

عنوان مقاله:

مقایسه میزان بیان miR-۱۲۶ در بافت سرطان سینه و بافت نرمال و ارتباط آن با سن افراد در جمعیت ایران

محل انتشار:

مجله دانشگاه علوم پزشکی شهرکرد، دوره 19، شماره 6 (سال: 1396)

تعداد صفحات اصل مقاله: 8

نویسندگان:

مأده رویگری - دانشگاه آزاد اسلامی، واحد شهرکرد

کامران قائدی - دانشگاه اصفهان، اصفهان، ایران

پریسا محمدی نژاد - دانشگاه آزاد اسلامی واحد شهرکرد

خلاصه مقاله:

زمینه و هدف: سرطان پستان، شایع ترین سرطان در میان زنان است. miRNA ها دسته ای از RNA های غیر کدکننده هستند که نقش مهمی در کنترل بیان ژن در سطح پس از رونویسی ایفا می کنند. miR-۱۲۶ یک miRNA اینترونی است که در ژن EGFLY قرار دارد. miR-۱۲۶ در سرطان سینه به عنوان سرکوب کننده ی تومور بوده و میزان بیان آن کاهش می یابد. هدف این مطالعه بررسی میزان بیان miR-۱۲۶ در بافت توموری و نرمال سرطان سینه و ارتباط آن با سن افراد در جمعیت ایران می باشد. روش بررسی: بررسی وضعیت بیان miR-۱۲۶ در بافت های نرمال و سرطانی پستان توسط روش Real Time RT-PCR سنجیده و سپس ارتباط بیان این miRNA با سن افراد محاسبه می شود. ژن U6 به عنوان ژن کنترل انتخاب گردید. جهت آنالیزهای آماری از روش t مستقل و ANOVA استفاده شد. یافته ها: نتایج نشان می دهد که بیان miR-۱۲۶ به هنگام توموری شدن کاهش یافته و میانگین میزان بیان این miRNA در گروه های نرمال با گروه های بدخیم و خوش خیم متفاوت است ($P < 0.05$)؛ همچنین مقایسه بین بیان miR-۱۲۶ با سن افراد مشخص شد که میان سن بیماران و بیان miR-۱۲۶ ارتباط وجود دارد و سن افرادی که بیان miR-۱۲۶ پایینی دارند کمتر از سن افرادی است که بیان miR-۱۲۶ بالایی دارند. نتیجه گیری: نتایج این مطالعه نشان دهنده این می باشد که بیان miR-۱۲۶ در حالت توموری کاهش می یابد. علاوه بر این، بین میزان بیان miR-۱۲۶ با سن بیماران، ارتباط معنی داری مشاهده شد.

کلمات کلیدی:

Breast cancer, Gene expression, miR-۱۲۶, Real Time RT-PCR
سرطان پستان, بیان ژن, miR-۱۲۶, Real Time RT-PCR

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1223851>

