

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ

**Учреждение образования
«Международный государственный экологический институт имени А.Д.
Сахарова»
Белорусского государственного университета**

ФАКУЛЬТЕТ ЭКОЛОГИЧЕСКОЙ МЕДИЦИНЫ

**КАФЕДРА ОБЩЕЙ ЭКОЛОГИИ, БИОЛОГИИ И ЭКОЛОГИЧЕСКОЙ
ГЕНЕТИКИ**

**МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ОЦЕНКА ЛЕКАРСТВЕННОЙ
ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ ПРИ РАСПРОСТРАНЕННОМ РАКЕ
ЯИЧНИКОВ**

Дипломная работа

Специальность 1-80 02 01 Медико-биологическое дело

Исполнитель:

студентка 5 курса 42063 группы
дневной формы обучения

_____ Скоповец Екатерина Ярославовна

Научный руководитель:

д. б. н., профессор

_____ Смолякова Раиса Михайловна

К защите допущена:

**И.о. заведующего кафедрой общей экологии,
биологии и экологической генетики**

к. с.-х. н., доцент

_____ Чернецкая А. Г.

МИНСК 2019

РЕФЕРАТ

Дипломная работа: Молекулярно-генетическая оценка лекарственной чувствительности при распространенном раке яичников: 53 страницы, 9 рисунков, 12 таблиц, 66 источников, 1 приложение.

Диагностика рака яичников, опухоль-ассоциированные антигены, генетические маркеры, иммуногистохимия, иммуноферментный анализ, ПЦР, BRCA1, BRCA2, p53, CYP2C8, Vax, Bcl-2, CHEK2, HE4, CA125, ROMA.

Цель работы: повышение эффективности лечения пациенток с распространенным раком яичников на основе оценки комплекса молекулярно-генетических маркеров.

Методы исследований: молекулярно-биологические, молекулярно-генетические, статистические.

Полученные результаты и их новизна. На основе экспрессии сформированного профиля генов проводится оценка эффективности лечения, прогноза развития рецидива и прогрессирования течения заболевания, что способствует индивидуализации планирования программ лечения пациенток с распространенным раком яичников.

Степень использования. Данные об экспрессии генов при распространенном раке яичников могут быть полезны как для формирования представлений о механизмах химиорезистентности опухоли в целом, так и для предсказания эффективности химиотерапии.

Область применения. Образование, молекулярная онкология, молекулярная биология, генетика, клиническая лабораторная диагностика.

РЭФЕРАТ

Дыпломная праца: Маллекулярна-генетычная ацэнка лекавай адчувальнасці пры распаўсюджаным раке яечнікаў: 53 старонкі, 10 рысункаў, 12 табліц, 66 крыніцы, 1 дадатак.

Дыягностыка раку яечнікаў, пухліна-асацыяваныя антыгены, генетычныя маркеры, імунагістахімія, імунаферментны аналіз, ПЛР, BRCA1, BRCA2, p53, CYP2C8, Вах, Bcl-2 CHEK2, HE4, CA125, ROMA.

Мэта працы: павышэнне эфектыўнасці лячэння пацыентак з распаўсюджаным ракам яечнікаў на аснове ацэнкі комплексу маллекулярна-генетычных маркераў.

Метады даследаванняў: маллекулярна-біялагічныя; маллекулярна-генетычныя, статыстычныя.

Атрыманыя навыкі і іх навізна. На падставе экспрэсіі сфармаванага профілю генаў праводзіцца ацэнка эфектыўнасці лячэння, прагнозу развіцця рэцыдыву і прагрэсавання плынi захворвання, што спрыяе індывідуалізацыі планавання праграм лячэння пацыентак з пашыраным ракам яечнікаў.

Ступень выкарыстання. Дадзеныя аб экспрэсіі генаў пры распаўсюджанай раку яечнікаў могуць быць карысныя як для фарміравання ўяўленняў пра механізмы лекавай устойлівасці пухліны ў цэлым, так і для прадказання эфектыўнасці хіміятэрапіі.

Вобласць прымянення. Маллекулярная анкалогія, маллекулярная біялогія, генетыка, клінічная лабараторная дыягностыка.

ABSTRACT

Graduate work: Molecular genetic evaluation of drug sensitivity for advanced ovarian cancer: 53 pages, 10 figures, 12 tablenses, 66 sources, 1 supplement.

Diagnosis of ovarian cancer, tumor-associated antigens, genetic markers, immunohistochemistry, enzyme-linked immunosorbent assay, PCR, BRCA1, BRCA2, p53, CYP2C8, Bax, Bcl-2, CHEK2, HE4, CA125, ROMA.

The aim of the work is to increase the effectiveness of treatment of patients with advanced ovarian cancer based on the evaluation of a complex of molecular genetic markers.

Research methods: molecular biological, molecular genetics, statistical.

The results and their novelty. On the basis of the expression of the formed gene profile, the effectiveness of treatment of the prognosis of relapse and progression of the disease is evaluated, which contributes to the individualization of the planning of treatment programs for patients with advanced ovarian cancer.

Degree of use. Data on the gene expression in ovarian cancer spread can be useful for generating representations of the tumor chemoresistance mechanism as a whole, and for predicting the effectiveness of chemotherapy.

Field of application. Education, molecular oncology, molecular biology, genetics, clinical laboratory diagnostics.