

[Akceptuję](#)

W ramach naszej witryny stosujemy pliki cookies w celu świadczenia państwu usług na najwyższym poziomie, w tym w sposób dostosowany do indywidualnych potrzeb. Korzystanie z witryny bez zmiany ustawień dotyczących cookies oznacza, że będą one zamieszczone w Państwa urządzeniu końcowym. Możecie Państwo dokonać w każdym czasie zmiany ustawień dotyczących cookies. Więcej szczegółów w naszej [Polityce Prywatności](#)

[Portal](#) [Informacje](#) [Katalog firm](#) [Praca](#) [Szkolenia](#) [Wydarzenia](#) [Porównania międzylaboratoryjne](#)
[Kontakt](#)



[Laboratoria](#)
[.net](#)
[Innowacje](#)
[Nauka](#)
[Technologie](#)



[Logowanie](#) [Rejestracja](#) [pl](#)

Newsletter

zapisz się

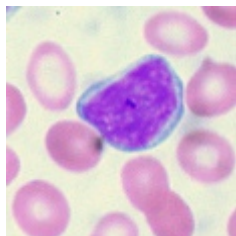
Naukowy styl życia

Nauka i biznes

- [Nowe technologie](#)
- [Felieton](#)
- [Tygodnik "Nature"](#)
- [Edukacja](#)
- [Artykuły](#)
- [Przemysł](#)

[Strona główna](#) > [Informacje](#)

Polka rozszyfrowuje epigenom białaczki



Analiza epigenomu 140 pacjentów chorych na przewlekłą białaczkę limfatyczną (ang. chronic lymphocytic leukemia, CLL) pozwoliła na zidentyfikowanie komórek, które zapoczątkowują tę chorobę oraz wskazanie nowych mechanizmów związanych z jej rozwojem. Dzięki tym badaniom zaproponowano nowe podejście diagnostyczne, mogące udoskonalić leczenie tego nowotworu.

Badania, opublikowane 14.10.2012 r. przez renomowane czasopismo Nature Genetics zostały zrealizowane pod kierunkiem Iñaki Martin-Subero z Uniwersytetu w Barcelonie, a jedną z głównych autorek pracy badawczej jest Marta Kuliś, polska studentka, realizująca pracę doktorską w Hiszpanii. Jest to pierwszy owoc współpracy dwóch międzynarodowych projektów badawczych: hiszpańskiego konsorcjum CLL Genome Project, wchodzącego w skład Międzynarodowego Konsorcjum Genomu Raka (ang. International Cancer Genome Consortium, ICGC) oraz europejskiego projektu BLUEPRINT, związanego z International Human Epigenome Consortium. BLUEPRINT jest projektem prowadzonym pod egidą Komisji Europejskiej, którego celem jest zsekwencjonowanie epigenomu zdrowych i nowotworowych komórek krwi.

W przedsięwzięciu, którego koszt szacuje się na 30 milionów euro, uczestniczy ponad 50 czołowych badaczy z 41 instytucji z całej Europy. Hiszpański CLL Genome Project ma przybliżyć mechanizmy rozwoju przewlekłej białaczki limfatycznej, jednej z najczęstszych typów białaczki dotykających głównie osoby po 50 roku życia. Projekt ten jest jednym z 47 wchodzących w skład zawiązanego w 2008 roku Międzynarodowego Konsorcjum Genomu Raka, mającego za zadanie identyfikację i analizę zmian molekularnych zachodzących w 50 typach najczęściej występujących nowotworów.

Dotychczasowe badania nad przewlekłą białaczką limfatyczną skupiały się na analizie mutacji DNA. W najnowszej pracy Marta Kuliś wspólnie z 41 naukowcami z całej Europy, prezentuje nowe podejście łączące dane z sekwencjonowania nie tylko całego genomu, ale i epigenomu pacjentów, co daje kompleksowy obraz rozwoju choroby. „Ludzki genom można określić jako składnicę informacji, podczas gdy epigenom jest potrzebny do jej prawidłowego odczytania. Innymi słowy mechanizmy epigenetyczne pozwalają na aktywowanie lub wyciszenie genów, których sekwencja zapisana jest w genie” - tłumaczy Iñaki Martin-Subero. O ile poprzednie analizy zidentyfikowały „tylko” około 1000 genów zmutowanych w przewlekłej białaczce limfatycznej, najnowsze wyniki wskazują na obecność aż ponad miliona zmian epigenetycznych w komórkach chorych osób. Świadczy to zatem o tym, że w komórkach rakowych dochodzi do rozregulowania mechanizmów epigenetycznych na dużo większą skalę niż dotychczas sądzono.

Uzyskane wyniki były możliwe dzięki zastosowaniu najnowszych technologii sekwencjonowania oraz użyciu mikromacierzy analizujących poziom metylacji DNA - jednej z modyfikacji epigenetycznych. „Do tej pory większość badań ograniczyło się do analizy wyłącznie tych regionów DNA, które uważano za najbardziej istotne w ekspresji genów. My postanowiliśmy przyjrzeć się całości materiału genetycznego i ku naszemu zdumieniu okazało się, że najwięcej zmian epigenetycznych w CLL powstaje w niezbadanych dotąd regionach” - mówi Marta Kuliś. Co ciekawe, to odkrycie jest w pewien sposób uzupełnieniem opublikowanych kilka tygodni wcześniej wyników ENCODE Project, które wskazują, że fragmenty DNA uważane dotąd za „śmieciowe” i nieistotne, w rzeczywistości zawierają sekwencje regulujące aktywność genów. „Z zaskoczeniem spostrzegliśmy, że większość zmian epigenetycznych w komórkach nowotworowych zachodzi właśnie w regionach opisanych w publikacji ENCODE. Być może jest to wytyczna dla przyszłych badań naukowców, aby dokładniej

przyjrzeć się tym sekwencjom, bo w nich może tkwić klucz do zrozumienia nowych mechanizmów komórkowych” - dodaje Iñaki Martin-Subero.

Źródło: www.e-biotechnologia.pl

<http://laboratoria.net/aktualnosci/15475.html>



27-03-2025

Jak otworzyć laboratorium?

Laboratorium może być dobrym pomysłem na biznes.



26-03-2025

Dziękujemy za odwiedziny na targach Labs Expo

Dziękujemy wszystkim, którzy odwiedzili nas.



26-03-2025

W przyszłości będziemy jedli mięso z drukarki

Trójwymiarowy druk może stać się z czasem jednym z filarów produkcji.



26-03-2025

Ruszył nabór na wspólne projekty przedsiębiorców i naukowców; w...

W aż puli 66 mln zł.



26-03-2025

Błonica - choroba groźna także dla dorosłych

Po 40. roku życia choroba staje się równie groźna.



26-03-2025

87% internautów uważa hejt za poważny problem społeczny

W 2024 roku z hejtem zetknęło się 45 proc. internautów.



26-03-2025

[Nowe materiały do budowy okrętów wojskowych](#)

Naukowcy z Politechniki Wrocławskiej pracują nad nimi.



26-03-2025

[Mandimycyna - nowy potencjalny środek przeciwgrzybiczy](#)

Zabija grzyby odporne na wiele leków.

Informacje dnia: [Jak otworzyć laboratorium? Dziękujemy za odwiedziny na targach Labs Expo W przyszłości będziemy jedli mięso z drukarki Ruszył nabór na wspólne projekty przedsiębiorców i naukowców; w puli 66 mln zł Błonica - choroba groźna także dla dorosłych 87% internautów uważa hejt za poważny problem społeczny](#) [Jak otworzyć laboratorium? Dziękujemy za odwiedziny na targach Labs Expo W przyszłości będziemy jedli mięso z drukarki Ruszył nabór na wspólne projekty przedsiębiorców i naukowców; w puli 66 mln zł Błonica - choroba groźna także dla dorosłych 87% internautów uważa hejt za poważny problem społeczny](#) [Jak otworzyć laboratorium? Dziękujemy za odwiedziny na targach Labs Expo W przyszłości będziemy jedli mięso z drukarki Ruszył nabór na wspólne projekty przedsiębiorców i naukowców; w puli 66 mln zł Błonica - choroba groźna także dla dorosłych 87% internautów uważa hejt za poważny problem społeczny](#)

Partnerzy