

Abstrakt

Kardiovaskulární onemocnění jsou jednou z nejčastějších příčin úmrtí v české populaci. Až 80 % úmrtí je způsobeno infarktem myokardu, což je multigenně podmíněné onemocnění. V pořadí třetí nejčastější příčinou úmrtí v České republice je po nemocech srdce a nádorových onemocněních cévní mozková příhoda. Poznatky o genetické etiologii multifaktoriálně podmíněných nemocí se neustále rozšiřují. Naším cílem bylo pomocí celogenomového expresního čipu charakterizovat klinicky významné geny pro tato kardiovaskulární onemocnění. Na základě znalosti těchto genů, bude možné predikovat rizikovou skupinu pacientů, určit adekvátní postup léčby a přispět k navržení vhodné medikace.

V rámci této diplomové práce bylo analyzováno 174 vzorků plné krve. Z toho bylo 24 pacientů s cévní mozkovou příhodou, 92 pacientů infarktem myokardu a 56 kontrol. Vzorky jsme získávali z Městské nemocnice v Čáslavi. Vzorky z akutní fáze infarktu myokardu byly porovnávány s kontrolními náběry daných pacientů po šesti měsících od srdeční příhody. K této dvojici vzorků byly pomocí vybraných kritérií přiřazovány kontrolní osoby. Vzorky pacientů s cévní mozkovou příhodou byly porovnávány pouze s přiřazenými vzorky kontrolních osob.

Klinicky a statisticky významná diferenciální exprese genů byla stanovena s využitím Bioconductoru verze 2.3 s balíčkem limma v jazyce R verze 2.8.1. V rámci statistické analýzy byla identifikovaná skupina 5 genů, jejichž exprese se významně lišila u pacientů, kteří zemřeli do 6 měsíců po příhodě oproti pacientům, kteří nezemřeli.

Práce byla podporována Centrem biomedicínské informatiky projektem 1M06014 Ministerstva školství, mládeže a tělovýchovy ČR.

Klíčová slova: kardiovaskulární onemocnění, infarkt myokardu, cévní mozková příhoda, exprese genu, čipová analýza