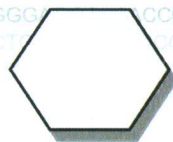


II КОНФЕРЕНЦИЯ УЧАСТНИКОВ РОССИЙСКОГО БИОМАРКЕРНОГО КОНСОРЦИУМА



БИОМАРКЕРЫ 2013

19 ФЕВРАЛЯ 2013
МОСКВА
ИОГЕН РАН

Проведенное полногеномное профилирование транскриптома кожи позволило нам не только идентифицировать сигнальные каскады, измененные при псориазе, но и анализировать эти изменения, идентифицировать ключевые звенья и возможные методы их регуляции. Эти новые знания могут быть использованы для разработки новых подходов и методов терапии псориаза и других иммуноопосредованных заболеваний.

DKK1, HAND1 И MLH1 METHYLATION LEVELS IN PLACENTAL TISSUES DURING PATHOLOGICAL PREGNANCY

Ekaterina DEREVYANCHUK, Anzhela ALEKSANDROVA, Elena MASHKINA, Tatiana SHKURAT
Southern Federal University, Rostov-on-Don

УРОВНИ МЕТИЛИРОВАНИЯ ГЕНОВ DKK1, HAND1 И MLH1 В ПЛАЦЕНТАРНЫХ ТКАНЯХ ПРИ НЕБЛАГОПРИЯТНОМ ТЕЧЕНИИ БЕРЕМЕННОСТИ

Е. Г. Деревянчук, А.А. Александрова, Е.В. Машкина, Т.П. Шкурат

Южный федеральный университет, Ростов-на-Дону

По результатам многочисленных исследований метилирование ДНК является основным способом регуляции экспрессии генов в ходе эмбрионального развития человека. Кроме того, данная эпигенетическая модификация генома оказывает влияние не только на функциональную активность генов, но и играет значимую роль в клеточной дифференцировке, в процессах репликации и репарации ДНК, а также в поддержании стабильности генома (Bird A., 2002). На сегодняшний день предпринимаются попытки установить связь между отклоняющимся от нормы уровнями метилирования специфических генов плаценты, временного эмбрионального органа и неотъемлемого звена системы мать - плод, и неблагоприятным исходом беременности (Zhang H.J., et.al., 2008). Целью нашего исследования было, выяснить уровень метилирования промоторных областей генов DKK1, HAND1 и MLH1, принимающих участие в развитии плацентарной ткани, при патологическом течении беременности.

Материалом послужили образцы ДНК, выделенные из плацентарных - материнской децидуальной и эмбриональной хорионической - тканей беременных женщин с патологическим и физиологическим течением беременности. Уровни метилирования генов DKK1, HAND1 и MLH1 были измерены с помощью SNuPE метода в сочетании с ион-парной обратнофазовой высокоэффективной жидкостной хроматографией.

В результате нами было обнаружено абсолютное отсутствие метилирования в промоторных областях всех исследуемых генов как при нарушенном, так и при нормальном течении беременности. Полученные нами результаты могут свидетельствовать об отсутствии корреляции между экспрессией изученных генов и расстройствами гестационного процесса. Однако, для подтверждения этого заключения необходимо проведение дополнительных исследований зависимости экспрессии генов DKK1, HAND1 и MLH1 от уровня метилирования их промоторных регионов. Кроме того, на основании имеющихся данных не исключено наличие тканеспецифического метилирования не только в промоторной области, но и теле гена, влияющего на функциональную активность генов и различающегося в материнской децидуальной и эмбриональной хорионической ткани. Для этого, требуется поиск новых CpG сайтов во внутргенных областях изучаемых плацентарных генов с целью анализа их метилирования и воздействия на экспрессию генов при нормальном и патологическом течении беременности.