

Разработка усовершенствованной диагностической панели маркеров рака простаты на перевиваемых клеточных линиях рака простаты человека

Научный руководитель – Поташникова Дарья Марковна

Нижкомаева Екатерина Максимовна

Студент (бакалавр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Москва, Россия

E-mail: nishkomaeva.ekaterina@mail.ru

На сегодняшний день рак предстательной железы (РПЖ) является четвертым по частоте встречаемости из всех раков и вторым по встречаемости раком у мужчин. Разнообразие вариантов РПЖ и их различающийся ответ на терапию требуют разработки новых подходов к дифференциальной диагностике и прогнозированию при данном заболевании. Последняя классификация, выпущенная Всемирной организацией здравоохранения (WHO) в 2016 году, включает в себя усовершенствованную систему стадирования раков простаты [2]. В ней преимущественно используются морфо-гистологическое описание биопсийного материала, а также анализ секрета простат-специфического антигена (PSA), который имеет ограничения по специфичности.

Ранняя диагностика и прогнозирование при раке простаты в настоящее время нуждаются в разработке новых специфичных и чувствительных диагностических маркеров. Наиболее перспективным является анализ методом ПЦР в реальном времени на панель консенсусных генов-мишеней. В 2014 году Амаго и соавторами была предложена панель из 20 генов, показавших наибольшие различия в уровне экспрессии между нормальными и опухолевыми клетками предстательной железы по базе данных GeneSapiens [1]. Однако для повышения чувствительности данного подхода требуется дальнейшая доработка панели. На основании недавно полученных данных наиболее перспективным кандидатом для включения в панель является ген изоформы А миозина 1С [3]. В данной работе на модельных клеточных линиях рака простаты была проведена оценка корреляции уровня экспрессии изоформы А миозина 1С с другими кандидатными маркерами методом ПЦР в реальном времени.

Клеточные линии рака простаты (DU145, 22Rv1, PC3, LNCaP) и культура нормального эпителия простаты (RWPE-1) показали достоверные различия в миграторном потенциале на функциональном тесте (модель застания раны). Также были обнаружены достоверные иммунофенотипические различия по молекулам клеточной миграции и подвижности (CD29, CD44, CD54), что соотносится с результатами функционального теста. Таким образом, описанные клеточные линии могут представлять собой модели инвазивных/агрессивных и неинвазивных/индолентных раков простаты, для которых были получены достоверно различающиеся паттерны экспрессии генов-мишеней, представляющиеся перспективными в диагностике РПЖ.

Источники и литература

- 1) Amaro A. et al. Validation of proposed prostate cancer biomarkers with gene expression data: a long road to travel // Cancer and Metastasis Reviews. 2014. No. 33(2-3). С. 657–671.
- 2) Humphrey P. A et al. The 2016 WHO Classification of Tumours of the Urinary System and Male Genital Organs—Part B: Prostate and Bladder Tumours // European Urology. 2016. No 70(1).). С. 106–119.

- 3) Saidova A. et al. Specific and reliable detection of Myosin 1C isoform A by RTqPCR in prostate cancer cells. 2018