

Projekt badawczy prowadzony przy współpracy z Warszawskim Uniwersytetem Medycznym:

Temat: Zbadanie wpływu zakażenia wirusem brodawczaka ludzkiego (HPV) u pacjentek chorych na dysplazję różnego stopnia (CIN) oraz raka szyjki macicy.

Cele pracy:

- Zbadanie i porównanie poziomów kopii DNA wirusa HPV wysokoonkogennego u zakażonych pacjentek z trzech grup: chorych na CIN, raka szyjki macicy oraz zdrowych
- Określenie korelacji pomiędzy etapem zakażenia wirusem HPV a jego ilością kopii DNA oraz genotypem wirusa
- Porównanie zależności zakażenia wirusem HPV o wysokim oraz niskim potencjale onkogenym u zakażonych pacjentek z wynikami cytologii

Wstęp:

Ludzki wirus brodawczaka (human papilloma virus - HPV) należy do rodziny Papoviridae i jest uznany za najczęstszą przyczynę zakażeń narządów płciowych. Do tej pory sklasyfikowano ponad 100 typów wirusa HPV charakteryzujących się dużą specyficznością wobec gospodarza. Według aktualnych danych zakażenie wirusem brodawczaka jest uważane za najważniejszy czynnik ryzyka prowadzący do rozwoju zmian dysplastycznych (*cervical intraepithelial neoplasia*, CIN) i raka szyjki macicy. Ostatnie badania wykorzystujące metodę PCR pokazały, że ponad 90% przypadków inwazyjnego raka szyjki macicy jest połączone z obecnością DNA HPV. Aktualnie wyróżnia się typy HPV wysoko oraz niskoonkogenne. Najczęściej występującymi typami wirusa HPV w populacji, które wiążą się z wysokim ryzykiem inicjacji kancerogenezy należą typ: 16, 18, 31, 33, 35 i inne. Najczęstsze typy HPV niskoonkogenne to 6 i 11, które odpowiedzialne są za powstawanie łagodnych zmian określanych jako kłykciny kończyste bądź brodawki, zaliczane do zmian rozrostowych nie wykazujących cech nowotworzenia.

Dane epidemiologiczne wskazują, że rak szyjki macicy jest drugim (po raku sutka) najczęściej występującym złośliwym nowotworem u kobiet. W Polsce co roku wykrywa się ponad 6500 przypadków tej choroby.

Metody:

Badania oparte są na technice Real-time PCR (reakcja łańcuchowa polimerazy w czasie rzeczywistym), która jest nowoczesną, rozwijającą się metodą, dzięki której można bardzo precyzyjnie określić ilość wyjściowego materiału genetycznego w analizowanej próbce. Technika ta pozwala na wykrycie najbardziej onkogennych typów wirusa HPV oraz precyzyjne zmierzenie ilości cząstek wirusowego DNA HPV. Ponadto, zastosowana tutaj bezpośrednia metoda detekcji daje ilościowy wynik co do liczby cząstek wirusa w badanej próbce, co jest bardzo przydatne w wyborze sposobu leczenia i monitorowaniu choroby.


Technika PCR oraz RFLP (Analiza długości fragmentów restrykcyjnych) umożliwi również oznaczenie 33 genotypów HPV zarówno wysoko jak i niskoonkogennych.

Oczekiwany rezultat pracy:

Diagnostyka zakażenia HPV jest bardzo istotna dla wczesnego rozpoznania i rozpoczęcia odpowiedniego leczenia. Głównym celem pracy jest oznaczenie ilości kopii DNA wirusa HPV oraz określenie jego genotypu przy zastosowaniu techniki Real-time PCR oraz RFLP. Określenie ilości cząstek HPV na podstawie pobranego wymazu cytologicznego jest ważnym parametrem pozwalającym na rozróżnienie istotnych klinicznie zakażeń HPV oraz monitorowanie przebiegu zakażenia.

Zbadanie zależności pomiędzy poziomem kopii onkogenego DNA HPV a etapem zakażenia u pacjentek z dysplazją CIN umożliwi określenie postępu rozwoju zmian komórkowych w szyjce macicy oraz infekcji HPV. Z kolei wczesne wykrycie Papillomavirus oraz oznaczenie jego genotypu pozwolą na profilaktykę tych chorób oraz podjęcie właściwego postępowania przez lekarza.

Badania te umożliwią również wyłonienie pacjentek z podwyższonym ryzykiem zmian nowotworowych.

KIEROWNIK
II Katedry i Kliniki Położnictwa i Ginekologii

Prof. dr hab. n. med. Krzysztof Czajkowski