

Люддышева В. А., Смирное С. Ю., Бабенко А. С., Смолякова Р. М.

ОЦЕНКА ГЕТЕРОГЕННОСТИ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ TUMR, TUMS, DPD И UMPS ПРИ КОЛОРЕКТАЛЬНОМ РАКЕ

Республиканский научно-практический центр онкологии и медицинской радиологии им. Н. Н. Александрова, г. Минск, Республика Беларусь

Колоректальный рак (КРР) является одной из наиболее распространённых форм злокачественных новообразований. Адекватные схемы химиотерапевтического вмешательства позволяют в значительной степени улучшить прогноз при КРР. К сожалению, терапия препаратами группы 5-фторурацила не всегда оказывается эффективной, и причины этого могут крыться в развитой генетической гетерогенности экспрессии важнейших маркерных генов в опухоли.

Цель работы: оценить степень гетерогенности экспрессии генов TUMR, TUMS, DPD и UMPS при КРР.

Материалы и методы. Материалом для исследования послужили образцы опухолевой ткани пациентов ($n = 13$), страдающих КРР IIIA стадии. В работе использовали 6 случайных срезов опухолевой ткани и 2 случайных среза морфологически не изменённой ткани. Исследование проводилось методом ПЦР в режиме «реального времени». Экспрессия целевых генов оценена с использованием метода 2^{-ΔΔC_t}.

Результаты и обсуждение. Количественные данные ПЦР получены для 13 образцов KPP. Среднее значение количества срезов с гиперэкспрессией гена TYMS для пациентов, у которых был диагностирован повышенный уровень экспрессии данного гена, составило 1,5, для TYMP — 2,22, для DPYD — 2,2 и 2,5 среза для UMPS. Использование для диагностики только одного среза в данном эксперименте позволяет выявлять в среднем 25 % от всех случаев гиперэкспрессии гена TYMS, 35 % — TYMP, 40 % — DPYD и 41,6 % — UMPS. В исследованной группе медиана значений коэффициентов вариации (CV) относительного уровня экспрессии (ddCP), полученных при анализе шести срезов одного образца, для гена TYMS составила 33 %, для TP — 71 %, для DPD — 80 % и для UMPS — 100 %.

Выводы. Значение коэффициентов вариации относительного уровня экспрессии, непосредственно используемого в диагностике, генов TYMS, TYMP, DPYD и UMPS для шести срезов одного образца у большинства пациентов равно или превышает 33 % ($p < 0,05$), что указывает на неоднородность выборки. Для получения точных данных об уровне экспрессии исследованных генов, особенно в области пограничных значений, необходим анализ множественных срезов одного образца.