

عنوان مقاله:

بررسی پروفایل بیانی miRNAهای اگزوزومی در سلول های سرطانی سرویکس (HeLa) در مقایسه با سلول های سالم و بررسی ژن های کلیدی وابسته به آنها

محل انتشار:

مجله زنان، مامایی و نازایی ایران، دوره 26، شماره 8 (سال: 1402)

تعداد صفحات اصل مقاله: 14

نویسندگان:

مرضیه نادری بلداجی - کارشناس ارشد سلولی و مولکولی، گروه ژنتیک، دانشکده علوم پایه، دانشگاه شهرکرد، شهرکرد، ایران.

کامبیز احمدی - استادیار گروه علوم کامپیوتر، دانشکده علوم ریاضی، دانشگاه شهرکرد، شهرکرد، ایران.

سمیه رئیسی - دانشیار گروه ژنتیک، دانشکده علوم پایه، دانشگاه شهرکرد، شهرکرد، ایران.

خلاصه مقاله:

مقدمه: سرطان سرویکس، چهارمین سرطان شایع در میان زنان در سرتاسر جهان و یک بیماری هتروژن می باشد. miRNAهای اگزوزومی می توانند به عنوان بیومارکرهای تشخیصی و یا اهداف درمانی در سرطان سرویکس در نظر گرفته شوند. مطالعه حاضر با هدف استفاده از آنالیزهای بیوانفورماتیکی برای شناسایی miRNAها، ژن ها و مسیرهای مربوط به آنها در اگزوزوم های مشتق شده از سلول سرطانی سرویکس انجام شد. روش کار: در این مطالعه، بیان miRNAها و mRNAهای اگزوزومی در سلول های هلا و سالم با آنالیز داده های به دست آمده از پایگاه GEO برای miR-seq و RNA-seq در نرم افزار R (نسخه ۴.۲.۱) بررسی شد. پس از آن ژن های مشترک میان هدف - های miRNA و mRNA با بیان کاهشی یا افزایشی، از اگزوزوم ها انتخاب شدند و سپس آنالیزهای GO و مسیرهای KEGG انجام شد. در پایان، ژن های مشترک برای ایجاد شبکه میانکنش پروتئین-پروتئین و انتخاب ژن های کلیدی مورد استفاده قرار گرفتند. یافته ها: در مطالعه حاضر، ۳۱ miRNA با افزایش بیان و ۱۶ miRNA با کاهش بیان در اگزوزوم ها مشاهده شد. همچنین ۳۴۱ ژن مشترک از هدف- های miRNA و RNA-seq برای آنالیزهای بعدی انتخاب شدند. آنالیز GO نشان داد که ژن های مشترک به طور معناداری در انتقال لوسین، فعالیت فسفاتازی MAP کیناز و انتقال گلوتامین نقش دارند. آنالیز KEGG نیز پیش بینی کرد که ژن ها در پیری سلولی، مسیر پیام رسانی p53 و سیکل سلولی به صورت معناداری نقش دارند. ۱۰ ژن کلیدی شامل CCNB1، BUB1، KIF20A، MKI67، FOXM1، BIRC5، NCAPH، ZWINT، GINS2 و ASF1B از شبکه میانکنش پروتئین-پروتئین شناسایی شدند. نتیجه گیری: نتایج شامل شناسایی miRNAهای با تغییر بیان و مشخص کردن ژن های کلیدی در اگزوزوم های مشتق شده از سلول های سرطانی سرویکس بود. این مطالعه می تواند دیدگاه جدیدی را برای تعیین مکانیسم های بالقوه همراه با اگزوزوم های مشتق شده از سلول های سرطانی در پیشرفت سرطان سرویکس ارائه کند.

کلمات کلیدی:

اگزوزوم، بیومارکر، سرطان سرویکس، مسیرهای پیام رسانی، miRNA، mRNA

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1846939>



