

## مطالعه همبستگی پلی مورفیسم rs11614913 ژن miRNA-196a2 با خطر ابتلا به سرطان سلول‌های غیر کوچک ریه در جمعیت جنوب ایران

پروین پیشوا<sup>۱</sup>، محمد طهماسب<sup>۱\*</sup>، عباس قادری<sup>۲</sup>

دریافت: ۱۳۹۴/۰۶/۱۱ / پذیرش: ۱۳۹۴/۱۲/۱۸

<sup>۱</sup> گروه سلولی و مولکولی، دانشکده علوم زیستی، دانشگاه خوارزمی، تهران

<sup>۲</sup> گروه ایمونولوژی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی فارس، شیراز

\*مسئول مکاتبات: tahmaseb@khu.ac.ir

**چکیده.** سرطان ریه پنجمین سرطان شایع در ایران، با نرخ شیوع ۴/۷-۹/۲ در هر ۱۰۰ هزار نفر است. با وجود شیوع کم، بقا آن نیز محدود است. استفاده از نشانگرهای بیولوژیکی می‌تواند با تشخیص زودهنگام سرطان میزان بقا بیماران را افزایش دهد. در این مطالعه، امکان استفاده از چندشکلی تک‌نوکلئوتیدی (SNP) با شناسه rs11614913 در miRNA-196a2 به عنوان نشانگر زیستی در تشخیص زودهنگام سرطان ریه سلول‌های غیر کوچک (NSCLC) بررسی شد. برای این منظور ۹۵ فرد مبتلا به NSCLC و ۱۰۰ فرد سالم در جمعیت جنوب ایران بررسی شدند. DNA استخراج شده از خون محیطی یا پرایمرهای اختصاصی، تکثیر و مورد هضم آنزیمی TaaI قرار گرفت. در صورت حضور باز T در جایگاه پلی مورفیسم، دو باند به اندازه‌های ۱۸۷bp و ۱۹۶bp و در صورت حضور باز C تنها یک باند ۳۸۳bp مشاهده شد. با بررسی الگوی الکتروفورزی هضم آنزیمی، فراوانی ال C در این جایگاه در گروه بیماران ۰/۶۹۵ و در گروه کنترل ۰/۷۶ برآورد شد. با استفاده از فراوانی اللی، فراوانی ژنوتیپی در هر دو گروه بیمار و سالم محاسبه شد. تجزیه و تحلیل آماری وجود تعادل هاردی-واینبرگ را در دو الل این ژن در جمعیت تحت مطالعه تأیید می‌کند. براساس نتایج به دست آمده، ارتباط معنی‌داری بین rs11614913 SNP و استعداد ابتلا به NSCLC در کل جمعیت وجود ندارد، اما بررسی جمعیت تحت مطالعه بر حسب جنسیت نشان داد افراد مذکر با ژنوتیپ CC در مقایسه با CT+TT، دارای استعداد بیشتری برای ابتلا به سرطان NSCLC هستند.

**واژه‌های کلیدی.** میکروRNA، سرطان سلول‌های غیر کوچک ریه، پلی مورفیسم تک‌نوکلئوتیدی

## Association between gene polymorphism rs11614913 in microRNA196a2, with Non-small cell lung cancer risk in the population of southern Iran

Parvin Pishva<sup>1</sup>, Mohammad Tahmaseb<sup>1\*</sup>, Abbas Ghaderi<sup>2</sup>

Received: 01/09/2015 / Accepted: 08/03/2016

<sup>1</sup>Department of Cell and Molecular Biology, Faculty of Biological Sciences, Kharazmi University, Iran

<sup>2</sup>Institute for Cancer Research, Shiraz University of Medical Sciences, Shiraz, Iran

\*Corresponding author: tahmaseb@khu.ac.ir

**Abstract.** Lung cancer is the fifth most common cancer in Iran, with rates of 4.7 to 9.2 per 100 thousand populations. Despite the low incidence, survival is not promising. Using biological markers could lead to longer survival rate in patients due to early diagnosis. In this study, we evaluated the association of SNP rs11614913 in mir-196a2 with risk of non-small cell lung cancer (NSCLC) in population of southern Iran. SNP rs11614913 in miR-196a2 was assayed in 95 lung cancer patients and 100 controls. The extracted DNA from peripheral blood was amplified using specific primers followed by TaaI digestion. Based on the nucleotide base in this SNP (T or C) two different patterns were produced. In case of T, two bands (187bp and 196bp) and in case of C just one band (383bp) was generated. Analysis of electrophoretic pattern of digestion products revealed that the frequencies of C allele for SNP rs11614913 miR-196a2 were 0.695 in patients and 0.76 in controls. The statistical analysis indicates the presence of Hardy-Weinberg equilibrium between the two alleles in the population studied ( $p>0.05$ ). Based on the results in this study, no significant association between SNP rs11614913 and susceptibility to NSCLC was found. However, male participants who possess TC/TT genotypes showed high risk for NSCLC compared to those possessed CC genotypes.

**Keywords.** micro RNA, non-small cell lung cancer, SNP

## مقدمه

سرطان ریه یکی از سرطان‌های شایع در سطح جهان است و همچنین اصلی‌ترین عامل مرگ‌ومیر ناشی از سرطان در دنیا شمرده می‌شود. براساس بررسی‌های انجام‌شده، بیش از ۱/۴ میلیون مرگ در هر سال با این سرطان مرتبط است (Wood et al., 2015). مطالعات نشان می‌دهد سرطان ریه پنجمین سرطان شایع در ایران، با شیوع ۴/۷-۹/۲ در هر ۱۰۰ هزار نفر از جمعیت است (Hosseini et al., 2014). فراوانی سرطان ریه در ایران کمتر از اروپا و ایالت متحده امریکا است. در کشور ما، سرطان ریه در رتبه ۷ یا ۸ در مردان و در زنان فراتر از رتبه دهم قرار دارد درحالی‌که در مقیاس جهانی، این سرطان در مردان و زنان به ترتیب در رتبه یکم و چهارم قرار دارد. بیماران مبتلا به سرطان ریه در ایران بقای کمی دارند که اصلی‌ترین علت آن تشخیص دیرهنگام آن است (Hajmanoochehri et al., 2014). کشف نشانگرهای زیستی و کاربرد آنها درباب تشخیص سرطان، مراحل و پیش‌آگهی آن می‌تواند به افزایش سرعت تشخیص زودهنگام و بهبود کیفیت در درمان بیمار منجر شود (Hu et al., 2008).

سرطان سلول غیرکوچک ریه (Lung Cell Non-Small Cancer, NSCLC) مانند هر سرطان دیگر به‌واسطه عملکرد معیوب و غیرمعمول برخی ژن‌ها (عمدتاً پروتوانکوژن‌ها و ژن‌های سرکوب‌کننده تومور) ایجاد می‌شود. عملکرد غیرمعمول این ژن‌ها می‌تواند به‌علت وقوع جهش در آنها رخ دهد، اما یک احتمال دیگر، تأثیر عوامل دیگر بر آنها و تخریب فعالیت طبیعی آنها است. مولکول‌های miRNA یکی از این عوامل هستند که می‌توانند با برهم‌کنش با miRNA ژن‌های پروتوانکوژن یا سرکوب‌کننده تومور فعالیت‌های آنان را تغییر دهند و بدین‌وسیله در ایجاد سرطان نقش ایفا کنند. مولکول‌های miRNA خود باید دچار تغییر شود تا موجب تغییر در عملکرد بیان پروتوانکوژن‌ها یا ژن‌های سرکوب‌کننده تومور شوند.

یکی از عواملی که می‌تواند بر عملکرد miRNA تأثیر بگذارد، پلی مورفیسم تک‌نوکلئوتیدی (single nucleotide polymorphism, SNP) است. تحقیقات بسیاری برای فهم تأثیر SNP بر عملکرد miRNA (از جمله تأثیر آن بر استعداد به ابتلا به سرطان و دیگر بیماری‌ها) انجام شده است.

شناسایی SNPها و تعیین همبستگی آنها با بیماری‌هایی نظیر سرطان می‌تواند خطر ابتلا افراد به بیماری‌های مختلف در یک جمعیت را مشخص کند.

RNA miRNA کوچک غیرکدکننده به طول حدود ۲۰-۱۸ نوکلئوتید است که فرآیند بیان ژن را از طریق اتصال به ۳'UTR (به طور عمده)، ۵'UTR یا در برخی موارد به ناحیه کدکننده mRNA هدف، تنظیم می‌کند و سبب جلوگیری از ترجمه یا کاهش آن می‌شوند (Filipowicz et al., 2008). علاوه بر این می‌توانند در ژن‌هایی که واسطه تنظیم ژن‌های miRNA هستند، مؤثر باشند. miRNA در فرایندهای بیولوژیک متنوع از جمله فرآیند پردازش (Lee et al., 1993)، سوخت‌وساز بدن (Bartel, 2004)، تکثیر (Ambros, 2005) و آپوپتوز (Ambros, 2004) دخالت دارد. به دلیل کشف بیان غیرطبیعی miRNA در سرطان‌ها، مطالعات بسیاری در زمینه نقش miRNA در رشد تومورها و سرطان‌زایی به‌واسطه فعال-کردن انکوژن‌ها و تخریب ژن‌های سرکوب‌گر تومور انجام شده است (Lujambio et al., 2012).

ژن miRNA-196a2 (که آن را mir-196a2 نیز می‌نامند) طولی برابر با ۱۱۰bp دارد و بر روی کروموزوم ۱۲ (12q12.13) در ناحیه مجموعه ژنی HOXC (بین دو ژن HoxC10 و HoxC-S2) قرار دارد (Chen et al., 2011). نوعی SNP با مشخصه rs11614913 در جایگاه ۷۸ این ژن کشف شده است که در آن به‌طور معمول باز C قرار دارد، ولی در برخی افراد باز T جایگزین آن شده است. اخیراً مطالعات فراوانی در باب همراهی این SNP با انواع سرطان‌ها انجام شده است. برای مثال، مشخص شده است ژنوتیپ CC (نسبت به دو ژنوتیپ TT و TC) با افزایش خطر ابتلا به سرطان‌های حنجره (Christensen et al., 2010) و کلورکتال (Min et al., 2011) همراه است. در ایران نیز بررسی احتمال همراهی این SNP با برخی سرطان‌ها از جمله سرطان کلورکتال از مدتی پیش آغاز شده است. به‌علت اهمیت سرطان ریه، هدف این تحقیق بررسی احتمالی همراهی این SNP با خطر ابتلا به سرطان ریه در جامعه ایرانی است.

## مواد و روش‌ها

## جمع آوری نمونه

درجه سانتی گراد، اتصال پرایمر به DNA به مدت ۴۰ ثانیه در دمای ۶۳/۸ درجه سانتی گراد و طولی شدن به مدت ۴۵ ثانیه در دمای ۷۲ درجه سانتی گراد انجام شد.

در آخرین مرحله، طولی شدن نهایی به مدت ۵ دقیقه در دمای ۷۲ درجه سانتی گراد انجام شد. برای اطمینان از حضور و کیفیت باند تکثیرشده محصول نهایی بر ژل آگارز ۲ درصد الکتروفورز شد و سپس با Green Viewer رنگ آمیزی شد.

## تعیین ژنوتیپ mir-196a2

برای تعیین ژنوتیپ‌های حاصل از پلی مورفیسم rs11614913 از روش RFLP استفاده شد. محصول PCR تحت اثر آنزیم محدودکننده TaaI (شرکت فرمنتاز) قرار گرفت. برای واکنش هضم آنزیمی، محلولی حاوی ۱۰ میکرولیتر محصول PCR همراه با ۲ ماکرولیتر بافر تانگو 10X، ۲ واحد آنزیم TaaI و ۶ میکرو لیتر از ddH<sub>2</sub>O تهیه و در دمای ۶۵ درجه سانتی گراد به مدت ۲ ساعت انکوبه شد. محصول هضم شده برای تعیین ژنوتیپ بر ژل آگارز ۲ درصد الکتروفورز شد.

## نتایج

### توزیع نمونه‌ها

در این مطالعه ۹۵ بیمار مبتلا به سرطان سلول‌های غیرکوچک ریه (NSCLC) (۷۷ مرد و ۱۸ زن) با میانگین سنی ۱۲/۱۳ ± ۶۳/۹۵ و ۱۰۰ نفر شاهد نرمال (۸۰ مرد و ۲۰ زن) با میانگین سنی ۱۲/۱۵ ± ۵۹/۷۷ سال بررسی شدند (جدول ۱).

### تخلیص DNA و تکثیر ژن miR-196a2

مقدار جذب DNA تخلیص شده در دو طول موج ۲۸۰ و ۲۶۰ نانومتر اندازه‌گیری شد. نسبت A260/A280 برای اکثر نمونه‌ها ما بین ۱/۶۲ و ۲/۲ قرار داشت و الکتروفورز نمونه‌ها که صورت گرفت، نیز مؤید حفظ تمامیت DNA ژنوم بود. محصول PCR نیز با اندازه به دست آمده از مطالعات بیوانفورماتیکی (۳۸۳bp) مطابقت داشت (شکل ۲a).

در این مطالعه موردی- شاهدی ۹۵ بیمار مبتلا (۱۸ زن و ۷۷ مرد) به سرطان ریه از بیماران مراجعه کننده به بخش برونکوسکوپی درمانگاه فوق تخصصی شهیدفقیهی شیراز و ۱۰۰ نمونه کنترل (۲۰ زن و ۸۰ مرد) از افراد مراجعه کننده به بخش برونکوسکوپی درمانگاه فوق تخصصی شهیدفقیهی شیراز بدون هرگونه سابقه ابتلا به سرطان در خود فرد و بستگان درجه اول او از مراجعان سازمان انتقال خون شیراز و با اخذ رضایت نامه کتبی آگاهانه تحت بررسی قرار گرفتند. هر دو گروه از نظر سنی، جنسی و جغرافیایی در دامنه تقریباً یکسانی قرار داشتند.

## استخراج DNA ژنومی

در این مطالعه استخراج DNA به روش خارج سازی نمکی (Miller *et al.*, 1988) با استفاده از آنزیم لیزکننده پروتئیناز K انجام شد. کیفیت DNA استخراج شده به وسیله الکتروفورز و کمیت آن به روش نورسنجی تحت بررسی قرار گرفت.

## تکثیر ژن mir-196a

ژن mir-196a2 از روی مطالعات قبلی و با استفاده از پرایمرهای اختصاصی (Mirtalebi *et al.*, 2014) با توالی F: GTCTACTCTCTAGTCCTTAGG و R: 5': TTGAGAGGACGGCATAAAGC تکثیر شد. واکنش PCR در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر با استفاده از ۱۲/۵ میکرولیتر Master Mix شرکت Amplicon و یک میکرومولار از هر دو پرایمر و صد نانوگرم DNA استخراج شده ژنومی انجام شد. پرایمرها به گونه‌ای طراحی شده‌اند که پرایمر F به ۱۲۰ باز در بالادست و پرایمر R به ۱۵۰ باز در پایین دست ژن متصل می‌شود و بدین ترتیب یک محصول PCR، یک قطعه ۳۸۳ جفت بازی خواهد شد. در این صورت، موقعیت SNP در جایگاه ۱۹۸ از انتهای پرایمر F قرار خواهد گرفت (شکل ۱).

واکنش زنجیره‌ای پلیمرز با پروفایل دمایی به ترتیب زیر انجام شد: واسرشت اولیه به مدت ۵ دقیقه در دمای ۹۴ درجه سانتی-گراد، سپس ۳۵ چرخه واسرشتی به مدت ۴۵ ثانیه در دمای ۹۴

OLIGO	start	len	tm	gc%	seq
LEFT PRIMER	1	21	53.11	47.62	GTCTACTCTCTAGTCCTTAGG
RIGHT PRIMER	383	20	57.98	50.00	TTGAGAGGACGGCATAAAGC

PRODUCT SIZE: 383

```

1  GTCTACTCTCTAGTCCTTAGGGAGGTTGTGGGGGCGGAAAGGGGGACGGGGCTGAATTTTC
   >>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>>
61  TTCCTTCCCCAACCCCTTCCCTTCTCCTCCAGATAGATGCAAAGCTGAATCTCCCGCCC

121  TGCTCGCTCAGCTGATCTGTGGCTTAGGTAGTTTCATGTTGTTGGGATTGAGTTTTGAAC
181  TCGGCAACAAGAAACT^GTCTGAGTTACATCAGTCGGTTTTTCGTCGAGGGCCCCAACCCAC
241  CTCTCCCCTACTCCCTACCCTCCCCAGTGGGACTGCCCCACTGCCCCCTCCAGATAGGGCAA
301  AGTGGGTGCAGACCAAGGAGGACAAGCTGTGAGTGGGGTTGCAGAACAAGTCTGGAGAAC
361  CCTGCTTTATGCCGTCCTCTCAA
   <<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<

```

شکل ۱- موقعیت پرایمرهای F و R بر ژن has-miR-196a2 (gene ID: 406973) برای بررسی SNP rs11614913. زیر بازهای ژن miR196a2 (به طول 110bp) خط کشیده شده است. پرایمرها به گونه‌ای طراحی شده‌اند که ۱۲۰bp بالا دست و ۱۵۰bp پایین دست ژن (مجموعاً ۳۸۳bp) را نیز تکثیر می‌کنند. باز پلی مورف (باز T) در موقعیت ۱۹۸ از ابتدای محصول PCR به صورت پرننگ نشان داده شده است. توالی شناسایی آنزیم TaaI ( $CAN^{^}GT$ ) با یک خط پرننگ زیر آن مشخص شده است. در صورت حضور باز T در این جایگاه، هضم محصول PCR با آنزیم TaaI سبب تولید دو قطعه ۱۹۶bp و ۱۸۷bp می‌شود در صورتی که حضور ال C در این جایگاه، برشی ایجاد نخواهد شد و قطعه ۳۸۳bp باقی خواهد ماند.

Fig. 1. The position of F and R primers on miR196a2. The sequences of the gene (110bp long) is underlined. The primers were designed for 120bp upstream and 150bp downstream of the gene. Therefore the PCR product is 383bp long. The polymorphic base (T, which is bold in the figure) is on the position of 198 from 5' end of PCR product. The restriction site for TaaI ( $CAN^{^}GT$ ) is underlined (with thick line). In case of presence of T base, the digestion of PCR products are 196 and 187 base pairs. Otherwise, there was no digestion and the fragment of 383bp remains.

معنی داری بود (  $p=0.02$ , OR, 1.78; 95% CI, 1.08 to ) (جدول ۲).

بررسی الگوی الکتروفورزی هضم آنزیمی نمونه‌های PCR شده در افراد بیمار برای ژنوتیپ‌های TT, CT و CC به ترتیب فراوانی ۷/۴ درصد، ۴۶/۳ درصد و ۴۶/۳ درصد برآورد شد. فراوانی ژنوتیپ‌های سه گانه فوق در افراد شاهد به ترتیب برابر با ۶ درصد، ۳۶ درصد و ۵۸ درصد بود.

## فراوانی ژنوتیپی و اللی

با توجه به نتایج آماری به دست آمده هیچ‌یک از سه ژنوتیپ TT, TC و CC در هیچ‌یک از الگوهای سه گانه (هم‌بارزی، غالبیت و مغلوبیت) تأثیری بر خطر سرطان NSCLC نداشت (جدول ۲). در ضمن اگر چه فراوانی آلی این SNP در افراد دو نمونه بیمار و شاهد تفاوتی با یکدیگر نداشت، در گروه مردان فراوانی اللی در دو نمونه بیمار و شاهد دارای تفاوت

فراوانی‌های مشاهده‌شده برای دو آلل این SNP وجود تعادل هاردی-واینبرگ را در دو گروه بیمار و شاهد نشان داد ( $p > 0.05$ ).

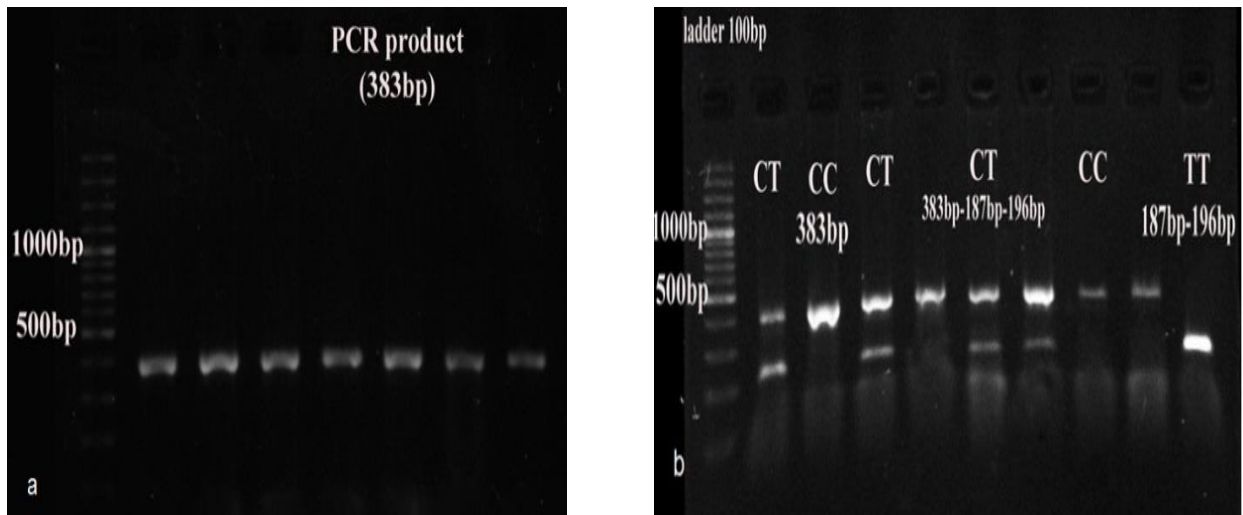
با توجه به فراوانی‌های ژنوتیپی فوق، فراوانی دو آلل T و C در نمونه بیمار به ترتیب برابر با ۰/۳۰۵ و ۰/۶۹۵ و در نمونه‌های شاهد به ترتیب برابر با ۰/۲۴ و ۰/۷۶ برآورد شد (جدول ۲).

جدول ۱- توزیع برخی از متغیرها بین دو گروه مبتلایان به سرطان NSCLC و افراد کنترل.

Table 1. Distribution of selected variables between non-small cell lung cancer patient and control subjects.

Variables	n(%)	
	Patients n=95	Control n=100
Age(y)(mean±SD)	63.95±12.13	59.7±12.15
Age(y)		
≥60	60(63)	57(57)
<60	35(37)	43(43)
Gender		
Male	77(81)	80(80)
Female	18(19)	20(20)

SD: standard deviation. *p*-value was revealed by two-sides Chi-square test



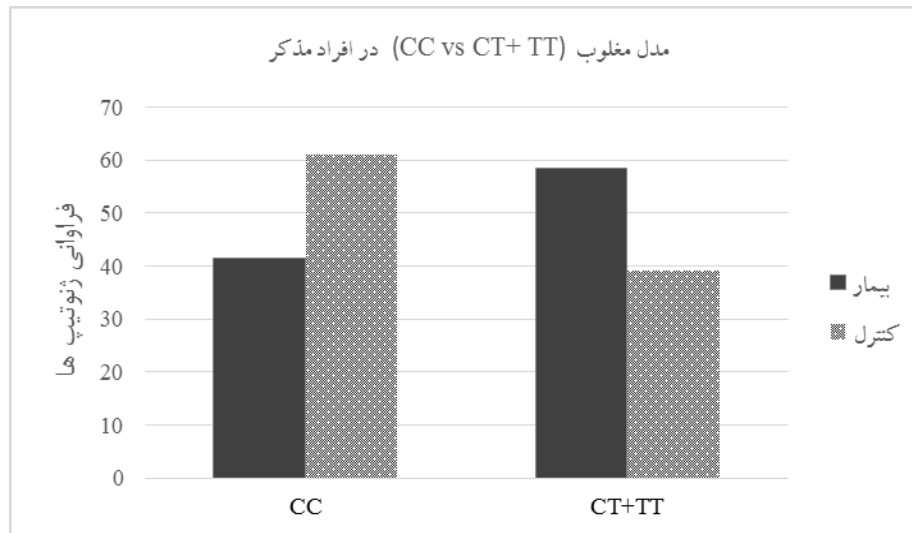
شکل ۲- بررسی محصول PCR و محصول هضم شده بر ژل آگاروز (a) الکتروفورز محصول PCR: اندازه قطعه تکثیرشده برابر با ۳۸۳ جفت باز است. (b) الکتروفورز محصول هضم شده با آنزیم TaaI. آنزیم سبب شکست محصول PCR به دو قطعه ۱۹۶bp و ۱۸۷bp می‌شود. افراد با ژنوتیپ‌های هموزیگوت CC و TT و هتروزیگوت CT در عکس مشخص شده‌اند.

Fig. 2. Examine of the PCR products and the digestion products on the agarose gel. a) PCR products electrophoresis: the products are 383 base pare long. b) Digestion products electrophoresis: digestion of PCR products with TaaI could produce 196bp and 187bp fragment (in TT individuals), 383bp, 196bp, 187bp (in CT individuals) and 387bp (in CC individuals).

جدول ۲- فراوانی اللی و ژنوتیپی ژن miR196-a2 بین بیماران مبتلا به سرطان NSCLC و افراد کنترل و همراهی آن با خطر ابتلا به سرطان NSCLC. مواردی که از نظری آماری معنی دار هستند به صورت پررنگ (Bold) نوشته شده‌اند.

**Table 2.** miR-196a allelic and genotype frequencies between non-small cell lung cancer patient and control subjects and their association with non-small cell lung cancer risks.

Variables	n (%)			OR(95%CI)	P-value
	Genotypes	Patient(n=95)	Control(n=100)		
<b>Total</b>					
	T allele	58(30.5)	48(24)	1	
	C allele	132(69.5)	152(76)	1.40(0.89-2.18)	0.18
	TT	7(7.4)	6(6)	1	0.26
	TC	44(46.3)	36(36)	0.95(0.29-3.09)	
	CC	44(46.3)	58(58)	1.54(0.48-4.90)	
	TTvsTC/CC	88(92.6)	94(94)	1.31(0.77-2.21)	0.92
	CCvsTC/TT	51(53.7)	42(42)	0.62(0.35-1.10)	0.14
<b>Age(y)</b>					
>60	T allele	33(28.9)	26(23)	1	
	C allele	81(71.1)	76(67)	1.19(0.65-2.17)	0.68
	TT	4(7)	5(9.8)	1	0.40
	TC	25(43.9)	16(31.4)	0.51(0.12-2.20)	
	CC	28(49.1)	30(58.8)	0.86(0.21-3.52)	
	TTvsTC/CC	53(93)	46(90)	0.69(0.17-2.74)	0.86
	CCvsTC/TT	29(50.9)	21(41)	0.67(0.31-1.45)	0.41
<60	T allele	25(32.9)	22(22.5)	1	
	C allele	51(67.1)	76(77.5)	1.69(0.86-3.32)	0.17
	TT	3(7.9)	1(2)	1	0.22
	TC	19(50)	20(41)	3.16(0.3-33.0)	
	CC	16(42.1)	28(57)	5.25(0.5-54.78)	
	TTvsTC/CC	35(92.1)	48(98)	4.11(0.41-41.2)	0.44
	CCvsTC/TT	22(57.9)	21(43)	0.54(0.23-1.28)	0.24
<b>Sex</b>					
Male	T allele	52(33.8)	35(23)	1	
	C allele	102(66.2)	119(77)	1.73(1.05-2.87)	<b>0.04</b>
	TT	7(9.1)	5(6.5)	1	<b>0.05</b>
	TC	38(49.4)	25(32.5)	0.92(0.26-3.23)	
	CC	32(41.5)	47(61)	2.06(0.6-7.05)	
	TTvsTC/CC	70(90.9)	72(93.5)	1.44(0.44-4.75)	0.76
	CCvsTC/TT	45(58.4)	30(39)	0.45(0.24-0.86)	<b>0.02</b>
Female	T allele	6(16.7)	13(36)	1	
	C allele	30(83.3)	23(64)	0.35(0.12-1.07)	0.11
	TT	0	1(4)	1	0.38
	TC	6(33.3)	11(48)	0.6(0.02-16.68)	
	CC	12(66.7)	11(48)	0.31(0.01-8.31)	
	TTvsTC/CC	18(100)	22(96)	0.41(0.02-10.55)	0.89
	CCvsTC/TT	6(33.3)	12(52)	2.1(0.61-7.82)	0.37



شکل ۳- نمودار فراوانی مدل مغلوب (CC vs CT+TT) در افراد مذکر دو گروه بیمار و شاهد. بررسی آماری نشان‌دهنده اختلاف معنی‌دار بین مردان بیمار و شاهد در توزیع ژنوتیپ‌های CC و (CT+TT) است (p=0.01).

Fig. 3. Comparison of the recessive model (CC vs CT+TT) among male subjects in patients and controls. Statistic analysis showed that there was significant difference in CC and CT+TT genotype distribution in males in two groups (p=0.2)

ممکن است همچون انکوژن یا ژن‌های سرکوبگر تومور عمل کنند (Lin *et al.*, 2010). یکی از عواملی که می‌تواند بر عملکرد miRNA تأثیر بگذارد پلی‌مورفیسم تک‌نوکلئوتیدی (polymorphism, SNP single nucleotide) است. تحقیقات بسیاری برای فهم نقش SNP در پیش‌ساز miRNA و تأثیر آن بر بیان یا عملکرد آن (از جمله تأثیر آن بر استعداد ابتلا به سرطان و دیگر بیماری‌ها) انجام شده است. شناسایی SNP و تعیین همبستگی آنها با بیماری‌هایی نظیر سرطان می‌تواند درک بهتری از میزان خطر افراد در یک جمعیت را به محققان به دست می‌دهد. بسیاری از مطالعات نشان داده است که has-mir-13 rs11614913, 196a2 به‌طور درخور توجهی با استعداد ابتلا به بیماری‌های مختلف از جمله سرطان ریه (Tian *et al.*, 2009)، سرطان سینه (Hu *et al.*, 2009)، سرطان کبد (Qi *et al.*, 2010)، سرطان کیسه صفرا (Srivastava *et al.*, 2010)، پروستات (George *et al.*, 2011)، و سرطان مری (Wang *et al.*, 2010) در ارتباط است. برای مثال، ضمن مطالعه‌ای که در جمعیت چین انجام شده است، مشخص شد که ژنوتیپ CC در مدل مغلوبیت (CC vs CT/TT) سبب کاهش خطر ابتلا به سرطان می‌شود (p=0.038, OR, 1.25; 95% CI, 1.01 to 1.54) (Peng *et al.*, 2010). همچنین مشاهدات هانگ و

بررسی آماری رگرسیون لجستیک درباره داده‌های تفکیک‌شده برحسب سن و جنس نشان داد که مردان در مدل مغلوبیت که در آن ژنوتیپ CC نسبت به ژنوتیپ‌های CT و TT (CC vs TT) سنجیده می‌شوند، دارای کاهش خطر ابتلا به سرطان بودند (p=0.01, OR, 0.42; 95% CI, 0.22 to 0.81) (جدول ۲ و شکل ۳).

## بحث

در سال‌های اخیر، سرطان به‌عنوان سومین عامل مرگ‌ومیر در ایران پس از بیماری‌های قلبی و عروقی و تصادف شناخته شده است. سرطان ریه یکی از پنج تومور پیشرونده در ایران است و به‌طور پیوسته میزان آن در مردان و زنان، مشابه جنوب و شرق اروپا در حال افزایش است (Hosseini *et al.*, 2014). miRNA، RNAهای کوچک غیرکدکننده درون‌ژنی، ریونوکلئیک اسید تک‌رشته (RNAs) هستند که بیان ژن را تنظیم می‌کنند و در بسیاری از مسیرهای مهم از جمله مسیرهای رشد و نمو و نیز سرطانی شدن دخیل هستند. آنها ویژه‌بافتی (Tissue-specific) هستند و مشخص شده است که بیان آنها در سرطانها دچار بی‌نظمی می‌شود (Lin *et al.*, 2011). شواهد نشان می‌دهد در سرطان‌های انسانی از جمله سرطان سلول‌های غیرکوچک ریه، بیان برخی miRNA دچار تغییر می‌شود و

برای سرطان ریه در نظر گرفته شود (Hu *et al.*, 2008)؛ البته در برخی جمعیت‌ها چنین ارتباطی یافت نشده است. برای مثال وینسی و همکارانش موفق به پیدا کردن ارتباط معناداری بین ژنوتیپ‌های rs11614913 و خطر ابتلا به سرطان ریه نشدند (Vinci *et al.*, 2011). برای استفاده از SNP به‌منزله یک بیومارکر در پیش‌آگهی سرطان، SNP تحت مطالعه باید همبستگی قابل ملاحظه‌ای با سرطان وجود داشته باشد. هر چه میزان همبستگی بالاتر باشد، تأثیر SNP در ایجاد سرطان افزایش می‌یابد. به‌همین علت است که مطالعه همبستگی SNP با سرطان-ها امروزه از اهمیت زیادی برخوردار است.

### سپاسگزاری

این مطالعه با حمایت مرکز تحقیقات سرطان دانشگاه علوم پزشکی شیراز و دانشکده علوم زیستی دانشگاه خوارزمی صورت گرفته است. از کمک‌های صمیمانه آقای مهیار ملک-زاده از همکاران مرکز تحقیقات سرطان شیراز در تأمین نمونه‌های این پروژه تشکر می‌گردد

همکارانش نشان داد که ژنوتیپ CT/CC در معرض خطر بیشتری برای ابتلا به سرطان سلول‌های غیرکوچک ریه در مقایسه با TT (TC/CC vs TT) هستند ( $p < 0.05$ , OR, 1.42; 95% CI, 1.03 to 1.94). گروه‌بندی نمونه‌ها براساس جنس، سن، وضعیت مصرف سیگار و سابقه خانوادگی نیز چنین ارتباطی را نشان داد (Hong *et al.*, 2011). در این تحقیق، نتایج آماری مبین آن بود که صرفاً در گروه مردان برخی اختلافات معنی‌دار قابل مشاهده است. برای مثال، فراوانی آللی C و T در دو گروه مردان بیمار و شاهد دارای اختلاف معنی‌دار بود ( $p < 0.05$ , OR, 1.78; 95% CI, 1.08 to 2.93). با این-حال، SNP به دست آمده در برخی جوامع ارتباط معنی‌داری با برخی سرطان‌ها نشان نداده است (Eslami Samarini *et al.*, 2015). همچنین مدل هم‌بارزی و مغلوبیت نیز دارای تفاوت در خوروتوجهی بود (جدول ۳). به‌نظر می‌رسد مردانی که دارای ژنوتیپ TC یا TT هستند استعداد بیشتری برای ابتلا به سرطان در مقایسه با افراد با ژنوتیپ CC دارند ( $p < 0.05$ , OR, 1.42; 95% CI, 1.03 to 1.94). هو و همکارانش پیشنهاد کردند که پلی مورفیسم rs11614913 می‌تواند به عنوان نشانگر تشخیصی

### References

- Ambros, V. 2003. MicroRNA pathways in flies and worms: growth, death, fat, stress, and timing. – *Cell* 113(2): 673-676.
- Ambros, V. 2004. The functions of animal microRNAs. – *Nature* 16(431): 350-355.
- Bartel, D.P. 2004. MicroRNAs: genomics, biogenesis, mechanism, and function. – *Cell* 116(2): 281-297.
- Chen, C., Zhang, Y., Zhang, L., Weakley, S.M. and Yao, Q. 2011. MicroRNA-196: critical roles and clinical applications in development and cancer. – *J. Cell. Mol. Med.* 15(1): 14-23.
- Christensen, B.C., Avissar-Whiting, M., Ouellet, L.G., Butler R.A., Nelson, H.H., McClean, M.D., Marsit, C.J. and Kelsey, K.T. 2010. Mature microRNA sequence polymorphism in MIR196A2 is associated with risk and prognosis of head and neck cancer. – *Clin. Cancer Res.* 16(14): 3713-3720.
- Eslami Samarini, Z., Tahmaseb, M. and Ghaderi, A. 2015. Evaluation of single nucleotide polymorphism rs11614913 in mir196a2 with breast cancer susceptibility in Southern Iranian population. – *Nova Biol. Rep.* 2(3): 227-234.
- Filipowicz, W., Bhattacharyya, S.N. and Sonenberg, N. 2008. Mechanisms of post-transcriptional regulation by microRNAs: are the answers in sight? – *Nat. Rev. Genet.* 9(2): 102-114.
- George, G.P., Gangwar, R., Mandal, R.K., Sankhwar, S.N. and Mittal, R.D. 2011. Genetic variation in microRNA genes and prostate cancer risk in North Indian population. – *Mol. Biol. Rep.* 38: 1609-1615.
- Hajmanoochehri, F., Mohammadi, N., Zohal, M.A., Sodagar, A. and Ebtehaj, M. 2014. Epidemiological and clinicopathological characteristics of lung cancer in a teaching hospital in Iran. – *Asian. Pac. J. Cancer Prev.* 15(6): 2495-24500.
- Hong, Y.S., Kang, H.J., Kwak, J.Y., Park, B.L., You, C.H., Kim, Y.M. and Kim, H. 2011. Association between microRNA196a2 rs11614913 genotypes and the risk of non-small cell lung cancer



in Korean population. – J. Prev. Med. Public. Health 44(3): 125-130.

**Hosseini, M., Naghan, P.A., Jafari, A.M., Yousefifard, M., Taslimi, S., Khodadad, K., Mohammadi, F., Sadr, M., Rezaei, M., Mortaz, E. and Masjedi, M.R.** 2014. Nutrition and lung cancer: a case control study in Iran. – BMC. Cancer 14: 2-9.

**Hu, Z., Chen, J., Tian, T., Zhou, X., Gu, H., Xu, L., Zeng, Y., Miao, R., Jin, G., Ma, H., Chen, Y. and Shen, H.** 2008. Genetic variants of miRNA sequences and non-small cell lung cancer survival. – J. Clin. Invest. 118(7): 2600-2608.

**Hu, Z., Liang J., Wang, Z., Tian, T. and Zhou, X.** 2009. Common genetic variants in pre-microRNAs were associated with increased risk of breast cancer in Chinese women. – Hum. Mut. 30: 79-84.

**Lee, R.C., Feinbaum, R.L. and Ambros, V.** 1993. The *C. elegans* heterochronic gene *lin-4* encodes small RNAs with antisense complementarity to *lin-14*. – Cell 75(5): 843-854.

**Lin, P.Y. and Yang, P.C.** Circulating miRNA signature for early diagnosis of lung cancer. – EMBO. Mol. Med. 3(8): 436-437.

**Lujambio, A. and Lowe, S.W.** 2012. The microcosmos of cancer. – Nature 482:347-355.

**Miller, S.A., Dykes, D.D. and Polesky, H.F.** 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. – Nucleic Acid Res. 16(3): 1215-1216.

**Min, K.T., Kim, J.W., Jeon, Y.J., Jang, M.J., Chong, S.Y., Oh, D. and Kim, N.K.** 2012. Association of the miR-146aC>G, 149C>T, 196a2C>T, and 499A>G polymorphisms with colorectal cancer in the Korean population. – Mol. Carcinog. 51: 65-73.

**Mirtalebi, H., Heydari Nasrabadi, M. and Asadzadeh-Aghdaei, H.** 2014. Association of miR-196a2 (rs11614t913) polymorphism with colorectal

cancer in Tehran population. – Med. Sci. J. Islamic Azad Uni. 23: 11-15.

**Peng, S., Kuang, Z., Sheng, C., Zhang, Y. and Xu, H.** 2010. Association of microRNA-196a-2 gene polymorphism with gastric cancer risk in a Chinese population. – Dig. Dis. Sci. 55: 2288-2293.

**Lin, P.Y., Yu, S.L. and Yang, P.C.** 2010. MicroRNA in lung cancer. – British J. Cancer 103: 1144-1148.

**Qi, P., Dou, T.H., Geng, L., Zhou, F.G. and Gu, X.** 2010. Association of a variant in MIR 196A2 with susceptibility to hepatocellular carcinoma in male Chinese patients with chronic hepatitis B virus infection. – Hum. Immunol. 71: 621-626.

**Srivastava, K., Srivastava, A. and Mittal, B.** 2010. Common genetic variants in pre-microRNAs and risk of gallbladder cancer in North Indian population. – J. Hum. Genet. 55: 495-499.

**Tian, T., Shu, Y., Chen, J., Hu, Z. and Xu, L.** 2009. A functional genetic variant in microRNA-196a2 is associated with increased susceptibility of lung cancer in Chinese. – Cancer Epidemiol. Biomarkers Prev. 18: 1183-1187.

**Vinci, S., Gelmini, S., Pratesi, N., Conti, S., Malentacchi, F., Simi, L., Pazzagli, M., Orlando, C.** 2011. Genetic variants in miR-146a, miR-149, miR-196a2, miR-499 and their influence on relative expression in lung cancers. – Clin. Chem. Lab. Med. 49(12): 2073-2080.

**Wang, K., Guo, H., Hu, H., Xiong, G. and Guan, X.** 2010. A functional variation in pre-microRNA-196a is associated with susceptibility of esophageal squamous cell carcinoma risk in Chinese Han. – Biomarkers 15: 614-618.

**Wood, S.L., Pernemalm, M., Crosbie, P.A. and Whetton, A.D.** 2015. Molecular histology of lung cancer: from targets to treatments. – Cancer. Treat. Rev. 41(4): 361-75.

\*\*\*\*\*

**Pishva, P., Tahmaseb, M. and Ghaderi, A.** 2016. Association between gene polymorphism rs11614913 in microRNA196a2, with Non-small cell lung cancer risk in the population of southern Iran. – Nova Biol. Rep. 3: 15-23.

پیشوا، پ.، طهماسب، م. و قادری، ع. ۱۳۹۵. مطالعه همبستگی پلی مورفیسم ژن rs11614913 miRNA-196a2 با خطر ابتلا به سرطان سلول‌های غیرکوچک ریه در جمعیت جنوب ایران. – یافته‌های نوین در علوم زیستی ۳: ۱۵-۲۳.