

## خلاصه فارسی:

مقدمه: بررسی متیلاسیون ژن های در گیر در سرطان به صورت یک فاکتور قابل اعتماد در تشخیص سرطان های گوناگون بروز کرده و به صورت یک عامل پیش بینی کننده ، پیشگیری کننده و ارزشمند در تمام سرطان های انسانی به خصوص سرطان کولورکتال مطرح شده است. هدف از بررسی حاضر آنالیز پنلی از ژن های عمده در گیر در سرطان کولورکتال در جامعه شمال غرب ایران ، برای یافتن ژن های احتمالی کاندید سرطان کولورکتال می باشد .

روش کار: در این بررسی متیلاسیون پروموتور ژن های *miR137* و *TWIST1, IGFBP3, GAS7, ALX4* در ۱۰۰ بیمار مبتلا به سرطان کولورکتال به روش ms PCR مورد ارزیابی قرار گرفت.

یافته ها: در مطالعه حاضر از بین ۱۰۰ نمونه مورد بررسی برای میزان متیلاسیون جایگاه ژنی مورد نظر در 100 نمونه سالم و توموری موجود در مطالعه میزان متیلاسیون در جایگاه پروموتوری ژن های *mir 137* *TWIST, IGFR1, ALX4* در نمونه توموری به مراتب بیشتر از نمونه های مارژین بوده و نه تنها این تغییرات در ۲ گروه معنی دار می باشد بلکه با توجه به نتایج به دست آمده از تست *Chi Square* و *Fisher test* متیلاسیون در این جایگاه ها می تواند به عوان یک ریسک فاکتور در سرطان کولورکتال مطرح باشد این در حالی است که تفاوت معنی داری از لحاظ متیلاسیون در جایگاه های مربوط به ژن *GAS7* در بین ۲ گروه مشاهده نشد.

نتیجه گیری: با آنالیز فراوانی متیلاسیون ژن های *mir 137* ، *TWIST* ، *ALX4* و *IGFR1* در ۱۰۰ بیمار مبتلا به سرطان کولورکتال به این نتیجه رسیدیم که متیلاسیون این ژن ها در جامعه شمال غرب ایران در نمونه های توموری با نمونه های سالم دارای تفاوت معنی داری می باشد .

کلمات کلیدی: ژن TWIST ، ژن mir 137 ، ژن ALX4 ، ژن IGFR1 ، ژن GAS7