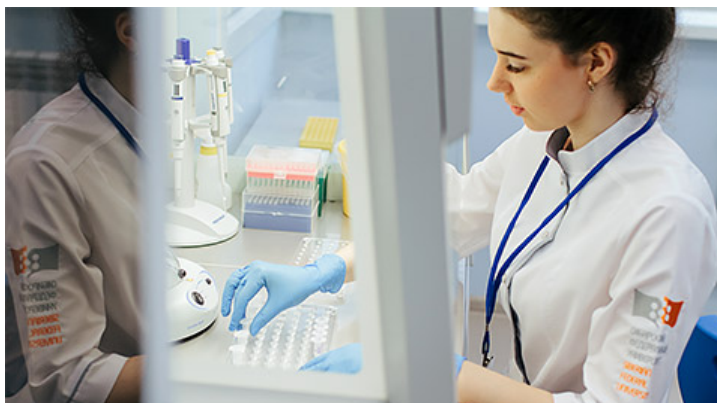


Красноярские учёные предложили новый алгоритм молекулярно-генетической диагностики рака крови

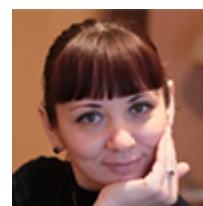
Учёные Сибирского федерального университета предложили принципиально новый алгоритм выявления и идентификации мутаций, ассоциированных с одним из видов рака крови — хроническими миелопролиферативными новообразованиями (ХМН). Ключевые достоинства нового алгоритма — экономичность, скорость выполнения анализа и возможность диагностировать заболевание уже на ранней стадии (при наличии от 3–5 % мутантных аллелей в образце ДНК).



Предложенный способ очень удобен для использования в тех случаях, когда для диагностики онкозаболевания необходимо провести анализ множества разнообразных вариантов соматических мутаций, которые могут быть локализованы на небольшом фрагменте ДНК (100–300 нуклеотидов), и любая из таких мутаций приводит к развитию онкопатологии. В частности, с помощью данного алгоритма в лаборатории для пациентов с хроническим раком крови проводится анализ мутаций в таких генах, как JAK2 (в 12 экзоне описано более 40 мутаций), CALR (в 9 экзоне описано более 50 мутаций).

Генетический анализ соматических мутаций или тех, которые не передаются по наследству, а появляются с возрастом и зачастую ассоциированы с онкозаболеваниями, учёные предложили проводить в два этапа: скрининг и секвенирование (то есть определение последовательности нуклеотидов). Уже после первого этапа, который занимает менее суток, можно однозначно судить о наличии мутации в исследуемом участке гена и соответственно о наличии онкозаболевания. А на этапе секвенирования, который займёт ещё сутки, — подтвердить наличие ранее выявленной на скрининговом этапе мутации и идентифицировать её. Возможность отсеять пациентов с отсутствием анализируемых мутаций уже на этапе скрининга и не производить последующее дорогостоящее секвенирование удешевляет диагностику примерно в 7 раз.

В России для диагностики ХМН подобные алгоритмы пока не используются. Так, по словам руководителя лаборатории молекулярно-генетических методов исследований СФУ **Татьяны Субботиной**, анализ с использованием классических методов полимеразной цепной реакции (ПЦР) быстр в выполнении, но позволяет определить, например, всего 1 из 50 известных видов мутаций в гене CALR.



«Наш алгоритм позволяет выявить, например, любую соматическую мутацию из всего перечня возможных 50 мутаций в гене CALR уже на скрининговом этапе после проведения одной реакции ПЦР (в 1 пробирке), в то время как при традиционном подходе для каждого пациента пришлось бы провести 50 реакций ПЦР (в 50 пробирках) для поиска каждой мутации, что затратно и по времени, и по цене. Как правило, другие лаборатории ограничиваются выявлением нескольких наиболее распространённых мутаций, а, значит, есть риск не распознать вовремя болезнь, — отмечает Татьяна Субботина. — Кроме того, предлагаемый подход позволяет проводить скрининг для 30 человек одновременно».

Такой вид рака крови, как ХМН, чаще всего встречается среди людей старше 50 лет. Частота встречаемости пациентов, например, с CALR мутацией среди такой группы пациентов в среднем составляет примерно 5-10 человек на 100 пациентов.

Методика красноярских учёных по дифференциальной диагностике пациентов с ХМН позволяет выявлять заболевание уже при незначительном количестве поражённых мутацией клеток в крови или костном мозге человека, апробирована и полностью готова к дальнейшему внедрению в практическую медицину.

Справка

Лаборатория молекулярно-генетических методов исследований организована в рамках сотрудничества СФУ и Сибирского научно-клинического центра ФМБА России в 2017 году. Наличие высокотехнологичного оборудования позволяет проводить самые разные молекулярно-генетические исследования. Специализация проводимых исследований: онкогематология, неврология, HLA-типирование и изучение эффекта резистентности к аспирину среди пациентов с ИБС.

[Пресс-служба СФУ](#), 27 декабря 2018 г.

© Сибирский федеральный университет. Редакция сайта: +7 (391) 246-98-60, info@sfu-kras.ru.

Адрес страницы: <https://news.sfu-kras.ru/node/21198>