

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра генетики

ДЯТКО

Дарья Анатольевна

**Ассоциация генетического полиморфизма ферментов
метаболизма эстрогенов с риском возникновения рака
яичников**

Аннотация
к дипломной работе

Научный руководитель:
кандидат биологических наук,
Михаленко Елена Петровна

Минск, 2016

РЕФЕРАТ

Отчет: 47 страниц, 12 рисунков, 8 таблиц, 69 источников.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ, ГЕНЫ ФЕРМЕНТОВ МЕТАБОЛИЗМА ЭСТРОГЕНОВ, ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОЛИМОРФИЗМ, НАСЛЕДСТВЕННАЯ ПРЕДРАСПОЛОЖЕННОСТЬ, СЕРОЗНЫЙ РАК ЯИЧНИКОВ

Цель работы – провести исследование генетических полиморфизмов ферментов, контролирующих метаболизм эстрогенов в группе пациентов с серозным раком яичников и контрольной группе.

Объект исследования:

211 пациенток с серозным РЯ и 146 женщин без онкопатологии.

Методы: выделение ДНК из образцов крови фенольно-хлороформным методом; проведение ПЦР-ПДРФ анализа, капиллярного фореа и фрагментного анализа; статистическая обработка результатов.

Полученные результаты. Проведено изучение частоты распределение полиморфных вариантов у пациенток с серозным раком яичников и женщин без онкопатологии. В данной выборке пациентов обнаружено, что у женщин с генотипом СС гена *CYP1A2* повышен риск возникновения РЯ. В исследуемой выборке развитие серозного рака яичника у женщин моложе 55 лет связано с нарушением процессов инактивации эстрогенов: у женщин моложе 55 лет носительство генотипов GG rs4818 и GG rs4680 гена *COMT* оказывает защитное влияние в риске развития серозного РЯ. Нарушение обмена веществ, приводящее к ожирению, может являться одним из факторов риска патологических состояний и увеличивает количество эстрогенов у женщин. При разделении группы контроля и пациенток с серозным раком яичников по индексу массы тела были получены следующие результаты: у женщин с индексом массы тела менее 30 носительство генотипов СА и СС гена *CYP1A2* связывают с повышенным риском возникновения серозного РЯ, а носительство генотипов GG rs4818 и GG rs4680 гена *COMT* ассоциировано со сниженной вероятностью возникновения серозного рака яичника. У пациенток с распространенным серозным раком яичников генотип СТ rs10046 гена *CYP19A1* достоверно чаще встречается в группе пациенток без рецидива.

Рэферат

Справаздача ўстановы: 47 старонак, 12 малюнкаў, 8 табліц, 69 крыніц.

МАЛЕКУЛЯРНА-ГЕНЕТЫЧНЫ АНАЛІЗ, ГЕНЫ ФЕРМЕНТАЎ МЕТАБАЛІЗМУ ЭСТРАГЕНАЎ, ГЕНЕТЫЧНЫ ПАЛІМАРФІЗМ, СПАДЧЫННАЯ СХІЛЬНАСЦЬ, СЕРОЗНЫ РАК ЯЕЧНІКАЎ

Мэта работы - правесці даследаванне генетычных палімарфізмам ферментаў, кантралюючых метабалізм эстрагенаў у групе пацыентаў з серозным ракам яечнікаў і кантрольнай групе.

Аб'ект даследавання:

211 пацыентак з серозным РЯ і 146 жанчын без анкапаталогіі.

Метады: выдзяленне ДНК з абразцоў крыві фенольна-хлороформным метадам; правядзенне ПЦР-ПДРФ аналізу, капілярнага фореа і фрагментнага аналізу; статыстычная апрацоўка вынікаў.

Атрыманыя вынікі. Праведзена вывучэнне частаты размеркавання паліморфных варыянтаў у пацыентак з серозным ракам яечнікаў і жанчын без анкапаталогіі. У дадзенай выбарцы пацыентаў выяўлена, што ў жанчын з генатыпам СС гена *CYP1A2* павышаны рызыка ўзнікнення РЯ. У доследнай выбарцы развіццё серознага рака яечнікаў у жанчын маладзей 55 гадоў звязана з парушэннем працэсаў інактывацыі эстрагенаў: у жанчын маладзей 55 гадоў носіцельства генатыпаў GG rs4818 і GG rs4680 гена *COMT* аказвае ахоўны ўплыў у рызыцы развіцця серознага РЯ. Парушэнне абмену рэчываў, якое прыводзіць да атлусцення, можа з'яўляцца адным з фактараў рызыкі паталагічных станаў і павялічвае колькасць эстрагенаў у жанчын. Пры падзеле групы кантролю і пацыентак з серозным ракам яечнікаў па індэксе масы цела былі атрыманы наступныя вынікі: у жанчын з індэксам масы цела менш за 30 носіцельства генатыпаў СА і СС гена *CYP1A2* звязваюць з павышаным рызыкай ўзнікнення серознага РЯ, а носіцельства генатыпаў GG rs4818 і GG rs4680 гена *COMT* асацыяваны са зніжанай верагоднасцю ўзнікнення серознага рака яечніка. У пацыентак з распаўсюджаным серозным ракам яечнікаў генатып СТ rs10046 гена *CYP19A1* часцей сустракаецца ў групе пацыентак без рэцыдыву.

Abstract

Report: 47 pages, 12 pictures, 8 tables, 69 sources.

MOLECULAR GENETIC ANALYSIS, GENES ENCODING THE ENZYMES OF ESTROGEN METABOLISM, GENETIC POLYMORPHISM, HEREDITARY PREDISPOSITION, SEROUS OVARIAN CANCER.

Purpose of the work – conduct research of genetic polymorphisms of enzymes that control estrogen metabolism in patients with serous ovarian cancer and the control group.

Object of study:

211 patients with serous ovarian cancer and 146 women without cancer pathology.

Methods: extraction of DNA from blood samples by the phenol-chloroform method; conducting PCR-RFLP analysis, a capillary phoresis and fragment analysis; statistical analysis of the results.

Results. The study of the frequency distribution of polymorphic variants in patients with serous ovarian cancer and women without cancer pathology. In studied sample of patients found that women with genotype CC CYP1A2 gene have increased the risk of ovarian cancer. In the study sample, development of serous ovarian cancer in women younger than 55 years associated with the violation of estrogen inactivation processes: in women younger than 55 years of carriers of genotypes GG rs4818 and rs4680 the COMT gene the GG has a protective effect in the risk of serous ovarian cancer. Metabolic disorders that leads to obesity may be a risk factor for the development of pathological conditions and increases the amount of estrogen in women. The following results were obtained by separation of the control group and patients with serous ovarian cancer by body mass index: women with a body mass index less than 30 carriers of genotypes CA and CC CYP1A2 gene is associated with an increased risk of serous ovarian cancer, and the carrier genotypes GG rs4818 and GG rs4680 COMT gene is associated with a reduced occurrence probability of serous ovarian cancer. In patients with extensive serous ovarian cancer genotype CT rs10046 CYP19A1 gene authentically is more common in the group of patients without recurrence.