

157001
44, 11, 25

تغییرات ژنتیکی هلیکوباکتریلوری در ایران

رؤیا مختاریان

www.ketab.ir

سرشناسه

: مختاریان، رویا، ۱۳۷۰ -

عنوان و نام پدیدآور : تغییرات ژنتیکی هلیکوباکتریلوری در ایران/نویسنده رویا مختاریان.

مشخصات نشر : تهران: انتشارات علمی سنا، ۱۳۹۶.

مشخصات ظاهری : ۹۵ص.: مصور، جدول.

شابک : ۱۲۰۰۰۰ ریال 8-068-488-600-978:

وضعیت فهرست : فیا

نویسی

موضوع : هلیکوباکتریلوری -- ایران

موضوع : Helicobacter pylori -- Iran

موضوع : هلیکوباکتریلوری -- عفونت

موضوع : Helicobacter pylori infections

رده بندی کد ره : RC ۸۴۰/ ۳۸۵م ۱۳۹۶

رده بندی هیوب : ۳۳۰۱۴/۶۱۶

شماره کتابشناسی : ۵۰۵۶۲۸۵

ملی

انتشارات علمی سنا (مرحله تخصصی علوم پزشکی)

نام کتاب: تغییرات ژنتیکی هلیکوباکتریلوری در ایران

نویسنده: رویا مختاریان

ناشر: علمی سنا

شابک: ۹۷۸-۶۰۰-۴۸۸-۰۶۸-۸

نوبت چاپ: اول - ۱۳۹۶

صفحه آرایشی: حبیب فولادوند

طراح جلد: لیلا انصاری

پست الکترونیک: elmisana@gmail.com

فروش اینترنتی: www.sanabook.com

تیراژ: ۱۰۰۰

قیمت: ۱۲۰۰۰۰ ریال

سرطان معده یکی از سرطان‌های شایع در جهان و ایران به شمار می‌رود که میزان مرگ‌ومیر در آن بالا است. اصلی‌ترین عامل ایجاد سرطان معده عفونت *هلیکوباکتریلوری* است. در این سرطان علاوه بر عفونت و عوامل محیطی ژن‌های بسیاری دخیل هستند. یکی از ژن‌های مرتبط با سرطان معده ژن *CD44* و پلی‌مورفیسم‌های آن مانند *rs8193* است. از جمله وظایف ژن *CD44* و ایزو فرم‌های آن بقای سلول، رشد و تحرک است و برخی از ایزو فرم‌های آن در ایجاد سرطان معده نقش دارند. گلیکوپروتئین *CD44* گیرنده‌ای ترانس‌ممبران برای اجزای ماتریکس خارج سلولی مانند هیالورونان است که در فرایندهای فیزیولوژیک مانند مهاجرت و فعال‌سازی لنفوسیت‌ها، بقای سلول، تکثیر، تمایز، آپوپتوز، غیره نقش دارد و در سرطان‌های مختلف بیان می‌شود و در متاستاز نیز نقش دارد. از آنجایی که در سرطان معده ساختارهای ژنومی متعدد و تغییر مسیرهای مختلف دیده می‌شود بسیاری از آن‌ها توسط miRNA های مختلف در سلول‌های معده تنظیم می‌شوند.

هدف از این مجموعه بررسی ارتباطات ژنتیکی پلی‌مورفیسم تک‌نوکلئوتیدی *rs8193* ژن *CD44* در افراد مبتلا به سرطان معده و افراد سالم است.

در این مجموعه ۱۶۸ فرد مبتلا به سرطان معده و ۶۶ فرد سالم انتخاب شد، پس از نمونه‌گیری وجود عفونت *هلیکوباکتریلوری* در بیماران بررسی شد. SNP مورد نظر با استفاده از توالی یابی و تکنیک ASP-PCR بررسی گردید. در این روش از پرایمرهای forward wild، forward mutant و Reverse استفاده گردید و پلی‌مورفیسم‌های تک نوکلئوتیدی انتهای 3'-UTR هر دو پرایمرهای forward wild و forward mutant در محل SNP مورد نظر قرار گرفت.

۱	فصل اول: کلیات و مفاهیم
۲۵	فصل دوم: تاریخچه موضوع
۳۱	فصل سوم: تکنیک های مطالعاتی
۵۱	فصل چهارم: پردازش اطلاعات
۸۳	پیوست
۸۶	منابع