

тологическим диагнозом папиллярная карцинома. Группу контроля составили 95 человек с прочими цитологическими вариантами (фолликулярная опухоль - 20,4%, медуллярная карцинома - 2%, АИТ - 9,7%, коллоидный зоб - 61,2%). Показано, что

метод выявления мутации BRAFV600E с помощью «real-time» ПЦР обладает высокой специфичностью и чувствительностью. Частота соматической мутации составила 50%, что соответствует аналогичным показателям для европейской популяции.

АНАЛИЗ АССОЦИАЦИИ ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ ГЕНОВ ФОЛАТНОГО ЦИКЛА С ПРЕДРАСПОЛОЖЕННОСТЬЮ К РАЗВИТИЮ РАКА МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ В ЗАПАДНО-СИБИРСКОМ РЕГИОНЕ РОССИИ

А.С. ВАЙНЕР¹, Н.А. ЗАРУБИНА², Е.Н. ВОРОНИНА³, У.А. БОЯРСКИХ³,
Т.В. СИНКИНА², А.Ф. ЛАЗАРЕВ², В.Д. ПЕТРОВА², М.Л. ФИЛИПЕНКО³

Новосибирский государственный университет¹,

Алтайский филиал Российского онкологического научного центра им. Н.Н. Блохина РАМН, г. Барнаул²
Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, г. Новосибирск³

Актуальность. Метаболизм фолатов является важным звеном клеточного метаболизма: производные фолиевой кислоты поставляют одноуглеродные фрагменты для таких жизненно важных процессов, как регенерация метионина, превращение уридинмонофосфата в тимидинмонофосфат, биосинтез пуриновых нуклеотидов, метилирование ДНК. Гены фолатного цикла могут быть рассмотрены в качестве генов-кандидатов развития онкологических заболеваний, поскольку недостаточное метилирование ДНК может приводить к инактивации протоонкогенов и нарушению хромосомной сегрегации, а подавление синтеза тимидилата – к ошибочной встройке dUMP и повреждению ДНК.

Целью нашей работы являлось изучение роли аллельных вариантов генов фолатного цикла C677T и A1298C гена MTHFR (метилентетрагидрофолатредуктазы), A66G гена MTRR (редуктазы метионин-синтазы), G1258A гена MTHFD (метилентетрагидрофолатдегидрогеназы), T833C/844INS68 гена CBS (цистатинин-β-синтазы) и A2756G гена MTR (метионин-синтазы) в формировании предрасположенности к развитию рака молочной железы.

Материал и методы. Определение полиморфных вариантов генов MTHFD и CBS проводилось методом ПЦР-ПДРФ анализа, а генов MTHFR, MTRR и MTR - методом ПЦР в режиме реального времени с использованием

конкурирующих TaqMan-зондов, комплиментарных полиморфной последовательности ДНК. Группа женщин со sporadic формой рака молочной железы и контрольная группа были сформированы в рамках эпидемиологического исследования, проводимого Алтайским филиалом РОНЦ им. Н.Н. Блохина РАМН и Алтайским краевым онкологическим диспансером. Все женщины принадлежали к европеоидной расе русской этнической группы и проживали на территории Алтайского края РФ. В экспериментальную выборку было включено 670 больных в возрасте от 45 лет (средний возраст – 56 ± 8 лет). Контрольная группа состояла из 480 женщин (средний возраст – 54 ± 13), случайно выбранных из списка доноров крови и не имеющих рака молочной железы.

Результаты. И в контрольной, и в экспериментальной группах распределение генотипов для всех исследуемых полиморфных локусов соответствовало распределению Харди-Вайнберга. Нами не было выявлено статистически значимых различий частоты встречаемости аллелей или генотипов полиморфных локусов исследуемых генов между контрольной группой и группой больных раком молочной железы.

Выводы. Полученные нами результаты могут говорить о том, что данные полиморфизмы не оказывают влияние на развитие рака молочной железы в Западно-Сибирском регионе России.