

## عنوان مقاله:

شناسایی نواحی ویرایش RNA در بیماران مبتلا به سرطان معده با استفاده از داده های توالی یابی RNA

## محل انتشار:

چهارمین کنفرانس زیست شناسی سامانه های ایران (سال: 1400)

تعداد صفحات اصل مقاله: 3

## نویسندگان:

جواد بهروزی - گروه فناوری های نوین و ژنتیک، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی ارتش، تهران، ایران. گروه ژنتیک پزشکی، دانشکده پزشکی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

شیرین شهبازی - گروه ژنتیک پزشکی، دانشکده پزشکی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

محمد رضا بختیاری زاده - گروه علوم دام و طیور، پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران، تهران، ایران

مهرداد نصرالله زاده ثابت - گروه فناوری های نوین و ژنتیک، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی ارتش، تهران، ایران

حبیب اله محمودزاده - گروه جراحی سرطان، انستیتو کانسر، مجتمع بیمارستانی امام خمینی، دانشگاه علوم پزشکی تهران، تهران، ایران

## خلاصه مقاله:

ویرایش RNA به مفهوم تغییر در توالی RNA پس از رونویسی می باشد، که توسط اعضای خانواده ADAR انجام می شود. این تغییر توالی در اغلب موارد به صورت تبدیل نوکلئوتید A به I از طریق دامینه شدن آدنوزین به اینوزین بر روی RNA دو رشته ای است. (Bass, 2002) نقش این پدیده در ایجاد و پیشرفت سرطان در چند سال اخیر مورد توجه قرار گرفته است. ویرایش RNA از طریق چندین مکانیسم می تواند در سرطان نقش داشته باشد. این فرآیند با تغییر کد ژنتیکی می تواند در ژن های سرکوبگر تومور و یا انکوژن ها اتفاق افتاده و باعث ایجاد جهش در سطح RNA گردد. همچنین افزایش یا کاهش ویرایش RNA در میکرو RNA ها و یا محل های اتصال آن ها، می تواند منجر به کاهش یا افزایش بیان انکوژن ها و ژن های سرکوبگر تومور شود. (Baysal et al., 2017) شناسایی جایگاه های ویرایش RNA می تواند از طریق مقایسه مستقیم توالی cDNA و DNA ژنومی مربوط به آن انجام شود. چندین مطالعه بر پایه استفاده هم زمان از داده های توالی یابی RNA و DNA جهت شناسایی جایگاه های ویرایش انجام شده است، اما این روش ها نیازمند صرف زمان و هزینه زیادی می باشد. (Hwang et al., 2016) روش دیگر برای شناسایی کل جایگاه های ویرایش (ادیتوم)، استفاده از توالی یابی RNA به صورت تنها می باشد. چندین چالش در رابطه با استفاده از داده های توالی یابی RNA جهت آنالیز ادیتوم وجود دارد که شامل؛ تمایز جایگاه های ویرایش واقعی از SNP ها، جهش های سوماتیکی، خطاهای سیستماتیک توالی یابی و خطاهای نقشه یابی می شوند. (Ramaswami et al., 2013) هدف از انجام مطالعه حاضر استفاده از داده های توالی یابی RNA جهت شناسایی نواحی ویرایش شده ژنوم در بیماران مبتلا به سرطان معده می باشد.

## کلمات کلیدی:

بیوانفورماتیک، داده کاوی، ویرایش RNA، توالی یابی RNA، سرطان معده

## لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1290902>



