



## تشخیص زودرس سرطان پستان در زنان با استفاده از روشی مقرون به صرفه

یحیی کرد تمندانی<sup>1\*</sup>

### چکیده

سرطان پستان دومین نوع رایج سرطان در زنان در سراسر جهان محسوب می شود. تخمین زده می شود بیش از 508000 زن در سال 2011 در نتیجه سرطان سینه جان خود را از دست داده اند. میزان بقا و بهبودی بیماران سرطان پستان در کشورهای کمتر توسعه یافته به دلیل عدم وجود روش های تشخیص زودرس پایین می باشد. تشخیص زود هنگام موثرترین راه حل برای به حداقل رساندن خطر و پیشرفت تومور است. روش های مختلفی برای تشخیص زودرس سرطان پستان وجود دارد که شامل تست غربالگری و معاینه بالینی پستان توسط یک متخصص می باشد. به دلیل کمبود امکانات و هزینه های بالا بسیاری از زنان در کشورهای کمتر توسعه یافته ممکن است نتوانند از روشهای ذکر شده استفاده کنند. هدف از این تحقیق دستیابی به یک مدل پیش بینی مقرون به صرفه سرطان پستان در زنان بر اساس داده های آنترپومتریک و پارامترهایی است که به راحتی در یک آزمایش معمول خون جمع آوری می شود. برای هر یک از 166 نفری که داده های آنها در این تحقیق استفاده شده ویژگیهای بالینی مانند سن ، شاخص توده بدنی (BMI) ، سطح گلوکز ، سطح انسولین پلازما و غیره اندازه گیری و مشاهده شده است. الگوریتم های یادگیری متنوعی از جمله ماشین بردار پشتیبانی (SVM)، کی-نزدیکترین همسایه (K-NN) و غیره استفاده و با یکدیگر مقایسه شده اند. نتایج نشان می دهد که مدل های SVM و K-NN عملکرد خوبی دارند و امکان پیش بینی سرطان پستان در زنان را با دقت بیش از 78٪ ، حساسیت 79٪ و ارزش ویژه 79٪ فراهم می آورند.

واژگان کلیدی: سرطان پستان ، مدل پیش بینی ، داده های آنترپومتریک ، SVM ، K-NN

Email: [yahya.kord@cd.usb.ac.ir](mailto:yahya.kord@cd.usb.ac.ir)

<sup>1</sup> - استادیار، گروه علوم کامپیوتر، دانشگاه سیستان و بلوچستان

\* Corresponding author: Tel +9831136396.

E-mail address: [yahya.kord@es.usb.ac.ir](mailto:yahya.kord@es.usb.ac.ir)



## ارزیابی هتروزیس و توانایی ترکیب پذیری در لاین‌های خالص مختلف گوجه فرنگی برای تحمل شوری در مرحله دانهال

حامد کاوه<sup>۱\*</sup>، صفیه وطن‌دوست<sup>۲</sup>، حسین نعمتی<sup>۳</sup>، محمدفارس<sup>۴</sup>

### چکیده

امروزه تحقیقات زیادی در زمینه اصلاح گوجه فرنگی برای صفات مرتبط با عملکرد، مقاومت به شرایط نامساعد محیطی و آفات انجام می‌شود. در بررسی گوجه فرنگی از نظر ژنتیکی و اصلاح آن تلاش می‌گردد تا از لاین‌هایی با حداکثر اختلاف در خصوصیات مورفولوژیک و زراعی استفاده گردد تا نتایج بهتری حاصل گردد و حداکثر هتروزیس ممکن در هیبریدهای F1 بروز نماید. این تحقیق، با هدف بررسی قابلیت ترکیب‌پذیری و هتروزیس در هفت لاین گوجه‌فرنگی و هیبریدهای F1 آن‌ها و معرفی بهترین والدین برای کاربرد در برنامه‌های اصلاحی، با استفاده از تلاقی دای‌آلل برای صفات مرتبط با مقاومت به شوری در دوره دانهالی انجام گرفت. به همین منظور درصد جوانه زنی بذر، درصد و سرعت ظهور دانهال تحت تنش شوری، در یک طرح کاملاً تصادفی با چهار تکرار بررسی شد. نتایج نشان می‌دهد که اثرات متقابل (والد مادری) و ترکیب‌پذیری خصوصی برای همه صفات در احتمال 1٪ معنی دار بود. تجزیه و تحلیل رگرسیون Wr-Vr همچنین نشان داد که درصد جوانه زنی بذر و درصد و سرعت ظهور دانهال تحت تنش شوری با اثرات فوق غالبیت کنترل می‌شوند. بهترین لاین خالص مقاوم در برابر تنش شوری در دوره دانهالی R205 بود که بیشترین ترکیب‌پذیری عمومی را برای هر سه صفت مورد مطالعه دارد. ممکن است ترکیب این لاین خالص به عنوان یک لاین والدینی در برنامه‌های تولید مثل برای افزایش تحمل به شوری گوجه فرنگی در مرحله گیاهچه مفید باشد.

واژگان کلیدی: اثر سیتوپلاسمی، تلاقی متقابل، رشد دانهال، غالبیت، دای‌آلل کراس.

h.kaveh@torbath.ac.ir  
s.vatandoost@yahoo.com  
nemati@um.ac.ir  
farsi@um.ac.ir

<sup>۱</sup> - استادیار گروه تولیدات گیاهی، دانشگاه تربت‌حیدریه (نویسنده مسئول)  
<sup>۲</sup> - مدرس گروه تولیدات گیاهی، دانشگاه تربت‌حیدریه  
<sup>۳</sup> - دانشیار گروه باغبانی، دانشگاه فردوسی مشهد  
<sup>۴</sup> - استاد گروه بیوتکنولوژی کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد

\* Corresponding author: Tel 09153010900  
E-mail address: h.kaveh@torbath.ac.ir



## ایجاد توازن بیان ژنی بین *K-ras* و *cd82* مکانیسمی جدید در مهار سلولهای سرطانی معده (AGS) بوسیله نانواولتوروپین مغناطیسی

فرهاد برزگر<sup>۱</sup>، محمد ضعیفی زاده<sup>۲\*</sup>، رضا یاری<sup>۳</sup>، علی صالح زاده<sup>۴</sup>

### چکیده

سرطان معده چهارمین سرطان رایج جهان و دومین عامل مرگ و میر را به خود اختصاص می دهد. در دهه گذشته نانو ذرات عامل دار شده را برای کاهش عوارض جانبی و همچنین درمان سرطان استفاده نموده اند. با توجه به امکان انتقال هدفمند اولتوروپین به شکل نانوذرات مغناطیسی به سلولهای سرطانی بود هدف از مطالعه حاضر بررسی مکانیسم تاثیر آن در مهار رده سلولی سرطان معده AGS انجام شد. این پژوهش با 9 غلظت نانواولتوروپین مغناطیسی (0، 0/15، 0/45، ... 333/33 و 1000) میکروگرم در میلی لیتر) با سه تکرار در قالب طرح آماری کاملاً تصادفی (CRD) در شرایط invitro بر روی رده سلولی سرطان AGS اعمال و میزان زنده مانی به روش MTT و فلوسایتومتری ارزیابی گردید. به منظور بررسی مکانیسم مولکولی این تاثیر، میزان بیان نسبی ژنهای *K-ras* و *cd82* با استفاده از روش Real-time PCR مورد بررسی قرار گرفت. نتایج آماری برای مهار سلولهای سرطانی در غلظت های نانو اولوروپین مغناطیسی نشان داد میزان مهار سلولهای سرطانی AGS وابسته به غلظت و زمان اعمال تیمار بود. بیان نسبی انکوژن *K-ras* در غلظت بالاتر از 4/12 میکروگرم بر میلی لیتر کاهش بیان و در غلظتهای پایین تر از آن افزایش بیان نشان داشت ( $P_{value} < 0.01$ )، ژن *cd82* در غلظت پایین تر از  $LC_{50} = 23/6 \mu g/ml$  افزایش بیان و در غلظت بالاتر از آن بطور معنی دار کاهش بیان دارد. نتایج حاصل نشان داد که یکی از دلایل مولکولی مهار سلولهای AGS بوسیله نانواولتوروپین مغناطیسی، توازن ایجاد شده در بیان انکوژن *K-ras* و *cd82* از طریق یک پروتئینی بنام TP53 است. بنابراین نانواولتوروپین مغناطیسی در غلظت  $LC_{50}$  با ایجاد توازن بین ژنهای *K-ras* و *cd82* از طریق P53 در مهار سلولهای سرطانی معده نقش اصلی بازی می کند.

واژگان کلیدی: سرطان معده (AGS) - فلو سیتومتری - نانواولتوروپین مغناطیسی - *K-ras* - *cd82*.

dr.barzegar56@yahoo.com

Mzaefi@iauardebil.ac.ir.

rezayari@yahoo.com

Salehzadehmb@yahoo.com

<sup>۱</sup> - دانشجوی دکتری، گروه زیست شناسی، واحد رشت، دانشگاه آزاد اسلامی، رشت، ایران (نویسنده اول)

<sup>۲</sup> - استادیار، گروه زیست شناسی، واحد اردبیل، دانشگاه آزاد اسلامی، اردبیل، ایران (مسئول نویسنده)

<sup>۳</sup> - استادیار، گروه زیست شناسی، واحد بروجرد، دانشگاه آزاد اسلامی، بروجرد، ایران

<sup>۴</sup> - استادیار، گروه زیست شناسی، واحد رشت، دانشگاه آزاد اسلامی، رشت، ایران



## ارتباط بین هیپرمتیلاسیون پروموتور و پروفایل بیان ژن های $P15^{INK4b}$ و $P16^{INK4a}$ در پیشرفت بیماری pterygium

طاهره دیانت<sup>۱\*</sup>، محمدنعیم امینی فرد<sup>۲</sup>، محمد اریش<sup>۳</sup>، محمدحسین سنگتراش<sup>۴</sup>، رباب پوینده<sup>۵</sup>

### چکیده

علت دقیق pterygium بطور کامل مشخص نشده است. در حال حاضر نشان داده شده است که pterygium یک بیماری خوش خیم و مخرب است. هدف از این مطالعه بررسی ارتباط هیپرمتیلاسیون پروموتور ژن های  $P15^{INK4b}$  و  $P16^{INK4a}$  در پیشرفت pterygium می باشد. ما DNA را از 81 بافت pterygium اولیه و 75 بافت ملتحمه نرمال استخراج کردیم. از روش واکنش زنجیره ای پلیمرز ویژه متیلاسیون (MSP-PCR) برای آنالیز هیپرمتیلاسیون ژن های  $P15^{INK4b}$  و  $P16^{INK4a}$  استفاده شد. آنالیز سطح بیان این ژن ها نیز توسط mRNA مربوط به 23 نمونه بافت pterygium و 18 نمونه بافت ملتحمه نرمال با استفاده از Real-Time PCR انجام گردید. فراوانی متیلاسیون برای ژن  $P15^{INK4b}$  برابر با 97/5٪ در نمونه های pterygium و 72٪ در گروه کنترل بود. متیلاسیون ژن  $P16^{INK4a}$  در محل پروموتور به ترتیب 69/1٪ و 33/3٪ برای بافت pterygium و بافت ملتحمه نرمال بود. برای متیلاسیون ژن  $P15^{INK4b}$  و  $P16^{INK4a}$  بین موارد pterygium و کنترل رابطه آماری معنی داری مشاهده شد ( $P < 0.0001$ ). بیان نسبی ژن  $P16^{INK4a}$  در بافت Pterygium در مقایسه با بافت های ملتحمه کنترل سالم تفاوت معنی داری داشت ( $P < 0.0001$ ). اما، برای  $P15^{INK4b}$  بیان ژن معنی دار نبود. این داده ها نشان می دهند که کاهش بیان ژن  $P15^{INK4b}$  و به ویژه ژن  $P16^{INK4a}$  از طریق هیپرمتیلاسیون پروموتور این دو ژن کلیدی در چرخه سلولی، بین بیماران و گروه های کنترل، احتمالاً یک تغییر اپی ژنتیکی زودرس و متداول در Pterygium است. برای تجزیه و تحلیل اثرات تغییرات اپی ژنتیکی بر پیشرفت Pterygium در مراحل مختلف آن، تحقیقات بیشتری مورد نیاز می باشد.

واژگان کلیدی: Pterygium، هیپرمتیلاسیون، بیان ژن، ژن  $P16^{INK4a}$ ، ژن  $P15^{INK4b}$

dianat.tahere@gmail.com.

aminifard@zums.ac.ir

arish.mohammed@gmail.com

sangtarash@science.usb.ac.ir

rp.ba2om@gmail.com

<sup>1</sup> - گروه زیست شناسی، دانشگاه سیستان و بلوچستان (نویسنده مسئول)

<sup>2</sup> - گروه چشم پزشکی دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی زاهدان

<sup>3</sup> - گروه چشم پزشکی دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی زاهدان

<sup>4</sup> - گروه زیست شناسی، دانشگاه سیستان و بلوچستان

<sup>5</sup> - گروه زیست شناسی، دانشگاه سیستان و بلوچستان

\* Corresponding author: Tel: 0098-5412452335

E-mail address: dianat.tahere@gmail.com



## متیلاسیون پروموتور و وضعیت بیان ژن CTLA4 در بیماران مبتلا به لوپوس

شهین نصرت زهی<sup>۱</sup>، مهین نصرت زهی<sup>۲</sup>، سحر عتیقی<sup>۳</sup>، طاهره دیانت<sup>۴</sup>، خدیجه کردی تمندانی<sup>۵</sup>

### چکیده

لوپوس اریتماتوز سیستمیک (SLE) یک بیماری خود ایمنی است که هم علل ژنتیکی و هم تغییرات اپی ژنتیکی باعث ایجاد آن می‌شوند. آنتی بادی های خودی به طور مستقیم در تخریب برخی از اندام ها مانند کلیه ها، مفاصل، پوست، ریه ها، سیستم عصبی مرکزی و سیستم تشکیل خون (خونساز) نقش دارند. CTLA4 در مهار فعالیت سلولهای T و جلوگیری از اختلالات خود ایمنی مانند لوپوس نقش مهمی دارد. ما به آنالیز متیلاسیون پروموتور، پلی مورفیسم و وضعیت بیان ژن CTLA4 در بیماران مبتلا به لوپوس پرداختیم. DNA ژنومی از نمونه خون 50 فرد مبتلا به SLE و 50 فرد کنترل سالم جدا شد. آنالیز پلی مورفیسم ژن CTLA4 در ناحیه پلی مورفیک (CT)-318 و (AG)+49 با استفاده از Tetra-ARMS-PCR انجام شد. همچنین از روش واکنش زنجیره ای پلیمرز خاص متیلاسیون (MS-PCR) برای ارزیابی هیپرمتیلاسیون پروموتور ژن CTLA4 استفاده شد. مقاله حاضر همچنین تغییرات سطح mRNA ژن CTLA4 در نمونه خون 30 فرد بیمار و کنترل سالم، با استفاده از روش Real-Time PCR را بررسی کرده است. نتایج نشان داد که متیلاسیون پروموتور ژن CTLA4 در افراد مبتلا به SLE در مقایسه با افراد سالم دارای تفاوت معنی داری می‌باشد (OR=0.48; 95% CI=0.1959, 1.202; P-value=0.005). با این حال، بین افراد مبتلا به SLE در مقایسه با افراد سالم، سطح بیان ژن CTLA4 از نظر آماری تفاوت معنی داری نداشت. این مطالعه اپی ژنتیکی یک دید کلی از نقش متیلاسیون پروموتور ژن CTLA4 در پاتوژنز SLE، که باعث جلوگیری از بیان آن می‌شود، را به ما می‌دهد. همانطور که می‌دانیم CTLA4 نقش مهمی در تنظیم ایمنی دارد و پاسخ ایمنی را کم می‌کند. در آینده درک کاملی از مکانیسم های اپی ژنتیکی دخیل در SLE احتمالاً می‌تواند استراتژی و راهکارهای درمانی جدیدی را ایجاد کند.

واژگان کلیدی: لوپوس اریتماتوز سیستمیک، تغییرات اپی ژنتیکی، ژن CTLA4، متیلاسیون پروموتور، پلی مورفیسم، بیان ژن

nosratzehi@zaums.ac.ir

Mahnosratzehi@yahoo.com.

S.atighi2302@gmail.com.

dianat.tahere@gmail.com.

khadijehkordi72@gmail.com.

<sup>1</sup> - گروه پزشکی داخلی، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی زاهدان

<sup>2</sup> - گروه پزشکی داخلی، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی زاهدان

<sup>3</sup> - گروه زیست شناسی، دانشگاه سیستان و بلوچستان

<sup>4</sup> - گروه زیست شناسی، دانشگاه سیستان و بلوچستان (نویسنده مسئول)

<sup>۵</sup> - گروه پزشکی داخلی، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی زاهدان

\* Corresponding author: Tel 0098-5412452335

E-mail address: dianat.tahere@gmail.com



## بررسی هایپر متیلاسیون پروموتور، بیان و پلی مورفیسم ژن گیرنده اکسی توسین با ریسک ابتلا به کارسینوم

### سلول سنگفرشی دهان

بهناز حسن پور<sup>۱</sup>، محمد ایوب ریگی لادیز<sup>۲\*</sup>، طیبه با ران زهی<sup>۲</sup>، محمد جواد اشرف<sup>۴</sup>، درمحمد کردی-تمندانی<sup>۵</sup>

#### چکیده

تخمین زده می شود که حدود 90 درصد سرطان دهان از OSCC تشکیل شده است. بیماری اغلب مردان بزرگسال، به ویژه مصرف کننده گان الکل و تنباکو، را تحت تاثیر قرار می دهد. گیرنده اکسی توسین از گیرنده های G-پروتئینی با هفت دومین عبور کننده ار عرض غشاء می باشد. G-پروتئین های فسفاتیدیل اینوزیتول-کلسیم به عنوان پیام رسان ثانویه فعالیت خود را انجام می دهند. مطالعه حاضر جهت بررسی متیلاسیون، بیان و پلی مورفیسم ژن گیرنده اکسی توسین در هر دو گروه، بیماران مبتلا به OSCC و افراد سالم، انجام شد. **مواد و روش ها:** وضعیت متیلاسیون پروموتور ژن گیرنده اکسی توسین در 163 نمونه با استفاده از تکنیک Methylation Specific PCR (MSP) بررسی شد. علاوه بر این پروفایل بیانی mRNA گیرنده اکسی توسین در 23 فرد مبتلا به OSCC و 20 نمونه کنترل، با استفاده از ریل تایم PCR بررسی شد. در مطالعه حاضر ارتباط پلی مورفیسم های، با استفاده از تکنیک RFLP-PCR، با بیماری OSCC نیز مورد بررسی قرار گرفت. **نتایج:** متیلاسیون پروموتور ارتباط معنا داری بین نمونه های کنترل و گروه بیمار نشان داد. نتایج ما نشان داد که هیچ گونه ارتباط معنا داری بین وقوع این SNP ها و ریسک OSCC وجود ندارد. در رابطه با فراوانی الی، تفاوت آماری معنا داری برای ال A و G پلی مورفیسم های rs2254298 و rs53576 بین گروه های بیمار و سالم مشاهده نشد. بیان نسبی mRNA گیرنده اکسی توسین در گروه بیمار نسبت به گروه سالم معنا دار نبود (p= 0.4). **نتیجه گیری:** متیلاسیون ژن گیرنده اکسی توسین نقش مهمی در کارسینوم سلول سنگفرشی دهان دارد.

**واژگان کلیدی:** کارسینوم سلول سنگفرشی، ژن گیرنده اکسی توسین، بیان، PCR متیلاسون خاص، RFLP، rs 2254298، rs 53576

<sup>1</sup> Bz.hassanpour@gmail.com

Dr.rigi@gmail.com

kiana8588@gmail.com

M.javad.ashraf@gmail.com

dor\_kordi@science.usb.ac.ir

<sup>1</sup> - گروه زیست شناسی، دانشگاه سیستان و بلوچستان

<sup>2</sup> - دانشکده دندانپزشکی، دانشگاه علوم پزشکی زاهدان (نویسنده مسئول)

<sup>3</sup> - گروه زیست شناسی، دانشگاه سیستان و بلوچستان

<sup>4</sup> - گروه پاتولوژی، دانشگاه علوم پزشکی شیراز

<sup>5</sup> - گروه زیست شناسی، دانشگاه سیستان و بلوچستان (نویسنده مسئول)

\* Corresponding author: Tel.: 09157481534  
E-mail address: dor\_kordi@science.usb.ac.ir