

چکیده فارسی

مقدمه: سرطان‌ها در میان تهدید کننده‌های سلامت انسان در سرتاسر جهان قرار دارند. نرخ بقا و مرگ‌ومیر سرطان کولون و راست روده‌ی بزرگ (CRC) شدیداً به تشخیص اولیه بستگی دارد. الگوی انحراف متیلاسیون ژن‌ها به عنوان یک بیومارکر تشخیصی می‌تواند به عنوان یک گزینه کاربردی برای تشخیص به موقع ارائه شود و متعاقباً در افزایش نرخ بقای بیماران CRC ایفای نقش نماید، زیرا تغییرات متیلاسیون نه تنها فراوان هستند بلکه در مراحل ابتدایی تومورزایی اتفاق می‌افتند. اشاره شده است که ژن‌های *KISS1* و *EDNRB* حین پیشرفت و تکامل CRC دچار افزایش متیلاسیون می‌شوند.

مواد و روش‌ها: در مطالعه حاضر، بعد از استخراج DNA از ۴۵ جفت نمونه بافت CRC تک گیر و حاشیه غیر سرطانی‌شان و تیمار آنها با کیت بی سولفیت، وضعیت متیلاسیون نواحی غنی از CpG ژن‌های *KISS1* و *EDNRB* از لحاظ نیمه-کمی توسط روش MS-HRM با هدف تعیین کاربردی بودن این انحراف متیلاسیون‌ها برای تشخیص CRC تک گیر و افتراق آن از بافت‌های سالم مرتبط، ارزیابی شد.

یافته‌ها: نتایج نشان داد که توزیع متفاوت متیلاسیون در همه جایگاه انتخاب شده در درون پروموتور ژن *EDNRB* در مقایسه‌ی بافت‌های توموری با حاشیه غیر سرطانی‌شان از لحاظ آماری معنی دار بود ($p < 0.001$)؛ آنها همچنین بعضی همبستگی‌هایی با مرحله و درجه تومور داشتند. علیرغم این، توزیع متیلاسیون در نواحی غنی از CpG ژن *KISS1*، تفاوت معنی‌داری را از لحاظ آماری بین CRC و بافت‌های غیر سرطانی کناری، نشان نداد ($p = 0.060$).

نتیجه گیری: به طور کلی، این قابل استنباط است که انحراف الگوی متیلاسیون ژن *EDNRB* احتمالاً می‌تواند یک بیومارکر تشخیصی بلقوه‌ی نوید بخش برای CRC باشد درحالی‌که *KISS1* بحث برانگیز است و نیازمند به مطالعه بیشتر است.

کلمات کلیدی: سرطان کولون و راست روده‌ی بزرگ، *KISS1*، *EDNRB*، هیپرمتیلاسیون، بیومارکر.