

ვირთაგვების ღვიძლში მაღალცხიმოვანი დიეტითა და სტრუქტოზოტოცინის
ინექციით გამოწვეული პათოლოგიის პირობებში პჯრ რეალურ დროში (q-PCR)
მეთოდისთვის სტაბილური გენების შერჩევა შედარებითი ანალიზის გზით

აკაკი პეტრიაშვილი

ელ-ფოსტა: akaki.petriashvili@gmail.com

ბიოლოგიის დეპარტამენტი, ზუსტ და საბუნებისმეტყველო მეცნიერებათა ფაკულტეტი
ივანე ჯავახიშვილის სახელობის თბილისის სახელმწიფო უნივერსიტეტი
ილია ჭავჭავაძის გამზირი N1, 0179 თბილისი, საქართველო

მეტაბოლურ დისფუნქციასთან ასოცირებული ღვიძლის არაალკოჰოლური ცხიმოვანი დაავადება (MAFLD) მსოფლიოში ერთ-ერთ ყველაზე გავრცელებულ ქრონიკულ პათოლოგიას წარმოადგენს, რომელიც მჭიდრო კავშირშია სიმსუქნესა და ტიპი 2 შაქრიან დიაბეტთან. დაავადების მოლეკულური მექანიზმების შესწავლა და ახალი თერაპიული სამიზნეების ძიება თანამედროვე ბიომედიცინის პრიორიტეტული მიმართულებაა. ამ მიზნით, ერთ-ერთი ყველაზე ფართოდ გამოყენებული და სანდო მეთოდია პოლიმერაზული ჯაჭვური რეაქცია რეალურ დროში (RT-qPCR), რომელიც გენთა ექსპრესიის ზუსტ რაოდენობრივ და თვისობრივ შეფასების საშუალებას იძლევა. თუმცა, მიღებული მონაცემების სანდოობა კრიტიკულად დამოკიდებულია ნორმალიზაციის პროცესზე, რაც გულისხმობს ექსპერიმენტული მონაცემების შედარებას სტაბილური ექსპრესიის მქონე ეგრეთ წოდებულ “რეფერენს” / “საცნობარო” / “შინამეურნეობის” გენებთან (Housekeeping Genes).

MAFLD-ის ექსპერიმენტულ მოდელებში, განსაკუთრებით მაღალცხიმოვანი დიეტისა (HFD) და სტრუქტოზოტოცინის (STZ) კომბინირებული გამოყენებისას, ღვიძლის უჯრედებში ვითარდება მძიმე გლუკოლიპოტოქსიკური გარემო. კვლევები ცხადყოფს, რომ ასეთ პირობებში ტრადიციულად გამოყენებული “შინამეურნეობის გენები” (Housekeeping Genes) (მაგ. Gapdh, Actb), ხშირად არასტაბილურად ექსპრესირდებიან. არასტაბილური “რეფერენს“-გენის გამოყენებამ, კი შესაძლოა გამოიწვიოს კვლევის შედეგების არასწორი ინტერპრეტაცია და მცდარი დასკვნები.

კვლევის მიზანს წარმოადგენს თეთრი ვირთაგვების ღვიძლის ქსოვილში მაღალცხიმოვანი დიეტითა და სტრუქტოზოტოცინით გამოწვეული პათოლოგიის პირობებში RT-qPCR მეთოდისთვის სტაბილური “რეფერენს” გენების შერჩევა და შედარებითი ანალიზი. კვლევის ფარგლებში შეფასდა სხვადასხვა ფუნქციური კლასის 5 სამიზნე გენის (Ppia, Hprt1, Polr2a, Gapdh, 18S რ-რნმ) ექსპრესიის სტაბილურობა თანამედროვე ბიოინფორმატიკული ალგორითმების (GeNorm, NormFinder, BestKeeper, Delta-Ct) გამოყენებით.