

چکیده

سرطان سینه به‌عنوان شایع‌ترین سرطان در زنان جهان می‌باشد و یک چالش سلامت عمومی در مقیاس جهانی است. سرطان سینه دومین رتبه میزان مرگ و میر ناشی سرطان در زنان را دارا است. پروتئین‌های انتقال‌شونده به اسیدهای چرب (*FABPs*) در انواع فرآیندهای بیولوژیکی سلولی از جمله تومورزایی نقش دارند. نقش اصلی *FABP*‌ها تنظیم جذب اسیدهای چرب و نقل و انتقال درون سلولی آن‌ها می‌باشد. *FABP*‌ها به‌عنوان حامل‌های لیپیدی به اسیدهای چرب با زنجیره بلند اشباع و غیراشباع و لیگاندهای آگریز دیگر مانند ایکوزانوئیدها، اندوکانابینوئیدها و مونوآسیل گلیسرول‌ها متصل می‌شوند. *FABP3* در انتقال، ذخیره‌سازی و متابولیسم لیپید، رشد و تکثیر سلولی نقش دارد. *FABP4* هم در متابولیسم گلوکز و هم در متابولیسم لیپید عمل می‌کند و در انتقال سیگنال، تکثیر سلولی و فرآیندهای آپوپتوز نقش دارد. علاوه بر اتصال به اسیدهای چرب بلند زنجیر قادر به اتصال به انواع ترکیبات آگریز همچون سیکلواکسیژنازها و محصولات اکسیداتیو اسیدهای چرب می‌باشد. *FABP7* عضوی از خانواده پروتئین‌های انتقال‌دهنده لیگاندهای آگریز می‌باشد که رونویسی تعدیل می‌کند. این پروتئین جذب سلولی و انتقال اسیدهای چرب، بیان ژن و رشد سلولی را افزایش می‌دهند. *PPAR*‌ها بر توسعه بیماری‌های انسانی از جمله دیابت و سرطان تاثیر می‌گذارند. گیرنده فعال-شده با تکثیر پراکسی زوم بتا /دلتا (*PPARβ/δ*)، انواع فرآیندهای بیولوژیکی از جمله تمایز سلولی، تکثیر سلولی، تجمع لیپید و متابولیسم گلوکز و اسید‌های چرب را تنظیم می‌کند. *VEGF-A* یک گلیکوپروتئین است که در بافت‌های بالغ، مانند بافت پستان، تنظیم‌کننده اصلی رشد عروق خونی می‌باشد. برای حفظ رشد تومور *VEGF-A* بیان شده توسط سلول‌های سرطانی، رگ‌زایی را تقویت می‌کند.

مواد و روش: در این پژوهش ما الگوی بیان ژن‌های *FABP3*، *FABP4*، *FABP7*، *PPARβ/δ* و *VEGF-A* در جامعه‌ی آماری 47 نفری از بافت بیوپسی سینه‌ی بیماران سرطانی به‌عنوان بیمار و بافت حاشیه‌ای تومور این بیماران به‌عنوان کنترل (شاهد) مطالعه کردیم. پس از اخذ رضایت‌نامه از بیماران نمونه‌های غوطه‌ور در محلول RNA later به آزمایشگاه منتقل شد. استخراج RNA از هر دو گروه بیمار و سالم انجام شد پس از سنجش کیفیت و غلظت RNA‌های استخراج شده سنتر cDNA و سنجش کیفیت آن‌ها انجام شد. طراحی پرایمرها صورت گرفت و در نهایت پس از بهینه‌سازی دمای اتصال پرایمرها از روش واکنش زنجیره‌ای پلیمرز کمی در زمان واقعی (Real Time PCR) با بهره‌گیری از ماده SYBR Green، الگو بیان ژن‌ها مورد بررسی قرار گرفت. تجزیه و تحلیل نتایج حاصل، با استفاده از نرم افزار SPSS نسخه 27 و Excel 2019 انجام شد.

نتایج: سطح بیان ژن‌های *FABP3*، *FABP4*، *FABP7*، *PPARβ/δ* و *VEGF-A* در بیماران در مقایسه با گروه سالم تفاوت معنی‌داری وجود داشت و سطح بیان ژن‌های *FABP3*، *FABP7* و *PPARβ/δ* در گروه سالم در مقایسه با گروه بیمار به‌طور معنی‌داری بالا بود اما بیان ژن‌های *VEGF-A* و *FABP4* در افراد بیمار در مقایسه با گروه سالم بیشتر بود. ژن *FABP3* همبستگی مثبت و همسویی با ژن‌های *FABP7* و *PPARβ/δ* دارد. ژن *FABP4* مستقل اما همسو با سه ژن *FABP3*، *FABP7* و *PPARβ/δ* می‌باشد. ژن *VEGF-A* مستقل از چهار ژن *FABP3*، *FABP4*، *FABP7* و *PPARβ/δ* می‌باشد.

نتیجه‌گیری کلی: افزایش بیان ژن‌های *FABP4* و *VEGF-A* و همچنین کاهش بیان ژن‌های *FABP3*، *FABP7* و *PPARβ/δ* در پیشرفت و توسعه بدخیمی سرطان سینه موثر هستند. کاهش بیان ژن *FABP3* احتمالاً منجر به کاهش بیان ژن‌های *FABP7* و *PPARβ/δ* در بافت سرطانی پستان می‌شود و به پیشرفت و توسعه سرطان کمک می‌کند. با این حال تایید یا رد این نظریه ملزم مطالعات بیشتر در آینده می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: سرطان پستان، بیان ژن، *PPARβ/δ*، *FABP3*، *FABP4*، *FABP7*