

[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



[Strona główna](#) > [Start](#)

Wybrane metody analizy nieznanymi mutacji w DNA- metody badania mutacji powodujących nowotwory złośliwe dziedziczone w sposób rodzinny cz. I



Jednym z największych wyzwań współczesnej medycyny są choroby nowotworowe, które według przeprowadzonych badań bezpośrednio lub pośrednio

dotyczą aż 1/3 populacji ludzkiej.

Według przeprowadzonych badań statystycznych, 90% chorób nowotworowych występuje sporadycznie, zaś w 5%-10% przypadków obserwuje się tendencję do występowania tzw. dziedzicznego rodzinnego [6], [1], [2].

Słowa kluczowe: nowotwory złośliwe, dziedziczenie rodzinne, mutacje DNA, delecje, insercje, izolacja DNA do celów genetycznych, PCR, techniki przesiewowe: SSCP, heterodupleksy, DHPLC, sekwencjonowanie, gen APC, rodzinna polipowatość jelita grubego- FAP, żel poliakryloamidowy, elektroforeza żelowa, denaturacja.

Nowotwory złośliwe stanowią trzecią w kolejności przyczynę zgonów. Dzięki aktualnym badaniom możliwe jest wyodrębnienie grupy nowotworów złośliwych, które dziedziczone są rodzinie. Stanowią one średnio od 10 do 20% diagnozowanych przypadków, uwzględniając predyspozycje wielogenowe i genetyczno-środowiskowe odsetek ten wzrasta do około 30% diagnozowanych przypadków. Dzięki bardzo zaawansowanym badaniom przeprowadzonym w ostatnich latach zidentyfikowano wiele genów, których mutacje odpowiedzialne są za dziedziczną predyspozycję do nowotworów złośliwych. Ponadto, dzięki temu możliwa stała się identyfikacja osób posiadających zmutowane geny z wykorzystaniem analiz molekularnych [7]. [1], [2].

Jako pierwszy w 1866 roku Broca opisał przypadek rodzinie występującego raka piersi i wątroby, z kolei w 1900 r. Haaland przedstawił teorię dziedziczenia chorób nowotworowych, która opierała się na założeniu, że niektóre nowotwory dziedziczą się zgodnie z zasadami Mendla. Z aktualnych badań już wiemy, że nowotwory mogą być dziedziczone w rodzinach w sposób autosomalny (dominujący lub recesywny)- w takich przypadkach mówimy o nowotworach dziedzicznych. Obecnie wiadomo, że u podstaw procesu nowotworzenia leżą zmiany w informacji genetycznej, kiedy to ten wieloetapowy proces rozpoczyna się od zmiany genetycznej w pojedynczej komórce i postępuje, prowadząc do rozwoju (czasami przez wiele lat) guza nowotworowego. Taki guz może naciskać na sąsiadujące tkanki, a w efekcie dawać przerzuty do innych narządów.

Dostęp do całego artykułu: [Wybrane metody analizy nieznanymi mutacji w DNA- metody badania mutacji powodujących nowotwory złośliwe dziedziczone w sposób rodzinny cz. I](#)

<http://laboratoria.net/home/14988.html>

Informacje dnia: [Globalne zagrożenie związane z Omikronem bardzo wysokie Na prehistorycznej Ziemi lało jak z cebra Aktywność wpływa na zdrowie psychiczne w czasie pandemii Picie kawy może obniżyć ryzyko choroby Alzheimera BioNTech rozpoczyna badania nad szczepionką na wariant wirusa Omikron 300 mln zł na technologię RNA w Polsce Globalne zagrożenie związane z Omikronem bardzo wysokie Na prehistorycznej Ziemi lało jak z cebra Aktywność wpływa na zdrowie psychiczne w czasie pandemii Picie kawy może obniżyć ryzyko choroby Alzheimera BioNTech rozpoczyna badania nad szczepionką na wariant wirusa Omikron 300 mln zł na technologię RNA w Polsce](#)

Partnerzy