Original Article

Association between miR Let-7g gene expression and the risk of cervical cancer in human papillomavirus-infected patients

Barazandeh F[1], Onsory Kh[1*], Mohseni-Meybodi A[2]

1- Department of Biology, Faculty of Science, Parand Branch, Islamic Azad University, Parand, I. R. Iran.
2- Department of Genetics, Reproductive Biomedicine Research Center, Royan Institute for Reproductive Biomedicine, ACECR, Tehran, I. R. Iran.

Received February 19, 2017; Accepted December 11, 2017

Abstract:

Background: The miR Let-7g expression has been investigated in several cancers but no report is available on cervical cancer patients. The aim of this study was to evaluate the association between miR Let-7g expression and the risk of cervical cancer in human papillomavirus (HPV)-infected patients.
Materials and Methods: In this case-control study, 20 paraffin-embedded tissue samples were collected from HPV-infected cervical cancer patients, 20 samples from patients with no infection and 20 healthy women referred to the Mirzakochak Khan Jangali Hospital in Tehran in 2015. Then, the miR Let-7g gene expression was measured by the real-time polymerase chain reaction method.
Results: The results showed that miR Let-7g expression was decreased in HPV-infected and non-infected cervical cancer patients compared to the control group (P=0.0001and P=0.03, respectively). There was a significant decrease in miR Let-7g expression in HPV-infected patients compared to non-infected ones (P=0.0001). Also, a positive correlation was observed between decreased miR Let-7g expression and the stage of the disease, but no significant correlation was found between age of the patients and the level of gene expression in the studied population.
Conclusion: According to the results of the present study, the miR Let-7g expression in cervical cancer patients is significantly decreased compared to the control group. Therefore, evaluation of the microRNA expression can be used as a valuable prognostic marker for early diagnosis of cervical cancer.

Keywords: Cervical cancer, Human papillomavirus, MicroRNA Let7g gene expression, Real-time PCR

* **Corresponding Author.**
Email: onsory@gmail.com
Tel: 0098 919 102 0890
Fax: 0098 218 336 7000

Conflict of Interests: ***No***

Feyz, Journal of Kashan University of Medical Sciences, February, 2018; Vol. 21, No 6, Pages 569-576

Please cite this article as: Barazandeh F, Onsory Kh, Mohseni-Meybodi A. Association between miR Let-7g gene expression and the risk of cervical cancer in human papillomavirus-infected patients. ***Feyz*** 2018; 21(6): 569-76.

[Downloaded from feyz.kaums.ac.ir on 2026-11-15]

ارتباط میان بیان ژن miR Let-7g و خطر ابتلا به سرطان دهانه رحم در بیماران آلوده به پاپیلوماویروس انسانی

فاطمه برازنده [۱]، خدیجه عنصری [۱*]، آناهیتا محسنی میبدی [۲]

خلاصه:

سابقه و هدف: اگرچه تغییر بیان miR Let-7g در بسیاری از انواع سرطان‌ها بررسی شده، اما تاکنون مطالعه‌ای روی تغییر بیان آن در سرطان دهانه رحم صورت نگرفته است. در این مطالعه ارتباط بیان ژن مذکور در زنان مبتلا به سرطان دهانه رحم آلوده به HPV (Human papillomavirus) بررسی شده است.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه مورد شاهدی ۲۰ نمونه بافت پارافینه از بیماران آلوده به HPV، ۲۰ نمونه از بیماران فاقد آلودگی و ۲۰ فرد سالم مراجعه‌کننده به بیمارستان میرزاکوچک خان جنگلی تهران طی سال ۱۳۹۴ بررسی گردید. بیان miR Let-7g توسط Real Time PCR نسبی سنجیده شد.

نتایج: بیان miR Let-7g در بافت‌های سرطانی آلوده به ویروس و بیماران فاقد آلودگی به‌ترتیب نسبت به گروه کنترل کاهش داشت (P=۰/۰۳ و P=۰/۰۰۰۱). ارتباط معنی‌داری بین کاهش بیان این ژن در گروه بیماران آلوده به HPV نسبت به بیماران غیرآلوده نیز مشاهده شد (P=۰/۰۰۰۱). همچنین، ارتباط مستقیمی میان کاهش بیان miR Let-7g با مرحله بیماری وجود داشت و ارتباطی بین بیان ژن مذکور و گروه‌های مختلف سنی مشاهده نگردید.

نتیجه‌گیری: میزان بیان miR Let-7g در نمونه‌های سرطانی نسبت به گروه کنترل به شدت کاهش می‌یابد. بنابراین، اندازه‌گیری بیان آن می‌تواند ارتباط مستقیمی با افزایش خطر ابتلا به سرطان دهانه رحم داشته باشد.

واژگان کلیدی: سرطان دهانه رحم، پاپیلوماویروس انسانی، بیان microRNA Let7g، Real Time PCR

دو ماه‌نامه علمی- پژوهشی فیض، دوره بیست و یکم، شماره ۶، بهمن و اسفند ۱۳۹۶، صفحات ۵۷۶-۵۶۹

مقدمه

سرطان دهانه رحم چهارمین سرطان شایع زنان در جهان می‌باشد و رتبه هفتم در کل سرطان‌های زنان را به‌خود اختصاص داده است. میزان کلی شیوع این سرطان در جهان در حال حاضر در رتبه هشتم می‌باشد [۱]. شیوع سرطان دهانه رحم در ایران در سال ۲۰۰۹، رتبه یازدهم در بین کل سرطان‌های زنان را داشته که نسبت به رتبه سیزدهم در سال ۲۰۰۸ افزایش نشان می‌دهد. علت ۹۰ تا ۹۵ درصد موارد سرطان دهانه رحم را به عفونت ویروس پاپیلومای انسانی (Human papillamavirus; HPV) نسبت می‌دهند [۳،۲]. انواع پرخطر این ویروس باعث ایجاد عفونت در ۸۰ درصد زنان در طول زندگی‌شان می‌گردد [۴].

[۱] گروه زیست شناسی، دانشکده علوم پایه، واحد پرند، دانشگاه آزاد اسلامی، پرند، ایران

[۲] گروه ژنتیک، مرکز تحقیقات پزشکی تولیدمثل، تحقیقات پزشکی تولیدمثل پژوهشگاه رویان، تهران، ایران

* نشانی نویسنده مسئول:
گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، واحد پرند، دانشگاه آزاد اسلامی، پرند، ایران

تلفن: ۰۹۱۹۱۰۲۰۸۹۰ دورنویس: ۰۲۱۸۳۳۶۷۰۰۰

پست الکترونیک: onsory@gmail.com

تاریخ دریافت: ۱۳۹۵/۱۲/۱ تاریخ پذیرش نهایی: ۱۳۹۶/۹/۲۰

این عفونت در اوایل سنین جوانی و بعد از شروع ارتباط جنسی ایجاد می‌گردد، ولی بروز آن به‌سرعت کاهش یافته و فقط در ۱۰ درصد زنان بالای سن ۳۰ سال باقی می‌ماند. سرطان دهانه رحم در درصد کمی از زنان (۱۲ درصد) که عفونت با انواع پرخطر HPV را دارند، رخ می‌دهد [۵]. microRNAs زیرگروه بزرگی از RNAs غیرکدکننده هستند که روی بیان ژن‌ها تاثیر گذاشته و تغییر در بیان آنها می‌تواند روی فرایندهای زیستی مهم از جمله تکثیر، تمایز و آپوپتوز تاثیرگذار باشد [۶]. خانواده Let-7 microRNA، گروهی از microRNAs هستند که هم به‌عنوان انکوژن و هم به‌عنوان مهار کننده تومور عمل می‌کنند. این خانواده در انسان دارای ۱۳ عضو بوده که شامل Let-7a-1, Let-7a-2, Let-7d, Let-7e, Let-7f-1, Let-7a-3, Let-7b, Let-7c, Let-7f-2, Let-7g, Let-7i, mir-202, mir-98 می‌باشد. در اغلب سرطان‌ها کاهش بیان Let-7 مشاهده می‌شود که نقش مهار-کنندگی توموری آن را می‌رساند. Let-7 در بسیاری از ژن‌ها در نقاط شکننده مرتبط با سرطان قرار دارد و گزارش Boyerinas و همکاران اولین ارتباط Let-7 با سرطان‌های انسانی را آشکار کرده است [۷]. بیان بالای پنج عدد از هفت miR Let-7 انسانی در سلول‌های A549 همزمان با کاهش سلول‌های تکثیر شونده بوده، درحالی‌که مهار همین پنج microRNA موجب افزایش

[Downloaded from feyz.kaums.ac.ir on 2026-11-15]

تعداد سلول‌های تکثیرشونده شده است [۸]. از طرف دیگر، Let-7 به شکل اختصاصی کاسپاز ۳ را هدف قرار داده و بدین ترتیب در تنظیم آپوپتوز نیز ایفای نقش می‌کند [۹]. miR Let-7 در تنظیم تکثیر سلولی و آپوپتوز سلول‌ها نقش اساسی بازی می‌کند [۱۰]. گزارشات متعددی حاکی از کاهش بیان miR Let-7 در اغلب سرطان‌ها از جمله ریه، روده بزرگ، معده و ملانوما می‌باشد که نشان‌دهنده نقش مهارکنندگی توموری آن است. در همین راستا نشان داده شده است که با تزریق Let-7a به موش‌های مبتلا به سرطان‌های سینه، کولون و کبد، روند رشد تومور کاهش می‌یابد [۱۱]. بااین‌حال، در برخی از سرطان‌ها نظیر لنفومای پیشرفته، افزایش بیان Let-7b رخ داده که بر نقش انکوژنی این خانواده در شرایط خاص دلالت دارد [۹]. بنابراین، هدف از این مطالعه بررسی بیان miR Let-7g در بیماران مبتلا به سرطان دهانه رحم آلوده به HPV در جمعیت مورد مطالعه می‌باشد.

مواد و روش‌ها

جمع‌آوری نمونه:

در این مطالعه مورد-شاهدی، مجموعاً ۱۷۶ نمونه بافت پارافینه بیماران مبتلا به سرطان دهانه رحم پس از بررسی توسط پاتولوژیست و بعد از تعیین درجه و مرحله بیماری جمع‌آوری گردید. افراد شرکت‌کننده از لحاظ سنی همسان شده و هر دو گروه در محدوده سنی ۲۱ تا ۴۶ سال قرار داشتند. پس از مطالعه دقیق پرونده بیماران مراجعه‌کننده به بیمارستان، پرونده‌هایی که نتایج آزمایش پاتولوژی آن‌ها CIII و IC گزارش شده بود، جهت ورود به مطالعه انتخاب شدند. لازم به ذکر است که در دیسپلازی شدید (CINIII) تمام ضخامت اپی‌تلیوم سرویکس را سلول‌های افتراق-نیافته تشکیل داده و در کارسینوم مهاجم (IC) سلول‌های سرطانی از لگن واقعی بیرون رفته و مخاط مثانه یا رکتوم را نیز درگیر کرده است [۱۲]. بنابراین، نمونه‌های سرطانی در مراحل اولیه بیماری و همچنین نمونه‌هایی که عامل ابتلا به بیماری آنها فاکتور HPV نبودند، از گروه اول مطالعه حذف شدند. تعداد فرزندان و همچنین وضعیت تاهل در افراد شرکت‌کننده در این مطالعه نیز مورد بررسی قرار گرفت. بدین‌ترتیب، ۲۰ نمونه سرطانی آلوده به HPV، ۲۰ نمونه مبتلا به سرطان دهانه رحم بدون ابتلا به این ویروس و ۲۰ نمونه پاپ اسمیر از زنان سالم مراجعه‌کننده به بیمارستان میرزاکوچک خان جنگلی تهران طی سال ۱۳۹۴ بعد از اخذ رضایت‌نامه کتبی آگاهانه با رعایت اصول اخلاق در پژوهش جمع‌آوری گردید. برای مقایسه توزیع سنی، تعداد فرزندان، وضعیت تاهل و مرحله بیماری در سه گروه مورد مطالعه از آزمون مجذور کای و برای مقایسه گروه‌ها از نظر بیان ژن از آزمون ANOVA استفاده شد.

استخراج DNA ویروسی:

با استفاده از کیت اختصاصی تشخیص ویروس HPV16 و HPV18 (DNA-Technology, Russia) از بافت گروه بیمار آلوده به HPV و گروه کنترل، استخراج DNA انجام شد. توسط دستگاه Flash PCR Detector وجود و یا عدم-وجود ویروس HPV16 و HPV18 بررسی و توسط نرم‌افزار Gene v4 آنالیز شد. سپس، میزان خلوص DNA جدا شده با اندازه‌گیری نسبت جذب نوری محلول با دستگاه اسپکتروفتومتر Deno vix با دقت ۱:۲۰ در طول موج ۲۶۰/۲۸۰ نانومتر تعیین گردید. نمونه‌هایی که دارای جذب نوری بین ۱/۷ تا ۱/۹ بودند، برای مطالعه و بررسی انتخاب شدند.

PCR:

DNA ژنومی استخراج شده هر دو گروه از نظر ابتلا به HPV16 و HPV18 با استفاده از کیت Technology-DNA PCR Amplification Kit (HPV 16 & 18 Iot: 8045) تکثیر شد. در هر آزمایش از نمونه‌های کنترل مثبت و منفی نیز استفاده شد. برنامه زمانی شامل ۵ دقیقه دناتوره شدن اولیه در ۹۴°C، ۴۵ چرخه ۳ مرحله‌ای (دناتوره شدن در ۹۴°C، واسرشت شدن در دمای ۶۴°C و گسترش یافتن در دمای ۷۲°C هریک به-مدت ۴۵ ثانیه) و دمای نهایی ۷۲ °C به‌مدت ۵ دقیقه صورت گرفت.

استخراج RNA و تهیه cDNA:

بعد از پارافین‌زدایی، استخراج RNA توسط ترایزول صورت گرفت. به‌منظور اطمینان از کیفیت RNA استخراج-شده جذب نمونه‌ها در طول موج‌های ۲۶۰ و ۲۸۰ نانومتر با استفاده از اسپکتروفتومتر خوانده شد. همچنین، کیفیت RNAها توسط دستگاه نانودراپ بررسی شد. سنتز cDNA با استفاده از آنزیم ترانس‌کریپتاز معکوس و با ترکیب شامل ۱ میکرولیتر Random Hegzamer ۱۰X، ۱ میکرولیتر پرایمر dT Oligi ۱۰X، ۱ میکرولیتر dNTP ۱۰ mM، ۵ میکرولیتر RNA، ۰/۵ میکرولیتر آنزیم MMuLV ۱۰X، ۲ میکرولیتر بافر MMuLV، ۹/۵ میکرولیتر DEPC به هر میکروتیوب صورت گرفت. کل واکنش در حجم ۲۰ میکرولیتر در دمای ۴۲ درجه سانتی‌گراد به‌مدت۶۰ دقیقه برای سنتز cDNA و سپس ۱۰ دقیقه

[Downloaded from feyz.kaums.ac.ir on 2026-11-15]

در دمای ۷۰ درجه سانتی‌گراد برای غیرفعال کردن آنزیم انجام شد. در انتهای این مرحله cDNA تک‌رشته‌ای حاصل شد و با خاصیت RNase موجود در آنزیم ترانس‌کریپتاز معکوس RNAs حذف شدند.

Real time PCR:

پرایمر اختصاصی برای دو ژن GAPDH (ژن مرجع) و miR Let-7g با استفاده از نرم‌افزار Gene Runner طراحی شد (جدول شماره ۱) و بیان ژن توسط Real-Time PCR (ABI StepOne, USA) صورت گرفت. دمای اتصال برای دو ژن GAPDH و miR Let-7 به‌ترتیب ۵۸ و ۶۷ درجه سانتیگراد درنظر گرفته شد. اختصاصیت پرایمر و عدم آلودگی به DNA ژنومی توسط پیک منحنی ذوب اختصاصی (۹۱ و ۹۰ درجه سانتی‌گراد به‌ترتیب برای ژن های GAPDH و miR Let-7 مشخص گردید. جهت انجام واکنش Real-Time PCR، ۱۰ میکرولیتر از مستر میکس SYBER TM (2X)، ۰/۵ میکرولیتر پرایمر جلویی، ۰/۵ میکرولیتر پرایمر عقبی، ۲ میکرولیتر cDNA سنتز شده و ۷ میکرولیتر dH2O ترکیب شده و در دستگاه قرار داده شد. پس از واکنش داده‌های خام به‌صورت Ct از دستگاه استخراج شد و اندازه‌گیری میزان بیان miR Let-7g با روش ΔΔCt انجام شد و با استفاده از نرم‌افزار Graph pad نمودار بیان رسم گردید.

جدول شماره ۱- مشخصات پرایمرهای اختصاصی miR Let-7g و ژن مرجع

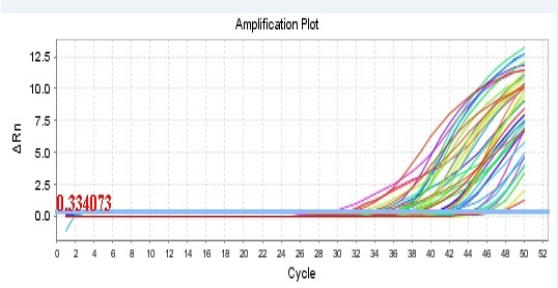
Primer	Sequence 5′→3′	Tm
Let-7g-F	GTTTGGTGAGGTAGTAGTTTGT	51.11
Let-7g-R	GTGCAGGGTCCGAGGT	51.06
GAPDH-F	ATGGAGAAGGCTGGGGCT	62.05
GAPDH-R	ATCTTGAGGCTGTTGTCATACTTCTC	61.62

آنالیز آماری

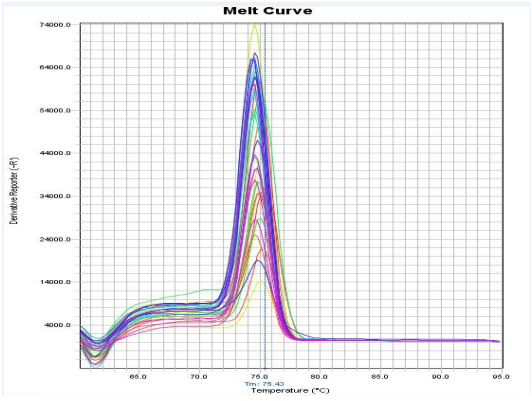
به‌منظور بررسی میزان بیان ژن از مقایسه میانگین Ct (چرخه آستانه) در سه بار تکرار استفاده شد. مقایسه میزان بیان ژن در گروه مورد و شاهد برمبنای آزمون آماری t و با استفاده از نرم‌افزار SPSS ویرایش ۱۹ صورت گرفت و مقادیر P کمتر از ۰/۰۵ معنی‌دار در نظر گرفته شد.

نتایج

بیشترین (۶۰ درصد) تعداد بیماران آلوده به HPV کمتر از ۳۵ سال سن داشتند. افراد شرکت‌کننده سابقه مصرف قرص‌های ضدبارداری (بیش از ۵ سال)، سیگار و هیچ بیماری سیستم ایمنی نداشتند. بیشترین (۶۵ درصد) تعداد بیماران آلوده بیش از ۲ فرزند داشتند. حداکثر بیماران دارای عفونت و فاقد آلودگی در مرحله تهاجمی IC بیماری قرار داشتند (۸۰ درصد) و در زنان آلوده به عفونت HPV تفاوت چشم‌گیری بین کاهش بیانmiR Let-7 g در مراحل CIII و IC مشاهده شد. بیشترین آلودگی بیماران (۶۷ درصد) با HPV ویرایش ۱۶ بود. تکثیر ژن miR Let-7g در نمودار شماره ۱ نشان داده شده است. تائید اختصاصی بودن عملکرد پرایمرهای طراحی‌شده و نیز عدم‌آلودگی به DNA ژنومی با بررسی پیک منحنی ذوب اختصاصی در دمای ۷۶/۴۳ درجه سانتی‌گراد انجام پذیرفت (نمودار شماره ۲).



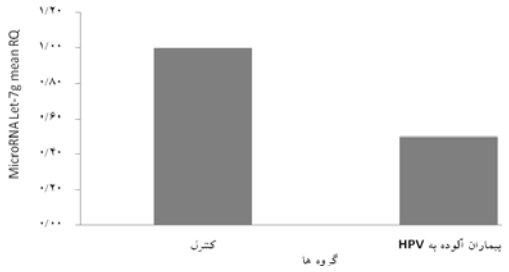
نمودار شماره ۱- منحنی تکثیر ژن miR Let-7g



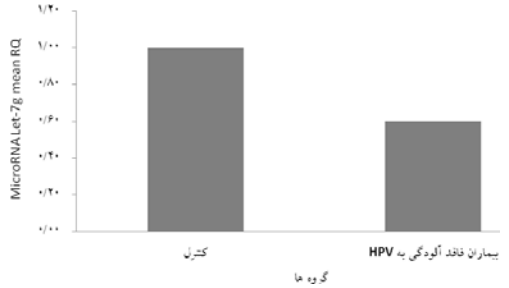
نمودار شماره ۲- منحنی ذوب تک باند برای miR Let-7g

نتایج حاصله حاکی از آن است که بیان miR Let-7g در نمونه‌های سرطانی آلوده به ویروس نسبت به گروه کنترل کاهش داشته است (P=۰/۰۰۰۳) (نمودار شماره ۳). همچنین، کاهش قابل‌ملاحظه‌ای میان بیان این ژن در بیماران مبتلا به سرطان دهانه رحم بدون عفونت ویروسی نسبت به گروه سالم مشاهده گردید (P=۰/۰۳) (نمودار شماره ۴). ارتباط معنی‌داری بین کاهش بیان این ژن در بین بیماران آلوده به عفونت پاپیلوما ویروس نسبت به بیماران فاقد آلودگی نیز مشاهده شد (P=۰/۰۰۰۱) (نمودار شماره ۵).

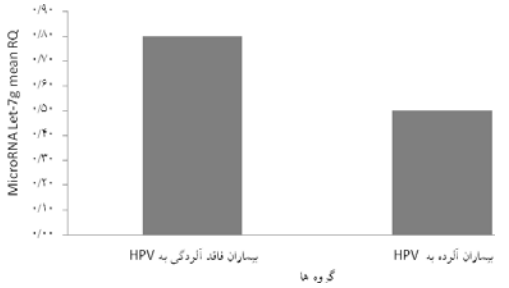
[Downloaded from feyz.kaums.ac.ir on 2026-11-15]



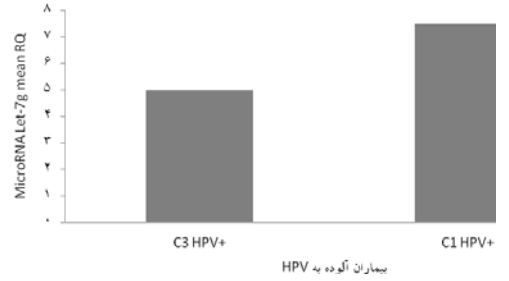
نمودار شماره ۳- مقایسه میانگین بیان miR Let-7g بین بیماران آلوده به ویروس پاپیلوما و گروه کنترل



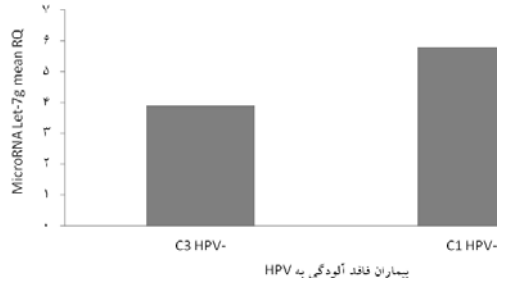
نمودار شماره ۴- مقایسه میانگین بیان miR Let-7g بین بیماران فاقد آلودگی و گروه کنترل



نمودار شماره ۵- مقایسه میانگین بیان miR Let-7g بین بیماران آلوده به HPV و گروه فاقد آلودگی



نمودار شماره ۶- مقایسه میانگین بیان miR Let-7g در بیماران آلوده در دو مرحله CI و CIII بیماری



نمودار شماره ۷- مقایسه میانگین بیان miR Let-7g در بیماران فاقد آلودگی در دو مرحله CI و CIII بیماری

بیشترین تعداد بیماران در مرحله IC بیماری قرار داشتند و مقایسه بیان Let-7g در بیماران آلوده به عفونت ویروسی در دو مرحله IC و CIII بیماری نشان داد که ارتباط معنی‌داری میان کاهش بیان این ژن برحسب مرحله بیماری وجود دارد (*P*=۰/۰۰۰۳) (نمودار شماره ۶). همچنین، رابطه مستقیمی بین کاهش بیان این ژن و مرحله بیماری در بیماران مبتلا به سرطان دهانه رحم بدون آلودگی به ویروس پاپیلوما نیز مشاهده گردید که ازنظر آماری نیز معنی‌دار بوده است (*P*=۰/۰۰۵) (نمودار شماره ۷). درمجموع نتایج نشان-دهنده وجود رابطه مثبت بین تغییر بیان ژن و مرحله بیماری می-باشد. بیشترین تعداد بیماران در محدوده سنی کمتر از ۳۵ سال قرار داشتند و مقایسه بیان miR Let-7g در زنان آلوده به عفونت HPV با رده سنی نشان داد که ارتباطی بین میانگین بیان miR Let-7g در دو گروه سنی کمتر و بیشتر از ۳۵ سال وجود ندارد (*P*=۰/۱۹)، همچنان‌که این رابطه در در زنان فاقد آلودگی نیز مشاهده نگردید (*P*=۰/۵۹).

بحث

پاپیلوماویروس یکی از عوامل اصلی ایجاد سرطان سرویکس است [۱۳]. عفونت پاپیلوماویروس شامل عفونت‌های پوستی و سرطان‌های متعددی از جمله سرویکس می‌باشد که در سرتاسر جهان به‌ویژه در ایران شایع می‌باشد [۱۴]. پروتئین‌های ویروسی با ایجاد اختلال در عملکرد پروتئین‌های سلولی باعث تکثیر غیرطبیعی سلول‌ها می‌شوند و با ایجاد اختلال در بیان ژن‌ها باعث پیشرفت سلول به سمت سرطانی‌شدن می‌شوند [۱۵]. در مطالعه حاضر، میزان کاهش بیان miR Let-7g در بیماران آلوده به عفونت پاپیلوماویروس نسبت به گروه فاقد آلودگی و همچنین گروه کنترل نشان‌دهنده تاثیر انکوپروتئین‌های ویروسی در تغییر بیان این ژن می‌باشد. نتایج تحقیقات اخیر حاکی از آن است که پتانسیل سرطان‌زایی ژنوتیپ‌های پرخطر HPV به بیان ژن‌های E7 و E6 بستگی دارد [۱۶]؛ این دو ژن در مسیر چرخه سلولی تداخل

[Downloaded from feyz.kaums.ac.ir on 2026-11-15]

ایجاد کرده و اختلال در نظم این مسیر منجر به وارد شدن آسیب به DNA و مانع از آپوپتوز شده و درنتیجه سرطانی‌شدن سلول‌ها می‌گردد. پژوهش‌ها نشان می‌دهند که پروتئین‌های E7 و E6 تیپ HPV16 موجب تغییراتی در DNA سلول عفونی می‌شوند؛ تغییراتی که در روند رونویسی توسط انکوپروتئین‌های HPV صورت می‌گیرد، باعث اتصال انکوپروتئین‌های ویروسی به بعضی از ژن‌ها شده و در نتیجه باعث افزایش رونویسی و سنتز پروتئین-های سلولی می‌شود. نتایج حاصله از مطالعه حاضر نشان می‌دهد که ۶۷ درصد از نمونه‌های سرطان دهانه رحم آلوده به HPV از تیپ ۱۶ بودند که نشان‌دهنده فراوانی بالای این نوع ویروس در جمعیت مورد مطالعه می‌باشد و با نتایج حاصله از دو مطالعه‌ای که در سال ۲۰۱۷ به‌طور جداگانه صورت گرفته است، هم‌راستا می-باشد (به‌ترتیب ۳۸/۵ و ۴۵/۸ درصد) [۱۸،۱۷]. از طرف دیگر، مطابق با سایر مطالعات انجام گرفته، در این مطالعه نیز ارتباط معنی‌داری بین کاهش بیان miR Let-7g در بیماران مبتلا به سرطان دهانه رحم نسبت به گروه کنترل مشاهده گردید. این کاهش بیان در بین هر دو گروه بیماران آلوده به عفونت HPV و همچنین گروه فاقد آلودگی به چشم می‌خورد. این نتایج که حاصل اولین تحقیقی است که به بررسی تاثیر بیان miR129-2 روی بیماران مبتلا به سرطان دهانه رحم پرداخته است، با تحقیقات انجام شده ب روی دیگر جمعیت‌ها منطبق می‌باشد؛ به‌طوری‌که در مطالعه Lee و Dutta اثر بازدارندگی توموری miR Let-7g به اثبات رسیده و بیان آن در سلول‌های سرطانی ریه باعث کاهش بیان انکوژن HMGA2 و کاهش تکثیر سلولی شده است [۱۹]. نتایج یک تحقیق دیگر نشان‌دهنده نقش مهاری miR Let-7g در سرطانی شدن سلول‌ها می‌باشد و بیان نموده است که کاهش بیان آن منجر به تومورزایی می‌گردد؛ همچنان‌که نشان داده شده است که میزان بیان ژن‌های خانواده miR Let-7 در انواع سرطان‌ها تغییر یافته و می‌تواند در کارسینوژنز سلول‌ها تاثیرگذار باشد. Lingjiao و همکارانش در سال ۲۰۱۵ با مطالعاتی که روی بیان miR Let-7 در بیماران مبتلا به سرطان کبد انجام دادند، گزارش کردند که miR Let-7g و miR Let-7i به‌صورت همزمان بر تنظیم تکثیر سلولی و آپوپتوز سلول‌های کبدی تاثیرگذار بوده و این امر توسط پروتئین ژن هدف BCL-XL صورت می‌گیرد [۱۰]. همچنین، مطالعه Qian و همکاران در سال ۲۰۱۱ روی سرطان سینه نشان داد که کاهش بیان miR Let-7g منجر به متاستاز بالا در این سلول‌ها شده است [۲۰]. Boyerinas و همکاران نقش انکوژنی miR Let-7g را نشان داده و با استفاده از مدل موشی سرطان ریه، مهار تومورزایی miR Let-7g را با غیرفعال شدن Ras تایید نمودند. تحقیقات این گروه، نقش انکوژنی miR Let-7 را در تمایز سلولی و سرطان غدد درون‌ریز نشان داد [۷]. در انسان کاهش چشم‌گیر بیان خانواده Let-7 در بسیاری از سرطان‌ها از جمله ریه، روده بزرگ، معده و ملانوما گزارش شده و در سرطان ریه کاهش بیان Let-7 با بقا رابطه عکس داشته است [۲۱]. در اغلب سرطان‌ها میزان بیان miR Let-7 کاهش می‌یابد که نشان‌دهنده نقش مهارکنندگی توموری این ژن می‌باشد؛ بااین‌حال، در برخی از سرطان‌ها نظیر لنفومای پیشرفته افزایش بیان Let-7b و Let-7i رخ داده که بر نقش انکوژنی این خانواده در شرایط خاص دلالت دارد [۸]. بیان شده است که تخریب و سرکوب HMGA2 توسط miR Let-7 منجر به رشد بیشتر سلول‌های سرطانی می‌شود و نقش مستقیم آن در تنظیم بیان HMGA2 از طریق تاثیر بر 3´UTR مولکول mRNA ژن هدف در سطح ترجمه به اثبات رسیده است [۲۲]. ایجاد برخی سرطان‌ها نظیر مزوتلیوم بدخیم، با کاهش بیان Let-7e و Let-7i همراه است [۲۳]. در گزارشی دیگر، کاهش بیان ژن Let-7a با افزایش تومورزایی همراه بوده، درحالی‌که افزایش بیان آن باعث کاهش رشد سلول های تومور در محیط کشت در شرایط آزمایشگاهی و در بدن موجود زنده شده است [۲۴]. از طرفی، تزریق Let-7a به موش‌های مبتلا به سرطان ریه منجر به کاهش رشد تومور می‌شود و بنابراین ژن مذکور می‌تواند یک پتانسیل درمانی برای درمان سرطان ریه به حساب بیاید [۲۵]. Barh و همکاران نشان داده‌اند که با تزریق Let-7a به موش‌های مبتلا به سرطان‌های سینه، کولون و کبد، روند رشد تومور کاهش می‌یابد. Let-7 از طریق سرکوب بیان آنژیوژنین، فاکتور رشد فیبروبلاستی، متالوپپتیداز ماتریکس و IL-6 می‌تواند از رشد تومور، آنژیوژنز و متاستاز جلوگیری کند [۱۱]. Oliveras-Ferraros و همکاران در سال ۲۰۱۱ با انجام یک مطالعه مدل حیوانی (موش مبتلا به سرطان سینه) دریافتند که تزریق Let-7 باعث تنظیم کاهشی انکوژن‌های HMGA2 و Ras می‌گردد [۲۶]. Simon و همکاران در سال ۲۰۰۶ طی مطالعه‌ای که روی اثر دارویی متفورمین در سرطان سینه انجام دادند، به این نتیجه رسیدند که Let-7 این قابلیت را دارد که به‌عنوان یک نشانگر درمانی در مداوای برخی از سرطان‌ها به کار گرفته شود [۲۷]. Fendler و همکاران در سال ۲۰۱۱ با استفاده از فناوری Microarray بیان جامع microRNAs را در رده‌های سلولی پروستات به‌صورت وابسته و مستقل از آندروژن بررسی کردند. ایشان در رده‌های سلولی تمایز یافته با آندروژن مصنوعی R1881 افزایش بیان Let-7g را مشاهده نمودند [۲۸]. نشان داده شده است که خانواده miR Let-7 در سرطان کبد تاثیرگذار است و Let-

[Downloaded from feyz.kaums.ac.ir on 2026-11-15]

7g در بافت کبدی سرطانی پایین‌ترین میزان بیان را نسبت به سایر اعضا خانواده خود دارد. همچنین، خانواده Let-7 از جمله Let-7a،Let-7b ،Let-7c ،Let-7e ،Let-7f و Let-7g همه به‌طور مداوم در مقایسه با بافت سالم کاهش بیان داشته و نشان داده شد که در مقایسه با بافت سالم کبدی، Let-7g به‌طور قابل‌توجهی پایین‌ترین میزان بیان را دارد و این امر می‌تواند به‌علت مهار رفتارهای سلول‌های سرطانی HCC در محیط برون‌تنی و سرکوب HCC تومور در مراحل اولیه در داخل بدن باشد. با افزایش بیان Let-7g چرخه سلولی و القا آپوپتوز روند طبیعی درپیش می‌گیرد تا القا آپوپتوز از طریق مهار پروتئین ژن BCL-XL رخ دهد [۲۹]. به‌نظر می‌رسد که miR Let-7g عملکردهای متفاوتی در تنظیم بیان ژن‌های هدف و در نتیجه ایجاد انواع سرطان‌ها از جمله سرطان دهانه رحم دارد و بررسی بیان miR Let-7g می‌تواند کلید تشخیص پاسخ های سلولی به داروهای ضد سرطانی باشد. در مجموع، شواهد حاکی از حضور HPVs تیپ پرخطر در بسیاری از انواع سرطان‌های انسانی می‌باشد که باعث ایجاد و گسترش انواع سرطان‌ها می‌گردد. درهرحال نقش اصلی این ویروس و به‌طور اختصاصی نقش انکوپروتئین‌های ویروسی ایجاد کننده این سرطان‌ها نیاز به تحقیقات گسترده‌ای دارد. بنابراین تحقیقات سلولی و مولکولی بیشتری نیاز است تا ارتباط این انکو-پروتئین‌ها، به‌خصوص E5 و E6 در اپی‌تلیوم نرمال و سلول‌های سرطانی مشخص گردد. microRNAs موجود در سرم، داخل بافت و سایر مایعات بدن برای تشخیص، پیش‌آگهی و درمان سرطان یک چشم‌انداز امیدوارکننده به‌شمار می‌آیند؛ به‌طوری‌که شاید بتوان با استفاده از این نشان‌گرها به‌تنهایی و یا در کنار سایر روش‌ها سرطان را در همان مراحل اولیه فقط با یک آزمایش ساده خون تشخیص داد. یکی از محدودیت‌های این تحقیق حجم کم نمونه‌ها می‌باشد و در مطالعات بعدی بررسی بیان miR Let-7g در دیگر انواع سرطان‌ها و همچنین بررسی بیان دیگر ژن‌ها و microRNAs دیگر با استفاده از تعداد نمونه‌های بیشتر ضروری به نظر میرسد.

نتیجه‌گیری

به‌طور کلی microRNAs می‌توانند ابزار مهمی در تشخیص زود هنگام بیماری و پیش‌آگهی آن باشند. همچنین می‌توان با استفاده از این مولکول‌ها، در جهت طراحی و گسترش درمان بیماری اقدام نمود. با توجه به نتایج می‌توان از miR Let-7g به‌عنوان یک نشانگر زیستی برای تشخیص و پیش بینی سرطان دهانه رحم استفاده کرد.

تشکر و قدردانی

بدین‌وسیله از پرسنل بیمارستان میرزاکوچک‌خان جنگلی که در جمع‌آوری نمونه‌ها یاری‌مان نمودند، نهایت امتنان و تشکر به‌عمل می‌آید.

References:

[1] Ferlay J, Steliarova-Foucher E, Lortet-Tieulent J, Rosso S, Coebergh JW, Comber H, et al. Cancer incidence and mortality patterns in Europe: estimates for 40 countries in 2012. ***Eur J Cancer*** 2013; 49(6): 1374-403.

[2] Kitchener HC, Almonte M, Thomson C, Wheeler P, Sargent A, Stoykova B, et al. HPV testing in combination with liquidbased cytology in primary cervical screening (ARTISTIC): a randomized controlled trial. ***Lancet Oncol*** 2009; 10(7): 627-82.

[3] Bernard HU, Burk RD, Chen Z, van Doorslaer K, Zur Hausen H, de Villiers EM. Classification of papillomaviruses (PVs) based on 189 PV types and proposal of taxonomic amendments. ***Virology*** 2010: 401(1): 70-9.

[4] Schiffman M, Wentzensen N. A suggested approach to simplify and improve cervical screening in the united states. ***J Low Genit Tract Dis*** 2016; 20(1): 1-7.

[5] Adebamowo SN, Olawande O, Famooto A, Dareng EO, Offiong R, Adebamowo CA Persistent Low-Risk and High-Risk Human Papillomavirus Infections of the Uterine Cervix in HIV-Negative and HIV-Positive Women. ***Front Public Health*** 2017; 5: 178.

[6] Miska EA. How microRNAs control cell division, differentiation and death. ***Curr Opin Genet Dev*** 2005; 5(15): 563-8.

[7] Boyerinas B, Park SM, Hau A, Murmann AE, Peter ME. The role of let-7 in cell differentiation and cancer. ***Endocr Related Cancer*** 2010; 17(1): F19-36.

[8] Calin GA, Dumitru CD, Shimizu M, Bichi R, Zupo S, Noch E, et al. Frequent deletions and down-regulation of microRNA genes miR16 at 13q14 in chronic lymphocytic leukemia. ***Pro Natl Acad Sci USA*** 2002; 99 (24): 15524-29.

[9] Johnson CD, Esquel-kerscher A, Stefani G, Byrom M, Kelnar K, Ovcharenko D, et al. The let-7 microRNA represses cell proliferation pathways in human cells. ***Cancer Res*** 2007; 67(16): 7713–22.

[10] Wu L, Wang Q, Yao J, Jiang H, Xiao C, Wu F, et al. MicroRNA Let-7g and Let-7i inhibit hepatoma

[Downloaded from feyz.kaums.ac.ir on 2026-11-15]

cell growth concurrently via down regulation of the anti-apoptotic protein B-Cell lymphoma- extra large. ***Oncol Lett*** 2015; 9(1): 213-18.
[11] Barh D, Malhotra R, Ravi B, Sindhurani P. MicroRNA Let-7: an emerging next- generation cancer therapeutic. ***Current Oncol*** 2010; 17(1): 70-80.
[12] Park J, Sun D, Genest DR, Trivijitsilp P, Suh I, Crum CP. Coexistence of Low and High Grade Squamous Intraepithelial Lesions of the Cervix: Morphologic Progression or Multiple Papillomaviruses? ***Gynecol Oncol*** 1998; 70(3): 386-91.
[13] Buechner J, Tomte E, Haug BH, Henriksen JR, Lokke C, Flægstad T, et al. Tumour-suppressor microRNAs let-7 and Mir-101 Target the protooncogene MYCN and inhibit cell proliferation in MYCN-amplified neuroblastoma. ***Br J Cancer*** 2011; 105(2): 296-303.
[14] Peter ME. Let-7 and miR-200 microRNAs: guardians against pluripotency and cancer progression. ***Cell Cycle*** 2009; 8(6): 843-52.
[15] Siomi H, Siomi MC. Posttranscriptional regulation of microRNA biogenesis in animals. ***Mol Cell*** 2010; 38(3): 323-32.
[16] Vousden KH. Interactions between papillomavirus proteins and tumor suppressor gene products. ***Adv Cancer Res*** 1994; 64: 1-24.
[17] Hooi DJ, Lissenberg-Witte BI, de Koning MNC, Pinedo HM, Kenter GG, Meijer CJLM, et al. High prevalence of high-risk HPV genotypes other than 16 and 18 in cervical cancers of Curaçao: implications for choice of prophylactic HPV vaccine. ***Sex Transm Infect*** 2017. 11. pii: sextrans-2017-053109. [Epub ahead of print]
[18] Tewari D, Novak-Weekley S, Hong C, Aslam S, Behrens CM. Performance of the cobas HPV Test for the Triage of Atypical Squamous Cells of Undetermined Significance Cytology in Cervical Specimens Collected in SurePath. ***Am J Clin Pathol*** 2017; 148(5): 450-7.
[19] Lee YS, Dutta A. The tumor suppressor microRNA let-7 represses the HMGA2 oncogene. ***Genes Dev*** 2007; 21 (9): 1025–30.
[20] Qian P, Zuo Z, Wu Z, Meng X, Li G, Wu Z, et al. Pivatal role of reduced Let-7g expression in breast cancer invasion and metastasis. ***Cancer Res*** 2011; 71(20): 6463-74.
[21] Takamizawa J, Konishi H, Yanagisawa K, Tomida S, Osada H, Endoh H, et al. Reduced expression of the let-7 microRNAs in human lung cancers in association with shortened postoperative survival. ***Cancer Res*** 2004; 64 (11): 3753–56.
[22] Mayer C, Hemann MT, Bartel DP. Disrupting the pairing between Let-7 and HMGA2 enhances oncogenic transformation. ***Science*** 2007; 315(5818): 1576-79.
[23] Guled M, Lahti L, Lindholm PM, Salmenkivi K, Bagwan I, Nicholson AG, et al. CDKN2A, NF2 and JUN are dysregulated among other genes by miRNAs in malignant mesothelioma-A miRNA microarray analysis. ***Genes Chromosome Cancer*** 2009; 48(7): 615-23.
[24] Ross SA, Davis CD. MicroRNA, nutrition and cancer prevention. ***Adv Nutr*** 2011; 2(6):472-85.
[25] Esquela- Kerscher A, Trang P, Wiggins JF, Patrawala L, Cheng A, Ford L, et al. The Let-7 microRNA reduces tumor growth in mous models of lung cancer. ***Cell Cycle*** 2008; 7(6): 759-64.
[26] Oliveras-Ferraros C, Cufi S, Vazquez-Martin A, Torres-Carcia VZ, Del Barco S, Martin-Castillo B, et al. Micro(mi) RNA prperssion profile of breast cancer epithelial cells treated with the anti- diabetic drug metformin: induction of the tumor suppressor miRNA Let-7a and suppression of the TGFB-induced oncomir miRNA- 181a. ***Cell Cycle*** 2011; 10(7): 1144-51.
[27] Simon P, Fehrenbach E, Niess AM. Regulation of immediate early gene expression by exercise: short cuts for the adaptation of immune function. ***Exerc Immunol Rev*** 2006; 12: 112-31.
[28] Fendler A, Stephan C, Yousef GM, Jung K. MicroRNAs as regulators of signal transduction in urological tumors. ***Clin Chem*** 2011; 57(7): 954-68.
[29] Chen KJ, Hou Y, Wang K, Li J, Xia Y, Yang XY, et al. Re-expression of Let-7g MicroRNA Inhabits the Proliferation and Migration via K-Ras/ HMGA2/Snail AXIS IN Hepato cellular Carcinoma. ***Biomed Res Int*** 2014; 2014: 742417.

[Downloaded from feyz.kaums.ac.ir on 2026-11-15]