

## Abstrakt

Epigenetické změny reprezentují chemické modifikace DNA molekuly a histonových proteinů, které mohou ovlivňovat genovou expresi. Mezi ně patří i DNA metylace představující známý mechanismus umlčení tumor supresorových a DNA reparačních genů při karcinogenezi. Byl proveden velký počet studií za účelem identifikace metylačních profilů těchto genů v různých lidských nádorech.

V naší studii, zahrnující 45 pacientů se sporadickým kolorektálním nádorem a 12 pacientů s nádorem hlavy a krku, jsme vyšetřili metylační profil promotorových oblastí osmi „mismatch“ reparačních genů (*MLH1*, *MSH2*, *MSH3*, *MLH3*, *PMS1*, *PMS2*, *MSH6* a *EXO1*). Methylace promotorů byla detekována v genech *MLH1* a *MLH3*. Výsledky obou skupin pacientů byly shodné.

Na závěr můžeme shrnout, že metylační profily promotorových oblastí genů *MLH1* a *MLH3* mohou být považovány za potenciální kandidáty epigenetických biomarkerů kolorektálního nádoru, případně i nádoru hlavy a krku. Domníváme se, že by měl být proveden další výzkum, který by potvrdil tuto představu.