01094 在胃腺癌中的多组学研究

LINC01094 在胃腺癌(GC)中的研究逐渐向多组学的方向发展, 旨在通过结合转录组、蛋白质组和代

谢组数据,全面解析其功能网络。通过利用癌症基因组图谱(TCGA)数据库中的转录组数据,研究人员可以筛选出与 LINC01094 相关的差异表达长链非编码 RNA (lncRNA),并进一步构建竞争性内源 RNA (ceRNA)网络,从而揭示 LINC01094 在肿瘤微环境中的作用。研究通过荧光素酶报告基因测定,验证了 LINC01094 与 miR-17-5p 的相互作用,调控 PD-L1 和 PD-L2 的表达,验证了 LINC01094 在免疫逃逸中的潜在角色[2]。而代谢组学的研究则可能揭示 LINC01094 如何通过影响细胞代谢途径来促进胃腺癌的发生与发展。

通过多组学的方法,研究者还可以探索 LINC01094 与其他生物标志物之间的相互作用,进而构建更为复杂的生物网络。这种多维度的分析不仅有助于揭示 LINC01094 的生物学功能,还能为新的治疗策略提供理论基础。

未来的研究应集中在验证这些多组学研究结果的临床相关性,以及如何将这些发现转化为临床应用。研究者还需要探索如何通过调控 LINC01094 及其下游通路来改善胃腺癌患者的预后。这不仅涉及基础研究,也需要临床试验的支持,以确定 LINC01094 作为潜在治疗靶点的有效性和安全性。

2.7.2. 临床转化面临的挑战

尽管 LINC01094 在胃腺癌中的研究显示出其作为诊断标志物和治疗靶点的潜力,但在临床转化过程中仍面临诸多挑战。首先,LINC01094 作为生物标志物的临床有效性需要进行大规模的验证研究。目前的研究虽然表明 LINC01094 的表达与胃腺癌的预后存在显著相关性,但其在不同人群、不同阶段的胃腺癌患者中的应用效果尚未完全确定[1]。

其次,LINC01094 的组织特异性表达和功能异质性可能增加其临床应用的复杂性。不同类型的肿瘤可能对 LINC01094 的表达反应不同,这就需要在特定的组织背景下进行深入研究。此外,LINC01094 的功能还可能受到多种因素的调控,包括肿瘤微环境中的免疫细胞浸润、细胞因子的作用等,这些都可能影响其作为治疗靶点的应用。

因此,未来的研究需要克服这些挑战,以推动 LINC01094 在胃腺癌的临床应用。研究者应致力于开发更为精确的检测方法,以评估 LINC01094 的表达水平,并结合患者的临床特征进行个性化治疗。

3. 结论

LINC01094 作为一种长链非编码 RNA,在胃腺癌的研究中逐渐显现出其重要性。本文探讨了 LINC01094 在胃腺癌组织学分级和种类中的调控作用,并指出其异常表达与肿瘤恶性进展和不良预后之间的密切关系。这一发现不仅为我们理解胃腺癌的生物学特性提供了新的视角,也为临床诊断和治疗开辟了可能的新路径。

在当前的研究中,LINC01094 通过调节多种信号通路及表观遗传修饰,显示出其在肿瘤发生和发展的复杂角色。不同研究的结果显示,LINC01094 在胃腺癌细胞中的表达水平与肿瘤的恶性程度及患者的预后密切相关。这一现象提示我们 LINC01094 的表达不仅可以作为潜在的生物标志物,还有可能成为新的治疗靶点。然而,目前对其具体的分子机制仍不够明晰,这为进一步的研究提供了重要的方向。

在评估 LINC01094 在胃腺癌中的作用时,我们需要综合考虑不同研究的观点和发现。有些研究强调了 LINC01094 在调控细胞增殖和迁移方面的功能,而另一些研究则可能侧重于其在肿瘤微环境中的角色。这种多样性反映了肿瘤生物学的复杂性,也提示我们在制定治疗策略时应考虑个体差异和肿瘤异质性。因此,未来的研究应致力于通过多组学分析,深入探讨 LINC01094 的全面功能,特别是在不同分子背景下的作用机制。

临床应用方面,LINC01094 的异常表达可能为胃腺癌的早期诊断和预后评估提供新的生物标志物。随着精准医疗的推进,对 LINC01094 的深入研究可能将帮助我们开发更为个性化的治疗方案,从而改善

患者的预后。然而，当前的临床试验仍相对匮乏，未来需要更多的多中心、大规模、前瞻性的临床研究来验证 LINC01094 在临床应用中的有效性和安全性。

综上，LINC01094 在胃癌中的作用值得深入探讨，其作为诊断和治疗靶点的潜力也不容忽视。随着对其分子机制的不断揭示和临床应用的逐步展开，LINC01094 有望成为改善胃癌患者预后和提升生活质量的重要工具。

参考文献

- [1] Zhao, B., Wu, W., Liang, L., Cai, X., Chen, Y. and Tang, W. (2023) Prediction Model of Clinical Prognosis and Immunotherapy Efficacy of Gastric Cancer Based on Level of Expression of Cuproptosis-Related Genes. *Heliyon*, **9**, e19035. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e19035>
- [2] Zhang, L.N., Chen, J.Y., Liu, Y.X., Zhang, Y., Hong, L., Li, X., *et al.* (2024) Identification of LncRNA Dual Targeting PD-L1 and PD-L2 as a Novel Prognostic Predictor for Gastric Cancer. *Frontiers in Oncology*, **14**, Article ID: 1341056. <https://doi.org/10.3389/fonc.2024.1341056>
- [3] Zhang, G., Gao, Y., Yu, Z. and Su, H. (2022) Upregulated Long Intergenic Non-Protein Coding RNA 1094 (LINC01094) Is Linked to Poor Prognosis and Alteration of Cell Function in Colorectal Cancer. *Bioengineered*, **13**, 8526-8537. <https://doi.org/10.1080/21655979.2022.2051839>
- [4] Zhou, X., Gu, C., Xiao, L., Hu, L., Chen, G., Zuo, F., *et al.* (2024) LINC01094 Promotes Gastric Cancer through Dual Targeting of CDKN1A by Directly Binding RBMS2 and HDAC1. *Biology Direct*, **19**, Article No. 137. <https://doi.org/10.1186/s13062-024-00582-y>
- [5] Wang, H., Li, C., Meng, S. and Kuang, Y. (2024) The LINC01094/miR-545-3p/SLC7A11 Signaling Axis Promotes the Development of Gastric Cancer by Regulating Cell Growth and Ferroptosis. *Biochemical Genetics*. <https://doi.org/10.1007/s10528-024-10959-3>
- [6] Ye, Y., Ge, O., Zang, C., Yu, L., Eucker, J. and Chen, Y. (2022) LINC01094 Predicts Poor Prognosis in Patients with Gastric Cancer and Is Correlated with EMT and Macrophage Infiltration. *Technology in Cancer Research & Treatment*, **21**, 1-13. <https://doi.org/10.1177/15330338221080977>
- [7] Gong, Z., Zhang, Y., Yang, Y., Yang, Y., Zhang, J., Wang, Y., *et al.* (2023) LncRNA LINC01094 Promotes Cells Proliferation and Metastasis through the PTEN/AKT Pathway by Targeting AZGP1 in Gastric Cancer. *Cancers (Basel)*, **15**, Article No. 1261. <https://doi.org/10.3390/cancers15041261>
- [8] Yi, Q., Zhu, G., Zhu, W., Wang, J., Ouyang, X., Yang, K., *et al.* (2024) LINC01094: A Key Long Non-Coding RNA in the Regulation of Cancer Progression and Therapeutic Targets. *Heliyon*, **10**, e37527. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e37527>
- [9] Zhang, S., Li, X., Tang, C. and Kuang, W. (2021) Inflammation-Related Long Non-Coding RNA Signature Predicts the Prognosis of Gastric Carcinoma. *Frontiers in Genetics*, **12**, Article ID: 736766. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.736766>
- [10] Yang, X., Xu, C., Liu, C., Wu, X., Chen, X., Hou, J., *et al.* (2024) TGF- β 1-Induced LINC01094 Promotes Epithelial-Mesenchymal Transition in Hepatocellular Carcinoma through the miR-122-5p/TGFBR2-SAMD2-SMAD3 Axis. *Functional & Integrative Genomics*, **24**, Article No. 123. <https://doi.org/10.1007/s10142-024-01403-1>
- [11] Luo, L., Li, L., Liu, L., Feng, Z., Zeng, Q., Shu, X., *et al.* (2022) A Necroptosis-Related lncRNA-Based Signature to Predict Prognosis and Probe Molecular Characteristics of Stomach Adenocarcinoma. *Frontiers in Genetics*, **13**, Article ID: 833928. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.833928>
- [12] Xu, T., Fan, W., Chen, C., Feng, K., Sheng, X., Wang, H., *et al.* (2024) Transcriptome Analysis of the Diseased Intervertebral Disc Tissue in Patients with Spinal Tuberculosis. *BMC Medical Genomics*, **17**, Article No. 205. <https://doi.org/10.1186/s12920-024-01981-w>
- [13] Xu, P., Liu, S., Song, S., Yao, X., Li, X., Zhang, J., *et al.* (2023) Identification and Validation of a Novel Angiogenesis-Related Gene Signature for Predicting Prognosis in Gastric Adenocarcinoma. *Frontiers in Oncology*, **12**, Article ID: 965102. <https://doi.org/10.3389/fonc.2022.965102>