

Анализ транскрипционной активности и метилирования генов, связанных с апоптозом, в опухолях тканей яичника.

Научный руководитель – Климов Евгений Александрович

Баташков Никита Александрович

Студент (магистр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра генетики, Москва, Россия

E-mail: nikitabatashkov1996@yandex.ru

Рак яичников занимает первое место по опасности и трудности обнаружения среди всех наследственных форм раковых заболеваний. Этот вид рака также является одним из самых трудных с точки зрения ранней диагностики локализация злокачественного процесса(1).

Благодаря внедрению и упрощению технологии генетического скрининга стало возможным проводить исследования на генетическую обусловленность раковых заболеваний. Во многих работах показано, что изменение уровня транскрипционной активности генов связанных с вхождением клетки в апоптоз, особенно гиперэкспрессия ингибиторов апоптоза, может вызывать развитие опухолей. Однако некоторые уже изученные гены, являющиеся онкогенами для некоторых типов опухолей, в других могут быть не задействованы. Поэтому для каждого конкретного типа опухоли необходимо проверять каждый ген кандидат, в независимости от того, какую роль он играет в опухолях другого типа. (2)

Исследование проводили на 30 парных образцах яичников (фрагмент опухолевой и фрагмент условно нормальной прилегающей ткани). Образцы были предоставлены лабораторией эпигеномики и транскриптомики ФГБНУ НИИ ОПП. Также имеются клинические описания образцов. Из образцов была выделена тотальная РНК, на матрице которой получена кДНК. Оценку транскрипционной активности проводили методом ПЦР в реальном времени с интеркалирующим красителем SYBR Green. Были подобраны праймеры, комплементарные последовательности на стыке двух экзонов, для избегания амплификации геномной ДНК. Уровень метилирования оценивали методом метилспецифичной ПЦР в реальном времени.

В ходе исследований была впервые обнаружена тенденция к повышению уровня транскрипционной активности в опухолях яичника для генов CCND1, MYC и MCL1. Впервые обнаружена корреляция между изменением уровня метилирования и изменением уровня транскрипционной активности для гена BCL2 в тканях яичника. Для гена MYC не выявлено корреляции между изменением уровня транскрипционной активности и изменением уровня метилирования. Не выявлено связи между уровнем метилирования и состоянием ткани у обоих генов. Обнаружена прямая зависимость между увеличением уровня транскрипционной активности гена MYC и генов MCL1 и CCND.

Источники и литература

- 1) Ашрафян Л. А., Антонова И. Б., Ивашина С. В., Люстик А. В., Ульянова А. В., Вашакмадзе С. Л. Ранняя диагностика рака эндометрия и яичников // Практическая онкология. – 2009. – Т. 10. – №. 2. – С. 71-75
- 2) Залетаев Д. В., Стрельников В. В., Немцова М. В., Бабенко О. В., Кузнецова Е. Б., Землякова В. В., Бабаян, А. Ю. Структурно-функциональный анализ опухолевых

геномов и разработка тест-систем для ранней диагностики, прогноза течения и оптимизации терапии злокачественных новообразований //Вестник Российской академии медицинских наук. – 2013. – Т. 68. – №. 9. [U+2012] С. 7-14.