"Молекулярно-генетические особенности рака молочной железы.
Проблемы и перспективы."

Сессия «Организация и диагностика рака молочной железы»

Боженко В.К., Кудинова Е.А., Захаренко М.В., Солодкий В.А.

Российский научный центр рентгенорадиологии Минздрава России, Москва

vbojenko@mail.ru, т. 89037996484

**Введение**: современные технологии транскриптомного анализа продемонстрировали существование различных молекулярных фенотипов РМЖ, характеризующихся различным прогнозом и позволяющих индивидуализировать программы лечения. Однако необходима оптимизация технологии фенотипирования для использования метода в различных клинических ситуациях.

**Материалы и методы**: было проанализирован уровень экспрессии широкой панели генов генов (64) в 1200 образцах опухолевой ткани РМЖ (биопсийный, операционный и архивный материал).

**Результаты**: с пользованием различных методов многопараметрической статистики (кластерный, дискриминантный анализ, нейронные сети, различные варианты деревьев классификации) нами было показана возможность высокодостоверного определения пять «классических» фенотипов РМЖ. Было показано, что результаты анализа уровня экспрессии различных комбинаций (профилей экспрессии) генов позволяют получить как модель прогноза рецидивов при ранних стадиях рецептор положительного РМЖ, так и прогнозировать вероятность локорегиональных рецидивов при планировании экономных резекций. Сравнение разработанного метода оценки молекулярного фенотипа с ИГХ методом показало высокую частоту расхождения диагнозов в случае люминальных А и В фенотипов (до 25%).

**Заключение:** нами была разработана панель генов для определения молекулярного фенотипа и прогноза рецидивирования рака молочной железы на основе использования оценки их экспрессии методом РВ-ПЦР. Алгоритм позволил с высокой точностью дифференцировать образцы люминальных фенотипов А, В-HER2+, B-HER2-, тройного-негативного и HER2-позитивного фенотипа. Результаты сравнения полученных диагнозов методом РВ-ПЦР и ИГХ позволяет высказаться о необходимости скорейшего внедрения молекулярно-генетических методов для более точного фенотипирования опухоли.