

Abstrakt

DNA methylace je epigenetický mechanismus, který ovlivňuje úroveň exprese genů. Methylace je fyziologická u imprintovaných genů, kdy je žádané, aby se exprimoval gen pocházející pouze od určitého rodiče. Pokud dojde k poruše DNA methylace v těchto genech, mohou se rozvinout různá onemocnění.

Předmětem této práce bylo stanovení úrovně methylace genů *H19* a *KCNQ1OT1*, které se nachází na krátkém raménku 11 chromosomu v oblasti 15.5. Cílem této práce bylo vyšetřit methylační změny těchto genů u nefroblastomů, feochromocytomů a paragangliomů, zjistit jaké změny cílových genů se v oblasti vyskytují a rozdělit vyšetřené vzorky do skupin podle zjištěných změn.

Soubor nefroblastomů jsme rozdělily do celkem 3 skupin, dle methylačních změn genů a porovnali jsme je s podobnou studií Scott et al. 2012. Soubor feochromocytomů a paragangliomů jsme dle nalezených změn v methylaci genů rozdělily na celkem 4 skupiny. Nalezené změny jsme srovnaly s výzkumem Margetts et al. 2005.