

عنوان مقاله:

نرخ بالای جهش A15326G در ژن کمپلکس III (سیتوکروم b) میتوکندریایی بیماران ایرانی مبتلا به سرطان سینه

محل انتشار:

دوازدهمین کنگره ژنتیک ایران (سال: 1391)

تعداد صفحات اصل مقاله: 6

نویسندگان:

محمد عرب زاده - دانشگاه آزاد اسلامی واحد اهر- دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک

سارا اسلامی زاده - دانشگاه آزاد اسلامی واحد اهر

مسعود غفاریور - پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و بیوتکنولوژی تهران

ودیعہ قدسی نژاد کلهرودی - پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و بیوتکنولوژی تهران

خلاصه مقاله:

میتوکندری نقش اصلی در مسیر مرگ برنامه ریزی شده سلول بازی می کند و این عمل در اثر تغییر در ساختار و عملکردش صورت می پذیرد. افزایش در پتانسیل غشایی میتوکندری یک واقعه ی عمومی برای شروع یک آپیتز است. اکنون جهش های بیشماری در DNA میتوکندریایی تیپ های وناگونی از تومورها از جمله تومور سینه پیدا شده اند. در کمپلکس III میتوکندریایی که یک ناقل الکترون است و از 14747-15887 DAN میتوکندریایی را کد می کند، جهش های زیاد و متنوعی در تومورهای سرطان سینه شاهد هستیم. پیدا کردن ارتباط بین این جهش ها و الگی سرطان سینه می تواند تشخیص ویژه، پیش آگهی و پیش بینی سرعت رشد سرطان را تسهیل کند و از این رو می توان به عنوان یک بیو-مارکر از آنها استفاده کرد. ما در این تحقیق با روش PCR-sequencing سیتوکروم b میتوکندریایی 30 بیمار و 100 نمونه کنترل را آنالیز کردیم. هدف ما از این مطالعه به طور خلاصه بدست آوردن اطلاعاتی از ارتباط بین جهش های ژنوم میتوکندریایی و سرطان سینه است. پلیمورفیسم های پیدا شده در سیتوکروم b زیادند که می توان مهمترین آنها که شیوع بالایی داشتند، G15110A, C14766T, T15115C, A15158G, A15283G, T15793C, G15768A, G15617A, T15514C را نام برد. همچنین پلیمورفیسم A15326G در تغییر اسید آمینه T194A در بخش بزرگی از بیماران (>95%) مشاهده شد. پس ما فکر می کنیم که این پلی مورفیسم می تواند به عنوان یک بیومارکر برای تشخیص استفاده شود اما در این رابطه به تحقیقات بیشتری نیاز است.

کلمات کلیدی:

سرطان سینه، کمپلکس III (سیتوکروم b) میتوکندریایی، پلیمورفیسم

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/227164>

