

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ: TRG5380008

ชื่อโครงการ : รูปแบบดีเอ็นเอเมทิลเลชัน (DNA methylation) ที่จำเพาะในเซลล์ชนิดเยื่อบุผิวชนิด squamous สำหรับการแยกแยะการวินิจฉัยมะเร็งที่กระจายตัวไปต่อมน้ำเหลือง

ชื่อนักวิจัย: ดร.รุ่งนภา อิทธิวุฒิสังกัดสถาบันพยาธิวิทยา กรมการแพทย์

E-mail Address : rungnapahirunsatit@gmail.com

ระยะเวลาโครงการ : 2 ปี

เยื่อบุผิวชนิดแบน (squamous cell epithelium) เป็นส่วนประกอบหลักของเนื้อเยื่อหลายบริเวณ เช่น ผิวหนัง ช่องปาก ปอด ปากมดลูก หากเนื้อบวมชนิดนี้เกิดมะเร็งขึ้นจะเรียกว่า squamous cell carcinoma (SCC) งานวิจัยในครั้งนี้องค์กรหา tissue specific promoter hypermethylation หรือยีนที่มีการเติมหมู่เมทิลที่จำเพาะกับเซลล์ปกติในเนื้อเยื่อบริเวณต่างๆ เพื่อนำมาประยุกต์ใช้ในการวินิจฉัยนอกจากนั้นการพัฒนาตัวบ่งชี้ใหม่นี้ยังสามารถใช้เพื่อตรวจสอบการแพร่กระจายของเซลล์มะเร็งในระยะต้นๆ ที่ยังไม่รู้ตำแหน่งเซลล์มะเร็งต้นกำเนิด แต่เกิดการกระจายไปยังต่อมน้ำเหลืองแล้ว งานวิจัยนี้ได้ใช้ข้อมูลจากฐานข้อมูล Gene Expression Omnibus (GEO) และคัดเลือกยีน *FGFR3* และยีน *IL18BP* มาตรวจสอบระดับเมทิลเลชันและเปรียบเทียบในตัวอย่างเนื้อเยื่อบริเวณ ลิ้น กระเพาะอาหาร กระเพาะปัสสาวะ และต่อมลูกหมาก โดยใช้เทคนิคไพโรซีควนต์ซึ่งผลการทดลองสรุปได้ว่า ไม่พบความแตกต่างที่มีนัยสำคัญทางสถิติ แต่พบเพียงความแตกต่างที่ใกล้เคียงนัยสำคัญที่ยีน *IL18BP* ที่แตกต่างกันระหว่างเนื้อเยื่อบริเวณลิ้นกับกระเพาะปัสสาวะ ($p=0.05$) และระหว่างเนื้อเยื่อบริเวณลิ้นกับริมฝีปาก ($p=0.07$) ข้อเสนอแนะเพิ่มเติมจากงานวิจัยนี้คือในการเลือกใช้ DNA methylation เพื่อพัฒนาเป็นตัวบ่งชี้ใหม่ ต้องมีข้อมูลหรือฐานข้อมูลมากกว่า 1 ฐานข้อมูล เพื่อใช้ในการคัดเลือกยีนได้แม่นยำและถูกต้อง

คำหลัก : เมทิลเลชัน, เยื่อบุผิวชนิดรูปร่างแบน (squamous cell), ยีน *FGFR3*, ยีน *IL18BP*

Abstract

Project Code : TRG5380008
Project Title : Specific DNA Methylation Pattern in Squamous Cell Epithelium for Diagnosis Lymph Node Metastasis
Investigator : Rungnapalttiwut, PhD. Institute of Pathology, Division of Medical Service.
E-mail Address : rungnapahirunsatit@gmail.com
Project Period : 2 Years

Squamous epithelia are found lining surfaces of a variety of tissue cavities in the body such as skin, oral cavity, lung and cervix. Aberration of cell growth of these tissues may cause squamous cell carcinoma (SCC). In individuals diagnosed with primary tumor with possible secondary or progressive SCC lesion, effective tumor markers are useful to aid diagnosis and prognosis of cancers. Determining of DNA methylation level of specific loci is highly promising molecular biomarker in this case. Here, we try to identify specific DNA methylation as tumor markers specific to squamous cell by using free available public dataset from Gene Expression Omnibus (GEO) database. In vivo analysis of the level of promoter DNA methylation of *FGFR3* and *IL18BP* genes will be tested in paraffin-embedded tissue (PET) of lip, tongue, stomach, bladder and prostate samples. Pyrosequencing was used to detect the level of promoter methylation and percentage of C to T conversion. However, no statistical difference was found in these samples. Only nominal significant difference was presented on *IL18BP* gene between bladder and tongue ($p=0.05$) and lip and tongue ($p=0.07$). DNA methylation is an appropriate biomarker for tumor progressive but effective database and methodology are crucial. More than one methylation database were need.

Keywords : methylation, squamous cell epithelium, *FGFR3*, *IL18BP*