

## บทคัดย่อ

**ชื่อโครงการ**                      แบบแผนการแสดงออกของยีน เพื่อใช้เป็นตัวบ่งชี้โรคมะเร็งปากมดลูก  
**ผู้เขียนรายงาน**                ดร.ไพฑูรย์                      ออบเชย

มะเร็งปากมดลูกเป็นมะเร็งที่พบได้บ่อยและพบมากเป็นอันดับสองในผู้หญิงทั่วโลก ซึ่งประมาณ 80% อยู่ในประเทศที่กำลังพัฒนา สาเหตุหลักเกิดจากการติดเชื้อฮิวแมนแพปพิโลมาไวรัสชนิดกลุ่มเสี่ยงสูง อย่างไรก็ตาม การวินิจฉัยโรคที่รวดเร็วและพัฒนาวิธีการรักษาที่มีประสิทธิภาพยิ่งขึ้น จะช่วยลดอุบัติการณ์และอัตราการเสียชีวิตของผู้ป่วย มะเร็งปากมดลูก จะแบ่งออกเป็น 4 ชนิด ตามพยาธิวิทยาของรอยโรค ได้แก่ Adenocarcinoma, Squamous cell carcinoma, Papilloma และ Carcinoma การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์ในการหา ยีนที่แสดงแตกต่างแตกต่างกันในเซลล์มะเร็งเชื้อสายทั้ง 4 ชนิด เทียบกับเซลล์ปกติโดยใช้เทคนิค qPCR

ผลการศึกษา จากการคัดเลือกยีนจำนวน 61 ยีนจากข้อมูล public DNA microarray และตรวจสอบการแสดงออกของยีนที่บ่งชี้เฉพาะที่มี GAPDH เป็น housekeeping gene ในเซลล์เชื้อสายมะเร็งปากมดลูกแต่ละชนิด (HeLa, SiHa, C-4 I และ SW756) โดยใช้เทคนิค qPCR พบยีน VAV2 มีการแสดงออกเพิ่มขึ้นในเซลล์เชื้อสายมะเร็ง Adenocarcinoma (HeLa), Squamous cell carcinoma (SiHa) และ Carcinoma (SW756) และในเซลล์เชื้อสายมะเร็ง Papilloma (C-4 I) พบการแสดงออกเพิ่มขึ้นของยีน RCC1 และจากผลของการแสดงออกของยีนที่เพิ่มขึ้น แสดงให้เห็นว่ายีน VAV2 น่าจะเป็นตัวบ่งชี้เฉพาะสำหรับมะเร็งปากมดลูกชนิด Adenocarcinoma, Squamous cell carcinoma และ Carcinoma และยีน RCC1 น่าจะเป็นตัวบ่งชี้ของมะเร็งปากมดลูกชนิด Papilloma ตามลำดับ จากผลการศึกษาวิจัยดังกล่าว แสดงว่าตัวบ่งชี้ทางชีวภาพอาจจะนำไปใช้ประโยชน์ในการคัดกรอง และการตรวจวินิจฉัยโรคมะเร็งปากมดลูกต่อไป

## Abstract

**Title**                    **Gene Expression Profilling for Disease Diagnosis in Cervical Cancer**

**Report by**        **Dr. Paitoon**                    **Aobchey**

Cervical cancer is the most common cancer in women worldwide, with developing countries accounting for 80% of the disease burden. Infection with a high-risk group of human papilloma viruses (HPVs) is caused mainly by carcinogenesis of cervical cancer. Although, active diagnosis has been improved treatment efficacy in reducing the incidence and mortality rate. Cervical cancer is generally classified into four histopathological subtypes; Adenocarcinoma, Squamous cell carcinoma, Papilloma and Carcinoma. In this study, the gene expression profiles of these four subtypes in cervical cancer cell lines were compared to normal cervical tissue using quantitative real-time PCR (qPCR).

Sixty one genes from public DNA microarray data were selected. The expression of 30 candidate genes were quantified including a housekeeping gene, GAPDH with qPCR using HeLa, SiHa, C-4 I and SW756 showing a more than 1.5-fold difference in their expression. VAV2 gene was found to overexpress in Adenocarcinoma (HeLa), Squamous cell carcinoma (SiHa) and Carcinoma (SW756) and RCC1 gene was overexpressed in Papilloma (C-4 I) of cervical cell lines. Based on their upregulation, VAV2 gene was identified as candidate markers for Adenocarcinoma, Squamous cell carcinoma, and Carcinoma and RCC1 gene was identified as candidate marker for Papilloma subtype of cervical cancer, respectively. The candidate biomarkers may be useful for screening and diagnosis of cervical cancer.