

Określenie profilu ekspresji microRNA w nowotworach gruczołu sutkowego suki

MicroRNA mogą działać jako onkogeny lub geny supresorowe, dzięki czemu te małe cząsteczki RNA mają potencjalne zastosowanie w opracowaniu nowych metod diagnostycznych i metod leczenia nowotworów. Opisano już w literaturze kilka wspólnych onkogennych microRNA dla raka gruczołu sutkowego u suk i ludzkiego raka piersi. Z tego powodu wykonanie wielkoskalowego profilowania ekspresji microRNA w nowotworach gruczołu sutkowego u suk jest istotne zarówno dla medycyny weterynaryjnej, jak i medycyny człowieka. W niniejszej pracy określono profile ekspresji 317 microRNA w 146 guzach nowotworowych gruczołu sutkowego suki – guzach różnych typów histologicznych, stopni złośliwości i o różnej zdolności do tworzenia przerzutów oraz w 25 próbkach tkanki niezmięnionej nowotworowo. Profilowanie ekspresji microRNA zostało przeprowadzone metodą hybrydyzacji na mikromacierzach miRCURY LNATM microRNA Array 7th generation (Exiqon, Dania). Analiza statystyczna wyników hybrydyzacji została wykonana metodą Significance Analysis of Microarrays. Największe różnice w profilu ekspresji microRNA zostały stwierdzone między grupą przerzutującą i nieprzerzutującą. Otrzymane wyniki wskazują na większy udział microRNA w tworzeniu przerzutów niż w procesie transformacji nowotworowej komórki. Potwierdzają one również, że microRNA są molekularnymi markerami przerzutowania o potencjalnym zastosowaniu praktycznym w przyszłości.

Słowa kluczowe: microRNA, rak gruczołu sutkowego u suk, ludzki rak piersi