

Metylační analýza NSCLC: Frekvence hypermetylačního postižení vybraných genů v závislosti na histologickém typu nádoru a kuřáckém statusu

L. Benešová, M. Minárik, A. Mészárosová, M. Pešek

Klinika TRN, FN Plzeň

SOUHRN

Epigenetické změny vyšetřované u nemalobuněčného karcinomu plic představují především metylace tumor-supresorových genů a modifikace histonů. Tyto změny mohou mít diagnostický i prognostický význam.

Metodika a pacienti: Autoři na základě literární rešerše vyšetřovali hypermetylaci genů CHFR, CDH13, RARB, APC, RASSF1A, CDKN2A(p16) a MGMT, které nejčastěji vykazují epigenetickou změnu u plicních tumorů. Metylační status byl analyzován v cytologických preparátech vzorků získaných při bronchoskopickém vyšetření metodikou MLPA.

Vyšetřeny byly vzorky od pacientů s ověřenou diagnózou nemalobuněčného karcinomu plic. Sledovány byly vztahy mezi přítomností metylací na uvedených genech a pohlavím, typy a stadii nádorů a kuřáckým statusem. Ke statistickému zhodnocení byly použity kontingenční tabulky, χ^2 test, Wilcoxonův nepárový test a Kruskal-Wallisův test.

Výsledky: Do studie bylo zařazeno 154 nemocných s diagnózou NSCLC III. - IV. stadia, kteří byli indikováni k systémové léčbě, nebo k léčbě biologické.

Závěr: Autoři prokázali dobrou výtěžnost a reprodukovatelnost metody MLPA při vyšetřování metylačního statusu některých tumor supresorových genů. Prokázali i významné rozdíly v metylačním stavu těchto genů v závislosti na pohlaví nemocných, morfologických typech nádorů a na kuřáckém statusu pacientů.

Klíčová slova: epigenetika, nemalobuněčný karcinom plic, metylace, tumor supresorové geny