

## عنوان مقاله:

مطالعه اپی ژنتیک سرطان ریه

## محل انتشار:

مجله بیولوژی کاربردی، دوره 8، شماره 31 (سال: 1397)

تعداد صفحات اصل مقاله: 14

## نویسندگان:

شهلا محمدگنجی - پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری، پژوهشکده بیوتکنولوژی پزشکی، تهران، ایران

ماسیمو نگرینی - گروه پاتولوژی و انکولوژی، دانشگاه فرارا، فرارا، ایتالیا

محمدتقی خطیبی - مرکز تحقیقات ژنتیک، دانشگاه بقیه الله عج، تهران، ایران

محمود تولایی - مرکز تحقیقات ژنتیک، دانشگاه بقیه الله عج، تهران، ایران

## خلاصه مقاله:

مرگ و میر ناشی از سرطان ریه می تواند به طور قابل توجهی با تشخیص زودهنگام بیماری کاهش یابد. با این حال، فقط حدود 15٪ از تومورهای ریه که اکثراً در مرحله پیشرفته قرار دارند، در هنگام تشخیص تعیین مکان می شوند. بقای پنج ساله برای بیماران مبتلا به مراحل ابتدایی سرطان ریه به طور چشمگیری بیش از 70٪ مشاهده شده است اما برای بیماران در مراحل پیشرفته کمتر از 10٪ است. روش تومورگرافی محاسبه شده ماریچی (CT) برای تشخیص زود هنگام سرطان ریه استفاده می شود که دارای مثبت کاذب بالایی است و برای افزایش اختصاصیت نیاز به توسعه نشانگرهای دیگری است. بررسی هایپیرمتیلاسیون پرموتر در سرطان زایی ریه می تواند، یک رویداد اولیه باشد و نیز در تشخیص زود هنگام بیماری مفید باشد. به عنوان مثال، بررسی متیلاسیون نابجای DNA در نمونه های خلط، bronchoalveolar aspirate/lavage و بزاق بیماران مبتلا به سرطان ریه، می تواند به شناسایی بیماری و یا توسعه بیماری کمک کند. علاوه بر آن، متیلاسیون هیستونی نابجا نیز یکی در مبتلایان به NSCLC مشاهده شده است. در این مقاله مروری، معرفی و بحث در مورد عوامل اپی ژنتیک و نقش آن ها در پیشرفت و توسعه سرطان ریه است. که می تواند راهگشایی برای تشخیص های آینده باشد.

## کلمات کلیدی:

اپی ژنتیک، سرطان ریه، NSCLC

## لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/944840>

