

مقالاتی پژوهشی	
آبودگی آرد و انواع نان به آفلاتوکسین و ارزیابی خطر دریافت آفلاتوکسین از طریق مصرف نان در ایران ۲۴۲۰	سیمرا شکری جوکاری، دکتر مریم میرلوحی، دکتر لاهه مشرف
ارتباط میان حلقی با بیوست و بیوست عملکردی در بزرگسالان ایرانی ۲۴۲۹	نجمه سالک، عادله دادخواه، پروانه صانعی، دکتر عمار حسن زاده کشتلی، دکتر احمد اسماعیل زاده، دکتر پیمان ادبی
بررسی فراوانی نسبی دیابت و پرده‌بیاپت در بیماران مبتلا به کبد چرب غیر الکلی و مقایسه با گروه شاهد ۲۴۴۰	دکتر بهرام پاکزاد، نیما عباسی ولدانی، مجتبی اکبری
تأثیر پرووبوتیک در درمان بیوست عملکردی کودکان ۱۲-۴ سال ۲۴۴۸	دکتر معصومه عابدی، دکتر پدرام عطایی، دکتر عبدالریحیم افخم‌زاده، دکتر مریم سیف منش، دکتر بفتحه صداقت
بروز مقایسه‌ای بروتنین مهار کننده تومور (BRCA) Breast Cancer در نمونه‌های سرطانی و سالم کولورکتال ۲۴۵۵	دکتر مهدی نیکبخت دستجردی، وحید کاشانیان
بررسی الای آپوپتوزیس ناشی از تیمار با عصاره‌ی پوست انار سیاه در رده‌ی سلولی ملانوما در مقایسه با سلول‌های اندوتیال بند ناف انسان ۲۴۶۱	نسم دانا، دکتر شفیق حق جوی جوانمرد، لاله رفیعی

مقاله مروری

نسل جدید روش‌های توالی‌بایی و کاربردهای آن ۲۴۶۹	میثم مصلایی، حامد میرزای، میکانوش سیمویان، دکتر مجید خیرالهی
---	--

Original Articles

Flour and Bread Aflatoxin Contamination and Risk Assessment of Aflatoxin Intake through Bread Consumption in Iran 2428	Samira Shokri-Jokari, Maryam Mirlohi PhD, Laleh Mosharraf PhD
The Association between Obesity, Constipation, and Functional Constipation in Iranian Adults 2439	Najmeh Salek, Adeleh Dadkhah, Parvaneh Sanei MSc, Ammar Hassanzadeh-Kesheli MD, Ahmad Esmaillzadeh PhD, Peyman Adibi MD
Determination of Frequency of Diabetes and Pre-Diabetes in Patients with Nonalcoholic Fatty Liver Disease and Comparison with a Control Group 2447	Bahram Pakzad MD, Nima Abbasi-Veldani, Mojtaba Akbari MSc
The Effect of Probiotics on the Treatment of Functional Constipation in Children of 4-12 Years of Age 2454	Masoumeh Abediny MD, Pedram Ataiee MD, Abdorahim Afkhamzadeh MD, Maryam Seifmanesh, Banafsheh Sedaghat
Comparative Expression of Breast Cancer 1 Tumor Suppressor Protein in Cancerous and Healthy Colorectal Specimens 2460	Mehdi Nikbakht-Dastjerdi PhD, Vahid Kashanian
Comparison of the Apoptosis Induction Effect of Pomegranate Peel Extract on Human Umbilical Vein Endothelial Cells and Melanoma 2468	Nasim Dana MSc, Shaghayegh Haghjooy-Javanmard MD, PhD, Laleh Rafiee MSc

Review Article

Next-Generation Sequencing and its Applications 2480	Meysam Mosallayi, Hamed Mirzaei MSc, Miganoush Simonian, Majid Kheirrollahi PhD
--	---



محله دانشکده پزشکی اصفهان

سال سی و سوم، شماره (۳۶۸)، هفته چارم اسد ۱۳۹۴

صاحب امتیاز:

دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی- درمانی استان اصفهان

مدیر مسؤول: دکتر منصور شعلهور

سردبیر: دکتر مجید برکتین

معاون سردبیر: دکتر مریم راد احمدی

امور نشر:

(ویراستاری، صفحه آرایی، طراحی و چاپ)

شرکت فرزانگان راداندیش

اصفهان، صندوق پستی ۸۱۴۶۵-۱۷۹۸

تلفن و دورنگار: ۰۳۱-۳۶۶۸۶۳۰۲

f.radandish@gmail.com
www.farzaneganco.ir

تیراژ: ۵۰۰ نسخه

ناشر:

انتشارات دانشگاه علوم پزشکی اصفهان

نشانی: اصفهان، خیابان هزار جریب، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان

E-mail: publications@mui.ac.ir

دفتر مجله: دانشکده پزشکی صندوق پستی: ۸۱۷۴۴/۱۷۶

مسئول دفتر: گلناز رجبی

دورنگار: ۰۳۱-۳۷۹۲۲۲۹۱

تلفن: ۰۳۱-۳۶۶۹۴۷۳۷

E-mail: jims@med.mui.ac.ir

<http://www.journals.mui.ac.ir/jims>

وب سایت مجله:

این مجله در نمایه‌های بین‌المللی زیر در دسترس قرار دارد.

- Scopus
- Chemical Abstracts
- Islamic World Science Citation Center (ISC)
- Academic Search Complete EBSCO Publishing databases
- WHO/EMRO/Index Medicus

- Google Scholar
- Index Copernicus
- Directory of Open Access Journal (DOAJ)
- Index Academicus
- Scientific Information Database (www.sid.ir)
- www.iranmedex.com

کپیرایت: چاپ مطالب مندرج در این مجله به شرط ذکر منبع مجله بلامانع است.

تصاویر رنگی مقالات و کلیپهای ویدئویی بر روی وب سایت مجله قابل دسترسی می‌باشند

فهرست مطالب

مقالات‌های پژوهشی

- آلدگی آرد و انواع نان به آفلاتوكسین و ارزیابی خطر دریافت آفلاتوكسین از طریق مصرف نان در ایران ۲۴۲۰
سمیرا شکری جوکاری، دکتر مریم میرلوحی، دکتر لاله مشرف
- ارتباط میان چاقی با بیوست و بیوست عملکردی در بزرگسالان ایرانی ۲۴۲۹
نجمه سالک، عادله دادخواه، پروانه صانعی، دکتر عمار حسن‌زاده کشتلی، دکتر احمد اسماعیل‌زاده، دکتر پیمان ادبی
- بررسی فراوانی نسبی دیابت و پرده‌دیابت در بیماران مبتلا به کبد چرب غیر الکلی و مقایسه با گروه شاهد ۲۴۴۰
دکتر بهرام پاکزاد، نیما عباسی ولدانی، مجتبی اکبری
- تأثیر پروپیوتیک در درمان بیوست عملکردی کودکان ۱۲-۴ سال ۲۴۴۸
دکتر معصومه عابدینی، دکتر پدرام عطایی، دکتر عبدالرحیم افخم‌زاده، دکتر مریم سیف منش، دکتر بنفشه صداقت
- بروز مقایسه‌ای پروتئین مهار کننده‌ی تومور **(BRCA) Breast Cancer** در نمونه‌های سرطانی و سالم کولورکتال ۲۴۵۵
دکتر مهدی نیکبخت دستجردی، وحید کاشانیان
- بررسی القای آپوپتوزیس ناشی از تیمار با عصاره‌ی سیاه در رده‌ی سلولی ملانوما در مقایسه با سلول‌های اندوتیال بند ناف انسان ۲۴۶۱
نسیم دانا، دکتر شنايق حق‌جوی جوانمرد، لاله رفیعی

مقاله مروری

- نسل جدید روش‌های توالی‌یابی و کاربردهای آن ۲۴۶۹
میثم مصلایی، حامد میرزایی، میگانوش سیمونیان، دکتر مجید خیرالهی

- 2012; 41(9): 42-7.
8. Behfar A, Khorasgani ZN, Mosavi A. Determination of aflatoxin (B1, B2, G 1, G2) levels in wheat flour. *Toxicology Letters* 2008; 180(Suppl): S179.
 9. Kouhian K, Kazemi MH, Akbari M, Soleiman Meigooni S, Esavand A. Survey the level of aflatoxin B1 and M1 in a number of nutrients in food ware house of NEZAJA units in Tehran in 2010. *Nurse and Physician Within War* 2012; (15-16): 16-18. [In Persian].
 10. Mohammad Hasani F, Mirlohi M, Mosharraf L. Occurrence of aflatoxin in wheat flour specified for Sangak bread and its reduction through fermentation and baking practices. 2015. [Under Publication].
 11. Rahimi E, Erfani M, Shakerian A. Frequency of ochratoxin A in bread consumed in Shahrekord. *J Shahrekord Univ Med Sci* 2014; 16(2): 63-9. [In Persian].
 12. Wang Y, Sheng D, Wang D, Yang X, Wu J. Non-carcinogenic baseline risk assessment of heavy metals in the Taihu Lake Basin, China. *Hum Ecol Risk Assess* 2011; 17(1): 212-8.
 13. Li Y, Liu J, Cao Z, Lin C, Yang Z. Spatial distribution and health risk of heavy metals and polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) in the water of the Luanhe River Basin, China. *Environ Monit Assess* 2010; 163(1-4): 1-13.
 14. Sekiyama BL, Ribeiro AB, Machinski PA, Machinski Junior M. Aflatoxins, ochratoxin A and zearalenone in maize-based food products. *Braz J Microbiol* 2005; 36: 289-94.
 15. Villa P, Markaki P. Aflatoxin B1 and ochratoxin A in breakfast cereals from athens market: Occurrence and risk assessment. *Food Control* 2009; 20(5): 455-61.
 16. Hedayati MT, Mohammadpour RA. The contamination rate of stored wheat samples of mazandaran province by aspergillus flavous and aflatoxin (2003). *Behbood J* 2005; 9(1): 52-61. [In Persian].
 17. Vidal A, Marin S, Ramos AJ, Cano-Sancho G, Sanchis V. Determination of aflatoxins, deoxynivalenol, ochratoxin A and zearalenone in wheat and oat based bran supplements sold in the Spanish market. *Food Chem Toxicol* 2013; 53: 133-8.
 18. Bento JMV, Pena A, Lino CM, Pereira JA. Determination of ochratoxin A content in wheat bread samples collected from the Algarve and Braganca regions, Portugal: Winter 2007. *Microchem J* 2009; 91(2): 165-9.
 19. Zinedine A, Juan C, Idrissi L, Maes J. Occurrence of ochratoxin A in bread consumed in Morocco. *Microchem J* 2007; 87(2): 154-8.
 20. Sugita-Konishi Y, Park BJ, Kobayashi-Hattori K, Tanaka T, Chonan T, Yoshikawa K, et al. Effect of cooking process on the deoxynivalenol content and its subsequent cytotoxicity in wheat products. *Biosci Biotechnol Biochem* 2006; 70(7): 1764-8.
 21. Andrade PD, Caldas ED. Aflatoxins in cereals: worldwide occurrence and dietary risk assessment. *World Mycotoxin* 2015; 8(4): 415-31.

Flour and Bread Aflatoxin Contamination and Risk Assessment of Aflatoxin Intake through Bread Consumption in Iran

Samira Shokri-Jokari¹, Maryam Mirlohi PhD², Laleh Mosharraf PhD³

Original Article

Abstract

Background: In recent years, limited information has been provided regarding the occurrence of aflatoxins in flour samples and in traditional flat breads in comparison to the leavened breads in Iran. In this study, aflatoxin contamination in some bakery products and assessment of risk of aflatoxin intake were investigated.

Methods: In this experimental cross-sectional study, 66 samples including 29 different flour samples, 14 traditional flat bread samples, 10 leavened bread samples, and 13 samples of sesame and seeds used for dressing breads were randomly collected from different factories and bakeries in Isfahan, Iran, and examined for aflatoxin residue using the enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) specific kit. The risk of aflatoxin intake for consumers was assessed using hazard quotient and mean and data analysis was conducted using one-way ANOVA and Fisher's least significant difference (LSD).

Findings: Aflatoxin residue was found in all of the studied samples in the range of 0.5 to 6.54 pbb and did not exceed the national standard level (15 pbb). Traditional flat breads contained two times more aflatoxin than leavened breads. Hazard quotient ranged from 5.4 to 101 and the relative carcinogenic risk was higher than 10^{-4} .

Conclusion: Despite the low aflatoxin contamination levels in bread in this study, the hazard index of higher than the tolerable limit for humans showed that reduction of daily bread consumption in Iran is critical.

Keywords: Aflatoxin, Bread, Enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA), Flour, Risk assessment

Citation: Shokri Jokari S, Mirlohi M, Mosharraf L. **Flour and Bread Aflatoxin Contamination and Risk Assessment of Aflatoxin Intake through Bread Consumption in Iran.** J Isfahan Med Sch 2016; 33(368): 2420-8

1- MSc Student, Food Security Research Center AND Department of Food Safety and Hygiene, School of Nutrition and Food Sciences AND Student Research Committee, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

2- Assistant Professor, Food Security Research Center AND Department of Food Technology, School of Nutrition and Food Sciences, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

3- Assistant Professor, Department of Agricultural Engineering Research, Isfahan Agricultural and Natural Resources Education and Research Center, Isfahan, Iran

Corresponding Author: Maryam Mirlohi PhD, Email: m_mirlohi@hlth.mui.ac.ir

علاوه، شیوع چاقی و عوامل خطر مرتبط با آن، با استفاده از پرسشنامه‌ی خود-اجرا بررسی شد که به علت خطای طبقه‌بندی، می‌تواند بر روی نتایج مؤثر باشد. درصد قابل توجهی از جمعیت مورد مطالعه تحصیل کرده بودند که این خود نشان دهنده‌ی نیاز به مطالعات بیشتر جهت بررسی این ارتباط می‌باشد.

نتیجه‌گیری نهایی این که در این جمعیت بزرگ‌سال، چاقی عمومی با بیوست ارتباط معنی دار داشت، اما چاقی شکمی با بیوست و بیوست عملکردی مرتبط نبود. چاقی عمومی در زنان موجب افزایش معنی دار خطر ابتلا به بیوست می‌شد؛ در حالی که ارتباطی بین چاقی شکمی با بیوست و بیوست عملکردی چه در زنان و چه در مردان، و همچنین بین چاقی عمومی و بیوست و بیوست عملکردی در مردان یافت نشد. همچنین، ارتباط معنی داری بین چاقی شکمی با «احساس دفع ناکامل» و «تسهیل دفع مدفع» با استفاده از انگشت» مشاهده شد.

تشکر و قدردانی

این مطالعه برگرفته از پایان‌نامه دوره‌ی دکترای حرفای نجمه سالک به شماره‌ی طرح ۲۹۲۰۱۳ مصوب مرکز تحقیقات جامع عملکردی گوارش دانشگاه علوم پزشکی اصفهان می‌باشد. بدین وسیله از مرکز تحقیقات جامع عملکردی گوارش برای حمایت مالی این مطالعه تشکر و قدردانی می‌گردد. همچنین، از تمامی کارکنان دانشگاه علوم پزشکی اصفهان جهت شرکت در این مطالعه سپاسگزاری می‌گردد.

در توجیه یافته‌های مطالعه به ویژه یافته‌های گروه زنان، می‌توان گفت که بر اساس مطالعات قبلی، چاقی از طریق ایجاد تغییرات هورمونی، می‌تواند منجر به ایجاد بیوست شود (۱۸)؛ که به نظر می‌رسد این تغییرات هورمونی در زنان بیشتر باشد و یا به علت تداخل با هورمون‌های زنانه این اثر افزایش یابد؛ چرا که هورمون‌های جنسی روی حرکات دستگاه گوارش و سیستم عصبی اتونوم اثر می‌گذارند (۹). در مرحله‌ی لوئیل چرخه‌ی قاعدگی، هنگامی که سطح پروژسترون پلاسمای بالا است، زمان ترانزیت گوارشی طولانی می‌شود (۲۲). چاقی با افزایش ترشح سایتوکاین‌های پیش التهابی و افزایش التهاب، به نوبه‌ی خود باعث اختلال حرکتی (۱۹) و تغییر در حرکات لوله گوارش می‌گردد. همان‌گونه که می‌دانیم زنان به تغییرات التهابی حساس‌ترند؛ به گونه‌ای که بروز بیماری‌های التهابی در زنان بیشتر است و شاید افزایش خطر بیوست در زنان چاق به این علت باشد.

از نقاط قوت مطالعه‌ی حاضر، می‌توان به حجم نمونه‌ی بالای آن، استفاده از معیار ROME III که از قبل برای تشخیص بیوست عملکردی اعتبارسنجی شده است، بررسی ارتباط با چاقی شکمی علاوه بر چاقی عمومی، در نظر گرفتن تمام عوامل مخلوش‌گر و بررسی تکرار و شدت اجزای بیوست عملکردی با وضعیت چاقی (که در مطالعات مشابه وجود نداشت) اشاره کرد. البته در کنار آن، باید نقاط ضعف در تفسیر داده‌های به دست آمده مد نظر قرار گیرد. به علت مقطعي بودن مطالعه، رابطه‌ی علیتی قابل استنتاج نیست. به

References

- Talley NJ. Definitions, epidemiology, and impact of chronic constipation. *Rev Gastroenterol Disord* 2004; 4(Suppl 2): S3-S10.
- Higgins PD, Johanson JF. Epidemiology of constipation in North America: a systematic review. *Am J Gastroenterol* 2004; 99(4): 750-9.
- Pourhoseinghol MA, Kaboli SA, Pourhoseingholi A, Moghimi-Dehkordi B, Safaei A, Khoshkrood Mansoori B, et al. Obesity and functional constipation; a community-based study in Iran. *J Gastrointest Liver Dis* 2008; 18(2): 151-5.
- Chang JY, Locke GR, Schleck CD, Zinsmeister AR, Talley NJ. Risk factors for chronic constipation and a possible role of analgesics. *Neurogastroenterol Motil* 2007; 19(11): 905-11.
- Longstreth GF, Thompson WG, Chey WD, Houghton LA, Mearin F, Spiller RC. Functional bowel disorders. *Gastroenterology* 2006; 130(5): 1480-91.
- Dennison C, Prasad M, Lloyd A, Bhattacharyya SK, Dhawan R, Coyne K. The health-related quality of life and economic burden of constipation. *Pharmacoeconomics* 2005; 23(5): 461-76.
- Wald A, Scarpignato C, Kamm MA, Mueller-Lissner S, Helfrich I, Schuit C, et al. The burden of constipation on quality of life: results of a multinational survey. *Aliment Pharmacol Ther* 2007; 26(2): 227-36.
- Roshandel D, Rezailashkajani M, Shafaei S, Zali MR. A cost analysis of functional bowel disorders in Iran. *Int J Colorectal Dis* 2007; 22(7): 791-9.
- Kaboli SA, Pourhoseingholi MA, Moghimi-Dehkordi B, Safaei A, Habibib M, Pourhoseingholi A. Factors associated with functional constipation in Iranian adults: a population-based study. *Gastroenterol Hepatol Bed Bench* 2010; 3(2): 83-90.
- Khatri PK, Ali AD, Alzadjali N, Bhagia G, Khaliqdina SJ, Aziz S. Frequency of functional constipation in 3 different populations and its causative factors. *J Pak Med Assoc* 2011; 61(11): 1149-52.
- Nakaji S, Tokunaga S, Sakamoto J, Todate M, Shimoyama T, Umeda T, et al. Relationship between lifestyle factors and defecation in a Japanese population. *Eur J Nutr* 2002; 41(6): 244-8.
- Arnaud MJ. Mild dehydration: a risk factor of constipation? *Eur J Clin Nutr* 2003; 57(Suppl 2): S88-S95.
- Morais MB, Vitolo MR, Aguirre AN, Fagundes-Neto

- U. Measurement of low dietary fiber intake as a risk factor for chronic constipation in children. *J Pediatr Gastroenterol Nutr* 1999; 29(2): 132-5.
- 14.** Murakami K, Sasaki S, Okubo H, Takahashi Y, Hosoi Y, Itabashi M. Association between dietary fiber, water and magnesium intake and functional constipation among young Japanese women. *Eur J Clin Nutr* 2007; 61(5): 616-22.
- 15.** Ghoshal UC. Review of pathogenesis and management of constipation. *Trop Gastroenterol* 2007; 28(3): 91-5.
- 16.** Costa ML, Oliveira JN, Tahan S, Morais MB. Overweight and constipation in adolescents. *BMC Gastroenterol* 2011; 11: 40.
- 17.** Pecora P, Suraci C, Antonelli M, De MS, Marrocco W. Constipation and obesity: a statistical analysis. *Boll Soc Ital Biol Sper* 1981; 57(23): 2384-8.
- 18.** Pashankar DS, Loening-Baucke V. Increased prevalence of obesity in children with functional constipation evaluated in an academic medical center. *Pediatrics* 2005; 116(3): e377-e380.
- 19.** Bercik P, Verdu EF, Collins SM. Is irritable bowel syndrome a low-grade inflammatory bowel disease? *Gastroenterol Clin North Am* 2005; 34(2): 235-vii.
- 20.** Azizi F, Azadbakht L, Mirmiran P. Trends in overweight, obesity and central fat accumulation among Iranian adults between 1998-1999 and 2001-2002: Tehran lipid and glucose study. *Ann Nutr Metab* 2005; 49(1): 3-8.
- 21.** National Cholesterol Education Program (NCEP) Expert Panel on Detection, Evaluation, and Treatment of High Blood Cholesterol in Adults (Adult Treatment Panel III). Third Report of the National Cholesterol Education Program (NCEP) Expert Panel on Detection, Evaluation, and Treatment of High Blood Cholesterol in Adults (Adult Treatment Panel III) final report. *Circulation* 2002; 106(25): 3143-421.
- 22.** Aminian-far S, Saneei P, Nouri M, Shafiei R, Hassanzadeh-Keshteli A, Esmaillzadeh A, et al. Validation Study of Self-Reported Anthropometric Indices among the Staff of the Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran. *J Isfahan Med Sch* 2015; 33(346): 1318-27. [In Persian].
- 23.** Wald A, Van Thiel DH, Hoechstetter L, Gavaler JS, Egler KM, Verm R, et al. Gastrointestinal transit: the effect of the menstrual cycle. *Gastroenterology* 1981; 80(6): 1497-500.

The Association between Obesity, Constipation, and Functional Constipation in Iranian Adults

Najmeh Salek¹, Adeleh Dadkhah¹, Parvaneh Saneei MSc², Ammar Hassanzadeh-Keshteli MD³, Ahmad Esmaillzadeh PhD⁴, Peyman Adibi MD⁵

Original Article

Abstract

Background: Constipation is a common disorder of the gastrointestinal tract which affects the quality of life (QOL) of patients. However, findings of studies on the relationship between obesity and constipation are conflicting. The aim of the present study was to assess the relationship of general and central obesity with constipation and functional constipation in a large group of Iranian adults.

Methods: This cross-sectional study was conducted on 4457 adults, through obtaining anthropometric measures using a validated self-report questionnaire. The subjects were classified into three categories of normal weight, overweight, and obese based on their body mass index (BMI) and normal, central overweight, and central obesity based on their waist circumference. The prevalence of constipation, functional constipation, and its components was investigated according to Rome III criteria.

Findings: The prevalence of constipation and functional constipation among the study population was 33.6% and 15.3%, respectively. After adjustment for potentially confounding factors, obese individuals were at a 32% greater risk of constipation compared to those with normal BMI (OR: 1.32; 95% CI: 1.03-1.71). There was no significant association between general obesity and functional constipation. Gender-stratified analysis revealed a significant association between overweight and obesity, and constipation among women in the crude model; overweight women (OR: 1.21; 95% CI: 1.02-1.45) and obese women compared to women with normal BMI (OR: 1.65; 95% CI: 1.26-2.15) were 21% and 65% more likely to have constipation. Although significant associations were found between abdominal obesity, and constipation and functional constipation in the crude model, these associations disappeared with adjustment for confounding factors. Gender-stratified analysis revealed no significant associations between abdominal obesity, and risk of constipation or functional constipation in men or women.

Conclusion: General obesity was associated with a significant increase in the risk of constipation, while abdominal obesity was not associated with constipation and functional constipation. General obesity was related to increased risk of constipation in women. However, no significant association was found between constipation and functional constipation, and obesity or abdominal obesity in men.

Keywords: Constipation, Functional constipation, Body mass index (BMI), General obesity, Abdominal obesity

Citation: Salek N, Dadkhah A, Saneei P, Hassanzadeh-Keshteli A, Esmaillzadeh A, Adibi P. **The Association between Obesity, Constipation, and Functional Constipation in Iranian Adults.** J Isfahan Med Sch 2016; 33(368): 2429-39

1- Student of Medicine, School of Medicine AND Student Research Committee, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
2- PhD Candidate, Food Security Research Center AND Student Research Committee AND Department of Nutrition, School of Nutrition and Food Sciences, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

3- General Practitioner, Integrative Functional Gastroenterology Research Center, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
4- Professor, Food Security Research Center AND Department of Community Nutrition, School of Nutrition and Food Sciences, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

5- Professor, Integrative Functional Gastroenterology Research Center, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
Corresponding Author: Peyman Adibi MD, Email: adibi@med.mui.ac.ir

بررسی فراوانی نسبی دیابت و پرهدیابت در بیماران مبتلا به کبد چرب غیر الکلی و مقایسه با گروه شاهد

دکتر بهرام پاکزاد^۱، نیما عباسی ولدانی^۲، مجتبی اکبری^۳

مقاله پژوهشی

چکیده

مقدمه: کبد چرب غیر الکلی، شایع‌ترین بیماری مزمن کبدی در کشورهای صنعتی غربی است. پاتوژن کبد چرب غیر الکلی به طور قطعی مشخص نشده است، اما بیشترین و گستردترین تئوری که حمایت می‌شود، مکانیسم مقاومت به انسولین است. از این رو، هدف از انجام مطالعه‌ی حاضر، بررسی فراوانی نسبی دیابت و پرهدیابت در بیماران مبتلا به کبد چرب غیر الکلی بود.

روش‌ها: مطالعه‌ی حاضر بر روی ۸۰ فرد بیمار و ۲۶ فرد سالم که از لحاظ سن و جنس با بیماران همسان‌سازی شده بودند، انجام گرفت. کبد چرب غیر الکلی در بیماران با استفاده از سونوگرافی به اثبات رسید و بیماران انتخاب شدند. از هر فرد، ۵ سی‌سی خون دریافت و به آزمایشگاه پاتولوژی ارسال شد و مورد آنالیز قرار گرفت. داده‌های کمی با استفاده از آزمون t و داده‌های کیفی با استفاده از آزمون χ^2 مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. در صورت نیاز، از آزمون‌های Multivariate نظیر انواع رگرسیون استفاده شد.

یافته‌ها: از کل شرکت کنندگان، ۶۴ نفر (۳۶٪ درصد) مرد بودند. میانگین سنی افراد در گروه مورد، برابر با $۴۸/۸ \pm ۱۰/۸$ سال و در گروه شاهد، برابر با $۴۲/۳ \pm ۱۳/۴$ سال بود. از کل افراد مورد مطالعه، نفر (۴۱٪ درصد) مبتلا به پرهدیابت و ۱۱ نفر (۱۰٪ درصد) مبتلا به دیابت بودند که همگی در گروه مورد بودند و در گروه شاهد، هیچ فردی مبتلا به پرهدیابت ($P < 0.001$) یا دیابت ($P = 0.046$) نبود. پس از حذف سن به عنوان یک عامل مخدوش‌گر، هموگلوبین A1c (Glycated hemoglobin A1c)، قند خون ناشتا، انسولین، کلسترول، اسپارتات اینتامیناز (AST) وAlanine transaminase (ALT) به عنوان یک عامل مخدوش‌گر، تنها هموگلوبین A1c، قند خون ناشتا، انسولین و ALT تفاوت معنی‌داری میان دو گروه نشان دادند.

نتیجه‌گیری: شیوع دیابت در بیماران مبتلا به کبد چرب غیر الکلی بالا می‌باشد که حتی با حذف عوامل مخدوش‌گر، عوامل مرتبط با دیابت مانند هموگلوبین A1c قند خون ناشتا و انسولین، با این بیماری ارتباط معنی‌داری دارد. این امر، نشان دهنده ارتباط محکم میان این دو بیماری می‌باشد.

وازگان کلیدی: کبد چرب غیر الکلی، دیابت، پرهدیابت

ارجاع: پاکزاد بهرام، عباسی ولدانی نیما، اکبری مجتبی. بررسی فراوانی نسبی دیابت و پرهدیابت در بیماران مبتلا به کبد چرب غیر الکلی و مقایسه با گروه شاهد. مجله دانشکده پزشکی اصفهان ۱۳۹۴؛ ۳۳(۳۶۸): ۲۴۴۰-۲۴۴۷

مقدمه

کبد چرب غیر الکلی، یک طیف وسیع از وضعیت آسیب‌های بالینی است که با رسوب چربی در پارانشیم کبد در بیمارانی که الكل مصرف نکرده‌اند شناخته می‌شود (۱). کبد چرب غیر الکلی، شایع‌ترین بیماری مزمن کبدی در کشورهای صنعتی غربی است و شیوع آن، ۲۰-۴۰ درصد جمعیت عمومی می‌باشد (۲). تخمین زده می‌شود که شیوع این بیماری در Asia-Pacific از ۵-۳۰ درصد بسته

به مطالعات جمعیتی، متفاوت است. شیوع کبد چرب غیر الکلی در مردان، افراد مسن و کسانی که دارای فشار خون بالا، چاقی و دیابت هستند، افزایش می‌یابد (۳). پاتوژن کبد چرب غیر الکلی، به طور قطعی مشخص نشده است، اما بیشترین و گستردترین تئوری که حمایت می‌شود، مکانیسم مقاومت به انسولین است که باعث Hepatic steatosis می‌شود (۴). بیشترین بیماران دچار کبد چرب غیر الکلی بی‌علامت هستند، اگر چه

- ۱- استادیار، گروه داخلی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان، اصفهان، ایران
- ۲- دانشجوی پزشکی، دانشکده پزشکی و کمیته تحقیقات دانشجویی، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان، اصفهان، ایران
- ۳- کارشناس ارشد، گروه اپیدمیولوژی، دانشکده بهداست، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان، اصفهان، ایران

Email: nima.abbasi69@yahoo.com

نویسنده‌ی مسؤول: نیما عباسی ولدانی

علایم بالینی در دیابت عبارت از پر ادراری (Polyuria)، تشنجی (Polyuria) و بیدار شدن در شب برای دفع ادرار (Nucturia) می‌باشدند. از عوارض دیابت، می‌توان به طبقه از مشکلات عروق خونی بزرگ (Macro vascular) شامل مشکلات قلبی-عروقی، کلیوی و مشکلات عروق خونی کوچک (Micro vascular) (شامل رتینوپاتی، نفروپاتی و مشکلات پا مثل زخم دیابتی اشاره کرد (۱۱).

مقاومت انسولینی پریفرال (Peripheral insulin resistant) (P) مکانیسم مرکزی ایجاد بیماری در کبد چرب غیر الکلی و دیابت ملیتوس نوع ۲ است و همچنین، کبد چرب غیر الکلی و دیابت ملیتوس نوع ۲، به طور زیادی وابسته به ژنتیک و رژیم غذایی هستند و این دو بیماری بسیار در جمعیت ایرانی شایع هستند (۱۲).

مطالعات مقطعی (Cross sectional studies)، دیابت ملیتوس نوع ۲ را با ایجاد هیستولوژی بدتر در کبد چرب غیر الکلی و همچنین، احتمال ایجاد خطر بالاتر پیشرفت و تهاجمی تر شدن بیماری مرتبط دانسته‌اند (۱۴). همچنین، شواهد بسیاری پیشنهاد می‌کند که بیماران دارای دیابت ملیتوس، در معرض افزایش خطر ایجاد حالات پیشرفت کننده‌ی کبد چرب غیر الکلی مثل NASH هستند (۱) و در نتیجه، دچار سیروز می‌شوند و میزان مرگ و میر افراد دچار سیروز، ۲ برابر جمعیت عادی است (۱۳).

مرات و همکاران، طی مطالعه‌ی در بیمارستان شریعتی تهران با بررسی شیوع کبد چرب در بین افراد مبتلا به دیابت نوع ۲ و ارتباط آن با مقاومت به انسولین، دریافتند که شیوع کبد چرب غیر الکلی در بین مبتلایان به دیابت ملیتوس نوع ۲ بالا می‌باشد، اما به نظر رسید مقاومت به انسولین در این مطالعه، نقشی در بروز کبد چرب غیر الکلی در این بیماران نداشته است (۱۳). با توجه به این که مطالعه‌ای در ایران در زمینه‌ی میزان شیوع دیابت و پرده دیابت در بیماران دارای کبد چرب غیر الکلی انجام نشده بود، مطالعه‌ی حاضر با هدف بررسی شیوع دیابت و پرده دیابت در بیماران مبتلا به کبد چرب غیر الکلی انجام شد تا نتایج آن به مسؤولان بهداشتی - درمانی ارایه گردد و در جهت پیش‌گیری از ایجاد دیابت و پرده دیابت در بیماران دچار کبد چرب غیر الکلی و یا جلوگیری از پیشرفت بیماری در مبتلایان به دیابت و همچنین، پیش‌گیری از ایجاد عوارض پیش‌رونده‌ی کبد چرب غیر الکلی مانند سیروز، تا حد امکان تمهدات لازم اندیشیده شود.

روش‌ها

این مطالعه، یک مطالعه مورد-شاهدی بود. گروه مورد شامل ۸۰ بیمار مبتلا به کبد چرب غیر الکلی (تشخیص قطعی با استفاده از سونوگرافی) مراجعه کننده به درمانگاه‌های ویژه‌ی بیمارستان‌های

خستگی، ضعف و احساس ناراحتی در قسمت فوقانی راست شکم، باعث ترغیب بیماران برای بررسی‌های پزشکی می‌شود. بیشترین تظاهر این بیماری، افزایش آمینوترانسفرازهای کبدی در بررسی‌های معمول آزمایشگاهی می‌باشد. در ۹۰ درصد بیماران، سطح سرمی Aspartate transaminase (ALT) Alanine transaminase (AST) (۵) در این طیف وسیع، استاتوره به تهابی به نظر خوش‌خیم می‌آید، اما Nonalcoholic steatohepatitis (NASH) که با رژیم‌اسیون بالون مانند و فیروز پری‌سلولار شناخته می‌شود، می‌تواند پیشرفت کند (۶-۷) و به سیروز تبدیل شود.

دیابت ملیتوس، مجموعه‌ای از بیماری‌ها می‌باشد که با هایپرگلایسمی و مقاومت به انسولین شناخته می‌شود. دیابت ملیتوس، یکی از مشکلات بزرگ در زمینه‌ی سلامت عمومی در کشورهای پیشرفته و در حال توسعه است (۸). هر چند عوامل خطر ایجاد دیابت در کشورهای مختلف با هم تفاوت دارد، اما تخمین زده می‌شود که میزان آن در سال ۲۰۳۰ بیش از دو برابر میزان آن در سال ۲۰۰۰ خواهد بود (۹). سابقه‌ی خانوادگی مثبت، نژاد، جنس مؤنث و وضعیت‌های مرتبط با مقاومت به انسولین، عوامل خطر در زمینه‌ی ایجاد دیابت هستند (۴).

پرده دیابت نیز دوره‌ای قبل از بروز دیابت است و با قند خون ناشایی مختلط (قند بین ۱۰۰-۱۲۵ میلی گرم بر دسی‌لیتر) و اختلال عمل گلوکز (قند بین ۹۹-۱۴۰ میلی گرم بر دسی‌لیتر) شناخته می‌شود (۱۰-۱۱). همچنین، اگر میزان Glycated hemoglobin (HbA1c) بین ۶/۴-۷/۵ درصد باشد، نشان دهنده‌ی وجود پرده دیابت در بالغین می‌باشد، اما مطالعات بیشتری در مورد اطفال نیاز است (۱۱).

تشخیص دیابت ملیتوس نوع دو، بر اساس راهنمای American diabetes association (ADA) شامل وجود یکی از ۴ معیار زیر می‌باشد:

- ۱) قند خون ناشتا (FBS) یا blood sugar < ۱۲۶ میلی گرم بر دسی‌لیتر،
- ۲) علامت هایپرگلایسمی و داشتن گلوکز > ۲۰۰ میلی گرم بر دسی‌لیتر در یک نمونه‌گیری اتفاقی گلوکز پلاسمای وریدی،
- ۳) از گلوکز پلاسمای < ۲۰۰ میلی گرم بر دسی‌لیتر است که ۲ ساعت بعد از گرفتن گلوکز خوراکی به میزان ۱/۷۵ گرم بر کیلوگرم (حداکثر ۷۵ گرم) اندازه‌گیری شود.
- ۴) HbA1c < ۶/۵ درصد (۱۱).

دیابت نوع ۱، نتیجه‌ی فقدان خود اینمنی سلول‌های تولید کننده انسولین به نام سلول بتا در جزایر لانگرهانس است که از نظر تشخیص آزمایشگاهی، مشابه دیابت نوع ۲ می‌باشد (۱۲).

سنی افراد در گروه مورد، $48/8 \pm 10/8$ سال و در گروه شاهد، $42/3 \pm 13/4$ سال بود. تنها تفاوت میان گروه شاهد و مورد، در متغیر HDL معنی دار نبود و تفاوت دیگر متغیرها معنی دار بود؛ به گونه‌ای که HbA1c در گروه مورد بالاتر از گروه شاهد بود و میانگین آن در گروه مورد $5/7$ و در گروه شاهد، $4/9$ میلی‌مول بر لیتر بود ($P < 0.001$).

همچنین، کلسترول در گروه مورد بالاتر از گروه شاهد بود و میانگین آن در گروه مورد $200/8$ و در گروه شاهد $174/4$ میلی‌گرم بر دسی‌لیتر بود ($P = 0.001$). LDL در گروه مورد بالاتر از گروه شاهد بود و میانگین آن در گروه مورد 115 و در گروه شاهد 97 میلی‌گرم بر دسی‌لیتر بود ($P = 0.015$).

TG در گروه مورد بالاتر از گروه شاهد بود و میانگین آن در گروه مورد $184/3$ و در گروه شاهد $125/2$ میلی‌گرم بر دسی‌لیتر بود ($P = 0.004$). میانگین AST در گروه مورد $32/2$ واحد بین‌المللی بر میلی‌لیتر (الاتر از گروه شاهد) $20/8$ واحد بین‌المللی بر میلی‌لیتر بود ($P = 0.001$).

همچنین، میانگین قند ۲ ساعته در گروه مورد بالاتر از گروه شاهد و به ترتیب $135/4$ و $121/2$ میلی‌گرم بر دسی‌لیتر بود ($P = 0.004$).

BMI در گروه مورد بالاتر از گروه شاهد بود؛ به گونه‌ای که در گروه مورد $28/6$ و در گروه شاهد $25/0$ کیلوگرم بر مترمربع بود ($P < 0.001$). میانگین قند خون ناشتا در گروه مورد بالاتر از گروه شاهد و به ترتیب $103/1$ و $89/3$ میلی‌گرم بر دسی‌لیتر بود ($P < 0.001$).

از طرفی، انسولین در گروه مورد بالاتر از گروه شاهد بود و میانگین آن در گروه مورد، $19/7$ و در گروه شاهد $8/5$ واحد بین‌المللی بر میلی‌لیتر بود ($P < 0.001$). همچنین، ALT در گروه مورد $34/2$ واحد بین‌المللی بر میلی‌لیتر (الاتر از گروه شاهد) $19/6$ واحد بین‌المللی بر میلی‌لیتر بود؛ این اختلاف از لحاظ آماری معنی دار بود ($P < 0.001$) (جدول ۱).

از کل افراد مورد مطالعه، نفر 44 درصد مبتلا به پرهدیابت و 11 نفر ($10/4$ درصد) مبتلا به دیابت بودند که همگی در گروه مورد بودند و در گروه شاهد، هیچ فردی مبتلا به پرهدیابت ($P < 0.001$) یا دیابت ($P = 0.046$) نبود (جدول ۲).

همچنین، با حذف BMI به عنوان یک عامل مخدوش‌گر، تنها هموگلوبین A1c، قند خون ناشتا، انسولین و ALT تفاوت معنی داری میان دو گروه نشان دادند.

بحث

کبد چرب غیر الکلی، یک طیف وسیع از وضعیت آسیب‌های بالینی

آموزشی دانشگاه علوم پزشکی اصفهان و گروه شاهد، شامل 26 فرد سالم بود که از نظر سن و جنس با بیماران همسان‌سازی شده بودند. معیارهای ورود شامل بیماران با تشخیص قطعی کبد چرب غیر الکلی با استفاده از سونوگرافی و دارای رضایت‌نامه‌ی تکبی جهت شرکت در مطالعه بودند. معیارهای خروج شامل عدم رضایت به ورود به مطالعه و یا ادامه‌ی همکاری، مصرف الکل و وجود بیماری‌های دیگری به غیر از کبد چرب غیر الکلی و دیابت مثل سرطان بودند.

پس از مراجعه‌ی بیماران به درمانگاه، افرادی که دارای پرونده‌ی پزشکی و تشخیص قطعی کبد چرب غیر الکلی با استفاده از سونوگرافی بودند، انتخاب شدند و این گردآوری بیماران تا پر شدن حجم نمونه به طور تصادفی ادامه داشت. از هر فرد، 5 سی‌سی خون دریافت و به آزمایشگاه پاتولوژی منتقل شد و مورد آنالیز قرار گرفت. در این مطالعه، متغیرهایی از جمله فراوانی نسبی دیابت و پرهدیابت و میانگین انسولین، کلسترول، FBS، AST، ALT، HbA1c، LDL، HDL، TG، 2 hour post prandial blood sugar، (HDL) Body mass index (BS2hpp)، در جدول متغیرها ذکر شده است) و نیز میزان فعالیت بدنه‌ی بر اساس رتبه‌بندی کافی (۴-۵ روز در هفته، روزانه به مدت حداقل ۳۰ دقیقه) و کم (یک روز در هفته یا به فاصله‌ی بیش از یک هفته بدون در نظر گرفتن مدت فعالیت)، مصرف میوه و سبزیجات بر اساس رتبه‌بندی کافی (یک لیوان آب سبزی یا آب میوه در روز) و کم (علم مصرف میوه و سبزی در روز) و مصرف ماهی بر اساس رتبه‌بندی کافی (یک بار در هفته) و کم (مصرف ماهی به طور نامنظم و با فاصله‌ی زمانی بیش از یک هفته) در بیماران اندازه‌گیری شد.

داده‌های کمی بر اساس میانگین و انحراف معیار و داده‌های کیفی بر اساس فراوانی و درصد ارایه شد. داده‌های کمی با استفاده از آزمون t و داده‌های کیفی با استفاده از آزمون χ^2 مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. در صورت نیاز، از آزمون‌های Multivariate Rگرسیون استفاده شد. $P < 0.05$ به عنوان سطح معنی داری در نظر گرفته شد.

یافته‌ها

مطالعه‌ی حاضر به منظور بررسی فراوانی دیابت و پرهدیابت در بیماران مبتلا به کبد چرب غیر الکلی و مقایسه با گروه شاهد انجام شد. از تعداد 106 فرد مورد مطالعه، نفر 80 (۷۵/۴ درصد) در گروه مورد و 26 نفر (۲۴/۵ درصد) در گروه شاهد بودند. 64 نفر (۶۰/۳ درصد) زن و 42 نفر (۳۹/۷ درصد) مرد بودند که میانگین

چرب غیر الکلی به طور قطعی مشخص نشده است، اما بیشترین و گسترده‌ترین تنوری که حمایت می‌شود، مکانیسم مقاومت به انسولین است که باعث Hepatic Steatosis می‌گردد (۴). از این روز، هدف از مطالعه‌ی حاضر، بررسی فراوانی نسبی دیابت و پرده‌دیابت در بیماران مبتلا به کبد چرب غیر الکلی و مقایسه‌ی آن با گروه شاهد می‌باشد.

است که با رسوب چربی در پارانشیم کبد در بیمارانی که الکل مصرف نکرده‌اند، شناخته می‌شود (۱). کبد چرب غیر الکلی، شایع‌ترین بیماری مزمن کبدی در کشورهای صنعتی غربی است و شیوع آن، ۲۰–۴۰ درصد جمعیت عمومی می‌باشد (۲). شیوع کبد چرب غیر الکلی در مردان، افراد مسن و کسانی که دارای فشار خون بالا، چاقی و دیابت هستند، افزایش می‌یابد (۳). پاتوژنز کبد

جدول ۱. میانگین و انحراف معیار متغیرهای آزمایشگاهی و سن در گروه‌های مورد (n = ۸۰) و شاهد (n = ۲۶)

P	مقدار	میانگین ± انحراف معیار	گروه	متغیر
0/۰۳۲		۴۸/۸ ± ۱۰/۸	مورد	سن (سال)
		۴۲/۳ ± ۱۳/۴	شاهد	
< 0/۰۰۱		۵/۷ ± ۰/۷۲	مورد	HbA1c (mmol/lit)
		۴/۹ ± ۰/۶۸	شاهد	
0/۰۰۱		۲۰۰/۸ ± ۳۷/۶	مورد	کلسترول (mg/dl)
		۱۷۴/۴ ± ۲۸/۲	شاهد	
0/۰۱۵		۱۱۵/۰ ± ۳۱/۰	مورد	LDL (mg/dl)
		۹۷/۷ ± ۲۹/۸	شاهد	
0/۴۹۷		۴۷/۰ ± ۱۱/۰	مورد	HDL (mg/dl)
		۴۵/۲ ± ۱۱/۳	شاهد	
0/۰۰۴		۱۸۴/۳ ± ۱۰۵/۹	مورد	TG (mg/dl)
		۱۲۵/۲ ± ۷۹/۱	شاهد	
0/۰۰۱		۳۲/۲ ± ۱۶/۳	مورد	AST (IU/ml)
		۲۰/۸ ± ۸/۳	شاهد	
0/۰۲۸		۱۳۵/۳ ± ۳۰/۹	مورد	قند ۲ ساعت بعد از ناشتا (BS2hpp) (mg/dl)
		۱۲۱/۲ ± ۱۶/۳	شاهد	
< 0/۰۰۱		۲۸/۶ ± ۳/۶	مورد	BMI ² (kg/m ²)
		۲۵/۰ ± ۳/۵	شاهد	
< 0/۰۰۱		۱۰۳/۱ ± ۱۷/۶	مورد	FBS (mg/dl)
		۸۹/۳ ± ۱۱/۵	شاهد	
< 0/۰۰۱		۱۹/۷ ± ۲۶/۲	مورد	انسولین (IU/ml)
		۸/۵ ± ۲/۵	شاهد	
< 0/۰۰۱		۴۴/۲ ± ۳۰/۱	مورد	ALT (IU/ml)
		۱۹/۶ ± ۹/۲	شاهد	
0/۲۶۴		۲۹/۲ ± ۳۰/۱	مورد	25(OH)D (ng/ml)
		۲۸/۶ ± ۲۵/۶	شاهد	

HbA1c: Glycated hemoglobin; LDL: Low density lipoprotein; HDL: High density lipoprotein; TG: Triglyceride; AST: Aspartate aminotransferase; ALT: Alanine aminotransferase; FBS: Fast blood sugar; BMI: Body mass index; BS2hpp: 2 hour post prandial blood sugar; 25(OH)D: 25-hydroxyvitamin D

جدول ۲. فراوانی متغیرهای کیفی مورد بررسی در دو گروه مورد و شاهد

متغیر	میزان فعالیت فیزیکی	صرف میوه و سبزیجات	صرف ماهی	دیابت	پرده دیابت
گروه	ندارد	دارد	ندارد	دارد	< ۰/۰۰۱
متغیر	کافی	کم	کافی	کم	۰/۰۴۶
شاهد	۰ (۰)	۴۴ (۵۵/۰)	۳۶ (۴۵/۰)	۱۱ (۱۳/۸)	۲۶ (۱۰۰)
مقدار P					
مورد	۰ (۰)	۶۲ (۷۷/۵)	۱۸ (۲۲/۵)	۱۶ (۶۱/۵)	۰/۱۰۹
تعادل (درصد)	۶۹ (۸۶/۲)	۵۱ (۶۳/۸)	۲۹ (۳۶/۲)	۲۶ (۱۰۰)	۰/۰۶۸
تعادل (درصد)	۱۰ (۳۸/۵)	۱۸ (۲۲/۵)	۹ (۳۴/۶)	۱۷ (۶۵/۴)	۰/۰۶۸
کافی	۶۱ (۷۶/۲)	۱۵ (۵۷/۷)	۱۱ (۴۲/۳)	۱۵ (۵۷/۷)	۰/۰۷۸
کم	۱۹ (۲۳/۸)				

$24/8 \pm 3/8$ کیلوگرم بر مترمربع بود که این اختلاف، از لحاظ آماری معنی دار بود. دورکمر، تری گلیسرید و BMI بین دو گروه از لحاظ آماری معنی دار بود (۱۷).

مطالعات اخیر نشان داده اند که سندرم متابولیک با افزایش شیوع مطالعات اخیر نشان داده اند که سندرم متابولیک با افزایش شیوع NAFLD Non-alcoholic fatty liver disease چند سیر دقیق و قایعی که منجر به بروز NAFLD می شوند، هنوز شناخته نشده اند. سندرم متابولیک با مجموعه ای از عوامل خطر عمده ای قلبی - عروقی در حضور مقاومت به انسولین شناخته می شود. مقاومت به انسولین، مسؤول ایجاد اختلال ذخیره ای چربی و لیپولیز در بافت های حساس به انسولین است که موجب افزایش جریان اسیدهای چرب از بافت چربی به کبد و ایجاد استئاتوز می شود. علاوه بر این، مقاومت به انسولین، باعث پراکسیداسیون چربی می شود که خود باعث فعل شدن سیتوکالین های التهابی و تسهیل پیشرفت استئاتوز ساده به سمت استاتوھپاتیت غیر الکلی و فیروز کبدی می شود (۱۸).

مطالعات گذشته نگر متعددی جنس مؤنث، چاقی، هایپرگلیسمی و هایپرلیپیدمی را به عنوان عوامل خطر بیماری کبد چرب غیر الکلی معرفی کرده اند. عوامل خطر شناخته شده ای این بیماری شامل تغذیه ای کامل وریدی، سوء تغذیه ای پروتئین - کالری، با یک سیستماتیک و گروهی از داروها می باشدند (۱۹، ۲۰).

Bacon و همکاران بیان کردند که بیماری کبد چرب غیر الکلی، می تواند در بسیاری از افراد بدون عامل خطر شناخته شده ایجاد شود (۲۱)؛ اما در نهایت، NAFLD با چاقی و افزایش مقاومت به انسولین به عنوان دو عامل خطر شناخته شده قوی مرتبط است (۲۰-۲۱). شیوع بالای NAFLD و ناکافی بودن اطلاعات در زمینه سیر طبیعی آن، باعث اختلاف نظر در توصیه به انجام روش های تشخیصی

اکثر مطالعات انجام شده در خصوص رابطه و شیوع دیابت و کبد چرب غیر الکلی به بیان این مسئله پرداختند که بیماران مبتلا به دیابت، نسبت به دیگر افراد جامعه بیشتر مبتلا به کبد چرب غیر الکلی می شوند، اما در مطالعه حاضر، به بررسی شیوع دیابت در بیماران مبتلا به کبد چرب غیر الکلی پرداخته شد که در این زمینه مطالعات اندکی وجود دارد. در مطالعه های Willner و همکاران با بررسی رابطه ای NASH با میزان مقاومت به انسولین، مشاهده شد که ۸۵ درصد بیماران مبتلا به NASH در شرایط پرده دیابت بودند که با گذشت زمان، اغلب این افراد مبتلا به دیابت خواهند شد که این عدد در مطالعه حاضر ۵۵ درصد و بسیار کمتر از مطالعه های Willner و همکاران به دست آمد (۱۵).

Musso و همکاران در یک مطالعه سیستماتیک و متابالیز به منظور بررسی کبد چرب غیر الکلی، به ۴۰ مقاله مرتبط با پاتوفیزیولوژی کبد چرب غیر الکلی و ۳۲ مقاله مرتبط با روش های تشخیصی پرداخته اند. آنان نشان دادند که شیوع کبد چرب غیر الکلی در بین افراد مبتلا به دیابت و از طرفی، شیوع دیابت در بیماران مبتلا به کبد چرب غیر الکلی، بالا می باشد و کبد چرب غیر الکلی، یک عامل خطر برای ابتلا به دیابت می باشد. در این مطالعه، با بررسی ۷۲ مقاله، مشخص شد که خطر ابتلا به دیابت در بیماران مبتلا به کبد چرب غیر الکلی ۲ برابر بیشتر از افراد دیگر جامعه است که علت این واقعه در این مطالعه، بیشتر به خاطر افزایش مقاومت به انسولین و افزایش آنزیم های کبدی بیان شده است (۱۶).

حسین پناه و همکاران در مطالعه ای نشان دادند که در مجموع از ۷۶ بیمار مبتلا به دیابت مورد مطالعه، ۶۳ بیمار (۸۲/۹ درصد) مبتلا به استئاتوز کبدی بودند. متوسط شاخص توده بدنی در مبتلایان به استئاتوز $29/4 \pm 4/5$ کیلوگرم بر مترمربع و در غیر مبتلایان

خون ناشتا، انسولین، کلسترول، AST و قند خون دو ساعته می‌باشند. همچنین، با حذف BMI به عنوان یک عامل مخدوش‌گر، تنها HbA1c قند خون ناشتا، انسولین و ALT تفاوت معنی‌داری میان دو گروه نشان دادند که این عوامل با وجود استاتوتوزیس ارتباط نشان دادند. این نتایج، نشان می‌دهد که شیوع دیابت در بیماران مبتلا به کبد چرب غیر الکی، بالا می‌باشد و حتی با حذف عوامل مخدوش‌گر، عوامل مرتبط با دیابت مانند HbA1c، قند خون ناشتا و انسولین ارتباط معنی‌داری داشتند که نشان دهنده ارتباط محکم میان این دو بیماری می‌باشد.

تشکر و قدردانی

این مقاله حاصل پایان‌نامه‌ی دوره‌ی دکترای حرفه‌ای نیما عباسی ولدانی به شماره ۲۹۲۶۲ مصوب حوزه‌ی معاونت محترم پژوهشی دانشگاه علوم پزشکی اصفهان است که با حمایت‌های معنوی و مادی این معاونت به انجام رسید. بدین وسیله از زحمات این عزیزان تقدیر و تشکر به عمل می‌آید.

تهاجمی یا اقدام به ابداع روش‌های درمانی جدید شده است. تلاش‌ها برای پیش‌گیری یا درمان NAFLD به دلیل فقدان اطلاعات کافی در مورد پاتولوژی بیماری سیار محدود هستند، اما به هر حال، انتیولوژی‌های بیماری به دو دسته‌ی کلی داروها و سموم و نیز اختلالات متابولیک تقسیم‌بندی می‌شوند، هر چند NAFLD به عنوان طیفی از بیماری‌های کبدی با ماهیت چند عاملی شناخته می‌شود. در مطالعه‌ی حاضر، استاتوتوز کبدی به کمک سونوگرافی مورد ارزیابی قرار گرفت که حساسیت و اختصاصیت آن در مقایسه با معیار بافت شناختی به عنوان استاندارد طلایی به ترتیب ۸۳ درصد و ۱۰۰ درصد گزارش شده است (۲۲-۲۳).

در این پژوهش، عوامل خطر مطرح شده برای استاتوتوز کبدی (قند خون ناشتا، شاخص توده‌ی بدنی، سطح پلاسمایی تری‌گلیسرید، کلسترول تام، آنزیم‌های کبدی و HbA1c) با حذف عوامل مخدوش‌گر مورد بررسی قرار گرفت که پس از حذف سن به عنوان یک عامل مخدوش‌گر، تنها متغیرهایی که هنوز تفاوت معنی‌داری میان دو گروه داشتند و در گروه مورد بیشتر بودند، شامل HbA1c، قند

References

- Younossi ZM, Gramlich T, Matteoni CA, Boparai N, McCullough AJ. Nonalcoholic fatty liver disease in patients with type 2 diabetes. *Clin Gastroenterol Hepatol* 2004; 2(3): 262-5.
- Chitturi S, Farrell GC, Hashimoto E, Saibara T, Lau GK, Sollano JD. Non-alcoholic fatty liver disease in the Asia-Pacific region: definitions and overview of proposed guidelines. *J Gastroenterol Hepatol* 2007; 22(6): 778-87.
- Amarapurkar DN, Hashimoto E, Lesmana LA, Sollano JD, Chen PJ, Goh KL. How common is non-alcoholic fatty liver disease in the Asia-Pacific region and are there local differences? *J Gastroenterol Hepatol* 2007; 22(6): 788-93.
- Sheth SG, Gordon FD, Chopra S. Nonalcoholic steatohepatitis. *Ann Intern Med* 1997; 126(2): 137-45.
- Bacon BR, Farahvash MJ, Janney CG, Neuschwander-Tetri BA. Nonalcoholic steatohepatitis: an expanded clinical entity. *Gastroenterology* 1994; 107(4): 1103-9.
- Mulhall BP, Ong JP, Younossi ZM. Non-alcoholic fatty liver disease: an overview. *J Gastroenterol Hepatol* 2002; 17(11): 1136-43.
- Younossi ZM, Diehl AM, Ong JP. Nonalcoholic fatty liver disease: an agenda for clinical research. *Hepatology* 2002; 35(4): 746-52.
- Islam MR, Arslan I, Attia J, McEvoy M, McElduff P, Basher A, et al. Is serum zinc level associated with prediabetes and diabetes?: a cross-sectional study from Bangladesh. *PLoS One* 2013; 8(4): e61776.
- Wild S, Roglic G, Green A, Sicree R, King H. Global prevalence of diabetes: estimates for the year 2000 and projections for 2030. *Diabetes Care* 2004; 27(5): 1047-53.
- Beleteate V, El Dib RP, Atallah AN. Zinc supplementation for the prevention of type 2 diabetes mellitus. *Cochrane Database Syst Rev* 2007; (1): CD005525.
- Diagnosis and classification of diabetes mellitus. *Diabetes Care* 2011; 34(Suppl 1): S62-S69.
- Atkinson MA, Maclaren NK. The Pathogenesis of Insulin-Dependent Diabetes Mellitus. *N Engl J Med* 1994; 331(21): 1428-36.
- Merat S, Yarahmadi S, Tahaghoghi S, Alizadeh Z, Sedighi N, Mansournia N, et al. Prevalence of fatty liver disease among type 2 diabetes mellitus patients and its relation to insulin resistance. *Middle East J Dig Dis* 2009; 1(2): 74-9.
- Ortiz-Lopez C, Lomonaco R, Orsak B, Finch J, Chang Z, Kochunov VG, et al. Prevalence of prediabetes and diabetes and metabolic profile of patients with nonalcoholic fatty liver disease (NAFLD). *Diabetes Care* 2012; 35(4): 873-8.
- Willner IR, Waters B, Patil SR, Reuben A, Morelli J, Riely CA. Ninety patients with nonalcoholic steatohepatitis: insulin resistance, familial tendency, and severity of disease. *Am J Gastroenterol* 2001; 96(10): 2957-61.
- Musso G, Cassader M, Rosina F, Gambino R. Impact of current treatments on liver disease, glucose metabolism and cardiovascular risk in non-alcoholic fatty liver disease (NAFLD): a systematic review and meta-analysis of randomised trials. *Diabetologia* 2012; 55(4): 885-904.

17. Hossein Panah F, Sadeghi L, Rambod M, Foroutan M, Naseri M. Assessing predicting factors in non-alcoholic fatty liver disease (NAFLD) in type 2 diabetes. Pajouhesh Dar Pezeshki 2006; 30(10): 9-15. [In Persian].
18. Day CP, James OF. Steatohepatitis: a tale of two "hits"? Gastroenterology 1998; 114(4): 842-5.
19. Sanyal AJ. Mechanisms of Disease: pathogenesis of nonalcoholic fatty liver disease. Nat Clin Pract Gastroenterol Hepatol 2005; 2(1): 46-53.
20. Matteoni CA, Younossi ZM, Gramlich T, Boparai N, Liu YC, McCullough AJ. Nonalcoholic fatty liver disease: a spectrum of clinical and pathological severity. Gastroenterology 1999; 116(6): 1413-9.
21. Angulo P. Nonalcoholic fatty liver disease. N Engl J Med 2002; 346(16): 1221-31.
22. Osawa H, Mori Y. Sonographic diagnosis of fatty liver using a histogram technique that compares liver and renal cortical echo amplitudes. J Clin Ultrasound 1996; 24(1): 25-9.
23. Saverymuttu SH, Joseph AE, Maxwell JD. Ultrasound scanning in the detection of hepatic fibrosis and steatosis. Br Med J (Clin Res Ed) 1986; 292(6512): 13-5.

Determination of Frequency of Diabetes and Pre-Diabetes in Patients with Nonalcoholic Fatty Liver Disease and Comparison with a Control Group

Bahram Pakzad MD¹, Nima Abbasi-Veldani², Mojtaba Akbari MSc³

Original Article

Abstract

Background: Nonalcoholic fatty liver disease (NAFLD) is the most common chronic liver disease in Western industrialized countries. The pathogenesis of NAFLD has not been clearly determined, but the most widely supported theory is the mechanism of insulin resistance. Therefore, the aim of this study was to evaluate the frequency of diabetes and pre-diabetes in patients with NAFLD.

Methods: The present study was performed on 80 patients and 26 healthy controls matched for age and sex. Patients were diagnosed with NAFLD through ultrasound and were selected. From each participant, a 5 cc sample of blood was obtained and sent to a pathology laboratory for analysis. Quantitative data and qualitative data were analyzed using t-test and chi-square test, respectively. Moreover, multivariate tests, such as regression tests, were used where necessary.

Findings: Among the participants, 64 (60.3%) were women and 42 (39.7%) were men. The average age of the subjects in the case group was 48.8 ± 10.8 years and in the control group was 42.3 ± 13.4 years. Of the 106 participants, 44 patients (41.5%) had pre-diabetes and 11 (10.4%) had diabetes; all were in the case group. In the control group, no subjects had pre-diabetes ($P < 0.001$) or diabetes ($P = 0.046$). After removing age as a confounder, the only variables that differed significantly between the two groups and were higher in the case group were hemoglobin A1c (HbA1c), fasting plasma glucose, insulin, cholesterol, aspartate transaminase (AST), alanine transaminase (ALT), two-hour blood glucose. Moreover, with the removal of BMI as a confounder, only hemoglobin A1C, fasting blood glucose, insulin, and ALT showed significant differences between the two groups.

Conclusion: This study showed that the prevalence of diabetes in patients with NAFLD was high. Even with the removal of confounding factors, factors associated with diabetes, such as hemoglobin A1c, fasting plasma glucose, and insulin, had significant association with this disease, indicating a strong relationship between the two diseases.

Keywords: Nonalcoholic fatty liver disease (NAFLD), Diabetes, Pre-diabetes

Citation: Pakzad B, Abbasi-Veldani N, Akbari M. Determination of Frequency of Diabetes and Pre-Diabetes in Patients with Nonalcoholic Fatty Liver Disease and Comparison with a Control Group. J Isfahan Med Sch 2016; 33(368): 2440-7

1- Assistant Professor, Department of Internal Medicine, School of Medicine, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

2- Student of Medicine, School of Medicine AND Student Research Committee, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

3- Department of Epidemiology, School of Health, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

Corresponding Author: Nima Abbasi-Veldani, Email: nima.abbasi69@yahoo.com

تأثیر پروبیوتیک در درمان بیوست عملکردی کودکان ۴-۱۲ سال

دکتر معصومه عابدینی^۱، دکتر پدرام عطایی^۱، دکتر عبدالرحیم افخمزاده^۲، دکتر مریم سیف منش^۳، دکتر بنفشه صداقت^۳

مقاله پژوهشی

چکیده

مقدمه: بیوست عملکردی، یک مشکل شایع و آزار دهنده در دوران کودکی است و پروبیوتیک به طور فراینده ای در درمان اختلالات عملکردی دستگاه گوارش استفاده می شود. این مطالعه با هدف بررسی تأثیر پروبیوتیک در درمان بیوست عملکردی کودکان ۴ تا ۱۲ سال انجام شد.

روش‌ها: مطالعه‌ی حاضر یک کارآزمایی بالینی بود که بر روی کودکان ۴-۱۲ ساله‌ی مبتلا به بیوست عملکردی بر اساس معیارهای Rome III کلینیک بیمارستان بعثت سنتنج در سال ۱۳۹۲ انجام شد. معیارهای خروج شامل دریافت هر نوع مسهله زیر ۴ هفته، عقب ماندگی ذهنی، بیماری هیپوتیروئیدی، فیبروز کیستیک و جراحی روده‌ای بود. نمونه شامل ۹۰ کودک بود که به روش تصادفی ساده در یکی از دو گروه مورد یا شاهد قرار می‌گرفتند. به گروه شاهد درمان معمول بیوست ۱/۵-۷/۰، گرم بر کیلوگرم پور پیدولاسک به مدت ۴ هفته به صورت روزانه و به گروه مورد، درمان معمول بیوست و پروبیوتیک داده شد. بیماران ۲ هفته و ۴ هفته بعد از شروع مداخله، مورد بررسی اولیه شامل بررسی تعداد دفعات اjetات مزاج در هفته، قوام مدفعه، تعداد موارد بی اختیاری دفع در هفته، وجود درد شکم و دفع دردناک بود. ارزیابی ثانویه، بررسی درمان موفق و ایجاد عوارض جانبی مانند اسهال و استفراغ بود.

یافته‌ها: فراوانی دفع دردناک و دفع سخت در کودکان گروه مورد با گروه شاهد در قبل، ۲ و ۴ هفته بعد از مداخله تفاوت معنی دار آماری نداشت ($P > 0.05$)، اما دو گروه از نظر درد شکم در ۲ و ۴ هفته بعد از مداخله تفاوت معنی دار آماری داشتند ($P < 0.05$).

نتیجه‌گیری: بر اساس نتایج به دست آمده و بدون عارضه بودن پروبیوتیک‌ها، اضافه کردن آن به درمان استاندارد بیوست عملکردی در کودکان مبتلا، می‌تواند مفید باشد.

وازگان کلیدی: بیوست عملکردی، پروبیوتیک، کودکان

ارجاع: عابدینی معصومه، عطایی پدرام، افخمزاده عبدالرحیم، سیف منش مریم، صداقت بنفشه. **تأثیر پروبیوتیک در درمان بیوست عملکردی کودکان ۴-۱۲ سال.** مجله دانشکده پزشکی اصفهان ۱۳۹۴/۳۳/۳۶۸: ۲۴۴۸-۲۴۵۴.

مقدمه

بیوست، یک شکایت شایع در اطفال است و در جمعیت عمومی، شیوع ۷-۲۹/۹ درصد دارد (۱). هر تعریفی از بیوست نسبی است و به قوام مدفعه، دفعات دفع و مشکل در دفع مدفعه مستگی دارد. یک کودک طبیعی، ممکن است هر ۲-۳ روز یک بار دفع مدفعه نرم و بدون مشکل داشته باشد. دفع مدفعه سفت هر ۳ روز یک بار که به سختی صورت می‌گیرد، باید درمان شود (۲).

بیوست، در اکثر ۹۰-۹۵ درصد) موارد، فاقد علت ارگانیک و اغلب عملکردی است که به واسطه‌ی وجود این موارد تعریف می‌شود. معیارهای Rome III در کودکان بالای ۴ سال شامل دفع کمتر از ۳ بار در هفته، ۱ بار یا بیشتر بی اختیاری در دفع در هفته،

عبور مدفعه سفت و بزرگ که دهانه‌ی توالت را مسدود کند، وضعیت احتباسی به خود گرفتن و وجود توده‌ی بزرگ مدفعه در رکتوم در معاینه می‌باشد. در شرح حال دفع دردناک، درمان استاندارد شامل آموزش بیمار در جهت نگه نداشتن مدفعه و مصرف لاکتاتیو است؛ به طوری که دفع مدفعه نرم و بدون مشکل شود. هر چند درمان‌های سنتی تأثیر گذارند، اما با این حال، در بسیاری بیماران بهبودی ایجاد نمی‌کنند و رویکرد به سمت سایر درمان‌ها بوده است (۳). درمان نگهدارنده تا زمان برقراری الگوی دفع طبیعی و رفع درد همراه با دفع مدفعه، ادامه می‌یابد (۲).

پروبیوتیک‌ها به عنوان درمان جایگزین به طور فراینده مورد استفاده قرار گفته‌اند. پروبیوتیک‌ها، باکتری‌های غیر بیماری‌زای

۱- استادیار، گروه کودکان، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی کردستان، سنتنج، ایران

۲- استادیار، گروه پزشکی اجتماعی، دانشکده پزشکی و مرکز تحقیقات گوارش و کبد، دانشگاه علوم پزشکی کردستان، سنتنج، ایران

۳- دستیار، گروه کودکان، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی کردستان، سنتنج، ایران

نویسنده‌ی مسؤول: دکتر بنفشه صداقت

Email: bani.2010@yahoo.com

عملکردی (داشتن حداقل ۲ مورد از ۶ معیار Rome III) بود. دریافت مسهل در ۴ هفته‌ی قبل، عقب ماندگی ذهنی، ابتلا به هیپوپریوئیدی و فیبروز کیستیک و نیز داشتن جراحی روده‌ای، معیارهای خروج کودکان از مطالعه بودند.

۹۰ کودک به روش تصادفی ساده در دو گروه مورد و شاهد انتخاب شدند. برای هر کودک، ابتدا چک لیستی حاوی اطلاعاتی از قبیل نام و نام خانوادگی، سن، جنس، سابقه‌ی بیماری‌های قبلی، مدت بیوست، دفعات دفع سخت در هفته، دفعات درد شکم در هفته، وجود توده‌ی بزرگ در لمس در رکتوم و وجود شرح حال دفع مدفعه بزرگ، تکمیل شد. برای اجرای مداخله، پس اخذ شرح حال و معاینه‌ی بالینی، به والدین هر یک از کودکان توضیحات لازم درخصوص چگونگی درمان کودکان بر اساس قرار گرفتن در گروه مورد یا شاهد داده شد.

کودکان گروه شاهد، درمان معمول بیوست شامل ۰/۱۵ گرم بر کیلوگرم پودر پیدرولاکس (کیدی لاکت از شرکت فراورده‌های مکمل زیست تخمیر) به مدت ۴ هفته به صورت روزانه دریافت کردند. کودکان گروه مورد، علاوه بر درمان معمول بیوست، پروبیوتیک (کیدی لاکت) به مدت ۴ هفته، روزانه ۱-۲ شاهه (بر حسب وزن بیمار) به صورت محلول در آب، آبمیوه یا شیر و یا به صورت مخلوط با غذا دریافت کردند.

کیدی لاکت (Kidi lact)، از شرکت فراورده‌های مکمل زیست تخمیر و یک ترکیب ویژه‌ی پروبیوتیک برای کودکان بالای ۲ سال است که حاوی مقادیر بالایی از ۷ سویه‌ی باکتری 3×10^{10} cfu/g Lactobacillus casei (Lactobacillus casei) Lactobacillus Acidophilus 2×10^{10} cfu/g Lactobacillus rhamnosus 3×10^{10} cfu/g Bifidobacterium infantis 5×10^{10} cfu/g Bifidobacterium breve 2×10^9 cfu/g Bifidobacterium breve و 2×10^9 cfu/g Streptococcus thermophiles (کمک کننده به رشد و فعالیت پروبیوتیک‌ها) می‌باشد و فرمول آن ویژه‌ی کودکان تهیه شده است تا آن را به آسانی مصرف کند.

مصرف روزانه‌ی پودر پیدرولاکس و پروبیوتیک توسط کودکان با تماس تلفنی دستیار کودکان در مدت ۴ هفته مطالعه پی‌گیری شد. بیماران در ۲ و ۴ هفته بعد از شروع مداخله، مورد معاینه‌ی بالینی قرار گرفتند. این ارزیابی اولیه شامل قوام مدفعه، تعداد موارد بی‌اختیاری دفع در هفته، وجود درد شکم و دفع دردناک بود. ارزیابی ثانویه شامل بررسی درمان موفق و ایجاد عوارض جانبی مانند اسهال و استفراغ بود.

زنده‌ای هستند که در روده رشد می‌کنند و میکرو فلورای روده را تنظیم می‌نمایند. فعالیت‌های متابولیک این میکروارگانیسم‌ها، اثرات مفیدی برای میزان دارند. در مطالعات اخیر، تأثیر پروبیوتیک در درمان بیوست عملکردی کودکان اثبات شده است (۴).

این مطالعات نشان داده است که این امر با واسطه‌ی کاهش pH کلون رخ می‌دهد؛ که این کاهش، در نتیجه‌ی تولید محصولات باکتریایی (اسیدهای چرب زنجیره‌ی کوتاه) بوده است. همچنین، پروبیوتیک در کاهش علایم بیماری‌های التهابی روده، درمان درماتیت اتوپیک، درمان اسهال همراه با مصرف آنتی‌بیوتیک و اسهال ویروسی حاد مؤثر است. اثرات سوء پروبیوتیک نادر است و هیچ تداخل دارویی ندارد (۴-۵). مطالعات نشان داده‌اند که استفاده از پروبیوتیک‌ها در اشخاص سالم خطر بیماری‌های باکتریایی را افزایش نمی‌دهد؛ همچنین، در بیماران دچار نقص اینمنی، این خطر بسیار پایین است (۶).

پروبیوتیک‌های اصلی شامل *Lactobacillus* *casei* *Lactobacillus plantarum* و *Lactobacillus rhamnosus* *Lactobacillus paracasei* *Bifidobacterium* *Bifidobacterium reuteri* و *Bifidobacterium bifidum* *Bifidobacterium breve* *infantis* *Bifidobacterium longum* *Bifidobacterium adolescentis* و *Saccharomyces boulardii* (*Bifidobacterium lactis*

Propionibacterium freudenreichii می‌باشد. مطالعات جدید در ایران و کشورهای توسعه‌یافته، به تأثیر مثبت پروبیوتیک‌ها در درمان بیوست اشاره کرده‌اند. بیوست، تأثیر سیستمیک عضوی زیانباری ندارد، اما در موارد شدید و طولانی می‌تواند استاز دستگاه ادراری، بی‌اختیاری مدفعه، درد شکم، درد رکتوم، بی‌اشتهاای و همچنین اضطراب ایجاد نماید و تأثیر هیجانی قابل ملاحظه‌ای بر بیمار و خانواده داشته باشد (۲).

با توجه به مطالعات انجام گرفته و اثرات بیوست بر بیماران، در این پژوهش تأثیر پروبیوتیک‌ها به عنوان یک عامل بی‌خطر و مفید در کاهش دفعات و شدت بیوست در کودکان مراجعه کننده به کلینیک بیمارستان بعثت سندیج بررسی شد، با این تفاوت که اکثر مطالعات که انجام گرفته در گروه سنی ۲-۱۶ سال و مطالعه‌ی حاضر در گروه سنی ۴-۱۲ سال انجام شده.

روش‌ها

این مطالعه به روش کارآزمایی بالینی یک سوکور بر روی کودکان مراجعه کننده به کلینیک بیمارستان بعثت سندیج در سال ۱۳۹۲ انجام گرفت. معیارهای ورود شامل سن ۴-۱۲ سال و ابتلا به بیوست

فراوانی درد شکم در هفته‌ی دوم در گروه مورد ۲۶/۷ درصد و در گروه شاهد ۵۱/۱ درصد بود ($P = 0.01$). در هفته‌ی چهارم نیز در گروه مورد ۱۵/۶ درصد و در گروه شاهد ۳۵/۶ درصد بود ($P = 0.03$). (جدول ۳).

بین دو گروه از نظر دفع سخت در ۲ و ۴ هفته بعد از شروع مورد تفاوت معنی‌دار آماری وجود نداشت ($P > 0.05$) (جدول ۴).

بحث

مکانیسم اثر پروبیوتیک‌ها به طور دقیق مشخص نیست، اما بعضی از فرضیات در خصوص نحوه تأثیر آن‌ها وجود دارد. در مرحله‌ی اول، بر هم خوردن توازن در فلور روده در بیماران مبتلا به یبوست می‌شود، بر هم خوردن توازن در فلور روده، ظاهر ثانویه یبوست و یک عامل خطر برای یبوست است. علاوه بر این، پروبیوتیک‌ها می‌توانند pH روده‌ی بزرگ را با تولید اسید لاتکیک و اسید استیک و دیگر اسیدهای چرب پایین آورند. pH پایین، باعث افزایش حرکات دودی روده و به دنبال آن، کاهش زمان انتقال کولونی می‌گردد (۷-۸).

داده‌های به دست آمده با استفاده از نرم‌افزار SPSS نسخه‌ی ۱۸ (version 18, SPSS Inc., Chicago, IL) تجزیه و تحلیل شد. برای بررسی رابطه‌ی متغیرهای کیفی، از آزمون‌های χ^2 و Fisher's exact و برای مقایسه‌ی متغیرهای کمی در دو گروه، از آزمون t استفاده شد.

یافته‌ها

در این مطالعه، میانگین سنی کودکان گروه مورد $1/89 \pm 6/47$ و گروه شاهد $2/14 \pm 6/87$ سال بود ($P = 0.35$). از نظر مدت ابتلا نیز دو گروه مورد و شاهد $12/47 \pm 8/11$ در مقایسه با $12/40 \pm 8/16$ تفاوت نداشتند ($P = 0.97$). همچنین، دو گروه از نظر آلرژی، آنال فیشر (Anal fissure) و سابقه‌ی درماتیت آتوپیک (Atopic dermatitis) با هم تفاوت نداشتند (جدول ۱). فراوانی دفع دردناک در کودکان گروه مورد و شاهد در قبل ۲ و ۴ هفته بعد از مداخله، تفاوت معنی‌دار آماری نداشت، اما فراوانی دفع دردناک بعد از ۴ هفته در گروه مورد ۱۵/۶ درصد و در گروه شاهد ۳۳/۳ درصد بود (جدول ۲).

جدول ۱. مقایسه‌ی متغیرها در بیماران گروه مورد و شاهد

متغیر	گروه		
	پسر	دختر	بلی
جنس			
سابقه‌ی آلرژی	بلی		
	خیر		
سابقه‌ی آنال فیشر	بلی		
	خیر		
سابقه‌ی درماتیت آتوپیک	بلی		
	خیر		

جدول ۲. مقایسه‌ی فراوانی دفع دردناک در بیماران گروه مورد و شاهد

دفع دردناک	گروه		
	بلی	خیر	بلی
قبل از مداخله			
۲ هفته بعد از مداخله	بلی		
	خیر		
۴ هفته بعد از مداخله	بلی		
	خیر		

آزمون χ^2 ، آزمون t Fisher's exact

جدول ۳. مقایسه فراوانی درد شکم در بیماران دو گروه مورد و شاهد

مقدار P	شاهد		تعداد (درصد)	گروه	درد شکم
	تعداد	مورد			
0/76	۳۸ (۸۴/۴)	۴۰ (۸۸/۹)	بلی	قبل از مداخله	قبل از مداخله
	۷ (۱۵/۶)	۵ (۱۱/۱)			خیر
0/۰۱	۲۳ (۵۱/۱)	۱۲ (۲۶/۷)	بلی	۲ هفته بعد از مداخله	۲
	۲۲ (۴۸/۹)	۳۳ (۷۳/۳)			خیر
0/۰۳	۱۶ (۳۵/۶)	۷ (۱۵/۶)	بلی	۴ هفته بعد از مداخله	۴
	۲۹ (۶۴/۴)	۳۸ (۸۴/۴)			خیر

در روز پارافین خوراکی همراه دارونما، به گروه دوم یک سашه سینیبووتیک در روز همراه با دارونما و به گروه سوم ۱/۵ سی سی بر کیلوگرم در روز پارافین خوراکی همراه با یک ساشه سینیبووتیک داده شد. دفع دردنک در همه گروهها بعد از دوره درمان کاهش یافت (۱۰).

در مطالعه‌ی حاضر، درد شکم در گروه دریافت کننده‌ی پروبیوتیک به طور معنی‌داری کمتر از گروه شاهد بود. درد شکم در مطالعات مشابه که کودکان مبتلا به یبوست عملکردی از پروبیوتیک استفاده کرده بودند، بهبود یافته و یا فراوانی بروز آن کاهش یافته بود؛ به طوری که در مطالعه‌ی Bekkali و همکاران (۳)، Guerra و همکاران (۹) درد شکم بهبود یافته و در مطالعه‌ی Tabbers و همکاران (۱۱)، دفعات درد شکم از ۴/۲ بار در ابتدای مطالعه، به ۱/۹ در هفته‌ی چهارم کاهش یافته بود که یافته‌های آنان با نتایج مطالعه‌ی حاضر مطابقت دارند.

در مطالعه‌ی Szajewska و Banaszkiewicz (۱۰) که بر روی ۸۴ کودک ۲-۱۶ ساله انجام شده بود، گروه مورد ۱ میلی لیتر/کیلوگرم در روز از لاکتولوز ۷۰ درصد به علاوه 10^9 cfu از Lactobacillus casei rhamnosus GG حاوی لاکتولوز به صورت خوراکی دو بار در روز به مدت ۱۲ هفته دریافت کردند. دو گروه در دوره‌ی دفع سخت در هفته‌های چهارم، هشتم و دوازدهم تفاوت نداشتند (۱۲). این بررسی از نظر دفع سخت، با مطالعه‌ی حاضر همخوانی دارد.

نتایج این مطالعه نشان داد که مصرف ۷ گونه پروبیوتیک به مدت ۴ هفته، در فراوانی دفع دردنک مدفع و دفع سخت مدفع در کودکان گروه مورد و شاهد در قبل، ۲ و ۴ هفته بعد از مصرف، تفاوت معنی‌دار آماری نداشت، اما بین دو گروه از نظر درد شکم در ۲ و ۴ هفته بعد از مداخله، تفاوت معنی‌دار آماری وجود داشت.

در مطالعه‌ی حاضر، اگر چه فراوانی دفع دردنک مدفع در کودکان دریافت کننده‌ی پروبیوتیک کمتر از کودکان گروه شاهد بود، اما این اختلاف از نظر آماری معنی‌دار نبود. در مطالعه‌ی Bekkali و همکاران (۳) که به منظور بررسی اثر پروبیوتیک حاوی Lactobacillus و Bifidobacterium بر درمان یبوست در ۴۰ کودک ۴-۱۶ ساله انجام شد، دفع دردنک مدفع در ۷ کودک در شروع مطالعه، در ۴ کودک در هفته‌ی ۲ و در ۶ کودک بعد از هفته‌ی ۴ بهبود یافت، اما این باقیه نیز از نظر آماری معنی‌دار نبود که با مطالعه‌ی حاضر همخوانی دارد.

در مطالعه‌ی Guerra و همکاران بر روی ۵۹ کودک ۵-۱۹ ساله که به دو گروه دریافت کننده‌ی ماست مکمل با پروبیوتیک حاوی Bifidobacterium longum و ماست تنها به مدت ۵ هفته انجام شد، نتایج نشان داد که دفع دردنک در گروه دریافت کننده‌ی ماست پروبیوتیک در مقایسه با گروه شاهد کاهش یافت (۹).

در مطالعه‌ای در مرکز طبی تهران، ۱۰۲ کودک ۴-۱۲ ساله‌ی مبتلا به یبوست عملکردی برای ۴ هفته ارزیابی شدند. کودکان مورد مطالعه، به ۳ گروه تقسیم شدند. به گروه اول ۱/۵ سی سی بر کیلوگرم

جدول ۴. مقایسه فراوانی دفع سخت در بیماران گروه مورد و شاهد

مقدار P	شاهد		تعداد (درصد)	گروه	دفع سخت
	تعداد	مورد			
0/74	۳۹ (۸۶/۷)	۳۸ (۸۴/۴)	بلی	قبل از مداخله	قبل از مداخله
	۶ (۱۳/۳)	۷ (۱۵/۶)			خیر
0/۹۹	۱۱ (۲۴/۴)	۱۱ (۲۴/۴)	بلی	۲ هفته بعد از مداخله	۲
	۳۴ (۷۵/۶)	۳۴ (۷۵/۶)			خیر
0/۳۷	۸ (۱۷/۸)	۵ (۱۱/۱)	بلی	۴ هفته بعد از مداخله	۴
	۳۷ (۸۲/۲)	۴۰ (۸۸/۹)			خیر

کننده‌ی زندگی در بخش مراقبت‌های ویژه بستری شده‌اند، سبب نتایج زیانبار شود.^(۸)

شواهد مطالعات غیر کارآزمایی بالینی نشان می‌دهد که برخی از پروبیوتیک‌ها ممکن است مؤثر باشند. به عنوان مثال، در کودکان مبتلا به بیوست، مصرف انواع *Bifidobacterium* شامل *Bifidobacterium infantis*, *Bifidobacterium bifidum* و *Lactobacillus rhamnosus* (Lactobacillus *rhamnosus*) سبب افزایش حرکات روده، کاهش تعداد حملات بی‌اختیاری مدفعه و کاهش درد شکم شده است.^(۳) در برخی مطالعات انجام شده، اگر چه نتایج آماری معنی‌دار بود، اما اثر بالینی پروبیوتیک‌ها معمولی بود و همه‌ی نتیجه‌گیری‌ها، مبتنی بر مطالعات منفرد بود که در برخی از آن‌ها با توجه به تعداد کم جامعه‌ی مورد مطالعه و محدودیت‌های روش مطالعه، نتایج باید با احتیاط تفسیر شود. کمبود اطلاعات در خصوص این که کدام پروبیوتیک می‌تواند مؤثرتر از دیگران باشد، وجود دارد. با توجه به این که مطالعات مربوط به مصرف پروبیوتیک‌ها اغلب توسط تولید کنندگان حمایت می‌شود، احتمال می‌رود که نتایج منفی، منتشر نشده باقی بمانند.^(۱۵) در پایان، می‌توان نتیجه گرفت که بر اساس یافته‌های این مطالعه و بدون عارضه بودن پروبیوتیک‌ها، اضافه کردن آن به درمان استاندارد بیوست عملکردی در کودکان مبتلا، می‌تواند مفید باشد.

تشکر و قدردانی

بدین‌وسیله از تمامی کسانی که در انجام این پژوهش همکاری نمودند سپاسگزاری می‌گردد.

References

- van den Berg MM, Benninga MA, Di Lorenzo C. Epidemiology of childhood constipation: a systematic review. *Am J Gastroenterol* 2006; 101(10): 2401-9.
- Kliegman RM, Stanton BMD, Geme JS, Schor NF, Behrman RE. Nelson textbook of pediatrics. 19th ed. Philadelphia, PA: Saunders; 2011. p. 1246-7.
- Bekkali NL, Bongers ME, van den Berg MM, Liem O, Benninga MA. The role of a probiotics mixture in the treatment of childhood constipation: a pilot study. *Nutr J* 2007; 6: 17.
- Kligler B, Cohrssen A. Probiotics. *Am Fam Physician* 2008; 78(9): 1073-8.
- Gill H, Prasad J. Probiotics, immunomodulation, and health benefits. *Adv Exp Med Biol* 2008; 606: 423-54.
- Salminen MK, Rautelin H, Tynkkynen S, Poussa T, Saxelin M, Valtonen V, et al. Lactobacillus bacteremia, clinical significance, and patient outcome, with special focus on probiotic L. rhamnosus GG. *Clin Infect Dis* 2004; 38(1): 62-9.
- Tannock GW, Munro K, Harmsen HJ, Welling GW, Smart J, Gopal PK. Analysis of the fecal microflora of human subjects consuming a probiotic product containing *Lactobacillus rhamnosus* DR20. *Appl Environ Microbiol* 2000; 66(6): 2578-88.
- Coccorullo P, Strisciuglio C, Martinelli M, Miele E, Greco L, Staiano A. *Lactobacillus reuteri* (DSM 17938) in infants with functional chronic constipation: a double-blind, randomized, placebo-controlled study. *J Pediatr* 2010; 157(4): 598-602.
- Guerra PV, Lima LN, Souza TC, Mazochi V, Penna FJ, Silva AM, et al. Pediatric functional constipation treatment with *Bifidobacterium*-containing yogurt: a crossover, double-blind, controlled trial. *World J Gastroenterol* 2011; 17(34): 3916-21.
- Khodadad A, Sabbaghian M. Role of synbiotics in the treatment of childhood constipation: a double-

- blind randomized placebo controlled trial. *Iran J Pediatr* 2010; 20(4): 387-92.
- 11.** Tabbers MM, de M, I, Roseboom MG, Benninga MA. Is *Bifidobacterium breve* effective in the treatment of childhood constipation? Results from a pilot study. *Nutr J* 2011; 10: 19.
- 12.** Banaszkiewicz A, Szajewska H. Ineffectiveness of *Lactobacillus GG* as an adjunct to lactulose for the treatment of constipation in children: a double-blind, placebo-controlled randomized trial. *J Pediatr* 2005; 146(3): 364-9.
- 13.** Bu LN, Chang MH, Ni YH, Chen HL, Cheng CC. *Lactobacillus casei rhamnosus Lcr35* in children with chronic constipation. *Pediatr Int* 2007; 49(4): 485-90.
- 14.** Saneian H, Tavakkol K, Adhamian P, Gholamrezaei A. Comparison of *Lactobacillus Sporogenes* plus mineral oil and mineral oil alone in the treatment of childhood functional constipation. *J Res Med Sci* 2013; 18(2): 85-8.
- 15.** Chmielewska A, Szajewska H. Systematic review of randomised controlled trials: probiotics for functional constipation. *World J Gastroenterol* 2010; 16(1): 69-75.

The Effect of Probiotics on the Treatment of Functional Constipation in Children of 4–12 Years of Age

Masoumeh Abediny MD¹, Pedram Ataiee MD¹, Abdorahim Afkhamzadeh MD², Maryam Seifmanesh³, Banafsheh Sedaghat³

Original Article

Abstract

Background: Functional constipation in childhood is a common and frustrating problem and probiotics are increasingly used in the treatment of functional gastrointestinal disorders. This study investigated the effect of probiotics on the treatment of functional constipation in children of 4 to 12 years of age.

Methods: This clinical trial was conducted on 4 to 12-year-old children with functional constipation, according to Rome III, who referred to the clinic of Besat Hospital in Sanandaj, Iran, in 2013. The exclusion criteria included receiving any kind of laxative during the previous 4 weeks, mental retardation, hypothyroidism, cystic fibrosis, and intestinal surgery. The sample consisted of 90 children who were randomly assigned to either the intervention or the control group. The control group received routine treatment of constipation (0.7-1.5 g/kg Pidrolax powder daily) for 4 weeks and the intervention group received routine treatment of constipation in addition to probiotics. Patients were examined 2 and 4 weeks after the intervention. Initial assessment included the frequency of bowel movements per week, stool consistency, number of fecal incontinence per week, and abdominal pain and painful defecation. The secondary assessment consisted of successful treatment, and side effects such as diarrhea and vomiting.

Findings: The results showed no statistically significant difference between the two groups before and 2 and 4 weeks after the intervention in terms of the frequency of painful and difficult defecation ($P > 0.05$). Nevertheless, there was a statistically significant difference between the two groups in terms of abdominal pain in 2 and 4 weeks after the intervention ($P < 0.05$).

Conclusion: The results show that probiotics have no side effects; thus, their addition to standard therapy can be useful in children with functional constipation.

Keywords: Functional constipation, Probiotics, Children

Citation: Abediny M, Ataiee P, Afkhamzadeh A, Seifmanesh M, Sedaghat B. **The Effect of Probiotics on the Treatment of Functional Constipation in Children of 4–12 Years of Age.** J Isfahan Med Sch 2016; 33(368): 2448-54

1- Assistant Professor, Department of Pediatrics, School of Medicine, Kurdistan University of Medical Sciences, Sanandaj, Iran
2- Assistant Professor, Department of Community Medicine, School of Medicine AND Gastroenterology and Liver Research Center, Kurdistan University of Medical Sciences, Sanandaj, Iran

3- Resident, Department of Pediatrics, School of Medicine, Kurdistan University of Medical Sciences, Sanandaj, Iran

Corresponding Author: Banafsheh Sedaghat, Email: bani.2010@yahoo.com

بروز مقایسه‌ای پروتئین مهار کننده‌ی تومور سرطانی و سالم کولورکتال

دکتر مهدی نیکبخت دستجردی^۱، وحید کاشانیان^۲

مقاله پژوهشی

چکیده

مقدمه: ژن‌های مهار کننده‌ی تومور متفاوتی در سرطان کولورکتال نقش دارند که از این بین، نقش ژن مهار کننده‌ی تومور (BRCA1) Breast cancer1 از اهمیت ویژه‌ای بخوددار است. عملکرد بیولوژیکal BRCA1 در سرطان شناخته شده است و اهمیت پروگنوستیک آن در سرطان کولورکتال تصدیق شده است؛ به طوری که کاهش بیان این پروتئین در سرطان، نشانگر پیش‌آگهی ضعیف برای بیماران می‌باشد. مطالعه‌ی حاضر با هدف بررسی بیان پروتئین BRCA1 در نمونه‌های سرطانی کولورکتال در مقایسه با بافت طبیعی مجاور تومور به روش ایمونوهیستوشیمی انجام شد.

روش‌ها: در این مطالعه، تعداد ۵۰ نمونه سرطانی کولورکتال و ۵۰ نمونه بافت سالم مجاور تومور جمع‌آوری شد. بیان پروتئین BRCA1 با روش ایمونوهیستوشیمی بر روی مقاطع پارافینی بررسی گردید.

یافته‌ها: میزان بروز پروتئین BRCA1 در نمونه‌های سرطانی نسبت به بافت سالم مجاور آن‌ها به طور معنی‌داری کاهش یافت ($P = 0.026$).

نتیجه‌گیری: روتین BRCA1 می‌تواند به عنوان یک نشانگر بیولوژیک مناسب در تشخیص و به عنوان یک عامل پیش‌آگهی دهنده در سرطان کولورکتال استفاده گردد.

واژگان کلیدی: سرطان کولورکتال، ایمونوهیستوشیمی، Breast cancer1، ژن مهار کننده‌ی تومور

ارجاع: نیکبخت دستجردی مهدی، کاشانیان وحید. بروز مقایسه‌ای پروتئین مهار کننده‌ی تومور (BRCA1) Breast Cancer1 در نمونه‌های سرطانی و سالم کولورکتال. مجله دانشکده پزشکی اصفهان ۱۳۹۴؛ ۳۶۸ (۳۳): ۲۴۵۵-۲۴۶۰.

مقدمه

سرطان کولورکتال (Colorectal cancer) یکی از سرطان‌های خطرناک در انسان و جزء چهار سرطان شایع منجر به مرگ می‌باشد. با وجود پیشرفت‌های حاصل شده در تشخیص و درمان بیماری، بیماران مبتلا به سرطان روده‌ی بزرگ اغلب دچار عود موضعی و در مراحل انتهایی بیماری دچار متاستاز به غدد لنفاوی، کبد و ریه می‌شوند که به طور چشم‌گیری میزان بقای ۵ ساله‌ی بیماران را کاهش می‌دهد. با توجه به اهمیت موضوع، انجام تحقیقات بیشتر جهت بررسی مکانیسم و پیشرفت سرطان روده‌ی بزرگ و همچنین، پیداکردن نشانگرهای زیستی بالقوه، جهت تشخیص سریع تر و بررسی مناسب پیش‌آگهی سرطان کولورکتال ضروری می‌باشد (۱-۴).

در سال ۱۹۹۰، ژن Breast cancer1 (BRCA1) به عنوان یک ژن مهار کننده‌ی تومور در ارتباط با سرطان پستان کشف شد. این ژن، بر روی بازوی بلند کروموزوم شماره‌ی ۱۷ واقع شده است و نوعی فسفوپروتئین هسته‌ای را کد می‌کند که در حفظ ثبات ژنومی، کنترل تکثیر سلولی، ترمیم DNA و القای آپوپتوز نقش دارد. یکی از علل بروز سرطان، عدم بیان ژن مهار کننده‌ی تومور BRCA1 به علت تغییر در وضعیت متیلیشن پروموتر آن می‌باشد. عملکرد بیولوژیکal BRCA1 در سرطان شناخته شده است و اهمیت آن در پیش‌آگهی سرطان کولورکتال تصدیق شده است؛ به طوری که کاهش بیان این پروتئین در سرطان، نشانگر پیش‌آگهی ضعیف برای بیماران می‌باشد (۵-۶).

- ۱- دانشیار، گروه علوم تشریحی، دانشکده‌ی پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان، اصفهان، ایران
- ۲- دانشجوی پزشکی، دانشکده‌ی پزشکی و کمیته‌ی تحقیقات دانشجویی، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان، اصفهان، ایران
- نویسنده‌ی مسؤول: دکتر مهدی نیکبخت دستجردی

Email: nikbakht@med.mui.ac.ir

برش‌ها به مدت ۱۰ دقیقه در مجاورت پراکسید هیدروژن ۵ درصد انکوبه شدند. پس از آن، برش‌ها در آب جاری شستشو داده شد. در مرحله‌ی بعد، به مدت ۱ دقیقه در دمای ۹۸ درجه‌ی سانتی‌گراد در بافر ۰/۰۱ مولار سیترات سدیم در یک اون میکروویو، بازیابی آنتی‌ژن (Antigen retrieval) انجام گرفت. پس از انجام مراحل ذکر شده، فعالیت Endogenous peroxide با استفاده از سرم نرمال (۱۰ درصد Goat) در saline (TBS) به مدت ۵ دقیقه متوقف و در مرحله‌ی بعد، سرم اضافی برداشت گردید و آنتی‌بادی اولیه [monoclonal antibody against BRCA1 (ab-1)] clone ms110 (mab) from culbiochem(Merk,cat.NO OP92) با رقت ۱:۲۰۰ به مدت یک ساعت در دمای ۴ درجه‌ی سانتی‌گراد اضافه شد.

مراحل بعدی، شامل دو بار شستشو با TBS، هر بار به مدت ۵ دقیقه، انکوبه کردن با آنتی‌بادی ثانویه [HRP anti-mouse antibody (dako,Copenhagen,benmark)] با رقت ۱:۵۰۰ به مدت ۴۵ دقیقه و دو بار شستشو با TBS. هر بار ۵ دقیقه بود. همچنین، واکنش کروموزنیک با استفاده از Diaminobenzidine انجام شد. رنگ قهوه‌ای نشان دهنده‌ی بروز پروتئین BRCA1 در سلول‌ها بود. در آخر، نمونه‌ها زیر میکروسکوپ نوری بررسی گردیدند. در گروه‌های شاهد منفی، از Phosphate-buffered saline (PBS) به جای آنتی‌بادی‌های اختصاصی استفاده شد.

بررسی میکروسکوپیک مقاطع نشان‌دار شده با آنتی‌بادی مقاطع نشان‌دار شده با آنتی‌بادی به منظور بررسی میکروسکوپیک با استفاده از میکروسکوپ نوری و به کارگیری نرم‌افزار Motic image plus Advanced 2.0 تصویربرداری شدند. پس از آن، جهت بررسی کمی از نمایشگر Liquid-crystal display (LCD) استفاده گردید. در این بررسی، حداقل ۱۰۰ سلول رنگ‌آمیزی شده در هر محدوده از لام و در مجموع، حداقل ۱۰۰۰ سلول در هر لام شمارش گردید (در هر لام، سلول‌ها در ۱۰ محدوده شمارش شدند). شمارش سلول‌های رنگ‌آمیزی شده بدون اطلاع قبلی از هویت نمونه‌ها، توسط دو نفر انجام گرفت و پس از آن، درصد سلول‌های رنگ‌آمیزی شده به رنگ قهوه‌ای نسبت به سلول‌هایی که رنگ آبی گرفته بودند، در هر لام مشخص شد و بر این اساس، نمونه‌های سرطانی و سالم به سه گروه تقسیم شدند:

- (۱) گروه + که درصد سلول‌های قهوه‌ای به آبی (میزان بروز پروتئین) در آن‌ها ۵-۲۵ درصد بود.
- (۲) گروه ++ که درصد سلول‌های قهوه‌ای به آبی (میزان بروز

ایمونوهیستوشیمی (Immunohistochemistry) (IHC) یک تکنیک آسان، ارزان و در دسترس می‌باشد که به عنوان یک روش معمول برای غربال‌گری در بیماری‌های ژنتیک مانند سندرم لینج (Lynch syndrome) در سرطان روده‌ی بزرگ و در سال‌های اخیر، سرطان آندومتر استفاده می‌شود (۷-۸). یک مطالعه‌ی بزرگ نشان داد که غربال‌گری با IHC برای جهش‌های ژنتیک مانند آنالیز جهش و یا بررسی هایپرمیلاسیون، آزمایش‌های تأییدی مانند آنالیز جهش و یا بررسی هایپرمیلاسیون، مقولون به صرفه‌ترین روش برای ارزیابی و تشخیص بیماران مبتلا به سندرم لینج است (۹).

با توجه به مطالب ذکر شده در مورد اهمیت این پروتئین و نیز با توجه به این که سرطان کولورکتال یکی از شایع‌ترین سرطان‌ها می‌باشد و تعیین پیش‌آگهی این بیماران اهمیت فراوانی در امر درمان و تعیین مدت بقای آن‌ها دارد، مطالعه‌ی حاضر، با هدف بررسی بیان این پروتئین در نمونه‌های سرطانی کولورکتال در مقایسه با بافت طبیعی مجاور تومور به روش ایمونوهیستوشیمی انجام شد.

روش‌ها

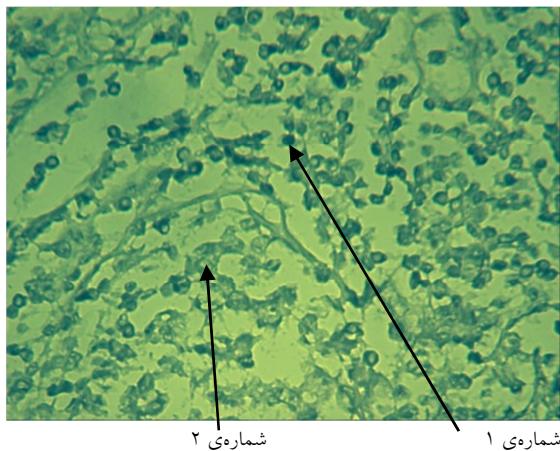
در این مطالعه، تعداد ۵۰ نمونه سرطانی کولورکتال و ۵۰ نمونه بافت سالم مجاور تومور جمع‌آوری شدند. نمونه‌ها به صورت بلوک پارافینی آماده، از بخش پاتولوژی بیمارستان الزهرا (س) اصفهان تهیه گردیدند. برای این کار، با حفظ اصول اخلاقی و مشخصات بیماران، به بررسی پرونده‌های موجود در آرشیو بیمارستان الزهرا (س) اصفهان پرداخته و پس از یافتن افراد مبتلا، سن و شماره‌ی پاتولوژی آن‌ها نوشته شد. آن گاه، لام‌ها و بلوک‌های آن‌ها از انبار مربوط بازیابی گردید. سپس به کمک پاتولوژیست، لام‌های نمونه‌های سالم از نمونه‌های سرطانی افتراک داده شد و اطلاعات بالینی-آسیب‌شناختی نمونه‌های جمع‌آوری شده یادداشت گردید (جدول ۱). تهیه‌ی لام ایمونوهیستوشیمی: پس از تأیید شخص پاتولوژی نمونه‌ها با رنگ‌آمیزی Hematoxylin and eosin (H&E)، به ترتیب

مراحل زیر جهت تهیه‌ی لام ایمونوهیستوشیمی انجام گرفت:

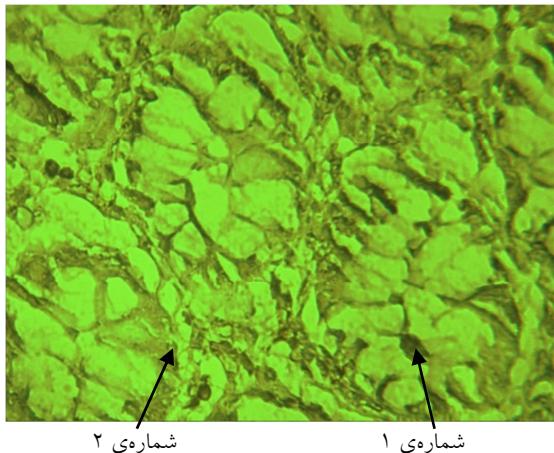
- (۱) آماده‌سازی بافت: ابتدا نمونه‌ها با استفاده از مقادیر صعودی اتانول (۹۵، ۹۰ و ۹۹ درصد) آب‌گیری شدند. پس از آن، توسط گزیلن، شفافسازی و در انتهای توسط پارافین قالب‌گیری شدند.
- (۲) برش گیری: در این مرحله، برش‌های بافتی به ضخامت ۴-۵ میکرون تهیه شد.

(۳) رنگ‌آمیزی ایمونوهیستوشیمی: در این مرحله، نمونه‌ها با غوطه‌ورسازی در گزیلن، پارافین‌زدایی شدند. سپس، با استفاده از مقادیر نزولی اتانول (۹۹، ۹۵ و ۷۰ درصد) آب‌دهی صورت گرفت. در مرحله‌ی بعد، به منظور توقف فعالیت Endogenous peroxide

برای ارزیابی پدوتین BRCA1 پس از رنگ‌آمیزی ایمونوهیستوشیمی، در ۱۰ محدوده‌ی تصویربرداری در مجموع حداقل ۱۰۰۰ سلول در هر لام شمارش گردید و درصد سلول‌هایی که رنگ قهقهه‌ای گرفته بودند، تعیین شد. همچنین، درصد سلول‌هایی که رنگ قهقهه‌ای نداشتند (رنگ آبی)، نیز محاسبه گردید. پس از آن، درصد سلول‌های رنگ‌آمیزی شده به رنگ قهقهه‌ای نسبت به سلول‌هایی که رنگ آبی گرفته بودند، در هر بافت مشخص و بر این اساس، نمونه‌های سرطانی و سالم به سه گروه تقسیم شدند.



شکل ۱. نمونه‌ی بافت سرطانی کولورکتال. سلول‌ها به رنگ قهقهه‌ای یا آبی در آمده‌اند، اما بخش اعظم سلول‌ها به رنگ آبی می‌باشند (۴۰ ×). فلاش شماره‌ی ۱ سلول قهقهه‌ای و فلاش شماره‌ی ۲ سلول آبی رنگ را نشان می‌دهد.



شکل ۲. نمونه‌ی بافت سالم کولورکتال. بخش اعظم سلول‌ها به رنگ قهقهه‌ای در آمده‌اند (۴۰ ×).

نتایج این مطالعه نشان داد که میزان بروز پدوتین BRCA1 در نمونه‌های سرطانی نسبت به بافت سالم مجاور آن‌ها به طور معنی‌داری کاهش یافته است ($P = 0.026$) (جدول ۲).

پدوتین در آن‌ها ۷۵-۲۵ درصد بود.

۳) گروه+++ که درصد سلول‌های قهقهه‌ای به آبی (میزان بروز پدوتین) در آن‌ها ۱۰۰-۷۵ درصد بود.

پس از این مرحله، تعداد نمونه‌ها در هر یک از سه گروه پیش‌گفته شمارش شد و مطابق جدول ۲ مقدار ۲ بر اساس مقایسه‌ی مجموعه نمونه‌های + و ++ در مقابل نمونه‌های+++ در دو گروه نمونه‌های سرطانی و سالم با استفاده از χ^2 مشخص گردید. از نرم‌افزار SPSS نسخه‌ی ۱۶ (SPSS Inc., Chicago, IL) به عنوان سطح معنی‌داری تلقی گردید.

یافته‌ها

در این مطالعه، تعداد ۵۰ نمونه‌ی سرطان کولورکتال به عنوان گروه مورد و ۵۰ نمونه از بافت سالم مجاور همان نمونه‌های تومور، به عنوان گروه شاهد استفاده گردید. خصوصیات دموگرافیک نمونه‌های سرطانی شامل سن، جنس، محل تومور و نوع تومور در جدول ۱ آمده است.

جدول ۱. مشخصات دموگرافیک ۵۰ نمونه‌ی مبتلا به سرطان

آدنوکارسینومای کولورکتال

تعداد	متغیر
۳۳	جنس
۱۷	زن
۳۲	سن (سال)
۱۸	≤ ۵۹
۸	آدنوکارسینومای موسيني
۴۲	آدنوکارسینومای غير موسيني
۳۱	درجی تومور
۱۴	G_1
۵	G_2
۳۶	G_3
کل	کولون
۱۴	ركتسیگموئید

بعد از مراحل آماده‌سازی بافت و رنگ‌آمیزی ایمونوهیستوشیمی، تمامی نمونه‌ها مورد تأیید پاتولوژی نیز قرار گرفتند. در شکل ۱، نمونه‌ی بافت سرطانی کولورکتال مشاهده می‌شود که در آن بخش اعظم سلول‌ها به رنگ آبی می‌باشند. همچنین، در شکل ۲، نمونه‌ی بافت سالم کولورکتال مشاهده می‌شود که در آن بخش اعظم سلول‌ها به رنگ قهقهه‌ای در آمده‌اند.

جدول ۲. مقایسه بروز پروتئین BRCA1 در نمونه‌های سرطانی کولورکتال با بافت سالم مجاور (مارژین)

مقدار P	گروه		متغیر
	شاهد (بافت سالم) تعداد (درصد)	موده (بافت توموری) تعداد (درصد)	
°٠/٠٢٦	٨ (١٦)	١٣ (٢٦)	+
	١٥ (٣٠)	٢١ (٤٢)	++
	٢٧ (٥٤)	١٦ (٣٢)	+++

* مقدار P بر اساس مقایسه مجموعه نمونه‌های + و ++ در مقابل نمونه‌های +++ در دو گروه سرطانی و سالم به دست آمده است.

سرطان‌های کولورکتال نشانه‌ی پیش‌آگهی ضعیف می‌باشد (۱۲).

در مطالعه‌ی Grabsch و همکاران، گزارش شد که الگوی بیان ژن BRCA1 پیش‌بینی کننده میزان بقای بیماران مبتلا به سرطان کولورکتال می‌باشد. همچنین، گزارش شد که میزان پایین بیان ژن BRCA1 با فردان بیان ژن‌های MLH1 و MSH2 مرتبط است (۱۳).

Guanghui و همکاران، بیان نمودند که سطح بیان ژن BRCA1 می‌تواند در انتخاب رژیم‌های شیمی‌درمانی و ارزیابی پیش‌آگهی برای بیماران مبتلا به سرطان روده‌ی بزرگ مفید باشد. همچنین، بیان نمودند که سطح بیان ژن BRCA1 در این بیماران پایین‌تر از افراد سالم می‌باشد (۱۴).

Phelan و همکاران، گزارش نمودند که خطر ابتلا به سرطان کولورکتال در زنان زیر سن ۵۰ سال که دارای ژن جهش یافته‌ی BRCA1 هستند، نسبت به افراد فاقد این جهش به طور معنی‌داری بیشتر می‌باشد (۱۵).

با توجه به نتایج ارایه شده در این تحقیق، می‌توان گفت که کاهش بیان ژن BRCA1 و به دنبال آن کاهش بروز پروتئین مربوط، ممکن است نقش مهمی در پیدایش سرطان کولورکتال داشته باشد؛ بنابراین، از این پروتئین می‌توان به عنوان یک نشانگر تشخیصی در تشخیص سرطان کولورکتال استفاده نمود.

تشکر و قدردانی

این مقاله حاصل پایان‌نامه‌ی دوره‌ی دکترای حرفه‌ای وحید کاشانیان به شماره‌ی ۲۹۲۱۶۲ مصوب شورای طرح‌های تحقیقاتی دانشکده‌ی پزشکی اصفهان می‌باشد. بدین وسیله، از کلیه‌ی پرستن محترم معاونت پژوهشی دانشکده‌ی پزشکی جهت همکاری در اجرای این مطالعه، تشکر و قدردانی به عمل می‌آید.

بحث

سرطان کولورکتال، یک بیماری خطرناک، کشنده و در عین حال قابل پیش‌گیری می‌باشد که همواره مورد توجه محققین در مراکز تحقیقاتی سراسر دنیا بوده است. این سرطان، جزء سه سرطان شایع در دنیا می‌باشد (۱۰). ژن‌های مهار کننده تومور زیادی در سرطان کولورکتال نقش دارند که از این بین، نقش و جایگاه ژن مهار کننده تومور BRCA1 از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. یک ژن سرکوبگر تومور می‌باشد که فردان آن، منجر به آسیب‌های زیادی در ژنوم می‌شود. بنا بر این، تغییرات در بیان این ژن موجب آسیب پذیری سلول‌های بدن از جمله سلول‌های قسمت کولورکتال نسبت به انکوژن‌ها می‌گردد (۱۱).

بیان ژن BRCA1 در بعضی از انواع سرطان‌ها نظیر سرطان سینه، تخمدان و همچنین سرطان‌های مربوط به دستگاه گوارش مثل سرطان کولورکتال کاهش می‌باید. مطالعه‌ی حاضر، نشان داد که میزان بروز پروتئین BRCA1 در نمونه‌های سرطانی بیماران مبتلا به سرطان کولورکتال نسبت به بافت سالم مجاور آن‌ها به طور معنی‌داری کاهش دارد.

مطالعات متعددی توسط محققین صورت گرفته است که در آن‌ها، کاهش میزان بروز پروتئین BRCA1 در بعضی از انواع سرطان‌ها از جمله سرطان کولورکتال مشاهده شده است. در مطالعه‌ی Yuanming و همکاران بر روی ۱۲۰ کودک مبتلا به سرطان کولورکتال، نشان داده شد که میزان بیان ژن BRCA1 با متاستازهای سرطان کولورکتال ارتباط معکوس دارد. همچنین، نتایج مطالعه‌ی آنان نشان داد که BRCA1 در این بیماران، می‌تواند به عنوان یک نشانگر زیستی برای تشخیص متاستاز به گره‌های لنفاوی عمل نماید. در نهایت، آنان گزارش نمودند که کاهش بیان ژن BRCA1 در بیماران مبتلا به

References

- Thomas DS, Fourkala EO, Apostolidou S, Gunu R, Ryan A, Jacobs I, et al. Evaluation of serum CEA, CYFRA21-1 and CA125 for the early detection of colorectal cancer using longitudinal preclinical samples. Br J Cancer 2015; 113(2): 268-74.
- Ling Y, Yang L, Huang H, Hu X, Zhao C, Huang H,

- et al. Prognostic significance of statin use in colorectal cancer: A systematic review and meta-analysis. *Medicine (Baltimore)* 2015; 94(25): e908.
3. Pickhardt PJ. Colorectal carcinoma: what should the oncologist recommend for screening? *Semin Oncol* 2015; 42(3): 359-61.
 4. Dienstmann R, Salazar R, Tabernero J. Genomic testing in colorectal cancer: how much is enough? *Oncology (Williston Park)* 2015; 29(3): 186-8.
 5. Tang J, Xi S, Wang G, Wang B, Yan S, Wu Y, et al. Prognostic significance of BRCA1-associated protein 1 in colorectal cancer. *Med Oncol* 2013; 30(2): 541.
 6. Quann K, Jing Y, Rigoutsos I. Post-transcriptional regulation of BRCA1 through its coding sequence by the miR-15/107 group of miRNAs. *Front Genet* 2015; 6: 242.
 7. Kwon JS, Scott JL, Gilks CB, Daniels MS, Sun CC, Lu KH. Testing women with endometrial cancer to detect Lynch syndrome. *J Clin Oncol* 2011; 29(16): 2247-52.
 8. Garg K, Levine DA, Olvera N, Dao F, Bisogna M, Secord AA, et al. BRCA1 immunohistochemistry in a molecularly characterized cohort of ovarian high-grade serous carcinomas. *Am J Surg Pathol* 2013; 37(1): 138-46.
 9. Resnick K, Straughn JM, Jr., Backes F, Hampel H, Matthews KS, Cohn DE. Lynch syndrome screening strategies among newly diagnosed endometrial cancer patients. *Obstet Gynecol* 2009; 114(3): 530-6.
 10. Samadaian N, Modaresi MH, Mobasher M, Ebrahim Zadeh Vesal R, Akrami SM. miRNA-21 expression analysis in 35 colorectal cancer. *Tehran Univ Med J* 2014; 72(5): 301-6. [In Persian].
 11. Davarnia B, Mehdipour P, Arei M, Hosseini-Asl SS. The association between BRCA1 expression and breast cancer tumorigenesis. *J Ardabil Univ Med Sci* 2012; 12(2): 132-9. [In Persian].
 12. Yuanming L, Lineng Z, Baorong S, Junjie P, Sanjun C. BRCA1 and ERCC1 mRNA levels are associated with lymph node metastasis in Chinese patients with colorectal cancer. *BMC Cancer* 2013; 13: 103.
 13. Grabsch H, Dattani M, Barker L, Maughan N, Maude K, Hansen O, et al. Expression of DNA double-strand break repair proteins ATM and BRCA1 predicts survival in colorectal cancer. *Clin Cancer Res* 2006; 12(5): 1494-500.
 14. Guanghui X, Yu L, Yi L. Relationship between BRCA1 expression and efficacy of platinum-based chemotherapy in colorectal cancer. *J Transl Med* 2014; 2(1): 240-4.
 15. Phelan CM, Iqbal J, Lynch HT, Lubinski J, Gronwald J, Moller P, et al. Incidence of colorectal cancer in BRCA1 and BRCA2 mutation carriers: results from a follow-up study. *Br J Cancer* 2014; 110(2): 530-4.

Comparative Expression of Breast Cancer 1 Tumor Suppressor Protein in Cancerous and Healthy Colorectal Specimens

Mehdi Nikbakht-Dastjerdi PhD¹, Vahid Kashanian²

Original Article

Abstract

Background: Various tumor suppressor genes play a role in colorectal cancer; the role of breast cancer 1 (BRCA1) tumor suppressor gene is of the most importance among them. The biological performance of breast cancer 1 (BRCA1) in cancer has been recognized and its prognostic significance has been verified in colorectal cancer; decrease in the expression of this protein in cancer indicates a poor prognosis for patients. The aim of the current study was to evaluate BRCA1 protein expression in cancerous colorectal specimens compared to healthy tissue surrounding the tumor using immunohistochemistry method.

Methods: A total of 50 cancerous colorectal and 50 healthy specimens were collected. The expression of BRCA1 protein was evaluated upon paraffin sections through immunohistochemistry method.

Findings: The findings of the current study showed that the level of BRCA1 protein expression significantly decreased in cancerous specimens compared to healthy tissue surrounding the tumor ($P = 0.026$).

Conclusion: The expression of BRCA1 could be used as an appropriate biological marker in the diagnosis and prognosis of colorectal cancer.

Keywords: Colorectal cancer, Immunohistochemistry, Breast cancer 1 (BRCA1), Tumor inhibitor gene

Citation: Nikbakht-Dastjerdi M, Kashanian V. Comparative Expression of Breast Cancer 1 Tumor Suppressor Protein in Cancerous and Healthy Colorectal Specimens. J Isfahan Med Sch 2016; 33(368): 2455-60

1- Associate Professor, Department of Anatomical Sciences, School of Medicine, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
2- Student of Medicine, School of Medicine AND Student Research Committee, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

Corresponding Author: Mehdi Nikbakht-Dastjerdi PhD, Email: nikbakht@med.mui.ac.ir

بررسی القای آپوپتوزیس ناشی از تیمار با عصاره‌ی پوست انار سیاه در رده‌ی سلولی ملانوما در مقایسه با سلول‌های اندوتیال بند ناف انسان

نسیم دانا^۱, دکتر شقایق حق جوی جوانمرد^۲, الله رفیعی^۱

مقاله پژوهشی

چکیده

مقدمه: نقش در آپوپتوزیس (Apoptosis) نقش مهمی در تشکیل تومورها بازی می‌کند و به هم خوردن تنظیم آن، باعث مقاومت به درمان می‌شود. تأثیرات انار در مهار آپوپتوزیس و تکثیر سلولی برخی از سرطان‌ها به اثبات رسیده است. در این مطالعه، به بررسی تأثیر عصاره‌ی پوست انار سیاه بر بقای سلولی، مورفوژی و آپوپتوزیس سلول‌های ملانوما و اندوتیال پرداخته شد.

روش‌ها: عصاره‌ی هیدروالکلی انار پوست سیاه تهیه شد. آزمون سنجش سمیت MTT (4,5-Dimethylthiazol-2-yl)-2,5-diphenyltetrazolium bromide) دروزهای (۱۰، ۱۰۰، ۲۰۰ و ۳۰۰ میکروگرم بر میلی لیتر) عصاره و گروه شاهد با دی‌متیل سولفوکساید/۱۰ درصد، بر روی رده‌های ملانوما و اندوتیال انجام شد. آپوپتوزیس با استفاده از کیت Annexin-V و دستگاه فلوسیتومتر و مورفوژوپلیومتر بررسی گردید.

یافته‌ها: عصاره‌ی اندوتیال اثر سمی نداشت. تیمار با دوز ۷۷/۵ میکروگرم بر میلی لیتر (IC50) منجر به القای آپوپتوزیس اولیه (۴۳/۰۵ درصد) و ثانویه (۰/۰۵ درصد) ملانوما گردید که نسبت به گروه شاهد افزایش معنی‌دار داشت ($P < 0/05$) و ۵۶/۹ درصد سلول‌های زنده سالم بودند. القای آپوپتوزیس در سلول‌های اندوتیال مشاهده نشد؛ تنها سلول‌های ملانوما پس از تیمار، دچار تغییرات مورفوژوپلیومتری از جمله چروکیدگی و گردش دهن غشا شدند.

نتیجه‌گیری: عصاره‌ی پوست انار سیاه، باعث القای آپوپتوزیس، مرگ و تغییر مورفوژوپلیومتری سلول‌های ملانوما می‌شود، اما بر روی سلول‌های اندوتیال اثر ندارد. به نظر می‌رسد که این عصاره، می‌تواند با آزمایش‌های بیشتر به عنوان گزینه‌ی مناسبی برای القای آپوپتوزیس سلول‌های سرطانی ملانوما به عنوان درمان کمکی استفاده شود.

واژگان کلیدی: ملانوما، عصاره‌ی پوست انار سیاه، آپوپتوزیس

ارجاع: دانا نسیم، حق جوی جوانمرد شقایق، رفیعی الله. بررسی القای آپوپتوزیس ناشی از تیمار با عصاره‌ی پوست انار سیاه در رده‌ی سلولی ملانوما در مقایسه با سلول‌های اندوتیال بند ناف انسان. مجله دانشکده پزشکی اصفهان، ۱۳۹۴؛ ۳۶۸(۳۳): ۲۴۶۱-۲۴۶۸

مقدمه

درمان سرطان با شیمی درمانی و پرتو درمانی، همواره با بروز عوارض جانبی همراه بوده است؛ چرا که در این روش‌های درمانی، علاوه بر سلول‌های سرطانی، سلول‌های طبیعی هم هدف قرار می‌گیرند. در واقع، این روش‌های درمانی، به نسبت غیر انتخابی عمل می‌کنند و برخی از سرطان‌ها به این درمان‌ها مقاوم هستند (۱).

مرگ سلولی، نقشی مهم و اساسی در کترسل فیزیولوژی طبیعی بدن و بسیاری از شرایط پاتولوژیک ایفا می‌کند (۲-۳). اگر چه اغلب برای سهولت، مرگ سلولی را به دو دسته‌ی مرگ برنامه‌ریزی شده

(آپوپتوزیس) و مرگ تصادفی (نکروز)، تقسیم می‌کنند، اما مطابق یک طبقه‌بندی، حدود ۱۱ نوع مرگ سلولی وجود دارد که برخی از آن‌ها عبارت از آپوپتوزیس، نکروز، اتوفازی، انکوزیس پیروپپتوزیس و ... می‌باشند (۳).

آپوپتوزیس (Apoptosis) مرگ فیزیولوژیک سلولی است که در شرایط طبیعی سبب حذف سلول‌های پیر، آسیب دیده، اضافی و مضر می‌شود و برای تکامل و هموستان بافتی ضروری است. آپوپتوزیس خود، در ترمیم و نوسازی بافتی و نیز حذف سلول‌های واکنش‌گر نقش دارد (۴). هر گونه اختلال در روند آپوپتوزیس، منجر به بیماری

- دانشجوی دکتری تخصصی پژوهشی، مرکز تحقیقات فیزیولوژی کاربردی و پژوهشکده‌ی قلب و عروق، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان، اصفهان، ایران
 - دانشیار، گروه فیزیولوژی، دانشکده‌ی پزشکی و مرکز تحقیقات فیزیولوژی کاربردی و پژوهشکده‌ی قلب و عروق، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان، اصفهان، ایران
- نویسنده‌ی مسؤول: دکتر شقایق حق جوی جوانمرد

ترکیبات مختلف انار همچون روغن هسته و آب میوه‌ی آن، بر سرطان‌هایی نظر پرستات، پستان، کولون و ریه، از طریق القای آپوپتوزیس نشان داده شده است (۲۰-۲۲).

با توجه به نتایج مطالعات قبلی و اثرات بخش‌های مختلف انار بر روی رده‌های سلولی سرطانی، در صورتی که بتوان راهکاری یافته تا با مداخله در آپوپتوزیس سلول‌های سرطانی، مرگ آن‌ها را دستکاری نمود، شاید مسیر جدیدی در درمان سرطان فراهم آید. هدف از انجام این مطالعه، بررسی اثر عصاره‌ی پوست انار سیاه بر میزان بقا و آپوپتوزیس سلول‌های سرطانی ملانوما و مقایسه‌ی آن با سلول‌های اندوتیال بند ناف انسان بود.

روش‌ها

تهیه‌ی عصاره: انار شیرین پوست سیاه از کلکسیون باع انار مرکز تحقیقات کشاورزی منطقه‌ی دستگرد اصفهان تهیه و نام علمی آن توسط همین مؤسسه تأیید شد. پودر پوست خشک انار با حلال اتانول ۷۰ درصد حاوی ۱ درصد اسید استیک، مخلوط و عصاره‌گیری انجام شد (۲۳).

در ادامه، عصاره به طور جداگانه درون ویال‌های متعدد ریخته شد و این ویال‌ها جهت تبیخیر اتانول استفاده شده در فرایند عصاره‌گیری، به دستگاه Ependorf concentrator تحت خلا و دمای ۶۰ درجه‌ی سانتی‌گراد منتقل شدند. پودر حاصل تا زمان مصرف در دمای ۸۰-۸۰ درجه‌ی سانتی‌گراد نگهداری شد.

کشت سلول: رده‌ی سلولی سرطانی ملانومای پوستی B16F10 و سلول‌های اندوتیال ورید بند ناف انسان (HUVECs) یا Human umbilical vein endothelial cells) انسیتیو پاستور ایران خریداری شدند. سلول‌ها، در محیط کشت (Dulbecco's modified eagle medium) DMEM ۱۰ درصد سرم جنین گاوی و ۱۰۰ واحد در میلی‌لیتر پنسیلین و ۱۰۰ میکروگرم بر میلی‌لیتر استرپتومایسین، کشت داده شدند و در دمای ۳۷ درجه‌ی سانتی‌گراد و ۵ درصد CO_2 (Carbon dioxide) انکوبه شدند. شمارش سلولی با هموسایتومتر انجام شد. در تمامی آزمون‌ها، ابتدا درصد سلول‌های زنده با رنگ تریپان بلو تعیین گردید که همواره بیش از ۹۵ درصد بود.

بررسی سمیت سلولی: به منظور سنجش اثر سمیت سلولی از آزمون MTT (4,5-Dimethylthiazol-2-yl)-3-(4,5-Dimethylthiazol-2-yl)-2,5-diphenyltetrazolium bromide) استفاده شد.

معرف MTT یک نمک ترازوژیوم زرد رنگ است و در اثر فعالیت آنزیم‌های دهیدروژناز، جذب متکنتری سلول‌های زنده و فعال از نظر متابولیک می‌شود و بلور فورمازان بنشش رنگ تولید

می‌شود که می‌تواند ناشی از کاهش مرگ سلولی باشد که منجر به ایجاد و رشد سلول‌های سرطانی و یا اختلالات خود اینمی می‌گردد (۵).

نقص در آپوپتوزیس، نقش مهمی در تشکیل تومورها و ایجاد نیوپلازی بازی می‌کند و به هم خوردن تنظیم آن، باعث مقاومت به شیمی درمانی و پرتوکنتری می‌گردد. این روند، ممکن است باعث افزایش متابولیز نیز بشود (۶). به طور کلی، تدبیر آپوپتوزیک برای کشتن سلول‌های توموری، شامل القای مستقیم مولکول‌های پروآپوپتوزیک و تعدیل پروتئین‌های آنتی‌آپوپتوزیک یا بازسازی عملکرد ژن‌های مهار کننده‌ی رشد تومورها است (۷).

ملانومای بدخیم، یک سرطان پوست به شدت قابل گسترش به سایر اندام‌ها (Metastatic) است که به صورتی قابل توجه به درمان‌های متداول با Dacarbazine یا تموزولا ماید و هجنین، پرتوکنتری مقاوم است. در واقع، در بهترین شرایط تنها ۱۵-۳۰ درصد پاسخ به درمان مشاهده می‌شود (۸). مسیرهای انتقال پیام مختلفی شناسایی شده‌اند که یا به طور ذاتی و یا تحت تأثیر جهش در تومورهای ملانوما فعال می‌شوند و تومورهای ملانوما، با استفاده از آن‌ها به بقا، تکثیر و مقاومت به آپوپتوزیس و در نهایت متابولیز دست می‌یابند (۹-۱۰).

خواص متنوع بیولوژیک گیاهان دارویی، سال‌ها توسط محققان مورد بررسی قرار گرفته است. از جمله این که به تازگی، مطالعات بسیاری بر روی خاصیت ضد سرطانی بخش‌های مختلف گیاهان انجام شده است. از جمله گیاهان مؤثر بر روند آپوپتوزیس سلول‌های سرطانی، می‌توان به گیاه انار اشاره کرد.

در مطالعات متعددی مشخص شده است که انار، دارای خواص آنتی‌اکسیدانی، ضد سرطانی و ضد التهابی است (۱۱). درخت انار، درخت کوچکی از خانواده‌ی Punicaceae است (۱۲). پوست انار محتوی مواد پلی‌فنول مانند الاجیک اسید، الاجی تان‌ها و گالیک اسید و آنتوسیانین‌ها می‌باشد. مطالعات انجام شده، نشان داده است که بسیاری از ترکیبات تشکیل دهنده‌ی پوست انار مانند کوئرسيتین، لوتشولین و کامپفرول در برابر دامنه‌ی وسیعی از پروکسیدان‌ها در سیستم‌های لبیدی، دارای اثرات آنتی‌اکسیدانی هستند (۱۳-۱۵).

انار پوست سیاه، یکی از انواع انار است که در ایران پرورش داده می‌شود، اما نسبت به سایر گونه‌ها کمیاب است (۱۶). این گونه از انار، به ویژه پوست آن در طب سنتی در درمان چندین بیماری کاربرد دارد. مطالعات نشان می‌دهند که پوست این نوع انار، فلاونوئیدهای بیشتری نسبت به سایر انواع انار دارد (۱۷). مطالعات قبل، نشان می‌دهد که عصاره‌ی پوست انار سیاه، دارای خواص ضد آنتی‌سوزن و ضد سرطانی است (۱۸-۱۹). در چندین مطالعه، خواص ضد سرطانی

تاریکی انکوبه گردیدند. آن گاه، سلول‌ها دوباره شستشو و وارد ۲۵۰ میکرولیتر بافر رنگ‌آمیزی شدند. در پایان، سلول‌ها با دستگاه فلوسایتومتر (BD FACS Calibur e97600295) مورد آنالیز قرار گرفتند.

بررسی مورفولوژی: بعد از تیمار سلول‌های سلطانی B16F10 و سلول‌های HUVEC با عصاره‌ی پوست انار سیاه با غلظت ۷۷/۵ میکروگرم بر میلی لیتر به مدت ۴۸ ساعت، تغییرات مورفولوژیکی با میکروسکوپ اینزورت (Leica) با بزرگنمایی ۱۰ × بررسی و عکس‌برداری انجام شد.

برای بررسی نتایج به دست آمده، از آزمون‌های ANOVA و استفاده و $P < 0.05$ به عنوان سطح معنی‌داری در نظر گرفته شد.

می‌کند که در حلال مناسب (DMSO) یا Dimethyl sulfoxide) حل می‌گردد و میزان رنگ تولید شده، با استفاده از اسپکتروفوتومتر اندازه‌گیری می‌شود (۲۴).

برای انجام این آزمون، ابتدا سلول‌های ملانوما و اندوتیال هر کدام به صورت جداگانه به تعداد $10^4 \times 1$ در چاهک‌های پلیت ۹۶ خانه در محیط کشت کامل کشت و به مدت ۲۴ ساعت انکوبه شدند. سپس سلول‌ها برای مدت ۴۸ ساعت با غلظت‌های متفاوت از عصاره‌ی پوست انار (۱۰۰، ۲۰۰ و ۳۰۰ میکروگرم بر میلی لیتر) در محیط کشت سلولی تیمار شدند. سلول‌های تیمار شده با محیط کشت حاوی ۰/۱ درصد DMSO نیز به عنوان گروه شاهد در نظر گرفته شدند.

برای ارزیابی میزان سمیت، ۱۰ میکرولیتر از محلول رنگ MTT طبق شیوه‌نامه (شرکت ایده زیست ایران) به هر چاهک اضافه گردید و به مدت ۴ ساعت انکوباسیون ادامه پیدا کرد. سپس، مایع رویی حذف و ۱۰۰ میکرولیتر DMSO به هر چاهک اضافه شد. بعد از پیپتاز، جذب در طول موج ۵۷۰ نانومتر با استفاده از ELISA reader (Enzyme-linked immunosorbent assay reader) (Elisa reader Biotek elx800) سنجش آپوپتوزیس: یکی از روش‌های موجود برای بررسی آپوپتوزیس، آنالیز و مطالعه‌ی مولکول‌های فسفاتیدیل سرین موجود در سطح خارجی غشا به هنگام فرایند آپوپتوزیس است. مولکول Annexin V یک پروتئین متصل شونده به فسفولیپیدها در حضور یون کلسیم می‌باشد. این ماده، دارای تمايل بالاي برای مولکول فسفاتیدیل سرین است. بنا بر اين، برای تشخیص سلول‌های در حال آپوپتوزیس در يك جمعیت سلولی بسیار مناسب است.

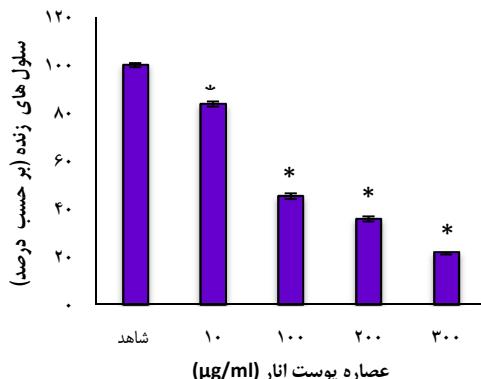
در این مطالعه، میزان آپوپتوزیس سلول‌های B16F10 و HUVEC با رنگ‌آمیزی با استفاده از کیت Annexin V-FITC (Ebioscience) و دستگاه فلوسایتومتر اندازه‌گیری شد. به این صورت که سلول‌ها به تعداد $10^5 \times 1$ در چاهک‌های پلیت ۲۴ خانه در محیط کشت کامل به مدت ۲۴ ساعت کشت داده شدند. سپس، به مدت ۴۸ ساعت تحت تیمار با دوز کشنده‌ی ۵۰ درصد سلول‌ها (Half maximal inhibitory concentration) یا IC50 که در مرحله‌ی قبل محاسبه شده بود، قرار گرفتند.

در مرحله‌ی بعد، سلول‌ها با استفاده از بافر نمکی فسفات سرد بر روی يخ از پلیت، جدا و سانتریفیوژ شدند. سپس، سلول‌ها با بافر رنگ‌آمیزی شستشو داده شدند. در مرحله‌ی بعد، با ۵ میکرولیتر (Annexin V-FITC) Annexin v-fluorescein isothiocyanate (Annexin V-FITC) و ۵ میکروگرم بر میلی لیتر Propidium iodide در ۱۰۰ میکرولیتر بافر رنگ‌آمیزی به مدت ۳۰ دقیقه، در دمای ۴ درجه‌ی سانتی‌گراد و در

یافته‌ها

بررسی سمیت سلولی

جهت بررسی تأثیر سمیت عصاره‌ی انار پوست سیاه بر سلول‌های HUVEC و B16F10 از آزمون MTT استفاده شد. نتایج سنجش سمیت نشان داد که عصاره‌ی پوست انار به صورت وابسته به دوزی دارای اثرات کشنده‌گی بر رده‌ی سلولی ملانوما است؛ به طوری که اثرات کشنده‌گی کلیه‌ی دوزهای تهیه شده از عصاره (۱۰، ۱۰۰، ۲۰۰ و ۳۰۰ میکروگرم بر میلی لیتر) دارای تفاوت معنی‌داری با گروه شاهد داشت ($P < 0.05$)؛ به این صورت که در پایین ترین دوز موجب از بین رفتن ۱۶/۳۵ درصد سلول‌ها و در بالاترین دوز، باعث کشته شدن ۷۶/۷۴ درصد سلول‌ها شد (شکل ۱).



شکل ۱. درصد بقای سلول‌های B16F10 تیمار شده با عصاره‌ی پوست انار سیاه با غلظت‌های ۱۰، ۱۰۰، ۲۰۰ و ۳۰۰ میکروگرم بر میلی لیتر در مقایسه با گروه شاهد (تیمار شده با محیط کشت حاوی ۰/۱ درصد دی‌متیل سولفوکساید) به مدت ۴۸ ساعت. نتایج به صورت میانگین \pm انحراف معیار نشان داده شده است.

* معنی دار بودن ارقام از لحاظ آماری نسبت به گروه شاهد ($P < 0.05$)

غلظت کشنده‌ی ۵۰ درصد سلول‌ها یا IC50 عصاره

میکروسکوپ اینورت بررسی شد. تیمار سلول‌های HUVEC با عصاره، هیچ گونه تأثیری بر مورفولوژی این سلول‌ها نداشت، اما سلول‌های B16F10 پس از تیمار با عصاره با دوز ۷۷/۵ میکروگرم بر میلی لیتر، دچار تغییراتی از جمله چروکیدگی و گرد شدن شدند (شکل ۳). آن دست از سلول‌های ملانوما که هنوز دچار آپوپتوزیس نشده‌اند، به دلیل از بین رفتن سایر سلول‌های اطرافشان شروع به کشیده شدن می‌کنند تا دوباره بتوانند اتصالات خود را با سایر سلول‌هایی که هنوز زنده‌اند، ارتباط برقرار کنند. این مشاهدات، نشان می‌دهد که عصاره‌ی پوست انار سیاه، باعث تغییرات مورفولوژی در سلول‌های ملانوما می‌شود و آثار القای آپوپتوزیس در آن‌ها دیده می‌شود.

بحث

رشد تومورهای سرطانی به دو عامل اصلی تقسیمات سلولی و مرگ سلول‌ها از طریق مرگ برنامه‌ریزی شده بستگی دارد (۲۵-۲۶). مرگ برنامه‌ریزی شده‌ی سلول را می‌توان یکی از مکانیسم‌های دفاعی بدن در برابر سرطان دانست. بیان تنظیم نشده‌ی پروتئین‌های مهار کننده‌ی این مسیر مرگ سلولی، می‌تواند منجر به افزایش طول عمر سلول و در نتیجه، تجمع جهش‌های تغییر شکل دهنده و در نهایت، شروع و پیشرفت سرطان شود (۵). همچنین، افزایش بیان پروتئین‌های ضد مرگ برنامه‌ریزی شده‌ی سلولی، منجر به رفتار تهاجمی تومور و مقاومت به درمان می‌شود (۶). در تحقیقات متعدد، رابطه‌ی معنی‌داری بین مرگ برنامه‌ریزی شده‌ی سلول و پیش‌آگهی سرطان‌هایی همچون ریه، پستان و مری نشان داده شده است (۲۷).

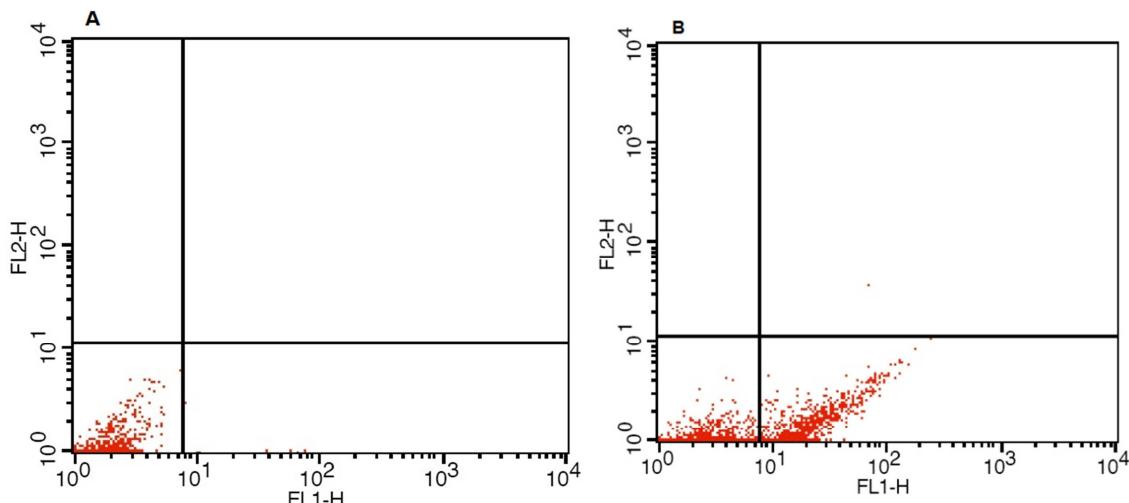
۷۷/۵ میکروگرم بر میلی لیتر) به دست آمد. از غلظت IC50 محاسبه شده برای سایر مراحل استفاده شد. از سوی دیگر، عصاره‌ی تهیه شده، هیچ گونه اثر سمیت معنی‌داری بر روی سلول‌های اندوتیال ندارد؛ به طوری که ۴ درصد مرگ در پایین ترین دوز و ۹ درصد مرگ در بالاترین دوز نسبت به گروه شاهد وجود داشت و تفاوت معنی‌داری مشاهده نشد ($P > ۰/۰۵$).

سنجه آپوپتوزیس

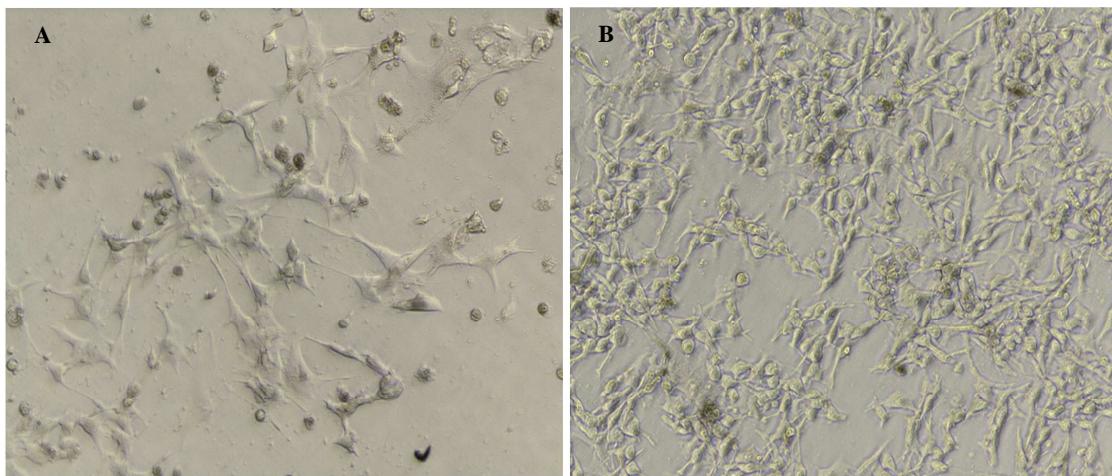
آپوپتوزیس، با رنگ‌آمیزی سلول‌ها و استفاده از کیت Annexin V-FITC و دستگاه فلوسایتومتر تعیین شد. آپوپتوزیس اولیه با رنگ گرفتن سلول‌ها با Annexin V-FITC و رنگ گرفتن سلول‌ها با هر دو رنگ Propidium iodide و Annexin V-FITC به منزله‌ی آپوپتوزیس ثانویه مثبت در نظر گرفته شد. سلول‌های فاقد تیمار (گروه شاهد)، ۹۹/۹ درصد سلول زنده‌ی سالم داشتند و تنها ۱/۰ درصد آپوپتوزیس اولیه نشان دادند (شکل A-۲). اما سلول‌های B16F10 تیمار شده با عصاره ۷۷/۵ میکروگرم بر میلی لیتر پس از ۴۸ ساعت، ۵۶/۹ درصد سلول زنده‌ی سالم، ۴۳/۰۵ درصد آپوپتوزیس اولیه و ۰/۰۱ درصد آپوپتوزیس ثانویه داشتند (شکل B-۲). این امر نشان می‌دهد که عصاره‌ی پوست انار سیاه، باعث القای آپوپتوزیس شده است و بیشترین میزان آپوپتوزیس، آپوپتوزیس اولیه بوده است. تیمار سلول‌های اندوتیال با دوز ۵۶/۹ درصد، هیچ گونه تأثیری در القای آپوپتوزیس این سلول‌ها نداشت و در مقایسه با گروه شاهد، تفاوت معنی‌داری مشاهده نشد.

تغییرات مورفولوژیکی

تغییرات مورفولوژیکی سلول‌های HUVEC و B16F10 با استفاده از



شکل ۲. آنالیز فلوسایتومتری آپوپتوزیس سلول‌های B16F10 با استفاده از کیت Annexin V-B16F10 - سلول‌های A-Annexin V-SL - بدون تیمار (گروه شاهد).
B-آپوپتوزیس القا شده به سلول‌های B16F10 ناشی از تیمار با عصاره‌ی پوست انار سیاه به میزان ۷۷/۵ میکروگرم بر میلی لیتر. میزان سلول زنده‌ی سالم ۵۶/۹ درصد، میزان آپوپتوزیس اولیه ۴۳/۰۵ درصد و میزان آپوپتوزیس ثانویه ۰/۰۱ درصد بوده است.



شکل ۳. مورفولوژی سلول‌های B16F10 با استفاده از میکروسکوپ اینورت Leica با بزرگنمایی $\times 10$. A- سلول‌های تیمار نشده. B- سلول‌های تیمار شده با عصاره‌ی پوست انار سیاه به میزان ۷۷/۵ میکروگرم بر میلی‌لتر

سرطان سینه، نشان می‌دهد که این ترکیبات، موجب مهار آنژیوژن، تکثیر و تهاجم این سلول‌ها می‌شود و از همه مهم‌تر، موجب القای آپوپتوزیس در آن‌ها می‌گردد (۳۲-۳۴). در مطالعات دیگری مشخص شده است که عصاره‌های مختلف انار، میزان تکثیر و آپوپتوزیس سلول‌های سرطانی اپیدرم خنجره (Human epithelial type 2) یا (Hep2)، رده‌ی سرطانی دهانه‌ی رحم انسان، سلول‌های A549 (سرطان ریه) و رده‌ی سلولی فیبروکارسینوما (WEHI-164) را تحت تأثیر قرار می‌دهند (۳۵-۳۷).

با توجه به نتایج به دست آمده از این مطالعه، در طی ۴۸ ساعت، از بین رفتان سلول‌های ملانوما، تغییرات مورفولوژیک و القای آپوپتوزیس در آن‌ها، می‌تواند نشان دهنده‌ی تأثیر عصاره بر غشای پلاسمایی این سلول‌های سرطانی و مختل شدن روند حیات آن‌ها باشد. به نظر می‌رسد که این عصاره، دارای توانایی مناسبی برای استفاده بر ضد سلول‌های سرطانی است و این در حالی است که بر روی سلول‌های طبیعی اثر نمی‌گذارد. از این‌رو، مطالعات بیشتری نیاز است تا شاید بتوان از این عصاره به عنوان درمان کمکی همراه با درمان‌های رایج سرطان ملانوما استفاده کرد.

تشکر و قدردانی

مقاله‌ی حاضر برگرفته از طرح پژوهشی به شماره‌ی ۲۹۱۱۰۱ می‌باشد. بدین وسیله از معاونت تحقیقات و فن‌آوری دانشگاه علوم پزشکی اصفهان جهت تأمین بودجه و امکانات لازم برای انجام این تحقیق، تشکر و قدردانی به عمل می‌آید.

در این مطالعه، به بررسی اثر تیمار سلول‌های ملانوما (B16F10) با عصاره‌ی پوست انار سیاه بر میزان آپوپتوزیس و بقای این سلول‌ها پرداخته شد و نتایج آن با سلول‌های اندوتیال مقابله گردید. آسالیز بقای سلولی نشان داد که عصاره‌ی پوست انار سیاه، باعث کاهش معنی‌دار بقای سلول‌های B16F10 می‌شود. همچنین، مطالعه‌ی آسالیز آپوپتوزیس با استفاده از فلوسایتومری نشان داد که این عصاره، به صورت معنی‌داری باعث القای آپوپتوزیس سلول‌های سرطانی ملانوما می‌گردد. نکته‌ی جالب در نتایج این تحقیق، نداشتن اثر سمیت عصاره بر سلول‌های اندوتیال به عنوان سلول طبیعی می‌باشد.

تحقیقین در مطالعات *In vitro* که بر روی رده‌های سلولی سرطان پروستات انجام گرفته است، نشان داده‌اند که قسمت‌های مختلف گیاه انار (آب، روغن هسته و پوست)، اثرات مهاری بر تهاجم و تکثیر سلول‌ها دارند و موجب القای آپوپتوزیس در آن‌ها می‌شوند (۲۸-۲۹). در دو مطالعه‌ی حیوانی نیز مشاهده شده است که انار، موجب مهار رشد و القای آپوپتوزیس سلول‌های سرطانی پروستات می‌شود (۲۲، ۳۰).

نتایج یک مطالعه‌ی کارآزمایی بالینی بر روی ۴۶ مرد دریافت کننده‌ی آب انار، کاهش معنی‌داری را در سطح سرم آنتی‌زن اختصاصی پروستات این افراد نشان داد. همچنین، نتایج این مطالعه، گویای این است که تیمار رده‌های سلولی سرطان پروستات با سرم یا پلاسمای این بیماران، موجب افزایش آپوپتوزیس و کاهش تکثیر آن‌ها می‌شود (۳۱).

از سوی دیگر، بررسی اثر ترکیبات انار بر روی رده‌های سلولی

References

1. Klein S, Levitzki A. Signal transduction therapy for cancer - Whither now? *Curr Signal Transduct Ther* 2006; 1(1): 1-12.
2. Han SI, Kim YS, Kim TH. Role of apoptotic and necrotic cell death under physiologic conditions. *BMB Rep* 2008; 41(1): 1-10.
3. Tait JF. Imaging of apoptosis. *J Nucl Med* 2008; 49(10): 1573-6.
4. Bergmann A, Steller H. Apoptosis, stem cells, and tissue regeneration. *Sci Signal* 2010; 3(145): re8.
5. Wong RS. Apoptosis in cancer: from pathogenesis to treatment. *J Exp Clin Cancer Res* 2011; 30: 87.
6. Lowe SW, Lin AW. Apoptosis in cancer. *Carcinogenesis* 2000; 21(3): 485-95.
7. Adachi S, Leoni LM, Carson DA, Nakahata T. Apoptosis induced by molecular targeting therapy in hematological malignancies. *Acta Haematol* 2004; 111(1-2): 107-23.
8. Collins I, Workman P. Design and development of signal transduction inhibitors for cancer treatment: Experience and challenges with kinase targets. *Curr Signal Transduct Ther* 2006; 1(1): 13-23.
9. Kashani-Sabet M, Shaikh L, Miller III JR, Nosrati M, Ferreira CMM, Debs RJ, et al. NF-κB in the Vascular Progression of Melanoma. *J Clin Oncol* 2004; 22(4): 617-23.
10. Kashani-Sabet M, Liu Y, Fong S, Desprez PY, Liu S, Tu G, et al. Identification of gene function and functional pathways by systemic plasmid-based ribozyme targeting in adult mice. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2002; 99(6): 3878-83.
11. Yoshimura M, Watanabe Y, Kasai K, Yamakoshi J, Koga T. Inhibitory effect of an ellagic acid-rich pomegranate extract on tyrosinase activity and ultraviolet-induced pigmentation. *Biosci Biotechnol Biochem* 2005; 69(12): 2368-73.
12. Bove SE, Calcaterra SL, Brooker RM, Huber CM, Guzman RE, Juneau PL, et al. Weight bearing as a measure of disease progression and efficacy of anti-inflammatory compounds in a model of monosodium iodoacetate-induced osteoarthritis. *Osteoarthritis Cartilage* 2003; 11(11): 821-30.
13. Gu L, Weng X. Antioxidant activity and components of *Salvia plebeia* R.Br. چهارم اسفلد a Chinese herb. *Food Chemistry* 2001; 73(3): 299-305.
14. Ahmed S, Wang N, Hafeez BB, Cheruvu VK, Haqqi TM. *Punica granatum* L. extract inhibits IL-1beta-induced expression of matrix metalloproteinases by inhibiting the activation of MAP kinases and NF-kappaB in human chondrocytes in vitro. *J Nutr* 2005; 135(9): 2096-102.
15. Mori-Okamoto J, Otawara-Hamamoto Y, Yamato H, Yoshimura H. Pomegranate extract improves a depressive state and bone properties in menopausal syndrome model ovariectomized mice. *J Ethnopharmacol* 2004; 92(1): 93-101.
16. Moghaddam Gh, Sharifzadeh M, Hassanzadeh Gh, Khanavi M, Hajimahmoodi M. Anti-ulcerogenic activity of the pomegranate peel (*Punica granatum*) methanol extract. *Food Nutr Sci* 2012; 4(10A): 43-8.
17. Shams Ardekani MR, Hajimahmoodi M, Oveisip MR, Sadeghi N, Jannat B, Ranjbar AM, et al. Comparative antioxidant activity and total flavonoid content of Persian pomegranate (*Punica granatum* L.) cultivars. *Iran J Pharm Res* 2011; 10(3): 519-24.
18. Dana N, Haghjooy Javanmard Sh, Fazilati M, Pilehvarian AA. Anti-angiogenic effects of pomegranate peel extract (*Punica Granatum* L.) on human umbilical vein endothelial cells. *J Isfahan Med Sch* 2012; 30(195): 913-21. [In Persian].
19. Dana N, Javanmard S, Rafiee L. Antiangiogenic and antiproliferative effects of black pomegranate peel extract on melanoma cell line. *Res Pharm Sci* 2015; 10(2): 117-24.
20. Zarfeshany A, Asgary S, Javanmard SH. Potent health effects of pomegranate. *Adv Biomed Res* 2014; 3: 100.
21. Turrini E, Ferruzzi L, Fimognari C. Potential Effects of Pomegranate Polyphenols in Cancer Prevention and Therapy. *Oxid Med Cell Longev* 2015; 2015: 938475.
22. Malik A, Mukhtar H. Prostate cancer prevention through pomegranate fruit. *Cell Cycle* 2006; 5(4): 371-3.
23. Grabacka M, Plonka PM, Urbanska K, Reiss K. Peroxisome proliferator-activated receptor alpha activation decreases metastatic potential of melanoma cells in vitro via down-regulation of Akt. *Clin Cancer Res* 2006; 12(10): 3028-36.
24. Zapata JM, Pawlowski K, Haas E, Ware CF, Godzik A, Reed JC. A diverse family of proteins containing tumor necrosis factor receptor-associated factor domains. *J Biol Chem* 2001; 276(26): 24242-52.
25. Vaish M, Mandhani A, Mittal RD, Mittal B. Microsatellite instability as prognostic marker in bladder tumors: a clinical significance. *BMC Urology* 2005; 5(2).
26. Guo M, Hay BA. Cell proliferation and apoptosis. *Curr Opin Cell Biol* 1999; 11(6): 745-52.
27. Tao KY, Li XX, Xu WZ, Wang Y, Zhu SM, Xie HX, et al. Prognostic role of apoptosis-related gene functional variants in advanced non-small-cell lung cancer patients treated with first-line platinum-based chemotherapy. *Onco Targets Ther* 2015; 8: 147-55.
28. Lansky EP, Jiang W, Mo H, Bravo L, Froom P, Yu W, et al. Possible synergistic prostate cancer suppression by anatomically discrete pomegranate fractions. *Invest New Drugs* 2005; 23(1): 11-20.
29. Albrecht M, Jiang W, Kumi-Diaka J, Lansky EP, Gommersall LM, Patel A, et al. Pomegranate extracts potently suppress proliferation, xenograft growth, and invasion of human prostate cancer cells. *J Med Food* 2004; 7(3): 274-83.
30. Malik A, Afaf F, Sarfaraz S, Adhami VM, Syed DN, Mukhtar H. Pomegranate fruit juice for chemoprevention and chemotherapy of prostate cancer. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2005; 102(41): 14813-8.
31. Pantuck AJ, Leppert JT, Zomorodian N, Aronson W, Hong J, Barnard RJ, et al. Phase II study of pomegranate juice for men with rising prostate-specific antigen following surgery or radiation for prostate cancer. *Clin*

- Cancer Res 2006; 12(13): 4018-26.
32. Kim ND, Mehta R, Yu W, Neeman I, Livney T, Amichay A, et al. Chemopreventive and adjuvant therapeutic potential of pomegranate (*Punica granatum*) for human breast cancer. Breast Cancer Res Treat 2002; 71(3): 203-17.
33. Jeune MA, Kumi-Diaka J, Brown J. Anticancer activities of pomegranate extracts and genistein in human breast cancer cells. J Med Food 2005; 8(4): 469-75.
34. Dikmen M, Ozturk N, Ozturk Y. The antioxidant potency of *Punica granatum* L. Fruit peel reduces cell proliferation and induces apoptosis on breast cancer. J Med Food 2011; 14(12): 1638-46.
35. Sangeetha J, Vijayalakshmi K. Apoptosis induction of *Punica granatum* extract on human lung cancer cells. Am J PharmTech Res 2015; 5(1): 479-85.
36. Mohammed M, Saad Z. Low concentrations of pomegranate rind extract influence: proliferation, cytotoxicity and apoptosis in cancer cell lines. Iraqi J Comm Med 2011; 1: 1-5.
37. Sineh SK, Baradaran B, Mazandarani M, Yousefi B, Abdollahpour AM, Khorri V. Growth-Inhibitory and Apoptosis-Inducing Effects of *Punica granatum* L. var. spinosa (Apple Punice) on Fibrosarcoma Cell Lines. Adv Pharm Bull 2014; 4(Suppl 2): 583-90.

Comparison of the Apoptosis Induction Effect of Pomegranate Peel Extract on Human Umbilical Vein Endothelial Cells and Melanoma

Nasim Dana MSc¹, Shaghayegh Haghjooy-Javanmard MD, PhD², Laleh Rafiee MSc¹

Original Article

Abstract

Background: Apoptosis defect plays an important role in the formation of tumors and its disruption causes resistance to treatment. The effects of pomegranate on the inhibition of apoptosis and cell proliferation of some cancer types have been demonstrated. The aim of this study was to investigate the effect of black pomegranate peel extract on cell survival, morphology, and apoptosis of melanoma cells and human umbilical vein endothelial cells (HUVECs).

Methods: The hydroalcoholic extract of black pomegranate pericarp was prepared. Toxicity of melanoma and HUVEC was evaluated through MTT assay (3-(4,5-Dimethylthiazol-2-yl)-2,5-diphenyltetrazolium bromide) in the experimental group at different concentrations of the extract (10, 100, 200, 300 µg/ml) and dimethyl sulfoxide (DMSO) 0.1% in the control group. In addition, apoptosis was studied using Annexin-V test and flow cytometry. The morphology of the cells was examined under a microscope.

Findings: After 48 hours, melanoma cell survival significantly decreased in a concentration-dependent manner ($P < 0.05$), but it had no effect on HUVEC proliferation. Exposure of cells to half maximal inhibitory concentration (IC50) at a dose of 77.5 µg/ml led to the induction of early apoptosis (43.05%) and late apoptosis (0.05%) in melanoma cells that was significantly increased compared to the control group ($P < 0.05$). In addition, 56.9% of cells were healthy. Apoptosis induction was not observed in HUVECs. Pomegranate peel extract only induced morphological changes such as cell shrinkage and rounding of cell membrane in melanoma cells.

Conclusion: Pomegranate peel extract induces apoptosis, death, and morphological changes in melanoma cells. However, it has no effect on HUVECs. It seems that this extract can be a good candidate for apoptosis induction in melanoma cells as complementary therapy.

Keywords: Melanoma, Pomegranate peel extract, Apoptosis

Citation: Dana N, Haghjooy-Javanmard Sh, Rafiee L. Comparison of the Apoptosis Induction Effect of Pomegranate Peel Extract on Human Umbilical Vein Endothelial Cells and Melanoma. J Isfahan Med Sch 2016; 33(368): 2461-8

1- PhD Student, Applied Physiology Research Center AND Cardiovascular Research Institute, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

2- Associate Professor, Department of Physiology, School of Medicine AND Applied Physiology Research Center AND Cardiovascular Research Institute, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

Corresponding Author: Shaghayegh Haghjooy-Javanmard MD, PhD, Email: sh_haghjoo@med.mui.ac.ir

نسل جدید روش‌های توالی‌یابی و کاربردهای آن

میثم مصلایی^۱، حامد میرزایی^۲، میکانوشن سیمونیان^۱، دکتر مجید خیرالهی^۳

مقاله مروری

چکیده

توالی‌یابی DNA یک روش آزمایشگاهی است که برای تعیین توالی یک مولکول DNA استفاده می‌شود و خود شامل هر روش یا تکنولوژی می‌باشد که برای تعیین ترتیب چهار باز آدنین، گوانین، سیتوزین و یوتین در یک رشته DNA به کار برد. توالی‌یابی DNA ممکن است برای تعیین توالی ژن‌های ویژه، مناطق بزرگ ژنومی، کل کروموزوم و کل ژنوم به کار برد شود. امروزه، با پیشرفت‌های قابل ملاحظه‌ای که در بیولوژی مولکولی به وجود آمده است، روش‌های سنتی توالی‌یابی (به طور عمده تکنیک Sanger) که زمان بیشتر و گران می‌باشد، دیگر پاسخگوی نیاز محققان نیستند. در نتیجه، افزایش تقاضا برای کاهش هزینه‌ی توالی‌یابی، به توسعه‌ی تکنولوژی‌های توالی‌یابی با توان عملکردی بالا (نسل جدید توالی‌یابی) منجر شد که قادر به توالی‌یابی هزاران و یا میلیون‌ها توالی به صورت همزمان می‌باشد. نسل جدید توالی‌یابی، قادر به توالی‌یابی سریع قطعات بزرگ DNA در طول ژنوم است و با حداقل ابزارها، قادر به تولید گیگا باز داده در هر مرحله‌ی توالی‌یابی می‌باشد. روش‌های نسل جدید توالی‌یابی، طیف وسیعی از کاربردها نظیر توالی‌یابی کل ژنوم، توالی‌یابی از نو، توالی‌یابی RNA برای کاربردهای مثل بررسی ترانسکریپtom و RNAهای کوچک، بررسی متیلاسیون و بررسی برهمنکش نوکلئیک اسید و پروتئین را شامل می‌شوند.

واژگان کلیدی: توالی‌یابی، نسل جدید توالی‌یابی، تکنولوژی Solex

ارجاع: مصلایی میثم، میرزایی حامد، سیمونیان میگانوشن، خیرالهی مجید. نسل جدید روش‌های توالی‌یابی و کاربردهای آن. مجله دانشکده پزشکی اصفهان ۱۳۹۴: ۳۳: ۲۴۸۰-۲۴۶۹

تحقیقات زیست‌پزشکی باز نمودند. همچنین، وجود نسل جدید دستگاه‌های توالی‌یابی، انقلاب عظیمی در ژنتیک ایجاد نموده‌اند و قادر به توالی‌یابی ژنوم انسان به قیمت ۱۰۰۰ دلار و حتی کمتر در طی چند روز با کیفیت بالا می‌باشند.^(۳).

تا چند سال پیش، برای توالی‌یابی از روش Sanger (روش دی‌دئوكسی) استفاده می‌شد. این روش، برای اولین بار در سال ۱۹۷۷ ارایه گردید. در همان سال، Maxam و Gilbert روش توالی‌یابی با تجزیه‌ی شیمیایی را مطرح نمودند.^(۴). روش Sanger مجموعه‌ای از قطعات DNA را تولید می‌کند که اندازه‌ی آن‌ها تنها در یک نوکلئوتید با یکدیگر تفاوت دارد.^(۵) در ابتدا، از ژل پلی‌اکریل آمید برای جداسازی این قطعات DNA استفاده می‌شد، اما به مرور زمان، ستون‌های کوچک جایگزین ژلهای بزرگ شد. به کمک این ستون‌ها، می‌توان قطعات DNA را در ۲-۳ ساعت از یکدیگر جدا نمود. این

مقدمه

Avery و همکاران در سال ۱۹۴۴ نشان دادند که دئوکسی ریبونوکلئیک اسید (Deoxyribonucleic acid) یا DNA را به عنوان ماده‌ی وراثتی مطرح نمود.^(۱) ساختار هلیکس دو رشته‌ای DNA که ترکیبی از چهار نوکلئوتید می‌باشد، در سال ۱۹۵۳ توسط Watson و Crick مشخص شد، که خود منجر به ارایه‌ی نظریه‌ی سترال دوگما (Central dogma) در زیست‌شناسی مولکولی شد.^(۲) در اغلب موارد، DNA ژنومی به صورت گونه‌ای و فردی تعریف می‌شود و از توالی‌های آن برای بررسی عملکرد سلول و رمزگشایی راز و رمز موجود زنده استفاده می‌گردد. تکنیک‌های توالی‌یابی قادر هستند به زیست‌شناسان در طیف وسیعی از کاربردها مانند کلونینگ، پیدا کردن ژنهای پاتوژن و مطالعات مقایسه‌ای کمک کنند. تکنیک‌های توالی‌یابی نسل جدید با توان عملکردی بالا، یک دریچه‌ی جدید در

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد، مرکز تحقیقات بیماری‌های ارثی کودکان، پژوهشکده بیش‌گیری اولیه از بیماری‌های غیر واگیر و گروه ژنتیک و بیولوژی مولکولی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان، اصفهان، ایران

۲- دانشجوی دکتری، مرکز تحقیقات بیوتکنولوژی، دانشگاه علوم پزشکی مشهد، مشهد، ایران

۳- دانشیار، مرکز تحقیقات بیماری‌های ارثی کودکان، پژوهشکده بیش‌گیری اولیه از بیماری‌های غیر واگیر و گروه ژنتیک و بیولوژی مولکولی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان، اصفهان، ایران

نویسنده‌ی مسؤول: دکتر مجید خیرالهی

Email: mkheirollahi@med.mui.ac.ir

و تجاری‌سازی تکنولوژی NGS می‌باشد. این شرکت، در اوخر دهه ۱۹۹۰ برای اولین بار از تکنولوژی موسوم به پایروسکوئنسینگ (Pyrosequencing) برای تعیین توالی DNA در مقیاس وسیع استفاده کرد. در این سیستم، نمونه DNA به قطعاتی با طول حدود ۱۰۰ جفت باز شکسته می‌شود. سپس، دو آدپتور کوتاه به انتهای قطعات متصل می‌شود. این آدپتورها، محل اتصال پرایمرهای لازم برای تکثیر و توالی‌یابی هستند. این قطعات، با ذرات کوچکی که پوششی از جنس استرپتاویدین در سطح خود دارند، مخلوط می‌شوند و به کمک آدپتور B خود که در انتهای ۵ بیوتینه است، به این ذرات متصل می‌گردد. آن گاه، قطعات دو رشته‌ای متصل به ذرات، دناتوره و تک رشته‌ای می‌گردد. این مخلوط، به اندازه‌ی کافی رفیق است؛ به طوری که به ذره منفرد، تنها یک رشته‌ی DNA متصل DNA می‌باشد. سپس، با افزودن ترکیبات لازم برای تکثیر قطعات امولسیون به دام می‌افتد و واکنش Polymerase chain reaction (PCR) به طور مستقل در هر قطره انجام می‌گردد (Emulsion PCR).

در مرحله‌ی بعد، به منظور تعیین توالی، ذرات حاوی DNA بر روی صفحه‌ی سلیکونی متشكل از ۴۰۰۰۰۰۰ چاهک منظم با حجمی در حد پیکولیتر پخش می‌شوند (۱۱). اندازه‌ی کوچک چاهک، باعث می‌شود تا در هر چاهک بیش از یک ذره قرار نگیرد (شکل ۱). سپس آنزیم‌های لازم یعنی DNA پلیمراز، سولفوریلاز و لوسيفراز به چاهک افزوده می‌شوند. چاهک‌ها به طور Deoxycytidine triphosphate (dGTP), (dCTP) Deoxythymidine triphosphate (dTTP), (dATP) Deoxyadenosine triphosphate (Deoxyguanosine triphosphate) و قرار می‌گیرند وین هر بار افزودن سوبستای دئوكسی نوکلئوتید، یک مرحله‌ی شستشو انجام می‌شود. بدیهی است که ورود هر نوکلئوتید به رشته‌ی در حال گسترش، وابسته به حضور باز مکمل در الگو می‌باشد. با ورود هر نوکلئوتید مکمل، یک مولکول پیروفسفات رها می‌شود. آنزیم سولفوریلاز، این مولکول پیروفسفات را با استفاده از آدنوزین فسفوسلفات Adenosine phosphosulfate (APS) به ATP حاصل شده، سوبستای خود را که لوسيفرین می‌باشد، به اکسی لوسيفرین تبدیل می‌کند. آن‌زیم لوسيفراز نیز به کمک ATP حاصل شده، سوبستای خود را به اکسی لوسيفرین می‌باشد، به اکسی لوسيفرین تبدیل می‌کند. این واکنش همراه با ساطع شدن نور می‌باشد. نور ساطع شده توسط دوربین‌های متصل به صفحه‌ی سلیکونی ثبت و به صورت پیک در یک گراف نمایان می‌شود (شکل ۱).

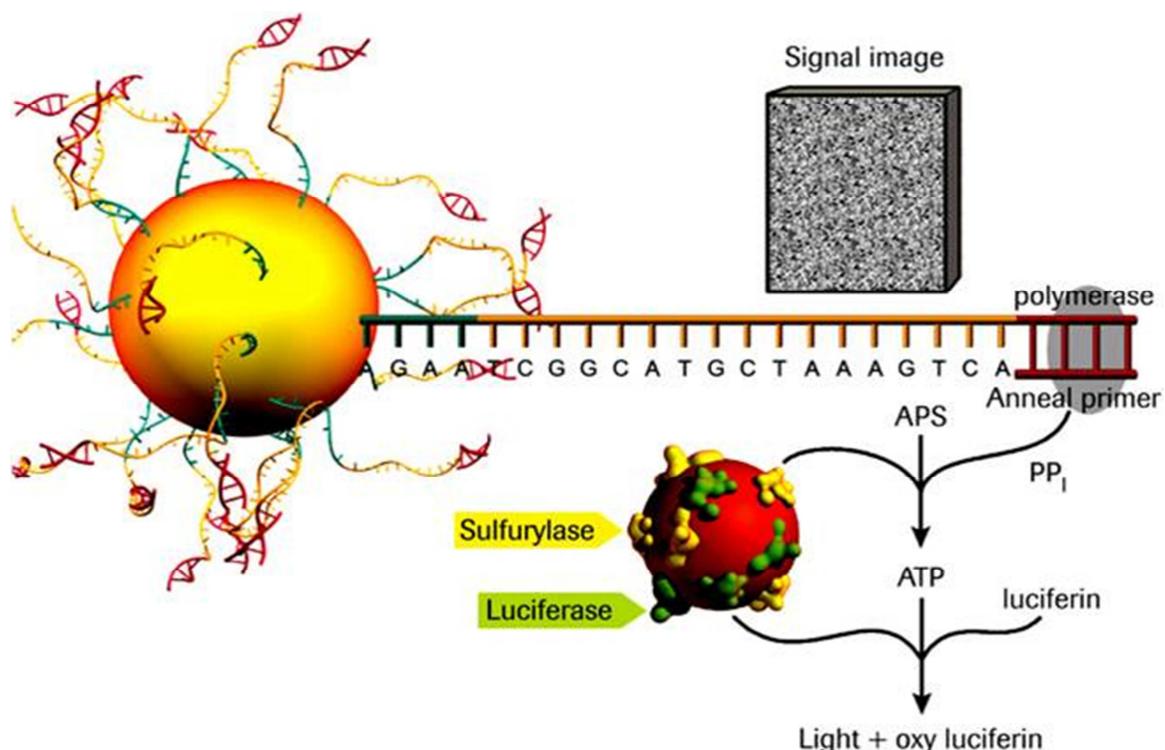
ستون‌ها، قابلیت استفاده‌ی مجدد را دارند و جدا کردن قطعات بین ۷۰۰-۸۰۰ جفت باز را امکان پذیر می‌سازند؛ یعنی ظرفیتی مشابه با ژل پلی‌اکریل آمید دارند، اما کار با آن‌ها به مرتب ساده‌تر می‌باشد (۶). با استفاده از نوکلئوتیدهای فلورسنت خاتمه دهنده‌ی زنجیره، پیشرفت مهم دیگری در توالی‌یابی DNA حاصل شد. به طور کلی، در این روش آخرین نوکلئوتید هر یک از قطعات DNA با یک رنگ فلورسنت نشانه‌گذاری می‌شود. بنا بر این، هر قطعه‌ی DNA، دارای اندازه و رنگ منحصر به فردی خواهد بود (۷). هم‌زمان با جدا شدن این قطعات بر روی ستون که بر اساس اندازه جداسازی و رمزگشایی می‌شود، حس‌گرهای فلورسنت، رنگ هر قطعه‌ی DNA را شناسایی می‌کنند. به این ترتیب، یک ستون، یک توالی ۶۰۰-۸۰۰ جفت بازی را در کمتر از ۳ ساعت بر اساس اندازه جداسازی و رمزگشایی می‌کند. دستگاه‌های توالی‌یابی خودکار که از نوکلئوتیدهای فلورسنت استفاده می‌کنند، به گونه‌ای توسعه یافته‌اند که دارای ۲۸۴ ستون مجرا کننده هستند و قادرند در یک اجرای سه ساعته، ۲۰۰ کیلو جفت باز DNA را توالی‌یابی کنند (۸). مجموعه‌ای از صد دستگاه می‌توانند اطلاعاتی معادل توالی ژنوم انسان را تنها در دو ماه ایجاد نمایند. توالی‌های تولید شده توسط نسل جدید دستگاه‌های تعیین توالی، در اصطلاح Read (خوانش) نامیده می‌شوند.

به طور کلی، توالی‌یابی قطعات DNA با استفاده از تکنیک‌های جدید توالی‌یابی (NGS) یا Next generation sequencing، بر خلاف توالی‌یابی به روش Sanger نیازی به مراحل همسانه‌سازی ندارد؛ این مسئله، زمان و هزینه‌ی توالی‌یابی را به شدت کاهش داده است. از دیگر مزیت‌های این نوع توالی‌یابی، می‌توان به تولید میلیون‌ها توالی به طول متوسط ۳۰-۷۰۰ جفت باز (بسته به هدف مورد نظر و نوع سیستم استفاده شده) تنها در طی چند روز با دقت و صحت بالا (توالی‌یابی در مقیاس وسیع) اشاره نمود. این ویژگی‌ها باعث شد تا این تکنولوژی جایگزین روش توالی‌یابی Sanger شود و اغلب آزمایشگاه‌ها بتوانند به طور مستقل از مراکز توالی‌یابی ژنومی بزرگ از آن بهره‌برداری کنند (۹).

در کار مزایای ارزشمند تکنیک‌های NGS، آنالیز داده‌های حاصل از توالی‌یابی که طول کوتاهی دارند، بزرگ‌ترین چالش در این زمینه می‌باشد که نیازمند کامپیوترهای پیشرفته، نرم‌افزارهای خاص برای آنالیز داده‌ها، همچنین دانش و تخصص کافی است (۱۰). نسل جدید دستگاه‌های توالی‌یابی در اوخر دهه ۱۹۹۰ توسط شرکت‌های مختلف نظری Roch/454 Life science Illumina/Solex و ABI/SOLiD ایجاد و طی سال‌های ۲۰۰۵-۰۶ تجاری شدند.

تکنولوژی Roch/454 Life science

شرکت Roch/454 Life science اولین مؤسسه‌ی پیشگام در تولید



شکل ۱. تعیین توالی با تکنولوژی ۴۵۴ (۵۷)

هر اجرای این دستگاه اندک است، استفاده از آن برای موجوداتی با اطلاعات زیستی محدود، مستلزم اجرای متعدد می‌باشد که از نظر اقتصادی چندان مفروض به صرفه نیست. در مقابل، این تکنیک ابزاری قدرتمند برای توالی‌یابی مجدد ژنوم‌های شناخته شده می‌باشد (۱۱). به عنوان مثال، این روش برای توالی‌یابی بخش‌هایی از ژنهای یک شخص، به منظور تشخیص جهش‌های بیماری‌زا به خوبی عمل می‌کند. به منظور افزایش سرعت در این مورد، نوکلئوتیدها می‌توانند به همان ترتیبی که در توالی طبیعی شناخته شده وجود دارند، اضافه شوند. به این ترتیب، جهش از طریق عدم توانایی نوکلئوتید طبیعی برای اتصال در یک موقعیت خاص به سادگی تشخیص داده می‌شود (۱۰).

Illumina/Solex

شرکت Solex که در سال ۲۰۰۶ دستگاه Genome analyzer را به بازار ارایه کرد که در سال ۲۰۰۷ توسط شرکت Illumina خریداری شد و از آن زمان به بعد با نام Illumina/Solex شناخته می‌شود. طول متوسط توالی‌های خوانده شده توسط این تکنولوژی، ۳۷–۱۵۰ جفت باز می‌باشد (۸). برای انجام توالی‌یابی به کمک این تکنولوژی، ابتدا DNA مورد نظر به قطعاتی با طول کمتر از ۸۰۰ جفت باز شکسته می‌شود. این قطعات، دارای انتهای صاف هستند و از دو طرف به آدپتورهایی متصل می‌شوند. فراورده‌های حاصل، پس از

رونقی و همکاران، در سال ۱۹۹۸ از پایه‌گذاران پایروسکوئنسینگ بودند (۱۲). در آخرین نسخه‌ی ارایه شده از طرف شرکت Roch، این تکنولوژی می‌تواند تا ۱۴ گیگاباز (Giga bases; Gb) توالی با طول متوسط ۷۰۰ جفت باز تولید کند. طول بلند توالی‌های تولید شده توسط این روش و سرعت بالا، از مهم‌ترین ویژگی‌های این تکنولوژی می‌باشد. هر اجرای پایروسکوئنسینگ بسیار سریع است؛ در واقع، این تکنیک می‌تواند تعداد زیادی اجرا را به طور هم‌زمان انجام دهد. به عنوان مثال، ۹۶ اجرای مختلف می‌تواند به طور هم‌زمان در یک پلیت ۹۶ چاهکی انجام شود، از آن جایی که کل فرایند اتوماتیک است، نیاز چندانی به توجه فرد آزمایش کننده ندارد. بدینهی است هر تکنولوژی در کنار مزایای خود، یک سری معایب نیز دارد و یکی از معایب این روش، درصد خطای به نسبت بالای آن در نواحی هموپلیمر DNA است. هزینه‌ی بالای توالی‌یابی با این روش در مقایسه با سایر روش‌های توالی‌یابی در مقیاس وسیع، عیب دیگر این تکنولوژی به شمار می‌رود که استفاده از آن را تا حدی محدود می‌کند (۱۳). تکنولوژی ۴۵۴، توالی‌های بلندتری را در مقایسه با روش‌های دیگر توالی‌یابی در مقیاس وسیع تولید می‌کند. این مسأله، دقت و سر هم نمودن این توالی‌ها را به توالی‌های بلندتر را به طور قابل توجهی افزایش می‌دهد. با این وجود، چون تعداد خوانش‌های تولید شده در

۲۰۱۰ سیستم Illumina Hiseq را به بازار ارایه کرد که از راهبرد پیش‌گفته، برای تعیین توالی استفاده می‌کند، اما خروجی آن در مقایسه با نسخه‌های قبلی بسیار بیشتر است. این سیستم در ابتدا در هر اجراء قادر به خواندن ۲۰۰ Gb توالی بود که به ۶۰۰ Gb افزایش یافته است (۱۵). اگر چه طول کوتاه توالی‌های تولید شده توسط Illumina انجام آنالیزهای دقیق به ویژه در موجوداتی با اطلاعات ژنتیک بسیار کم را محدود می‌کند، اما قابلیت انجام توالی‌یابی در هر دو جهت مولکول DNA که به Paired-end sequencing معروف است، تا حد زیادی بر این مشکل غلبه کرده است؛ به طوری که امروزه اغلب با استفاده از این سیستم و در مواردی ترکیب دو سیستم ۴۵۴ و Illumina ۷۵۰ بسیاری از موجودات در حال توالی‌یابی است (۸).

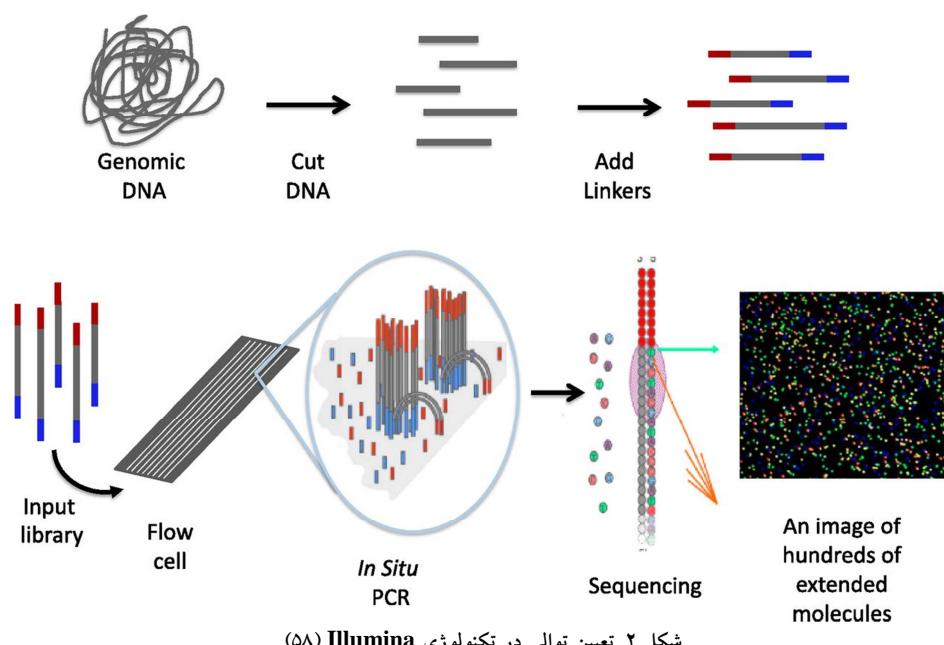
تکنولوژی ABI/SOLiD

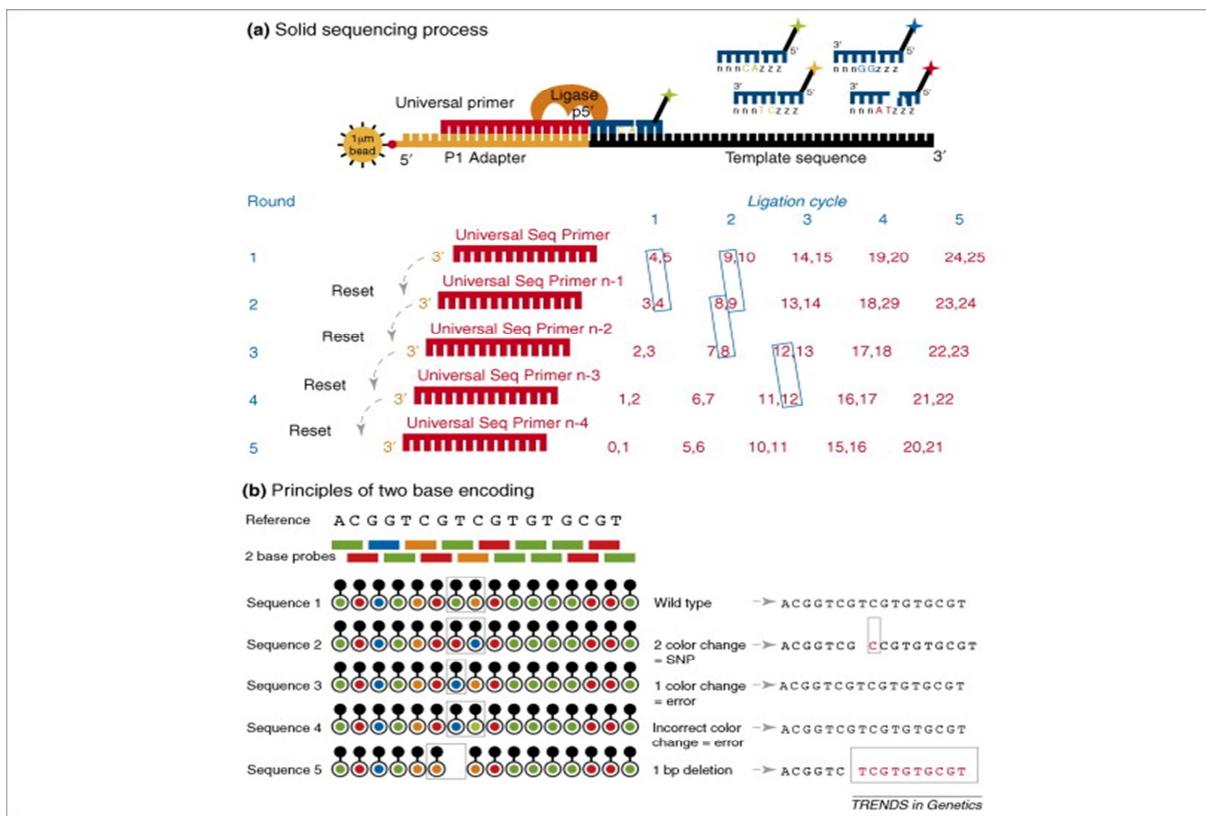
شرکت Sequencing by oligonucleotide Ligation and detection (SOLiD) در سال ۲۰۰۶، تکنولوژی توالی‌یابی از طریق اتصال (Sequencing by ligation) را به بازار معرفی کرد و در همین سال نیز توسط شرکت Applied biosystems (ABI) خریداری شد. با استفاده از این تکنولوژی، توالی‌هایی به طول ۳۵-۷۵ جفت باز خوانده می‌شود. مراحل آماده‌سازی نمونه‌ی DNA، به طور تقریبی مشابه با سیستم توالی‌یابی ۴۵۴ است؛ به طوری که نمونه‌ی DNA مورد نظر به قطعات کوچک‌تری (حدود ۲۰۰ جفت باز) شکسته می‌شود و پس از اتصال آداپتور به انتهای قطعات حاصل، این قطعات از طریق Emulsion PCR تکثیر می‌گردند (۸).

داناتوره شدن از یک انتهای با پرایمرهایی متصل (و مکمل با توالی آداپتور) به یک سطح جامد به نام Flow cell هیبرید می‌شوند و بر روی سطح ثابت می‌شوند و از انتهای دیگر، با توالی مکمل دیگر در سطح Flow cell هیبرید می‌شوند و به این ترتیب، یک ساختار پل مانند شکل می‌گیرد که الگوی تکثیر در واکنش PCR است (Bridge PCR). پس از انجام واکنش PCR در حدود ۲۰۰۰ کپی از قطعات DNA دو رشته‌ای بر روی سطح جامد تولید می‌شوند که به آنها در اصطلاح خوشه (Cluster) گفته می‌شود (شکل ۲).

در مرحله‌ی بعد، به منظور تعیین توالی قطعات، مولکول‌های DNA داناتوره و خطی می‌شوند، پس از هیبریداسیون پرایمر مخصوص توالی‌یابی به توالی مکمل آداپتوری در انتهای هر رشته، Flow cell برای تعیین توالی در دستگاه مربوط آماده است. در هر چرخه‌ی توالی‌یابی، مخلوط از چهار نوکلئوتید که هر کدام با رنگ فلورسنت مختلف نشانه‌گذاری شده‌اند (رنگ فلورسنت واحد یک گروه خاتمه دهنده‌ی ستر زنجیره نیز می‌باشد)، به سطح Flow cell اضافه می‌شود. پس از شناسایی نوکلئوتید اضافه شده به رشته‌ی DNA در حال سنتز، رنگ فلورسنت به همراه گروه خاتمه دهنده از انتهای باز برداشته می‌شود و با اضافه شدن مخلوط نوکلئوتیدی به سطح، چرخه‌ی بعدی آغاز می‌گردد (شکل ۲).

به این ترتیب، در هر چرخ، تها یک نوکلئوتید به رشته‌ی DNA در حال سنتز افزوده می‌شود (۱۴). برخلاف تکنولوژی ۴۵۴، فرایند اضافه شدن بازها در این سیستم، به خوبی قادر به تعیین توالی DNA با دقت بالا در نواحی هموپلیمر و توالی‌های تکراری است. در اوائل سال





شکل ۳. توالی‌یابی (ABI/SOLiD sequencing) Applied biosystems/Sequencing by oligonucleotide ligation and detection

Two base encoding

صحت توالی‌های خوانده شده با استفاده از این تکنولوژی، در مقایسه با سیستم‌های دیگر در سطح بالای است. به کمک این روش تعیین توالی، می‌توان بین خطای توالی‌یابی (Sequencing error) و چندشکلی تک نوکلئوتیدی (Single nucleotide polymorphism) تمایز قائل شد. این تمایز با در نظر گرفتن این مسأله است که خطای توالی‌یابی تنها در یک واکنش تعیین توالی قابل ردیابی است، اما چندشکلی در هر دو واکنش شناسایی می‌شود. از این رو، دقیق توالی‌یابی در این سیستم در مقایسه با سیستم‌های دیگر در سطح بالای است. در ابتدا، در هر اجرای دستگاه تا ۲ Gb توالی خوانده می‌شد، اما در دسامبر ۲۰۰۹، نسخه‌ی جدیدی از این تکنولوژی تحت عنوان ۳TMSOLiD Plus Plus معرفی شد که قادر است در هر اجراء، بیش از ۶۰ Gb توالی را بخواند (۱۴).

تعیین توالی مولکول منفرد (Single molecule sequencing)

در حال حاضر، جدیدترین سیستم توالی‌یابی که به نسل سوم توالی‌یابی (Next- next- generation sequencing) معروف است، اولین پار توپوت شرکت Helicos Bioscience معرفی شد و قادر به توالی‌یابی یک مولکول منفرد می‌باشد (۱۶). ویژگی‌های

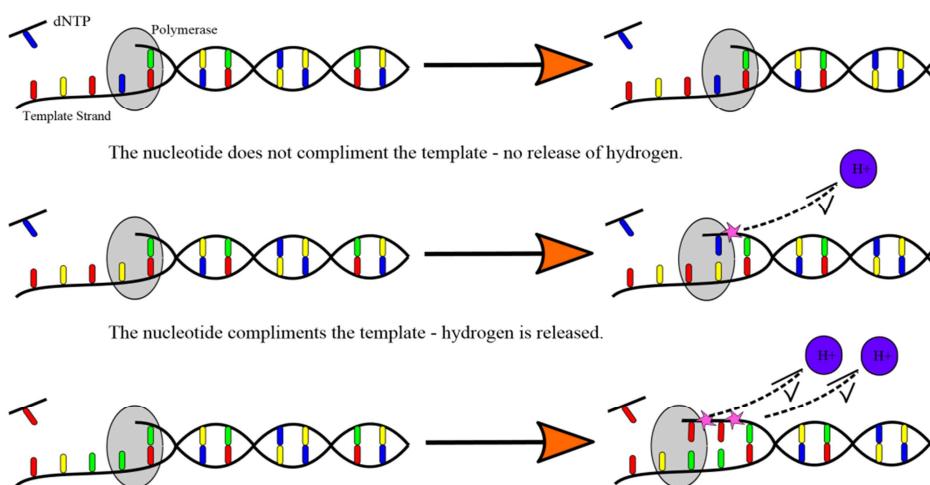
در مرحله‌ی تعیین توالی، پرایمر توالی‌یابی که مکمل توالی آداتپور در انتهای قطعات DNA است، به این قطعات متصل می‌شود، سپس یک سری اکتامرهای اولیگو نوکلئوتیدی نشان‌دار شده با رنگ‌های فلورسنت، برای اتصال به پرایمر با یکدیگر رقابت می‌کند. در این اکامر، دو باز وسط (بازه‌های ۴ و ۵) با یکی از چهار رنگ فلورسنت نشان‌دار شده است. به این ترتیب، پس از اتصال اکتامر به پرایمر این بازها شناسایی خواهند شد (۱۴). اکتامر اولیگو نوکلئوتیدی پس از باز پنجم شکسته می‌شود و رنگ فلورسنت نیز آزاد می‌گردد. سپس، با اتصال اکامر دیگر چرخه‌های هیبریداسیون و اتصال تکرار می‌شوند تا بازه‌های ۹ و ۱۰ تعیین توالی شوند. در چرخه‌ی بعدی، بازه‌ای که در موقعیت‌های ۱۴ و ۱۵ قرار گرفته‌اند، توالی‌یابی می‌گردد. پس از یک سری چرخه‌های اتصال (Ligation)، قطعه‌ی مورد نظر با پرایمر مخصوص دیگری که مکمل موقعیت ۱-n است، هیبرید می‌شود و دوباره، چرخه‌های اتصال اکتامر اولیگو نوکلئوتیدی به پرایمر تکرار می‌گردد تا بازه‌های دیگر توالی‌یابی گردند. پس از ۵ دور هیبریداسیون پرایمرهای توالی‌یابی مختلف با قطعه‌ی مورد نظر و تکمیل تکرار چرخه‌های اتصال برای هر اکتامر اولیگو نوکلئوتیدی نشان‌دار، هر باز با استفاده از دو پرایمر توالی‌یابی و در طی دو واکنش اتصال مستقل توالی‌یابی می‌شود. این روش تعیین توالی در اصطلاح

تحقیقات میکروبی و شناسایی پاتوژن‌ها، بسیار مناسب و کاربردی می‌باشد (۱۷).

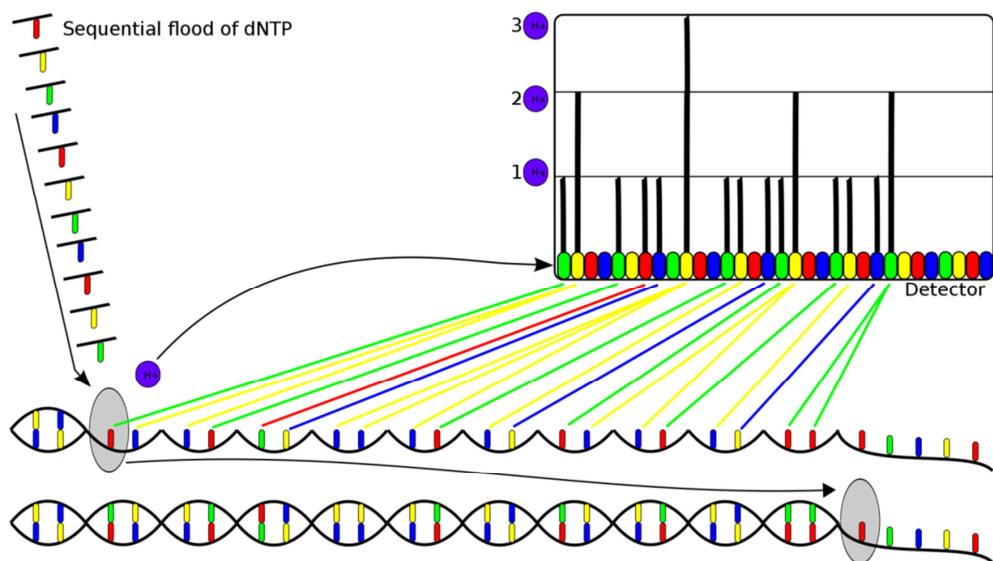
شرکت Ion Torrent در اوخر سال ۲۰۱۰ دستگاهی موسوم به Ion personal genome machine (Ion PGM) را روانه‌ی بازار کردکه نوع دیگری از دستگاه نسل سوم توالی‌یابی است. در این تکنولوژی، به ازای اضافه شدن هر نوکلئوتید توسط پلیمراز به مولکول DNA، یک پروتون آزاد می‌گردد و pH محیط واکنش تغییر می‌یابد. به این ترتیب، تغییر pH توسط حس‌گرهای ریدیابی می‌شود و اضافه شدن نوکلئوتید و نوع آن را ریدیابی می‌کند (شکل ۴) (۱۶).

ممتاز این تکنولوژی در مقایسه با تکنیک‌های نسل دوم توالی‌یابی، عدم نیاز به تکثیر DNA با واکنش PCR می‌باشد که باعث افزایش دقیق و کاهش زمان لازم برای توالی‌یابی شده است؛ همچنین، قابلیت شناسایی نوکلئوتید اضافه شده به زنجیره‌ی در حال ساخت، در زمان واقعی (Real time) و بلا فاصله پس از اضافه شدن از امتیازات این تکنیک می‌باشد. طول متوسط توالی‌های خوانده شده توسط این سیستم، ۱۳۰۰ جفت باز است که از طول توالی‌های خوانده شده توسط تمام دستگاه‌های نسل دوم بیشتر است. با این وجود، این تکنولوژی برای آزمایشگاه‌های کلینیک و به ویژه

A



B



شکل ۴. A) اضافه شدن نوکلئوتیدها به رشتی در حال سنتز و آزاد شدن پروتون‌ها. B) تعیین توالی به وسیله تکنولوژی شرکت Ion Torren، ریدیابی هر نوکلئوتید به وسیله‌ی حس‌گرهای حس‌گرهای ویژه (۸)

آزمایشگاه‌ها تحقیقی و بالینی در دسترس نمی‌باشد (۲۱)، در نتیجه توالی‌یابی یک سری توالی‌های خاص که جهش یا تغییرات دیگر در آن‌ها موجب بیماری می‌شود، مورد توجه قرار گرفته است. امروزه، از پلت فرم‌های مختلف NGS به منظور Exome sequencing در بیماری‌هایی که چندین ژن مختلف مستعد برای جهش دارند و یا بدون نقاط Hot spot برای جهش می‌باشند، استفاده می‌شود (۲۲-۲۳). از این موارد، می‌توان به بیماری‌های نقص ایمنی و سرطان‌ها مانند کلورکتال و یا سینه اشاره نمود که می‌تواند حاصل جهش در یک سری ژن‌های هدف باشد و یا به عنوان مثال برای بررسی تغییر طول میکروسatellite‌ها (Microsatellite instability by next-generation sequencing) mSINGS (۲۴-۲۵) در سرطان کلورکتال اشاره نمود که هم در تشخیص نوع سرطان و هم در درمان آن بسیار مفید می‌باشد (۲۶).

De novo sequencing and Assembly

توالی‌یابی از نو، به مفهوم تولید توالی اولیه‌ی ژنومی یا ترانسکریپتومی برای موجوداتی است که اطلاعات ژنتیک محدودی از آن‌ها در دسترس نمی‌باشد (۲۷).

کاربردهای NGS

سرعت بالا و هزینه‌ی پایین توالی‌یابی با استفاده از این تکنیک، در مقایسه با روش تعیین توالی Sanger، کاربردهای فراوانی برای آن ایجاد کرده است که به برخی از آن‌ها اشاره می‌شود (جدول ۱).

توالی‌یابی کل ژنوم به منظور دست یافتن به واریانت‌های مختلف

مربط با بیماری‌ها

دست یافتن به واریانت‌های ژنتیک که افراد را نسبت به دیگر افراد جامعه مستعد ابتلاء به یک بیماری می‌نماید، از ابتدا مورد توجه بوده است. مطالعه بر روی کل ژنوم از طریق توالی‌یابی، در ابتدا بر روی واریانت‌هایی که در جامعه شایع هستند ($MAF > 50$ درصد) یا $MAF < 1\%$ انجام می‌گرفت (۱۸)، اما با دست یافتن به روش‌های NGS و توالی‌یابی کل ژنوم از طریق آن، امکان پرسی واریانت‌هایی با فراوانی پایین تر (۱۹-۲۰) در حدود $MAF < 1\%$ در طرح 1000 ژنوم، واریانت‌هایی با فراوانی کمتر از 1 درصد، مورد بررسی قرار گرفتند (۲۰).

توالی‌یابی مناطق هدف (Targeted sequencing)

اگر چه توالی‌یابی کل ژنوم با استفاده از NGS روش بهینه و جامع‌تری برای آنالیز ژنوم می‌باشد، اما این تکنیک در بسیاری از

جدول ۱. کاربردهای از روش‌های نسل دوم توالی‌یابی

کاربرد	مثال کاربرد	منبع	سال
ژنوم	تعیین توالی از نو	و همکاران (۵۹) Velasco	۲۰۰۷
ترانسکریپتوم	توالی‌یابی کل ژنوم	و همکاران (۶۰) Huang	۲۰۰۹
ابحث ژنتیک	RNA-Seq	و همکاران (۶۱) Li	۲۰۱۰
متنازنوم	پروفایل ژنومی از تغییرات هیستون	و همکاران (۲۶) Bentley	۲۰۰۶
متیلاسیون DNA	پروفایل ژنومی از موقعیت توکلوزوم	و همکاران (۲۷) Ossowski	۲۰۰۸
		و همکاران (۶۲) Denver	۲۰۰۹
فلور میکروبی محیطی	پروفایل ژنومی از موقعیت توکلوزوم	و همکاران (۲۸) Wang	۲۰۰۹
		و همکاران (۵۳) Impey	۲۰۰۴
متنازنوم	فلور میکروبی محیطی	و همکاران (۵۲) Mikkelsen	۲۰۰۷
		و همکاران (۶۳) Cokus	۲۰۰۸
متنازنوم	پروفایل ژنومی از موقعیت توکلوزوم	و همکاران (۶۴) Costello	۲۰۰۹
		و همکاران (۶۵) Fierer	۲۰۰۶
متنازنوم	پروفایل ژنومی از موقعیت توکلوزوم	و همکاران (۶۶) Johnson	۲۰۰۶
		و همکاران (۶۷) Turnbaugh	۲۰۰۷
متنازنوم	پروفایل ژنومی از موقعیت توکلوزوم	و همکاران (۶۸) Qin	۲۰۱۰
		و همکاران (۵۵) Edward	۲۰۰۶
متنازنوم	پروفایل ژنومی از موقعیت توکلوزوم	و همکاران (۵۴) Huber	۲۰۰۷

دارند، از این رونوشت‌ها می‌توان به عنوان نشانگرهای تشخیصی و کمک کننده به تعیین نوع درمان نیز استفاده نمود که با توجه به کارامدی NGS در تعیین توالی RNA کل، می‌توان از آن به عنوان یک ابزار مناسب در تشخیص و کمک کننده به درمان یاد نمود (۱۸، ۳۴).

بررسی تغییرات اپیژنتیک

ارتباط بین پروتئین و DNA یک برهم‌کنش بیولوژیک است که نقش عمده‌ای در قابل دسترس بودن DNA و تنظیم بیان ژن‌ها دارد. در سال‌های اخیر، برای بررسی پروفایل پروتئین‌های متصل شده به DNA در مقیاس ژنومی و همچنین، تغییرات پروتئین‌های هیستونی و نوکلوزوم‌ها، از تکنیک Combining chromatin immunoprecipitation (ChIP-seq) استفاده می‌شود (۳۵). به این ترتیب که پس از رسوب‌دهی ایمونوکروماتینی و تفکیک پروتئین‌ها، DNA به کمک تکنیک NGS توالی‌یابی می‌گردد. از این جمله، می‌توان به مطالعات انجام شده با استفاده از تکنولوژی ۴۵۴ و تعیین جایگاه اتصال برخی عوامل نسخه‌برداری به DNA با استفاده از سیستم توالی‌یابی ENCODE اشاره کرد (۳۶). در طرح Illumina ChIP-seq، ۱۲ نوع تغییر هیستونی در ۴۶ رده‌ی سلولی مختلف تعیین شد (۳۷). به منظور نقشه‌یابی الگوی متیلاسیون ژنوم، از تکنیک مختلف NGS مانند (MeDIP-Seq) Methylated DNA immunoprecipitation Reduced representation bisulfite sequencing و MethylC-seq (RRBS) (۳۸-۴۰) استفاده می‌شود که یکی از کاربردهای بالینی آن، در تعیین الگوی متیلاسیون در ژن‌های مستعدی مانند MSH2 (MutS Homolog 2) و MLH1 (MutL homolog 1) در سرطان کلورکتال می‌باشد (۴۱).

توالی‌یابی تک سلول (Single-cell sequencing)

بسیاری از روش‌های توالی‌یابی، نیاز به RNA یا DNA حاصل از ۱۰⁵ سلول دارند (۴۲-۴۳) که این امر، در مورد بافت‌های سخت، توموری که بسیار هتروژن و همچنین همراه سلول‌های سالم می‌باشد، مسئله‌ساز می‌باشد. در نتیجه، تشخیص سلول‌های اولیه و در واقع، تشخیص کلون‌های سرطانی مشکل می‌شود (۴۴)؛ اما امروزه، از آن جا که NGS به DNA اولیه‌ی پایینی نیاز دارد، می‌توان به صورت تک سلول به توالی‌یابی کل ژنوم پرداخت و به تعداد کلون‌های ایجاد کننده سرطان پی برد (۴۵). به عنوان مثال، اولین بار Navin و همکاران، با جدا نمودن ۱۰۰ سلول از بافت سرطان سینه و انجام توالی‌یابی تک سلولی، نشان دادند که تومور از ۳ کلون اولیه تشکیل شده است که این امر، در زمینه‌ی تشخیص و انتخاب روش درمانی مفید می‌باشد (۴۶). از دیگر کاربردهای توالی‌یابی کل ژنوم، می‌توان Pre-implantation genetic diagnosis به توالی‌یابی تک سلول در

Aین نوع توالی‌یابی در سطح ترانسکریپtom به توالی‌یابی RNA معروف است. در سال ۲۰۰۷، توالی‌یابی ژنوم پیچیده و هتروژنیگوت انگور با استفاده از ترکیب روش‌های Sanger و پایروسکوئنسینگ انجام شد. در این پروژه، برای اولین بار، توالی‌های خوانده شده با روش‌های Sanger و NGS، ژنوم پیچیده یوکاریوتی با موفقیت اسambil شدند. در سال ۲۰۱۰، پیش‌نویسی از ژنوم Giant panda با استفاده از تکنولوژی NGS فراهم شد که توالی‌های همپوشان اسambil شده، حدود ۹۴ درصد ژنوم (۲/۲۵ Gb) را پوشش می‌دادند. به نظر می‌رسد که ۰/۰۵ Gb شکاف باقی مانده، مربوط به توالی‌های تکراری است. برای انجام این طرح‌ها به روش Sanger علاوه بر هزینه‌ی بالا، زمان طولانی نیاز می‌باشد، اما با کاربرد نسل جدید روش‌های توالی‌یابی، با سرعت و هزینه‌ی کمتر، این طرح‌ها انجام می‌شود (۲۷).

تعیین توالی RNA (RNA-seq)

یکی از کاربردهای مهم و در حال گسترش تکنیک‌های نسل جدید توالی‌یابی، توالی‌یابی RNA کل است. با استفاده از این تکنیک، امکان بررسی تمام انوع مختلف نسخه‌های موجود در سلول اعم از RNA کد کننده و غیر کد کننده وجود دارد. تکنیک توالی‌یابی RNA برای انجام مطالعات ژنتیک و مولکولی به ویژه در موجودات غیر مدل که اطلاعات ژنتیک بسیار اندکی از آن‌ها موجود است، بسیار حائز اهمیت و پر کاربرد می‌باشد (۲۸). با استفاده از این روش، تصویر به نسبت کاملی از یک نمونه‌ی بیولوژیک حاصل می‌شود که اطلاعات قابل استخراج از آن، در برخی موارد تا حد زیادی می‌تواند جایگزین توالی‌یابی کل ژنوم گردد. این در حالی است که روش Sanger، تنها قادر به شناسایی ۶۰ درصد از نسخه‌های موجود در سلول است. به منظور توالی‌یابی RNA، پس از تبدیل این مولکول به cDNA (complementary DNA) توالی‌یابی ۴۵۴ و Illumina استفاده می‌شود. به علت هزینه‌ی پایین تر و مقدار بیشتر توالی خوانده شده توسط Illumina، این تکنولوژی به ویژه در سال‌های اخیر مورد توجه محققان مختلف قرار گرفته است (۲۹). توالی‌یابی RNA در بیماری‌هایی مانند سرطان‌ها در زمینه‌ی تشخیص بیان یک آل خاص یا یک رونوشت به هم متصل (Fusion) که به طور اختصاصی در سلول سرطانی وجود دارد، از اهمیت بالایی برخوردار است (۳۰). به عنوان مثال، اتصال ژن‌ها به هم و ایجاد رونوشت‌های ادغام شده از ویژگی‌های بسیاری از سرطان‌های خونی و سرطان‌های بافت‌های نرم می‌باشد (۳۱) که به طور معمول، تشخیص این اتصال‌های ژنی با روش‌های سیتوژنتیک با محدودیت‌هایی روبرو می‌باشد، اما می‌توان با توالی‌یابی کل RNA با روش‌های NGS به تمامی این بازآرایی‌ها پی برد (۳۲-۳۳). از آن جایی که برخی از این اتصالات ژنی، در فرایندهای سرطان‌زاوی نقش

کاربردهای دیگر

علاوه بر کاربردهای پیش‌گفته، از نسل جدید توالی‌یابی در بررسی‌های تعامل RNA (lnc-RNA) Long non-coding RNA، Chromatin isolation by RNA purification seq، ChIRP-seq، تعیین نواحی باز (Formaldehyde-assisted isolation of regulatory elements)، FAIRE-DNAse-seq و همچنین، بررسی پروفایل ژنومی موقعیت نوکلئوزوم‌ها مورد استفاده قرار می‌گیرد (۵۱-۵۳). از کاربردهای دیگر این تکنولوژی، می‌توان به حوزه‌ی متازوومیک اشاره کرد (۵۴-۵۶).

(PGD) اشاره نمود (۴۷).

توالی‌یابی اسیدهای نوکلئیک آزاد موجود در خون و سایر مایعات بدن و RNA آزاد در مایعات بدن به ویژه در خون، یک رویکرد جدید تشخیصی و پیش‌آگهی دهنده در زمینه‌ی بیماری از بیماری‌ها مانند سرطان و یا تشخیص‌های پیش از تولد در بیماری‌های تک ژنی و یا کروموزومی می‌باشد (۴۸-۴۹). در گذشته، با جداسازی این اسیدهای نوکلئیک، مشکل بزرگ بررسی آن‌ها در درجه‌ی اول میزان پایین آن‌ها و سپس تعقیب تنها یک سری تغییرات و جهش‌های خاص در این اسیدهای نوکلئیک آزاد بود، اما امروزه، می‌توان با استفاده از توالی‌یابی کل DNA یا RNA موجود در این مایعات، به روش NGS به راحتی هر گونه مشکلی را تشخیص داد (۴۹-۵۰).

References

1. Avery OT, Macleod CM, McCarty M. Studies on the chemical nature of the substance inducing transformation of pneumococcal types: Induction of transformation by a desoxyribonucleic acid fraction isolated from pneumococcus type III. *J Exp Med* 1944; 79(2): 137-58.
2. Watson JD, Crick FH. Molecular structure of nucleic acids; A structure for deoxyribose nucleic acid. *Nature* 1953; 171(4356): 737-8.
3. Church G, Gilbert WC. Genomic sequencing. *Proc Natl Acad Sci USA* 1984; 81(7): 1991-5.
4. Maxam AM, Gilbert W. A new method for sequencing DNA. *Proc Natl Acad Sci USA* 1977; 74(2): 560-4.
5. Sanger F, Nicklen S, Coulson AR. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proc Natl Acad Sci USA* 1977; 74(12): 5463-7.
6. Dovichi NJ. DNA sequencing by capillary electrophoresis. *Electrophoresis* 1997; 18(12-13): 2393-9.
7. Parker LT, Zakeri H, Deng Q, Spurgeon S, Kwok PY, Nickerson DA. AmpliTaq DNA polymerase, FS dye-terminator sequencing: analysis of peak height patterns. *Biotechniques* 1996; 21(4): 694-9.
8. Mardis ER. Next-generation DNA sequencing methods. *Annu Rev Genomics Hum Genet* 2008; 9: 387-402.
9. Shendure J, Ji H. Next-generation DNA sequencing. *Nat Biotechnol* 2008; 26(10): 1135-45.
10. Liu L, Li Y, Li S, Hu N, He Y, Pong R, et al. Comparison of next-generation sequencing systems. *J Biomed Biotechnol* 2012; 2012: 251364.
11. Maricic T, Paabo S. Optimization of 454 sequencing library preparation from small amounts of DNA permits sequence determination of both DNA strands. *Biotechniques* 2009; 46(1): 51-7.
12. Ronaghi M, Uhlen M, Nyren P. A sequencing method based on real-time pyrophosphate. *Science* 1998; 281(5375): 363, 365.
13. Huse SM, Huber JA, Morrison HG, Sogin ML, Welch DM. Accuracy and quality of massively parallel DNA pyrosequencing. *Genome Biol* 2007; 8(7): R143.
14. Ansorge WJ. Next-generation DNA sequencing techniques. *N Biotechnol* 2009; 25(4): 195-203.
15. Liu L, Hu N, Wang B, Chen M, Wang J, Tian Z, et al. A brief utilization report on the Illumina HiSeq 2000 sequencer. *Mycology* 2011; 2(3): 169-91.
16. Quail MA, Smith M, Coupland P, Otto TD, Harris SR, Connor TR, et al. A tale of three next generation sequencing platforms: comparison of Ion Torrent, Pacific Biosciences and Illumina MiSeq sequencers. *BMC Genomics* 2012; 13: 341.
17. Daum LT, Rodriguez JD, Worthy SA, Ismail NA, Omar SV, Dreyer AW, et al. Next-generation ion torrent sequencing of drug resistance mutations in Mycobacterium tuberculosis strains. *J Clin Microbiol* 2012; 50(12): 3831-7.
18. Xuan J, Yu Y, Qing T, Guo L, Shi L. Next-generation sequencing in the clinic: promises and challenges. *Cancer Lett* 2013; 340(2): 284-95.
19. Kaiser J. A Plan to Capture Human Diversity in 1000 Genomes. *Science* 2008; 319(5862): 395.
20. Abecasis GR, Altshuler D, Auton A, Brooks LD, Durbin RM, Gibbs RA, et al. A map of human genome variation from population-scale sequencing. *Nature* 2010; 467(7319): 1061-73.
21. Mamanova L, Coffey AJ, Scott CE, Kozarewa I, Turner EH, Kumar A, et al. Target-enrichment strategies for next-generation sequencing. *Nat Methods* 2010; 7(2): 111-8.
22. Zhang W, Cui H, Wong LJ. Application of next generation sequencing to molecular diagnosis of inherited diseases. *Top Curr Chem* 2014; 336: 19-45.
23. Clark MJ, Chen R, Lam HY, Karczewski KJ, Chen R, Euskirchen G, et al. Performance comparison of exome DNA sequencing technologies. *Nat Biotechnol* 2011; 29(10): 908-14.
24. Salipante SJ, Scroggins SM, Hampel HL, Turner EH, Pritchard CC. Microsatellite instability detection by next generation sequencing. *Clin Chem* 2014; 60(9): 1192-9.

25. Walsh T, Casadei S, Coats KH, Swisher E, Stray SM, Higgins J, et al. Spectrum of mutations in BRCA1, BRCA2, CHEK2, and TP53 in families at high risk of breast cancer. *JAMA* 2006; 295(12): 1379-88.
26. Bentley DR. Whole-genome re-sequencing. *Curr Opin Genet Dev* 2006; 16(6): 545-52.
27. Ossowski S, Schneeberger K, Clark RM, Lanz C, Warthmann N, Weigel D. Sequencing of natural strains of *Arabidopsis thaliana* with short reads. *Genome Res* 2008; 18(12): 2024-33.
28. Wang Z, Gerstein M, Snyder M. RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. *Nat Rev Genet* 2009; 10(1): 57-63.
29. Pease J, Sooknanan R. A rapid, directional RNA-seq library preparation workflow for Illumina[reg] sequencing. *Nat Meth* 2012; 9(3).
30. Stratton MR, Campbell PJ, Futreal PA. The cancer genome. *Nature* 2009; 458(7239): 719-24.
31. Mitelman F, Johansson B, Mertens F. The impact of translocations and gene fusions on cancer causation. *Nat Rev Cancer* 2007; 7(4): 233-45.
32. Maher CA, Kumar-Sinha C, Cao X, Kalyana-Sundaram S, Han B, Jing X, et al. Transcriptome sequencing to detect gene fusions in cancer. *Nature* 2009; 458(7234): 97-101.
33. Pflueger D, Terry S, Sboner A, Habegger L, Esgueva R, Lin PC, et al. Discovery of non-ETS gene fusions in human prostate cancer using next-generation RNA sequencing. *Genome Res* 2011; 21(1): 56-67.
34. Steidl C, Shah SP, Woolcock BW, Rui L, Kawahara M, Farinha P, et al. MHC class II transactivator CIITA is a recurrent gene fusion partner in lymphoid cancers. *Nature* 2011; 471(7338): 377-81.
35. Furey TS. ChIP-seq and beyond: new and improved methodologies to detect and characterize protein-DNA interactions. *Nat Rev Genet* 2012; 13(12): 840-52.
36. Park PJ. ChIP-seq: advantages and challenges of a maturing technology. *Nat Rev Genet* 2009; 10(10): 669-80.
37. An integrated encyclopedia of DNA elements in the human genome. *Nature* 2012; 489(7414): 57-74.
38. Lister R, Pelizzola M, Dowen RH, Hawkins RD, Hon G, Tonti-Filippini J, et al. Human DNA methylomes at base resolution show widespread epigenomic differences. *Nature* 2009; 462(7271): 315-22.
39. Meissner A, Gnirke A, Bell GW, Ramsahoye B, Lander ES, Jaenisch R. Reduced representation bisulfite sequencing for comparative high-resolution DNA methylation analysis. *Nucleic Acids Res* 2005; 33(18): 5868-77.
40. Taiwo O, Wilson GA, Morris T, Seisenberger S, Reik W, Pearce D, et al. Methylome analysis using MeDIP-seq with low DNA concentrations. *Nat Protoc* 2012; 7(4): 617-36.
41. Tafe LJ. Targeted next-generation sequencing for hereditary cancer syndromes: A focus on lynch syndrome and associated endometrial cancer. *J Mol Diagn* 2015; 17(5): 472-82.
42. Metzker ML. Sequencing technologies - the next generation. *Nat Rev Genet* 2010; 11(1): 31-46.
43. Zhou X, Ren L, Meng Q, Li Y, Yu Y, Yu J. The next-generation sequencing technology and application. *Protein Cell* 2010; 1(6): 520-36.
44. Marusyk A, Polyak K. Tumor heterogeneity: causes and consequences. *Biochim Biophys Acta* 2010; 1805(1): 105-17.
45. Schubert C. Single-cell analysis: The deepest differences. *Nature* 2011; 480(7375): 133-7.
46. Navin N, Kendall J, Troge J, Andrews P, Rodgers L, McIndoo J, et al. Tumour evolution inferred by single-cell sequencing. *Nature* 2011; 472(7341): 90-4.
47. Treff NR, Fedick A, Tao X, Devkota B, Taylor D, Scott RT, Jr. Evaluation of targeted next-generation sequencing-based preimplantation genetic diagnosis of monogenic disease. *Fertil Steril* 2013; 99(5): 1377-84.
48. Forshew T, Murtaza M, Parkinson C, Gale D, Tsui DW, Kaper F, et al. Noninvasive identification and monitoring of cancer mutations by targeted deep sequencing of plasma DNA. *Sci Transl Med* 2012; 4(136): 136ra68.
49. Mosallayi M, Salehi R. Fetal cells in maternal blood: Technical and clinical aspects. *J Isfahan Med Sch* 2015; 32(313): 2165-73. [In Persian].
50. Shea JL, Diamandis EP, Hoffman B, Lo YM, Canick J, van den Boom D. A new era in prenatal diagnosis: the use of cell-free fetal DNA in maternal circulation for detection of chromosomal aneuploidies. *Clin Chem* 2013; 59(8): 1151-9.
51. Soon WW, Hariharan M, Snyder MP. High-throughput sequencing for biology and medicine. *Mol Syst Biol* 2013; 9: 640.
52. Mikkelsen TS, Ku M, Jaffe DB, Issac B, Lieberman E, Giannoukos G, et al. Genome-wide maps of chromatin state in pluripotent and lineage-committed cells. *Nature* 2007; 448(7153): 553-60.
53. Impey S, McCorkle SR, Cha-Molstad H, Dwyer JM, Yochum GS, Boss JM, et al. Defining the CREB regulon: a genome-wide analysis of transcription factor regulatory regions. *Cell* 2004; 119(7): 1041-54.
54. Huber JA, Mark Welch DB, Morrison HG, Huse SM, Neal PR, Butterfield DA, et al. Microbial population structures in the deep marine biosphere. *Science* 2007; 318(5847): 97-100.
55. Edwards RA, Rodriguez-Brito B, Wegley L, Haynes M, Breitbart M, Peterson DM, et al. Using pyrosequencing to shed light on deep mine microbial ecology. *BMC Genomics* 2006; 7: 57.
56. Barzon L, Lavezzo E, Costanzi G, Franchin E, Toppi S, Palu G. Next-generation sequencing technologies in diagnostic virology. *J Clin Virol* 2013; 58(2): 346-50.
57. Mardis ER. The impact of next-generation sequencing technology on genetics. *Trends Genet* 2008; 24(3): 133-41.
58. Johnsen JM, Nickerson DA, Reiner AP. Massively parallel sequencing: the new frontier of hematologic genomics. *Blood* 2013; 122(19): 3268-75.
59. Velasco R, Zharkikh A, Troggio M, Cartwright DA, Cestaro A, Pruss D, et al. A high quality draft consensus sequence of the genome of a heterozygous grapevine variety. *PLoS One* 2007; 2(12): e1326.
60. Huang dW, Sherman BT, Zheng X, Yang J, Imamichi T, Stephens R, et al. Extracting biological meaning from large gene lists with DAVID. *Curr Protoc Bioinformatics* 2009; Chapter 13: Unit.
61. Li DK, Zhou Z, Miao M, He Y, Qing D, Wu T, et al. Relationship between urine bisphenol-A level and

- declining male sexual function. *J Androl* 2010; 31(5): 500-6.
- 62.** Denver DR, Dolan PC, Wilhelm LJ, Sung W, Lucas-Lledo JI, Howe DK, et al. A genome-wide view of *Caenorhabditis elegans* base-substitution mutation processes. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2009; 106(38): 16310-4.
- 63.** Cokus SJ, Feng S, Zhang X, Chen Z, Merriman B, Haudenschild CD, et al. Shotgun bisulphite sequencing of the *Arabidopsis* genome reveals DNA methylation patterning. *Nature* 2008; 452(7184): 215-9.
- 64.** Costello AB. Getting the most from your analysis. *Pan* 2009; 12(2): 131-46.
- 65.** Fierer N, Jackson RB. The diversity and biogeography of soil bacterial communities. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2006; 103(3): 626-31.
- 66.** Johnsen JM, Nickerson DA, Reiner AP. Massively parallel sequencing: the new frontier of hematologic genomics. *Blood* 2013; 122(19): 3268-75.
- 67.** Turnbaugh PJ, Ley RE, Hamady M, Fraser-Liggett CM, Knight R, Gordon JI. The human microbiome project. *Nature* 2007; 449(7164): 804-10.
- 68.** Qin J, Li R, Raes J, Arumugam M, Burgdorf KS, Manichanh C, et al. A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing. *Nature* 2010; 464(7285): 59-65.

Next-Generation Sequencing and its Applications

Meysam Mosallayi¹, Hamed Mirzaei MSc², Miganoosh Simonian¹, Majid Kheirullahi PhD³

Review Article

Abstract

DNA sequencing is an approach exploited to determine the sequence of a DNA molecule. It includes any method or technology used to identify and determine the order of the four bases of adenine, guanine, cytosine, and thymine in a strand of DNA. DNA sequencing might be used to determine the sequence of individual genes, larger genetic regions, full chromosomes, or entire genomes. Traditional sequencing methods are mainly based on the original Sanger sequencing technique which makes them very expensive and low-throughput; thus, they do not meet the needs of researchers. Consequently, with the considerable advances in molecular biology and the high demand for low-cost sequencing has encouraged the development of high-throughput sequencing (or next-generation sequencing) technologies that parallelize the sequencing process, producing thousands or millions of sequences concurrently. Next-generation sequencing enable us to rapidly sequence a large piece of DNA which could span the whole genome with the latest instruments capable of producing gigabases of data in one isolated sequencing run. Next-generation sequencing platforms have a wide variety of applications, such as whole-genome sequencing, de novo sequencing, RNA sequencing (for applications such as transcriptomics and small RNA analysis), methylation analysis, and protein-nucleic acid interaction analysis.

Keywords: Sequencing, Next-generation sequencing, 454, Solex, Sequencing by oligonucleotide ligation and detection (SOLiD)

Citation: Mosallayi M, Mirzaei H, Simonian M, Kheirullahi M. **Next-Generation Sequencing and its Applications.** J Isfahan Med Sch 2016; 33(368): 2469-80

1- MSc Student, Pediatric Inherited Disease Research Center, Research Institute for Primordial Prevention of Non-communicable Diseases AND Department of Genetics and Molecular Biology, School of Medicine, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

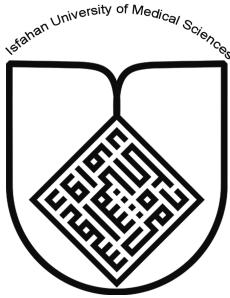
2-PhD Student, Biotechnology Research Center, Mashhad University of Medical Sciences, Mashhad, Iran

3- Associate Professor, Pediatric Inherited Disease Research Center, Research Institute for Primordial Prevention of Non-communicable Diseases AND Department of Genetics and Molecular Biology, School of Medicine, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

Corresponding Author: Majid Kheirullahi PhD, Email: mkheirullahi@med.mui.ac.ir

Editorial Board (In alphabetical order)

1. **Mojtaba Abtahi** MD, Associate Professor of Otolaryngology, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
2. **Khosrow Adeli** PhD, Professor of Clinical Biochemistry, University of Toronto, Toronto, Canada
3. **Mohammad Esmaeil Akbari** MD, Professor of Thoracic Surgery, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran
4. **Reza Amin** MD, Professor of Pediatrics, Shiraz University of Medical Sciences, Shiraz, Iran
5. **Babak Amra** MD, Professor of Pulmonology, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
6. **Saeid Andalib Jortani** MD, Professor of Pathology, Leuis Weil University, USA
7. **Gholam Reza Askari** MD, PhD of Nutrition, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
8. **Reza Bagherian-Sararoudi** PhD, Assistant Professor of Psychiatry, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
9. **Majid Barekatain** MD, Professor of Psychiatry, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
10. **Ken Bassett** MD, Professor of Dermatology, Dermatology and Leshmaniosis Research Center, Canada
11. **Ahmad Chitsaz** MD, Associate Professor of Neurology, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
12. **Afsoon Emami** MD, Associate Professor of Nephrology, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
13. **Ali Reza Emami** MD, Associate Professor of Infectious Diseases, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
14. **Shahin Emami** Biochemistry and Endocrinology, Saint Antoine Hospital, France
15. **Ebrahim Esfandiary** MD, PhD, Professor of Medical Anatomy, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
16. **Faramarz Esmaeil beigi** MD, Professor of Internal Medicine, School of Medicine, USA
17. **Ziba Farajzadegan** MD, Associate Professor of Community Medicine, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
18. **Hamid Fesharaki** Associate Professor of Ophthalmology, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
19. **Marjane Foladi** PhD of Nursing, University of Flourida, USA
20. **Aziz Gahari** MD, Professor of Dermatology, Dermatology and Leshmaniosis Research Center, Canada
21. **Ali Gheisari** MD, Professor of Cardiovascular Surgery, California, USA
22. **Jafar Golshahi** MD, Associate Professor of Cardiology, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
23. **Ali Mohammad Hanjani** MD, Professor of Cardiology, Shiraz University of Medical Sciences, Shiraz, Iran
24. **Mina Hasanzadeh** MD, NeuroImmunology, School of Pharmacy, USA
25. **Saied Morteza Heidari** MD, Associate Professor of Anesthesiology, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
26. **Mansour karamooz** MD, Professor of Urology, California, USA
27. **Roya Kelishadi** MD, Professor of Pediatrics, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
28. **Behnaz Khani** MD, Associate Professor of Obstetrics & Gynecology, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
29. **Majid Khazaie** MD, PhD, Associate Professor of Medical Physiology, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
30. **Parvin Mahzooni** MD, Associate Professor of Pathology, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
31. **Majid Maleki** MD, Professor of Cardiology, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran
32. **Mohammad Mardani** MD, Associate Professor of Medical Anatomy, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
33. **Atiye Moghisi** MD, Professor of Endocrinology, Endocrine and Metabolism Research Center, USA
34. **Mehdi Modares** MD, Professor of Ophthalmology, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran
35. **Hoshang Moein** MD, Professor of Neurosurgery, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
36. **Fereydoun Nouhi** MD, Professor of Cardiology, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran
37. **Mohammadreza Nourbakhsh** Associate Professor of Physiotherapy, USA
38. **Farzin Pourfarzad** Department of Cell Biology and Genetics, Erasmus University MC Rotterdam, The Netherlands
39. **Masoud Pourmoghadass** MD, Professor of Cardiology, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
40. **Hassan Razmjoo** MD, Professor of Ophthalmology, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
41. **Mohammad Reza Safavi** MD, Assistant Professor of Anesthesiology, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
42. **Reza Rouzbahani** MD, MPH, Assistant Professor of Community Medicine, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
43. **Mansour Sholevar** MD, Associate Professor of Cardiology, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
44. **Masoud Soheilian.** MD, Professor of Ophthalmology, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran



JOURNAL OF ISFAHAN MEDICAL SCHOOL

Vol. 33, No. 368, 4th Week March 2016

Isfahan University of Medical Sciences

Responsible: Mansour Sholehvar MD

Emerita Editor-in-Chief: Roya Kelishadi MD

Editor-in-Chief: Majid Barekatain MD

Associate Editor: Maryam Radahmadi PhD

Published by:

Isfahan University of Medical Sciences
E-mail: publications@mui.ac.ir

Office:

P.O. Box 81744-176, Isfahan, I.R. IRAN
Telefax: +98 31 37922291
E-mail: jims@med.mui.ac.ir
Website: <http://www.journals.mui.ac.ir/jims>

Office Secretary: Golnaz Rajabi

Copy edit, Layout edit, Design and Print:

Farzanegan Radandish Co.
P.O. Box 81465-1798, Isfahan, I.R. IRAN
Telefax: +98 31 36686302
E-mail: esfahanfarzanegan@yahoo.com
f.radandish@gmail.com
www.farzaneganco.ir
Circulation: 500

This journal is indexed in the following international indexers

- Scopus
- Chemical Abstracts
- Islamic World Science Citation Center (ISC)
- Academic Search Complete EBSCO Publishing databases
- WHO/EMRO/Index Medicus
- Google Scholar
- Index Copernicus
- Directory of Open Access Journal (DOAJ)
- Index Academicus
- Scientific Information Database (www.sid.ir)
- www.iranmedex.com

The online version is available in; IUMS website (www.journals.mui.ac.ir/jims), Iran Publications database (www.magiran.com), Scientific Information Database website (www.sid.ir) and in Health Researchers website (www.iranmedex.com).

Copyright: All rights reserved, no part may be reproduced without the prior permission of the publisher.