

[Akceptuję](#)

W ramach naszej witryny stosujemy pliki cookies w celu świadczenia państwu usług na najwyższym poziomie, w tym w sposób dostosowany do indywidualnych potrzeb. Korzystanie z witryny bez zmiany ustawień dotyczących cookies oznacza, że będą one zamieszczone w Państwa urządzeniu końcowym. Możecie Państwo dokonać w każdym czasie zmiany ustawień dotyczących cookies. Więcej szczegółów w naszej [Polityce Prywatności](#)

[Portal Informacje](#) [Katalog firm](#) [Praca](#) [Szkolenia](#) [Wydarzenia](#) [Porównania międzylaboratoryjne](#)
[Kontakt](#)



[Laboratoria](#)
[.net](#)
[Innowacje](#)
[Nauka](#)
[Technologie](#)

[Logowanie](#) [Rejestracja](#) [pl](#)

Newsletter

[zapisz się](#)



[Strona główna](#) > [Start](#)

Wybrane metody analizy nieznanymi mutacji w DNA- metody badania mutacji powodujących nowotwory złośliwe dziedziczone w sposób rodzinny cz. I



Jednym z największych wyzwań współczesnej medycyny są choroby nowotworowe, które według przeprowadzonych badań bezpośrednio lub pośrednio dotyczą aż 1/3 populacji ludzkiej.

Według przeprowadzonych badań statystycznych, 90% chorób nowotworowych występuje sporadycznie, zaś w 5%-10% przypadków obserwuje się tendencję do występowania tzw. dziedziczenia rodzinnego [6], [1], [2].

Słowa kluczowe: nowotwory złośliwe, dziedziczenie rodzinne, mutacje DNA, delecje, insercje, izolacja DNA do celów genetycznych, PCR, techniki przesiewowe: SSCP, heterodupleksy, DHPLC, sekwencjonowanie, gen APC, rodzinna polipowatość jelita grubego- FAP, żel poliakrylamidowy, elektroforeza żelowa, denaturacja.

Nowotwory złośliwe stanowią trzecią w kolejności przyczynę zgonów. Dzięki aktualnym badaniom możliwe jest wyodrębnienie grupy nowotworów złośliwych, które dziedziczone są rodzinie. Stanowią one średnio od 10 do 20% diagnozowanych przypadków, uwzględniając predyspozycje wielogenowe i genetyczno-środowiskowe odsetek ten wzrasta do około 30% diagnozowanych przypadków. Dzięki bardzo zaawansowanym badaniom przeprowadzonym w ostatnich latach zidentyfikowano wiele genów, których mutacje odpowiedzialne są za dziedziczną predyspozycję do nowotworów złośliwych. Ponadto, dzięki temu możliwa stała się identyfikacja osób posiadających zmutowane geny z wykorzystaniem analiz molekularnych [7]. [1], [2].

Jako pierwszy w 1866 roku Broca opisał przypadek rodzinie występującego raka piersi i wątroby, z kolei w 1900 r. Haaland przedstawił teorię dziedziczenia chorób nowotworowych, która opierała się na założeniu, że niektóre nowotwory dziedziczą się zgodnie z zasadami Mendla. Z aktualnych badań już wiemy, że nowotwory mogą być dziedziczone w rodzinach w sposób autosomalny (dominujący lub recesywny)- w takich przypadkach mówimy o nowotworach dziedzicznych. Obecnie wiadomo, że u podstaw procesu nowotworzenia leżą zmiany w informacji genetycznej, kiedy to ten wieloetapowy proces rozpoczyna się od zmiany genetycznej w pojedynczej komórce i postępuje, prowadząc do rozwoju (czasami przez wiele lat) guza nowotworowego. Taki guz może naciskać na sąsiadujące tkanki, a w efekcie dawać przerzuty do innych narządów.

Dostęp do całego artykułu: [Wybrane metody analizy nieznanymi mutacji w DNA- metody badania mutacji powodujących nowotwory złośliwe dziedziczone w sposób rodzinny cz. I](#)

<http://laboratoria.net/home/14944.html>

Informacje dnia: [Zdrowych i Pogodnych Świąt Bożego Narodzenia Zapraszamy na wyjątkową edycję Targów PCI Days 2025! Zawał już dawno przestał być chorobą mężczyzn Świąteczna apteczka Radioaktywny pluton się nie ukryje Złoty Medal Chemii przyznany po raz 14 Zdrowych i Pogodnych Świąt Bożego Narodzenia Zapraszamy na wyjątkową edycję Targów PCI Days 2025! Zawał już dawno przestał być chorobą mężczyzn Świąteczna apteczka Radioaktywny pluton się nie ukryje Złoty Medal Chemii przyznany po raz 14 Zdrowych i Pogodnych Świąt Bożego Narodzenia Zapraszamy na wyjątkową edycję Targów PCI Days 2025! Zawał już dawno przestał być chorobą mężczyzn Świąteczna apteczka Radioaktywny pluton się nie ukryje Złoty Medal Chemii przyznany po raz 14](#)

Partnerzy