บทคัดย่อ

T 160248

มะเร็งท่อน้ำดีเป็นมะเร็งที่มีอุบัติการณ์ต่ำในแถบประเทศตะวันตก แต่สูงมากในแถบเอเชียอาคเนย์โดยเฉพาะในภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย มะเร็งท่อน้ำดีเป็นมะเร็งที่มีกรแพร่ลุลามสูงและเป็นเหตุให้พยากรณ์โรคไม่ดี ผู้ป่วยมักเสียชีวิตจากการแพร่ลุกลามของมะเร็งไปยังอวัยวะอื่น การวิจัยเพื่อให้เข้าใจธรรมชาติของมะเร็งที่มีคุณสมบัติแพร่ลุกลาม เป็นข้อมูลพื้นฐานที่จำเป็นในการพัฒนาหาตัวบ่งชี้ชีวภาพที่จำเพาะต่อกระบวนการดังกล่าว รวมทั้งการพัฒนาวิธีการยับยั้ง ป้องกัน และรักษามะเร็งที่แพร่ลุกลามต่อไป

Serial analysis of gene expression (SAGE) เป็นเทคนิคในระบบเปิดุ เพื่อศึกษาการแสดงออกทั้งหมดของจีนในสภาวะหนึ่ง ๆ ทำให้ทราบข้อมูลทั้งหมดของ mRNA ที่ทำงานในขณะนั้นทั้งในเชิงปริมาณและคุณภาพ ข้อมูลที่ได้สามารถเปรียบเทียบกับข้อมูล SAGE ในฐานข้อมูลสาธารณะได้ การศึกษานี้ได้วิเคราะห์การแสดงออกของจีนทั้งหมดจากเนื้อเยื่อมะเร็งท่อน้ำดีที่แพร่ลุลามของผู้ป่วยมะเร็งท่อน้ำดีชาวไทย ได้จำนวน tag ทั้งหมด 46,874 tags และเป็น unique tags จำนวน 20,722 tags ข้อมูลที่ได้จัดเก็บในฐานข้อมูลของ Cancer Genome Anatomy Project (CGAP) ของ ncbi ซึ่งสามารถสืบค้นได้จาก http://cgap.ncbi.nih.gov

Abstract

TE 160248

Cholangiocarcinoma (CCA) is rare in western countries but has high incidence in Southeast Asia, especially in the northeast of Thailand. CCA is a high invasive tumor which leads to an extremely poor prognosis. Most of the patients died because the tumor metastasizes to other organs. Natural history of the metastasis process is needed for searching possible metastatic markers, and development of a strategy to prevent, inhibit or treatment of metastatic tumor.

Serial analysis of gene expression (SAGE) is an open-system technique for identifying gene expression in a high throughput condition. All mRNAs that exist in an event of cells or tissue were qualitatively and quantitatively identified. The obtained information can compared with those reported in the public database. This project aimed to verify total genes expressed in one primary cholangiocarcinoma tissue from a Thai patient. There were 46,874 tags, of these 20,722 tags were unique. SAGE library of this tissue was submitted to Cancer Genome Anatomy Project (CGAP) database, which can be retrieved from http://cgap.ncbi.nih.gov