



دانشکده علوم طبیعی

گروه زیست شناسی جانوری

پایان نامه

برای دریافت درجه کارشناسی ارشد (MSc) در رشته ژنتیک

عنوان

**بررسی بیان ژن CXCR4 در سرطان معده**

اساتیدراهنما

دکتر محمد علی حسینپور فیضی

دکتر علی جلیلی

اساتید مشاور

دکتر فردین فتحی

دکتر محمد سعید هخامنشی

پژوهشگر

مهرنوش نیک زبان

شهریور ۱۳۹۰



تقدیم بہ پدر و مادر عزیز

و خواہر مہربانم

بہ پاس ہمراہی ہو

دلکرمی ہامی بی بی پائشان

به نام حضرت دوست که هر چه داریم همه از لطف اوست

حمد و سپاس بیکران به درگاه پروردگار قادر و متعالی که ذات لایزالش از لیت و لطف و عنایتش بی کران و جاویدان است. اینک که به لطف لایزال اقدس خداوندگاری دقت تجربه می این مرحله از زندگی رامی بندم وظیفه می خود می دانم از تمامی بزرگوارانی که مراد انجام این پژوهش مساعدت و راهنمایی نمودند شکر و قدردانی نمایم.

سپاس و تقدیر از محضرات بزرگوار و کرامی جناب آقای دکتر محمد علی حسینیور فیضی و جناب آقای دکتر علی جلیلی که با سعی صدر و راهنمایی ها و دگرگرمی هایشان به ما آموختند که همیشه امیدوارانه برای نیل به مقصود گام برداریم.

همچنین از مشاورین محترم جناب آقای دکتر فردین فتحی و جناب آقای دکتر محمد سعید خانمش کمال شکر و امتنان ویژه دارم.

از همکاری و زحمات جناب آقای دکتر فرهاد شیخ اسماعیلی و آقای دکتر بهرام نیکنحو بسیار سپاسگزارم.

از مدیریت محترم گروه زیست‌شناسی جانوری، جناب آقای دکتر شیخ زاده و نیز از معاونت محترم تحصیلات تکمیلی جناب آقای دکتر موافقی و اساتید فرزانه آقایان دکتر خسرو شاعلی، و لیزاده، اسین بخش، موسوی و زرینی صمیمانه تسکیر و قدردانی می‌نمایم.

همچنین از استاد داور جناب آقای دکتر حلج که با صبر و شکیبایی خود بنده را در بهتر به پایان رساندن این تحقیق یاری رسانند، بسیار سپاسگزارم.

از همراهی اساتید و دوستان عزیزم در آزمایشگاه تحقیقات سلولی مولکولی و رادیو بیولوژی و ایمونولوژی بسیار قدردانی می‌نمایم.

از دوستان و همکلاسی‌های گرامیم خانم هارجان نژاد، تقی زاده، قنبریان، شیرینی، توفیق، ساعد و آقایان بهرامی و احمدی، بی‌نهایت تسکیر می‌نمایم.

همچنین از جناب آقای اثر دوست، جناب آقای اکبر پور، جناب آقای عبد، کارمندان کتابخانه و آموزش سپاسگزارم.

نام خانوادگی دانشجو : نیک زبان	نام : مهرنوش
عنوان پایان نامه : بررسی بیان ژن CXCR4 در سرطان معده	
استاد راهنما : دکتر محمدعلی حسینپور فیضی - دکتر علی جلیلی	
استاد مشاور : دکتر فردین فتحی - دکتر محمد سعید هخامنشی	
مقطع تحصیلی: کارشناسی ارشد	رشته: زیست شناسی
مقطع تحصیلی: کارشناسی ارشد	گرایش: ژنتیک
مقطع تحصیلی: کارشناسی ارشد	دانشگاه: تبریز
دانشکده: علوم طبیعی	تاریخ فارغ التحصیلی: شهریور ۱۳۹۰
دانشکده: علوم طبیعی	تعداد صفحه: ۱۵۰
واژه های کلیدی : سرطان معده ، CXCR4 ، آنالیز بیان ، ایمونوهیستوشیمی ، Real – time PCR	
<p><b>چکیده :</b></p> <p>سرطان معده یکی از سرطان های شایع و یکی از فراوانترین علل مرگ در اثر سرطان است بطوریکه از لحاظ فراوانی در دنیا مقام چهارم را دارد و دومین عامل مرگ ناشی از سرطان پس از سرطان ریه محسوب میشود. . طبق آمار سال ۲۰۰۲ حدودا ۹۳۰۰۰۰۰ نفر مبتلا وجود دارد و تقریبا سالانه ۸۰۰۰۰۰۰ نفر در اثر ابتلا به آن می میرند. نرخ وقوع متوسط در ایران طی بررسی آماری از ۲۰۰۶-۱۹۶۶ در مردان و زنان به ترتیب ۱۵/۲ و ۶/۷ به ازای هر صد هزار نفر است که بیش از دو سوم موارد در مرحله IV تشخیص داده شده اند. تا کنون بیان ژن های متعددی در سرطان های مختلف مورد بررسی قرار گرفته است . مشخص شده که تغییر در الگوی بیان ژن ها با افزایش توان رشد سلولی ، مقاومت به آپوپتوز ، تسهیل متاستاز ، ایجاد نامیرائی و ایجاد محیط التهابی از عوامل زمینه ساز و پیش برنده ی سرطان ها می باشند .</p> <p>بیان ژن های کموکاینی و گیرنده های آنها در رابطه با توان آن ها در افزایش رشد ، مهاجم ، منع آپوپتوز و متاستاز سلول های سرطانی به وفور مورد بررسی قرار گرفته است . دراین بین بیان کموکاین SDF-1 و</p>	

گیرنده ی کاملاً اختصاصی آن CXCR4 به دلیل ایجاد توان رشد ، مهاجرت سلولی ، فعال کردن رونویسی و حتی ترجمه برخی از ژن ها در سلول های جنینی ، بنیادی ، پیش ساز ، خونی و سرطانی مورد توجه فراوان بوده است . CXCR4 یک گیرنده ی کموکاینی متصل به G-Protein است که طی دوران جنینی در homing سلول های هماتوپوئیتیک در مغز استخوان ، تشکیل رگهای خونی بزرگ و در مهاجرت سلول های پیش ساز عصبی نقش دارد. CXCR4 در تعدادی از بافت های بالغین نیز بیان می شود. رسپتور پروتئینی فعال در لنفوسیت های خون محیطی و Unprimed T cell ها ، مونوسیت ها ، سلول های پیش ساز B ، پلازما سل ها ، ماست سل ها ، سلول های پیش ساز CD 34+ مغز استخوان ، سلول های ماهیچه ی صاف عروق ، سلول های اندوتلیال ، سلول های اپی تلیال رنگدانه ی رتینال ، سلول های اپی تلیال آلوئولار و Intestinal میکروگلیا ها ، نورونها و آستروسیت ها یافت می شود .

پس از شناسائی CXCR4 به عنوان کمک گیرنده ی اتصال ویروس ایدز این گیرنده بسیار مورد توجه قرار گرفت و به دلیل ایجاد خواص مهاجرتی ، افزایش رشد نقش آن در سرطان های مختلف بیشتر مدنظر قرار گرفت. CXCR4 شایع ترین گیرنده ی کموکاینی بیان شده در سلول های سرطانی است . اخیراً بیان CXCR4 در ۲۳ سرطان مختلف با منشاهاى مختلف گزارش شده است . ارتباط بیان این گیرنده با خواص توموری و همچنین پیشرفت مراحل توموری و به عنوان یک فاکتور پیش آگهی در برخی بدخیمی ها مانند پانکراس ، کبد و تومورهای کلورکتال مشخص شده است . در مطالعه ی حاضر سعی شده است که بیان آن در سطوح مختلف بیانی ( RNA و پروتئین ) و طی مراحل مختلف توموری ارزیابی شود . در مجموع بیان CXCR4 در ۲۳ نمونه ی توموری و ۵ نمونه ی نرمال مربوط به حاشیه ی تومور با استفاده از تکنیک Real-Time PCR به صورت کمی مورد مطالعه قرار گرفتند و ژن بتااکتین به

عنوانکنترل داخلی بکار رفت. همچنین بیان پروتئین CXCR4 در ۲۷ نمونه ی سرطانی و ۱۵ نمونه ی پیش سرطانی توسط ایمونوهیستوشیمی ارزیابی شد . نتایج به دست آمده نشان دادند که : ۱- بیان CXCR4 در تومورها نسبت به حاشیه تومور افزایش می یابد . ۲- بیان این ژن در Stage های توموری پیشرفته تر ، افزایش بیشتری دارد. ۳- بیان CXCR4 در مراحل پیش سرطانی از متاپلازی به دیس پلازی و نهایتا به تومور افزایش می یابد در حالیکه در نمونه های آتروفی بیان بسیار اندکی دارد . ۴- بیان این ژن در سل لاین سرطانی AGS توسط تیمار با تالیدومااید کاهش می یابد.

در مجموع یافته های فوق و سایر مطالعات پیشنهاد می کنند این گیرنده می تواند کاندید مناسبی جهت تعیین پیش آگهی تومورو گزینه ی مناسبی برای درمان باشد .

## فصل اول : بررسی منابع

- ۱-۱-۱-۱-۱-مقدمه
- ۱-۲-۱-۲-آناتومی معده
- ۱-۳-۱-۳-ساختار دیواره معده
- ۱-۴-۱-۴-اپیدمیولوژی سرطان معده
- ۱-۵-۱-۵-بقاء
- ۱-۶-۱-۶-شیوع
- ۱-۷-۱-۷-۱-تیولوژی و فاکتورهای خطر
- ۱-۷-۱-۱-۷-۱-رژیم غذایی
- ۱-۷-۱-۲-۷-۱-تنباکو
- ۱-۷-۱-۳-۷-۱-هلیکوباکتریلوری
- ۱-۷-۱-۴-۷-۱-سرطان معده خانوادگی
- ۱-۸-۱-۸-تشخیص اولیه
- ۱-۸-۱-۱-۸-۱-غربالگری
- ۱-۹-۱-۹-۱-پاتوبیولوژی
- ۱-۹-۱-۱-۹-۱-هیستونز
- ۱-۹-۱-۲-۹-۱-دیسپلازی
- ۱-۹-۱-۳-۹-۱-انواع هیستولوژیک
- ۱-۹-۱-۱-۳-۹-۱-هیستوتایپ ها
- ۱-۹-۱-۲-۳-۹-۱-سرطان معده اولیه
- ۱-۹-۱-۴-۹-۱-Grading
- ۱-۹-۱-۱-۴-۹-۱-کاربردهای بالینی
- ۱-۹-۱-۲-۴-۹-۱-تومورهای نادر
- ۱-۱۰-۱-۱۰-۱-تشخیص
- ۱-۱۰-۱-۱-۱۰-۱-علائم و نشانه ها
- ۱-۱۰-۱-۲-۱۰-۱-مارکرهای بیولوژیک
- ۱-۱۱-۱-۱۱-۱-**Staging**
- ۱-۱۱-۱-۱-۱۱-۱-معیارهای دسته بندی مراحل سرطان
- ۱-۱۱-۱-۲-۱۱-۱-TNM سیستم
- ۱-۱۱-۱-۱-۲-۱۱-۱-گروه بندی TNM براساس AJCC UICC
- ۱-۱۲-۱-۱۲-۱-فاکتورهای پیش آگهی بیولوژیک

۲۲	۱۳-۱-کموکاین ها و گیرنده های کموکاینی
۲۳	۱-۱۳-۱ G-Protein ها
۲۴	۱-۱۳-۱-۱ فعال شدن آدنیلیل سیکلاز
۲۶	۱-۱۳-۱-۲ فعال شدن فسفولیپاز C
۲۹	۱-۱۳-۱-۳ مسیر PI3K/AKT
۳۰	۱-۱۳-۱-۴ مسیر Ras/MAP kinase
۳۲	۱-۱۳-۱-۵ مسیر mTOR
۳۴	<b>۱-۱۴-۱ CXCR4</b>
۳۵	۱-۱۴-۱-۱ ژن CXCR4
۳۵	۱-۱۴-۱-۲ ایزوفرم های CXCR4
۳۷	۱-۱۴-۱-۳ ساختار CXCR4
۳۸	۱-۱۴-۱-۴ عملکرد CXCR4 در دوران جنینی
۴۰	۱-۱۴-۱-۵ عملکرد CXCR4 پس از دوران جنینی
۴۱	۱-۱۴-۱-۶ لیگاند CXCL12/SDF-1
۴۱	<b>۱-۱۵-۱ تنظیم بیان CXCR4</b>
۴۲	۱-۱۵-۱-۱ تنظیم بیان CXCR4 در سطح رونویسی
۴۲	۱-۱۵-۱-۲ تنظیم بیان پروتئین CXCR4
۴۲	۱-۱۵-۱-۱-۲-۱ گلیکوزیلاسیون
۴۳	۱-۱۵-۱-۲-۲-۱ سولفاسیون
۴۳	۱-۱۵-۱-۳-۱ الیگومریزاسیون
۴۴	<b>۱-۱۶-۱ تنظیم سیگنالینگ CXCR4</b>
۴۴	۱-۱۶-۱-۱ اتصال SDF-1
۴۶	۱-۱۶-۱-۲ G-Protein Signaling
۴۷	۱-۱۶-۱-۳ سیگنالینگ مستقل از G-Protein
۴۸	۱-۱۶-۱-۴ تنظیم سیگنالینگ
۴۸	۱-۱۶-۱-۴-۱ Desensitization
۵۰	۱-۱۶-۱-۴-۲ اینترنالیزاسیون و تجزیه
۵۲	<b>۱-۱۷-۱ نقص CXCR4 در بیماری ها</b>
۵۲	۱-۱۷-۱-۱ WHIM سندرم
۵۳	۱-۱۷-۱-۲ CXCR4 و سرطان
۵۷	۱-۱۷-۱-۲-۱ CXCR4 به عنوان هدف درمانی

## فصل دوم : مواد و روش ها

- ۶۰-۱-۲ بررسی بیان CXCR4 توسط RT-PCR و Real Time PCR
- ۶۰-۱-۱-۲-۱ نمونه گیری از انسان
- ۶۰-۱-۱-۲-۲ استخراج RNA ی کل از بافت
- ۶۲-۱-۱-۲-۳ بررسی کمی و کیفی RNA ی استخراج شده
- ۶۳-۱-۱-۲-۳-۱ اسپکتروفتومتری
- ۶۴-۱-۱-۲-۳-۲ الکتروفورز ژن آگارز
- ۶۹-۱-۱-۲-۴ واکنش رونویسی معکوس ، RT
- ۷۰-۱-۱-۲-۵ واکنش PCR
- ۷۰-۱-۱-۲-۵-۱ طراحی پرایمر
- ۷۳-۱-۱-۲-۵-۲ آماده سازی پرایمرهای PCR
- ۷۳-۱-۱-۲-۶ واکنش Real Time
- ۷۵-۱-۱-۲-۶-۱ شرایط ایتیم (دمایی و غلظتی) در Real Time
- ۷۵-۱-۱-۲-۶-۲ آنالیز کمی میزان بیان CXCR4 بین دو گروه توموری و حاشیه توموری
- ۷۸-۲-۲ بررسی بیان ژن در سطح پروتئین در نمونه های بافت
- ۷۸-۱-۲-۲-۱ نمونه های بافت انسانی مورد استفاده در ایمونوهیستوشیمی
- ۷۹-۲-۲-۲ تهیه لام های سیلانیزه
- ۸۱-۲-۲-۳ تهیه برش های بافتی
- ۸۱-۲-۲-۴ پارافین زدایی و آبدهی
- ۸۱-۲-۲-۵ بازیابی آنتی ژن
- ۸۲-۲-۲-۶ مهار فعالیت پراکسیداز درون زاد
- ۸۳-۲-۲-۷ شستشو با بافر
- ۸۴-۲-۲-۸ مسدود کردن اتصالات غیراختصاصی
- ۸۴-۲-۲-۹ انکوباسیون با آنتی بادی اولیه
- ۸۵-۲-۲-۱۰ تیمار با آنتی بادی ثانویه
- ۸۶-۲-۲-۱۱ تیمار با Streptavidin HRP
- ۸۶-۲-۲-۱۲ واکنش کروموژن
- ۸۷-۲-۲-۱۳ رنگ آمیزی هسته توسط هماتوکسیلین مایر
- ۸۷-۲-۲-۱۴ چسباندن لامل
- ۸۷-۳-۲ بررسی بیان ژن CXCR4 در سل لاین سرطان معده AGS
- ۸۸-۱-۳-۲ وسایل مورد نیاز کشت سلولی
- ۸۹-۲-۳-۲ دستگاههای مورد استفاده در کشت سلولی

۹۱	۳-۳-۲- تهیه محیط کشت RPMI
۹۲	۳-۳-۲- سل لاین AGS
۹۲	۳-۳-۲- دفریز سلول های AGS
۹۳	۳-۳-۲- پاساژ سلولی
۹۴	۳-۳-۲- شمارش سلولی
۹۴	۳-۳-۲- تیمار سلول ها با تالیدوماید
۹۵	۳-۳-۲-۱-۸- طرز تهیه محلول تالیدوماید
۹۵	۳-۳-۲- MTT assay
۹۶	۳-۳-۲-۱۰- بررسی اثر تالیدوماید بر بیان پروتئین CXCR4 توسط ICC
۹۷	۳-۳-۲-۱۱- بررسی اثر تالیدوماید بر بیان ژن CXCR4

## فصل سوم : نتایج و بحث

۱۰۱	۳-۱-۱- نتایج
۱۰۱	۳-۱-۱-۱- توصیف نمونه های انسانی
۱۰۱	۳-۱-۱-۱-۱- نمونه های تازه مورد استفاده در آنالیز کمی بیان
۱۰۳	۳-۱-۱-۲- نمونه های پارافینه مورد استفاده در ایمونوهیستوشیمی
۱۰۴	۳-۱-۲- نتایج آنالیز کمی بیان با Real Time PCR
۱۰۴	۳-۱-۲-۱- تعیین کیفیت و کمیت RNA استخراج شده
۱۰۶	۳-۱-۲-۲- بهینه سازی واکنش PCR
۱۰۹	۳-۱-۲-۳- بیان ژن CXCR4 در نمونه های توموری و حاشیه توموری
۱۱۱	۳-۱-۲-۴- نتایج بدست آمده از آنالیز بیان نمونه های توموری و حاشیه توموری
۱۱۵	۳-۱-۲-۵- نتایج حاصل از محاسبات تغییر میزان بیان CXCR4 به روش Pfaffl
۱۱۶	۳-۱-۳- نتایج حاصل از ایمونوهیستوشیمی
۱۱۶	۳-۱-۳-۱- بهینه سازی لام های سیلانیزه و ایمونوهیستوشیمی
۱۱۸	۳-۱-۳-۲- بیان پروتئین CXCR4 در نمونه های توموری و پیش توموری و آتروفی
۱۲۱	۳-۱-۳-۳- نتایج بدست آمده پس از ارزیابی پاتولوژیست
۱۲۴	۳-۱-۳-۴- آنالیز داده ها
۱۲۵	۳-۱-۴- نتایج حاصل از تیمار سل لاین سرطانی معده ، AGS با تالیدوماید
۱۲۵	۳-۱-۴-۱- تاثیر تالیدوماید بر بیان ژن CXCR4 در سلول های AGS
۱۲۶	۳-۱-۴-۲- تاثیر تالیدوماید بر بیان پروتئین CXCR4 در سلول های AGS
۱۳۰	۳-۱-۴-۳- اثر سمیت تالیدوماید بر زیستایی سلول های AGS
۱۳۱	۳-۲- بحث

- ۱۳۱ ۳-۲-۱- اهمیت مطالعه سرطان معده و انتخاب CXCR4
- ۱۳۳ ۳-۲-۲- تفسیر نتایج بدست آمده
- ۱۳۹ ۳-۳- پیشنهادات

۱۴۰

## فهرست منابع

### چکیده انگلیسی

### فهرست جداول و نمودارها

- ۱۰۲ جدول ۳-۱- مشخصات بیماران مبتلا به تومور که نمونه هایشان توسط Real Time PCR ارزیابی شد.
- ۱۰۳ جدول ۳-۲- مشخصات بیماران مبتلا به تومور که نمونه هایشان توسط ایمونوهیستوشیمی ارزیابی شد.
- ۱۱۴ جدول ۳-۳ پارامترهای مورد استفاده در بررسی میزان بیان CXCR4 در دو گروه حاشیه تومور و توموری و stage های مختلف
- ۱۱۷ جدول ۳-۴- پانل زمانی انکوباسیون لام ها با سیلان و شستشو با آب مقطر
- ۱۲۲ جدول ۳-۵- نتایج ارزیابی پاتولوژیست
- ۱۳۰ جدول ۳-۶- میزان جذب (OD) تیمار با غلظت های مختلف تالیدومااید پس از ۲۴ ساعت در آزمون MTT
- ۱۲۳ نمودار ۳-۱- مقایسه ی الگوی نهائی بیان CXCR4 (سیتوپلاسمی و هسته ای) در ارتباط با بقا

## فهرست شکل ها

### فصل اول: بررسی منابع

- ۲۴ شکل ۱-۱- اتصال G-Protein به گیرنده و نحوه ی فعال شدن آن توسط اتصال لیگاند
- ۲۶ شکل ۱-۲- نحوه ی فعال شدن رونویسی هسته ای در پاسخ به فعال شدن GPCR
- ۲۷ شکل ۱-۳- نحوه ی فعال شدن مسیر اینوزیتول فسفولیپید در پاسخ به فعال شدن GPCR
- ۲۸ شکل ۱-۴- شمای کلی مسیرهای سیگنالینگ سلولی فعال شده توسط پیام های خارج سلولی
- ۳۴ شکل ۱-۵- تنظیم مسیر mTOR توسط شرایط مختلف سلولی
- ۳۷ شکل ۱-۶- مکانیسم ایجاد دو واریانت CXCR4
- ۳۸ شکل ۱-۷- ساختار CXCR4 و توالی آمینو اسیدی آن
- ۴۸ شکل ۱-۸- اتصال Barrestin به دومین C ترمینال CXCR4 فعال شده و ایجاد داربست برای اجزاء مختلف آبشار سیگنالینگ
- ۵۱ شکل ۱-۹- مسیرهای انتقال پیام و تنظیم CXCR4

### فصل دوم: مواد و روش ها

- ۷۶ شکل ۲-۱- محل Ct ها و خط Threshold در نمودار تغییرات میزان نشر فلئورسانس متناسب با هر سیکل
- ۷۷ شکل ۲-۲- محاسبات مرتبط با بررسی میزان بیان

شکل ۲-۳- : انکوباتور CO<sub>2</sub> ، memmert آلمان

۹۱

### فصل سوم : نتایج و بحث

- شکل ۳-۱- مقایسه کیفیت RNAهای استخراجی بر روی ژل آگارز ۱۰۵
- شکل ۳-۲- گرادیان PCR برای CXCR4 ۱۰۶
- شکل ۳-۳- Touch Down PCR برای تقویت باند های CXCR4 ۱۰۷
- شکل ۳-۴- Real Time PCR برای تعیین تعداد مناسب سیکل ها ۱۰۷
- شکل ۳-۵- تعیین مقدار مناسب الگو و پرایمر برای CXCR4 ۱۰۸-۱۰۹
- شکل ۳-۶- صفحه کاری نرم افزار Rotor-Gene پس از رسم منحنی استاندارد برای تکثیر CXCR4 ۱۱۱
- شکل ۳-۷- صفحه کاری نرم افزار Rotor-Gene پس از رسم منحنی استاندارد برای تکثیر  $\beta$ actin ۱۱۲
- شکل ۳-۸- پنجره Quant Results ، معرف مقدار میانگین CT(Rep Ct) در دو گروه حاشیه و توموری برای قطعه  $\beta$ -Actin ۱۱۳
- شکل ۳-۹- نتایج تعیین پارامترهای مورد استفاده در بررسی میزان کمی بیان CXCR4 در دو گروه حاشیه و توموری ۱۱۴
- شکل ۳-۱۰- رنگامیزی بافت معده با آنتی بادی ایزوتایپ ( کنترل منفی) ۱۱۹
- شکل ۳-۱۱- بیان بسیار ضعیف CXCR4 در نمونه آتروفی ۱۱۹
- شکل ۳-۱۲- بیان CXCR4 در نمونه ی متاپلازی ۱۲۰
- شکل ۳-۱۳- بیان CXCR4 در متاپلازی در مقایسه با سلول های سالم ۱۲۰
- شکل ۳-۱۴- بیان بسیار بالای CXCR4 در آدنوکارسینومای اینتستینال ۱۲۱
- شکل ۳-۱۵- کاهش بیان CXCR4 توسط تالیدوماید در سل لاین سرطانی معده، AGS ۱۲۶
- شکل ۳-۱۶- رنگامیزی سلول های AGS با آنتی بادی کنترل منفی ۱۲۷
- شکل ۳-۱۷- ایمونوسیتوشیمی سلول های AGS تیمار نشده با تالیدوماید ۱۲۸
- شکل ۳-۱۸- ایمونوسیتوشیمی سلول های AGS تیمار شده با تالیدوماید ۱  $\mu$ M ۱۲۸
- شکل ۳-۱۹- ایمونوسیتوشیمی سلول های AGS تیمار شده با تالیدوماید ۱۰  $\mu$ M ۱۲۹
- شکل ۳-۲۰- ایمونوسیتوشیمی سلول های AGS تیمار شده با تالیدوماید ۱۰۰  $\mu$ M ۱۲۹

فصل اول

بررسی منابع

۱-۱- مقدمه :

سرطان دومین علت مرگ و میر پس از بیماری های قلبی در کل جهان است . تغییر در شرایط سلولی مانند تجمع تغییرات ژنومی ، تغییر در بیان ژن ها و تغییر محیط بستره ی سلول ها ، به عنوان عوامل مستعدکننده و ایجاد کننده سرطان محسوب می شوند . رشد لجام گسیخته ی سلولهای سرطانی نه تنها در محل اولیه با مکانیسم تخریب ، تهاجم و اشغال فضای موجود سبب بروز علائم گردیده بلکه با پیشرفت از طریق خون ، دستگاه لنفاوی و درگیری سایر اعضا (متاستاز) سبب ایجاد نشانه های خاص در اندام های درگیر می شود .

تا کنون بیان ژن های متعددی در سرطان های مختلف مورد بررسی قرار گرفته است . مشخص شده که تغییر در الگوی بیان ژن ها با افزایش توان رشد سلولی ، مقاومت به آپوپتوز ، تسهیل متاستاز ، ایجادنامیرائی و ایجاد محیط التهابی از عوامل زمینه ساز و پیش برنده ی سرطان ها می باشند .

بیان ژن های کموکاینی وگیرنده های آنها در رابطه با توان آن ها در افزایش رشد ، تهاجم ، منع آپوپتوز و متاستاز سلول های سرطانی به وفور مورد بررسی قرار گرفته است . دراین بین بیان کموکاین SDF-1 و گیرنده ی کاملاً اختصاصی آن CXCR4 به دلیل ایجاد توان رشد ، مهاجرت سلولی ، فعال کردن رونویسی و حتی ترجمه برخی از ژن ها در سلول های جنینی ، بنیادی ، پیش ساز ، خونی و سرطانی مورد توجه فراوان بوده است . در مطالعه ی حاضر سعی شده است که بیان این گیرنده با دقت بیشتری در سرطان معده و مراحل مختلف آن مورد ارزیابی قرار گیرد .

۱-۲- آناتومی معده :

معده یک اندام J شکل کیسه ای با حجم ۱۵۰۰-۱۲۰۰ میلی لیتر است که به صورت اتساعی در بخش بالایی لوله ی گوارش اولیه تشکیل می شود . این اندام بعد از مری و قبل از دوازدهه ی روده ی کوچک و در فضای بالایی شکم قرار دارد و تحذب آن به سمت چپ و از محل اتصال به مری به نام خم بزرگ آغاز می شود . تقعر آن در سمت راست و به نام خم کوچک است و طول آن ۱/۴ خم بزرگ است . کل معده با صفاقی پوشیده می شود که Omentum نام دارد (۱).

این اندام از بالا به پایین به ۵ بخش تقسیم می شود :

۱. کاردیا<sup>۱</sup> : بخش کوچک و نامشخصی که به فاصله ی کوتاهی از محل اتصال به مری واقع شده است .
۲. فوندوس<sup>۲</sup> : بخش گنبدی شکل و برآمده که در سمت چپ کاردیا قرار دارد.
۳. جسم معده یا Body : این بخش ۲/۳ معده را تشکیل می دهد واز فوندوس آغاز شده و بیشتر بخش فوقانی را در برمی گیرد جایی که معده به سمت راست رفته و فرم J را تشکیل می دهد .
- ۴- آنتروم<sup>۳</sup> : ۱/۳ انتهایی معده ، این بخش به صورت افقی قرار می گیرد و از جسم معده تا دریچه ی پیلور ادامه دارد .
- ۵- دریچه ی پیلور : دورترین بخش لوله ای معده که کاملاً توسط لایه های ماهیچه ای ضخیم که عبور غذا را به دوازدهه کنترل می کنند احاطه شده است (۱).

---

<sup>1</sup> cardia  
<sup>2</sup> fundus  
<sup>3</sup> antrum

## ۱-۳- ساختار دیواره معده :

دیواره ی معده از مخاط ، زیر مخاط ، ماهیچه و سرروز تشکیل شده است . مخاط واجد سلول های اپی تلیال ، غدد و بستره ی بین آن ها به نام لامینا پروپریا<sup>۴</sup> و ماهیچه های مخاطی می باشد . بخش زیر مخاط شامل شبکه ی عصبی مایسنر ، سرخرگ ها ، سیاهرگ ها ، فیبرهای کلاژن و مویرگ ها است . لایه ی ماهیچه ای شامل سه دسته ماهیچه به ترتیب از بخش داخلی به بیرون به نام ماهیچه های مورب ، ماهیچه های حلقوی و ماهیچه های طولی است ، همچنین در این بخش شبکه ی عصبی مینتریك وجود دارد . در بخش سرروز یا همان صفاق احشایی سلول های چربی و سلول های صفاقی وجود دارند .

ظاهر بافت شناسی مخاط معده در بخش های مختلف آناتومیک آن متفاوت است . سطح ، واجد اپی تلیوم ستونی ترشح کننده ی موسین است که به درون حفره های متعددی گسترده می شود . در این حالت میلیون ها غده ی لوله ای منشعب دیده می شود . سه نوع غده در معده وجود دارد : ۱- غدد کاردیایی که در کاردیا واقع شده اند ، ۲- غدد جداری oxyntic در Body و فوندوس معده قرار دارد ، ۳- غدد پیلوریک نیز در آنتروم و کانال پیلوری واقع شده اند .

غدد معده عناصر اصلی ترشح کننده ی این اندام هستند که به صورت متراکم در مخاط قرار گرفته و از طریق یک بخش باریک به نام گردن غده به قاعده ی حفره ها<sup>۵</sup> وارد می شود . غدد معده حاوی ۵ نوع سلول هستند :

۱- زیموژن یا سلول های اصلی : این سلول ها در نیمه ی پایینی غدد معده قرار می گیرند و به شکل هرمی و بازوفیلی هستند که توسط گرانول های زیموژن حاوی پپسینوژن پر شده اند .

<sup>4</sup> Lamina propria

<sup>5</sup> crypts

۲- سلول های جداری یا oxyntic : این سلول ها نیمه ی بالایی غدد معده را در برمی گیرند و به حالت بیضی یا هرمی ائوزینوفیلی مشاهده می شوند که اسید کلریدریک ترشح می کنند . این سلول ها حاوی تعداد زیادی میتوکندری هستند . همچنین این سلول ها برای جذب روده ای ویتامین B12 ، فاکتوری به نام فاکتور داخلی ترشح می کنند . ۳- سلول های مخاط گردنه<sup>6</sup> : این سلول های بازوفیلیک ترشح کننده ی مخاط بین سلول های جداری در گردن غده ی معده پنخس شده اند . ۴- سلول های اندوکراین : این سلول ها در غدد معده بیشترین سلول های زیموژن و غشای پایه قرار می گیرند این سلول ها کوچک ، گرد یا هرمی شکل اند که با گرانول های رنگ شونده توسط نمک های نقره پر شده اند . این سلول ها در بین غدد پیلوری پراکنده اند و حاوی آمین های بیوژنیک مانند سروتونین و هورمون های پلی پپتیدی همانند گاسترین و سوماتواستاتین می باشند . به طور کلی غدد پیلوری انشعاب های گردی دارند که به حفره های عمیق تر از سایر بخش های معده منتهی می شوند . سلول های اندوکراین این غده ها سلول های G می باشند که گاسترین ترشح می کنند .

غدد کاردیایی از سلول هایی که مشابه سلول های گردن مخاط و غدد پیلوری هستند تشکیل شده

است به استثنای سلول های G (۱).

---

<sup>6</sup> Mucos neck cell

## ۱-۴- اپیدمیولوژی سرطان معده :

سرطان معده یکی از سرطان های شایع و یکی از فراوانترین علل مرگ در اثر سرطان است بطوریکه از لحاظ فراوانی در دنیا مقام چهارم را دارد و دومین عامل مرگ ناشی از سرطان پس از سرطان ریه محسوب میشود (۲).

طبق آمار سال ۲۰۰۲ حدوداً ۹۳۰۰۰۰ نفر مبتلا وجود دارد و تقریباً سالانه ۸۰۰۰۰۰ نفر در اثر ابتلا به آن می میرند. نرخ وقوع متوسط در ایران طی بررسی آماری از ۲۰۰۶-۱۹۶۶ در مردان و زنان به ترتیب ۱۵/۲ و ۶/۷ به ازای هر صد هزار نفر است که بیش از دو سوم موارد در مرحله IV تشخیص داده شده اند (۴،۳). تنوع جغرافیایی قابل توجهی در شیوع این سرطان وجود دارد. این بیماری در کره شایعترین سرطان است و ۲۰/۸٪ از بدخیمی ها را تشکیل می دهد. نرخ شیوع سالانه آن در شرق و جنوب اروپا بالاتر از سایر نقاط آن است. مهمترین شاخصه اپیدمیولوژیک این سرطان کاهش شدید وقوع آن طی پنجاه سال اخیر در کشورهای ثروتمند است. بطور مثال در ایتالیا یک روند نزولی پایدار هم در وقوع و هم در مرگ ناشی از آن، در هر دو جنس دیده میشود. قابل ذکر است که این کاهش ابتدائاً در مردان رده سنی ۵۵ سال رخ داده است. کاهش کشندگی در یک نرخ نسبتاً سریعتر از نرخ شیوع صورت گرفته است. روندهای مشابهی در بسیاری از کشورها مشاهده میشود (۵). برخلاف روند کاهشی کلی، بروز سرطان کاردیای معده که در برخی مناطق شایع است افزایش یافته است. هم چنین برخلاف افزایش سرطانهای پروکسیمال در غرب، تومورهای دیستال در ژاپن فراوانتر هستند. بهر حال، حتی در ژاپن هم درصد تومورهای پروکسیمال معده در بین مردان نیز افزایش یافته است. همچنین پیش آگهی بهتری در نوع intestinal در مناطقی مانند ژاپن که نرخ وقوع کلی این بدخیمی بالاتر است وجود دارد. کاهش میزان وقوع نوع