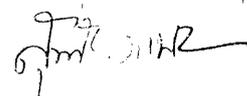


ระหว่างกลุ่มคนปกติและกลุ่มผู้ป่วยมะเร็งเต้านม แต่ก็สามารถสังเกตเห็นความแตกต่างที่จำนวนโปรตีนและปริมาณของโปรตีนที่มีน้ำหนักโมเลกุลต่ำกว่า 30 kDa ในแต่ละบุคคล ทั้งในกลุ่มคนปกติและกลุ่มผู้ป่วยมะเร็งเต้านม ที่สังเกตเห็นได้ดังภาพข้างต้น และนอกจากนี้ ในช่วงแรกของการ run SDS-PAGE (กลุ่มตัวอย่างละ 16 ราย) ได้มีการสังเกตเห็นว่า มีการขาดหายไปของโปรตีนที่มีน้ำหนักโมเลกุลประมาณ 20 kDa ในซีรัมของผู้ป่วยมะเร็งเต้านม 2 ราย คือ S507 และ S515 ซึ่งในตอนแรกเราคิดว่าความแตกต่างของแผนภูมิของโปรตีนระหว่างคนปกติ และผู้ป่วยมะเร็งเต้านมที่สังเกตเห็นได้นี้อาจมีความสัมพันธ์กับการเกิดโรคมะเร็งเต้านม จึงได้เตรียมที่จะทำการตัด protein band ในช่วงดังกล่าวมาทำการศึกษาโดยละเอียด ถึงชนิดของโปรตีน และปริมาณของโปรตีนที่มีการเปลี่ยนแปลงไปในกลุ่มผู้ป่วยมะเร็งเต้านมโดยการวิเคราะห์ด้วย LC-MS/MS แต่หลังจากที่ทำการ run SDS-PAGE เพิ่มมากขึ้นจนกระทั่งครบจำนวนที่นำตัวอย่างไป ในครั้งแรก ก็พบว่าในกลุ่มคนปกติพบมีการขาดหายไปของโปรตีนนี้จำนวน 12 ราย ส่วนในกลุ่มผู้ป่วยมะเร็งเต้านมพบมีการขาดหายไปของโปรตีนนี้จำนวน 10 ราย ซึ่งการที่พบการขาดหายไปของโปรตีนนี้ ในจำนวนใกล้เคียงกันในสองกลุ่มตัวอย่าง ดังนั้นน่าจะสรุปได้ว่าโปรตีนที่มีน้ำหนักโมเลกุลประมาณ 20 kDa ตัวนี้ น่าจะไม่มีความสัมพันธ์กับมะเร็งเต้านม แต่อาจมีความสัมพันธ์กับโรคหรืออาการอื่นๆก็ได้ จากนั้นเราจึงเตรียมที่จะตัด protein band ที่มีน้ำหนักโมเลกุลต่ำกว่า 30 kDa มาทำการศึกษาโดยละเอียด ถึงชนิดของโปรตีนและปริมาณของโปรตีนที่มีการเปลี่ยนแปลงไปในกลุ่มผู้ป่วยมะเร็งเต้านมโดยการวิเคราะห์ด้วย LC-MS/MS ซึ่งจากการวิเคราะห์แผนภูมิของโปรตีนโดยละเอียดนี้ อาจสามารถสรุปได้ว่า โปรตีนตัวใดที่อาจนำไปใช้ในการเป็น marker ของมะเร็งเต้านมได้ต่อไปในอนาคต

เอกสารอ้างอิงของโครงการวิจัย

1. Laronga, C., and Drake R.R., Cancer control 2007; 14, 360-368.
2. Deerasamee, S., Martin N., Sontipong S., Sriamporn S., Sriplung H., Srivatanakul P., et al. Cancer in Thailand. Vol II, 1992-1994. Lyon 1999; 23-24.
3. Brinton, L., Lacey, J. and Devesa, SS. Epidemiol Breast Cancer. 2002; 111-132.
4. Ward, DG., Suggett N., Cheng Y., et al., Br. J. Cancer 2006; 94, 1898-1905.
5. Whiteman HJ., Weeks, ME., Downen SE., et al., Cancer Res 2007; 67, 8633-8642.
6. Miles, AK., Rogers, A., Li, G., et al., Prostate 2007; 67, 274-287.
7. Davis MA. And Hanash H. 2006; 8, 217-220.
8. Balducci L. 2007; 33, 85-86



(อจ.สุทัศน์ ดวงจิตร)

หัวหน้าโครงการวิจัย



The 17th International Charles Heidelberger Symposium on Cancer Research
June 5-10, Xi'an, China

Changle West Road 169, Xi'an 710032, Shaanxi Province, P. R. China

Libo Yao, M.D. & Ph.D.

Professor and Director

Department of Biochemistry and Molecular Biology

The Fourth Military Medical University

Tel: 0086-29-84774513

Fax: 0086-29-84773947

E-mail: bioyao@fmmu.edu.cn

March 2, 2011

Sukkid Yasosthornsrikul, Ph.D.

Vice President for Research and External Relations

Associate Professor, Dept. of Biochemistry

Faculty of Medical Sciences

Naresuan University

Phitsanulok, 65000, Thailand

Office telephone: +66-(0)-5595-2344

Mobile telephone: +66 81-785-5593

FACS: +66-(0)5596-2380

E-mails: sukkidy@nu.ac.th, sukkid@gmail.com, sysothon@hsc.unt.edu

Dear Professor Sukkid Yasosthornsrikul,

On behalf of the International Organizing Committee and the Organizers, we are pleased to invite you to attend and speak at the 17th International Charles Heidelberger Symposium on Cancer Research on your proposed topic entitled **Proteomics and Genomics analyses in breast cancer for possible prognosis, treatment, and prevention** by Nonglak Yoonim, Suthat Duangchitr, Sittiruk Roytrakul and Sukkid Yasosthornsrikul. This conference is to be held at The Fourth Military Medical University in the City of Xi'an, in the People's Republic of China, from June 5-10, 2011.

Participants are expected to arrive on June 5, 2011. The meeting will begin on the morning of June 6, 2011, and conclude on the evening of June 9, 2011. The cost of your registration, meals, hotel, and two local sightseeing tours of the Xi'an will be covered by the Local Organizing Committee.

We extend to you our warmest greetings that you will be able to attend. If you have any questions, please feel free to send an e-mail message to Dr. Libo Yao at bioyao@fmmu.edu.cn.

With Warmest Regards,

Libo Yao, M.D., Ph.D.

Professor and Director

Department of Biochemistry and Molecular Biology

The Fourth Military Medical University

Xi'an, The People's Republic of China

Chair, Local Organizing Committee and Co-Chair, International Organizing Committee

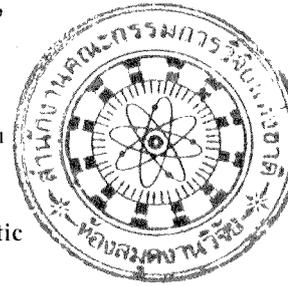
17th International Charles Heidelberger Symposium for Cancer Research

On Behalf of the International Organizing Committee

Proteomics and Genomics analyses in breast cancer for possible prognosis, treatment, and prevention

Nonglak Yoonim¹, Suthat Duangchitr², Sittiruk Roytrakul³ and Sukkid Yasothornsrikul¹

¹Department of Biochemistry, ²Department of Physiology, Faculty of Medical Science, Naresuan University, Phitsanulok Thailand, ³Genome Institute, National Center for Genetic Engineering and Biotechnology, Thailand Science Park, Pathumthani, Thailand,
E-mail: sukkidy@nu.ac.th



Abstract

Breast cancer is an important health problem in Thailand and is the second most common cancer among Thai women. Its incidence is still increasing. Although there are well-established risk factors such as age at first child's birth, null parity, and family history of breast cancer, the etiology of breast cancer is still not completely known. In addition, the mechanism of breast cancer in human is very complicated and there are many factors such as biological, physiological and genetics that are involved in such complex mechanism. Moreover, genetic alteration and modification in gene expression are found during different steps of tumor progression. These changes are translated at the protein level where quantitative and qualitative modification are found in tumor compared to normal samples. Therefore, this study aimed to identify the proteins that are involved in breast cancer using proteomic technology as the specific biomarker for breast cancer, and also aimed to identify the polymorphisms of the DNA repair genes that may be related to breast cancer risk using this technology.

For the first objective, breast cancer sera were separated to 4 groups depending on their stage of breast cancer and normal sera were also separated to 4 groups as a control for each stage of breast cancer group. Then, pooled sera of each group were analyzed by both 1D and 2D PAGE-LC/MS/MS. The results of 1D PAGE-LC/MS/MS showed two candidate proteins that may be possible for being used as biomarkers for early diagnosis because their quantity decreased more than 15% in stage I and II in breast cancer samples compared to normal controls. They are unnamed protein product (gi|34532201) and alpha 1 type XIII collagen isoform 8 (gi|22027587). In addition, the results of 2D PAGE-LC/MS/MS also showed two candidate proteins that may be possible for using as biomarkers for early diagnosis because we found these proteins only in stage I and II breast cancer. They are hemoglobin delta (gi|229172) and Chain A, C3b In complex with A C3b specific Fab (gi|224983659).

For the second objective, three *XRCC1* gene polymorphisms (Arg194Trp, Arg280His, Arg399Asn) and two *XPD/ERCC2* gene polymorphisms (Asp312Asn, Lys751Gln) have been studied in relation to breast cancer risk. The results showed that the frequencies of *XRCC1*-280His, *XPD*-312Asn and *XPD*-751Gln variant alleles in breast cancer cases were higher than controls. From these data, it is possible that these three polymorphisms may be associated with

and increased risk for breast cancer. The results from this study by both proteomic and genomic analyses bear important findings that could be later correlated and used in future prognosis of the disease. However, further validation in a large number of breast cancer and normal control are needed for prognosis and management of breast cancer in Thai women.

Key words: Breast cancer, Proteomics, Genomics

