

ОНКОГЕНЕТИКА И ПАТАНАТОМИЯ

см, 4°C) препараты окрашивали в растворе этидий бромидом и микроскопировали на люминесцентном микроскопе Axio Imager M2, Zeiss при длине волны возбуждения 520 нм, волны эмиссии – 640 нм. На каждом микропрепарате анализировали не менее 200 клеток. В качестве показателя поврежденности ДНК использовали процентное содержание ДНК в «хвосте» кометы (T%DNA). Оценка уровня повреждения ДНК была проведена у 12 больных РШМ и 13 женщин без онкопатологии. Данные анализировали с помощью приложений Excel и Statistika 6.0 с использованием U-критерия Манна-Уитни и t-критерия Стьюдента.

Результаты. Согласно полученным данным у обследованных 8 больных РШМ, не инфицированных хламидиями, среднее значение T%DNA составило $4,35 \pm 0,63$, значимо ($p=0,012580$) превышая на 53,7% величину данного показателя у женщин без онкологической патологии ($2,83 \pm 0,20$). У больных РШМ, инфицированных Ch. tr., T%DNA составил $10,44 \pm 0,11$, что было статистически значимо выше, чем у больных РШМ без хламидийной инфекции – в 2,4 раза ($p=0,000056$) и здоровых женщин – в 3,7 раза ($p=0,000000$).

Таким образом, наличие хламидийной инфекции способствует более чем двукратному увеличению уровня поврежденности ДНК у онкогинекологических больных. Представленные результаты согласуются с данными, полученными ранее при исследованиях, проведенных на культурах клеток, согласно которым хламидии вызывают модификацию гистонов и двунитевые разрывы ДНК [Chumduri S. et al., 2013]. Повреждение ДНК может быть вызвано индуцируемым Ch. tr. снижением антиоксидантного потенциала, приводящим к образованию свободных радикалов (Yau Belinda et al., 2016). Данные, полученные нами при исследовании клеток крови больных РШМ, являются подтверждением роли хламидийной инфекции в повреждении ДНК, способствующем развитию злокачественного повреждения органов женской половой системы.

Экспрессия белка p16INK4a в гастроинтестинальных стромальных опухолях с различными клинико-морфологическими характеристиками

Должиков А.А.¹, Хижняков К.О.², Чурносос М.И.¹

Место работы: ¹Белгородский государственный национальный исследовательский университет, г. Белгород; ²ОГБУЗ Онкологический диспансер, г. Белгород

e-mail: ihcdaa@mail.ru

Цель. Определение особенностей экспрессии регулятора клеточного цикла – белка p16INK4a, как возможного маркера биологического потенциала гастроинтестинальных стромальных опухолей (ГИСО).

Материалы и методы. Биопсийный и операционный материал 62 архивных случаев гастроинтестинальных стромальных опухолей (ГИСО) органов брюшной полости и забрюшинного пространства. Проведено стандартное патогистологическое исследование. Иммуногистохимическое выявление диагностических маркеров (гладкомышечный актин, CD34, CD117, S100, Dlg1, Ki67) и белка p16 проведено с использованием технологии Tissue microarrays. Всего исследовано 269 участков опухолей с компьютерным анализом изображений со статистической обработкой данных с использованием параметрических и непараметрических (Фишера, Пирсона) критериев.

Результаты. Из общего числа случаев злокачественные ГИСО выявлены в 27 наблюдениях (43,5%), чаще у женщин (51,9%). Большинство в исследованном материале (37,0%) соста-

вили опухоли желудочной локализации, Преобладающим (59,3%) среди злокачественных ГИСО был веретенклеточный вариант, 40,7% составили опухоли смешанного строения. Соответственно при веретенклеточном цитологическом варианте строения достоверно ($p<0,05$) чаще (в 57,9%) диагностированы опухоли с высоким риском злокачественности и злокачественные.

В опухолях веретенклеточного строения и веретенклеточных участках при смешанной структуре достоверно ($p=0,002$) чаще экспрессия p16 была низкой или отсутствовала, тогда как для эпителиоидных структур, напротив, характерна гиперэкспрессия данного белка.

Заключение. Злокачественные ГИСО чаще имеют веретенклеточное строение и характеризуются снижением уровня экспрессии супрессорного регулятора клеточного цикла – белка p16. Опухоли эпителиоидноклеточного строения характеризуются гиперэкспрессией данного белка. Иммуногистохимическое определение экспрессии белка p16 может быть дополнительным методом для верификации типа ГИСО и их биологического потенциала, а дальнейшее исследование других регуляторов клеточного цикла может быть перспективным для выработки диагностических и прогностических критериев при ГИСО.

ДНК-цитометрические характеристики опухолей и уровни некоторых сывороточных белков при наследственном и спорадическом раке молочной железы

Шатова Ю.С., Златник Е.Ю., Новикова И.А., Загора Г.И., Водолажский Д.И., Чеботарева Е.А., Токмаков В.В., Хугаева А.Н., Черникова Е.Н., Гранкина А.О., Селюткина О.Н., Бондаренко Е.С., Золотарева Е.И.

Место работы: ФГБУ «РНИОИ» Минздрава России, г. Ростов-на-Дону, РФ

e-mail: ifrniioi@yandex.ru

Цель. Дать сравнительную оценку содержания ДНК в опухолевых клетках молочной железы и уровней белков CA 15–3 и sHER2/neu в сыворотке больных наследственным BRCA-положительным, клинически наследственным BRCA-отрицательным и спорадическим раком молочной железы.

Методы исследования. Обследовано 90 больных раком молочной железы (РМЖ) в возрасте от 28 до 84 лет. На основании результатов клинических и молекулярно-генетических исследований были выделены 3 группы. 1-я группа состояла из 30 больных, не имеющих клинико-генетической предрасположенности к РМЖ; самый ранний возраст манифестации заболевания составил 44–49 лет (3 человека), самый поздний возраст 84 года (1 человек); основной пик заболевания пришелся на возраст от 51 до 68 лет (26 человек). 2-я группа – наследственный РМЖ – была представлена двумя подгруппами. BRCA+ подгруппа – 27 пациенток с сочетанием двух признаков наследственного РМЖ; в 13-ти случаях присутствовали мутации в гене BRCA1, у 12 из них имелось сочетание таких признаков как ранний возраст и отягощенный наследственный анамнез, а у двух пациенток – сочетание раннего возраста с метакронным РМЖ. Из всех больных, имеющих герминальные мутации в гене BRCA1, в 20 случаях возраст был моложе, а в 7 случаях старше 50-ти лет. BRCA-подгруппа состояла из 33 больных; наличие метакронного РМЖ было выявлено в 4 случаях, первично-множественного РМЖ в 2 случаях, ранний возраст манифестации заболевания отмечался у 13 человек, 14 человек имели отягощенный семейный анамнез.