

Информация о выполнении проекта по Соглашению с Минобрнауки России о предоставлении субсидии № 14.604.21.0101 от 05.08.2014

за 2-й этап

В ходе выполнения проекта по Соглашению о предоставлении субсидии от 05.08.2014 № 14.604.21.0101 с Минобрнауки России в рамках федеральной целевой программы «Исследования и разработки по приоритетным направлениям развития научно-технологического комплекса России на 2014-2020 годы» **на этапе № 2** в период с 01 января 2015г по 30 июня 2015г. выполнялись следующие работы:

С помощью усовершенствованной платформы BioUM выполнен компьютерный анализ ChIP-seq данных полногеномного сканирования соматических модификаций хроматина. В платформу были загружены 386 наборов ChIP-seq данных по соматическим модификациям хроматина под воздействием транскрипционных факторов при РПК. Был выявлен ряд биомаркеров, как то статистически значимые модификации хроматина (33 для I стадии рака, 14 для II стадии, 14 для III стадии и 57 для IV стадии) и статистически значимые модификации геномной ДНК (600 значимых модификаций геномной ДНК в 104 различных генах). Далее, на основании комплексного анализа, включающего выявление транскрипционных факторов, построения классификатора различных стадий РПК на основе метилирования CpG островков и выявления CpG проб, связанных с механизмами возникновения РПК, мы провели приоритизацию полученных потенциальных биомаркеров и выявили 4 наиболее перспективных участка метилирования. Полученные биомаркеры будут использованы для дальнейшей клинической валидации на образцах крови и кала.

Полученные результаты и созданная научная продукция имеет следующие основные характеристики:

- Всего выявлено 718 значимых модификаций хроматина и геномной ДНК и 104 часто модифицируемых гена, удовлетворяющих критерию $p\text{-value} < 0.05$.

- Принципиальным отличием дизайна настоящих исследований является выявление биомаркеров, связанных с сигнальными и регуляторными путями (пассвеями), задействованными в канцерогенезе, в то время как в большинстве современных работ применяется подход статистической корреляции без объяснения связи биомаркера с молекулярными механизмами заболевания.

Результаты 2-го этапа ПНИ соответствуют техническому заданию.

Работы ПНИ соответствуют лучшим аналогичным работам и превосходят в части дизайна исследования.

Комиссия Минобрнауки России признала обязательства по Соглашению на отчетном этапе исполненными надлежащим образом.