

بهینه‌سازی استخراج و تکثیر microRNA های mir-205، mir-141، mir-21 و در ادرار بیماران مبتلا به سرطان مثانه

نسیم قربانمهر^۱، محمود توپلی^۲، بهزاد عین‌اللهی^۳، محمود رضا رفیعی^۱، سید جواد مولی^{۴*}

- ۱- کارشناسی ارشد، گروه ژنتیک مولکولی، دانشکده علوم زیستی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران
- ۲- دکتری تخصصی، مرکز تحقیقات ژنتیک انسانی، دانشگاه علوم پزشکی بقیه ا...، تهران، ایران
- ۳- دکتری تخصصی، مرکز تحقیقات نفرولوژی، دانشگاه علوم پزشکی بقیه ا...، تهران، ایران
- ۴- دانشیار، گروه ژنتیک مولکولی، دانشکده علوم زیستی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

پذیرش مقاله: ۹۰/۰۱/۱۶

دریافت مقاله: ۸۹/۱۱/۲۳

چکیده

هدف: در حال حاضر روش‌های تشخیص سرطان مثانه از حساسیت و اختصاصیت لازم برخوردار نیست؛ بنابراین یافتن نشانگر های تومور جدید که حساسیت و اختصاصیت بالایی داشته باشد مورد توجه قرار گرفته است. RNA های microRNA (miRNA) گروه بزرگی از RNA های کوچک مولکول و غیرکدکننده است که نقش مهمی در کنترل بیان ژن‌ها دارد. مطالعات اخیر نشان داده است که الگوی بیان miRNA ها در سلول‌های سرطانی بهطور معنی داری تغییر می‌کند. این تغییرات، در اکثر سرطان‌ها اختصاصی و واپسی به نوع سرطان است. هدف از این مطالعه بهینه‌یابی روش استخراج RNA کل حاوی miRNA ها از ادرار و استفاده از آن به عنوان یک روش تکرارپذیر در بررسی حضور miRNA ها در ادرار مبتلایان به سرطان مثانه است.

مواد و روش‌ها: RNA کل از ادرار مبتلایان به سرطان مثانه و گروه کنترل با استفاده از محلول RNX و تریزول LS به دو روش اصلی و تغییر یافته استخراج شد. حضور miRNA های با وابستگی احتمالی به سرطان مثانه به روش Real-Time PCR در این نمونه‌ها بررسی شد.

نتایج: روش‌های RNX و تریزول LS تغییر یافته، روش‌های مناسبی برای استخراج RNA از نمونه‌های ادرار است. سطح mir-21 RNA های استخراج شده به روش تریزول LS تغییر یافته بالاتر از روش RNX بود. قابل ذکر است که مقایسه نمونه‌های ادرار منجمد و غیرمنجمد نشان دهنده سطح بالاتر microRNA ها در نمونه‌های منجمد بود.

نتیجه‌گیری: در این مطالعه روشی آسان، تکرارپذیر و قابل اعتماد برای تشخیص تکثیر miRNA ها در نمونه‌های ادراری به دست آمد. براساس اطلاعات miRNA ها نشانگرهای مناسبی برای تشخیص اولیه و غربالگری سرطان مثانه است.

کلیدواژگان: ادرار، نشانگرهای تومور، microRNAs، سرطان مثانه

۱- مقدمه

مولکول درون‌زاد، تک رشته‌ای و غیر کدکننده هستند که microRNA ها گروه بزرگی از RNA های کوچک

*نشانی مکاتبه: تهران، دانشگاه تربیت مدرس، دانشکده علوم زیستی، گروه ژنتیک مولکولی، کد پستی: ۱۴۱۱۷۱۳۱۱۶
Email: sjmowla@modares.ac.ir

کم هزینه و غیرتهاجمی باشد و در حد امکان قابلیت ردگیری سریع تغییرات اولیه مولکولی را داشته باشد، احساس می‌شود. در این راستا microRNA های موجود در مایعات بدن که نمایانگر تغییرات فیزیولوژیک بدن است می‌تواند انتخاب خوبی برای ردیابی بدخیمی‌های مثانه در ادرار فرد باشد.

microRNA ها به دلیل ساختار کوچک و ویژه خود از پایداری بالایی در شرایط مختلف محیطی برخوردار بوده و در برابر انجامد و ذوب مکرر مقاومتر از سایر انواع RNA است و بر خلاف اکثر پروتئین‌ها، pH اسیدی و قلیایی و رقت‌های مختلف نمکی را به خوبی تحمل می‌کند. به همین دلیل می‌توان آن‌ها را به عنوان یک نشانگر زیستی ایده‌آل مطرح نمود [۱۸]. از سوی دیگر ادرار به دلیل ویژگی‌های خاص خود نمونه بسیار مناسبی برای بررسی بدخیمی‌های مثانه است. جمع‌آوری نمونه ادرار آسان و غیرتهاجمی است و در شرایط مختلف و به دفعات امکان جمع‌آوری نمونه برای پیگیری روند بیماری و غربالگری افراد سالم و مشکوک وجود دارد. در ضمن پروتئین‌های مهار کننده PCR که در سرم فراوان است، در ادرار به میزان کمتری یافت می‌شود و در نهایت ادرار به دلیل تماس مستقیم با سیستم و مجرای ادراری نمونه بسیار مناسبی برای بررسی بدخیمی‌های مثانه است.

اولین گام برای استفاده از microRNA های موجود در ادرار به عنوان نشانگرهای زیستی تشخیصی، داشتن یک روش دقیق و تکرارپذیر برای استخراج، ردیابی و سنجش میزان microRNA های این نمونه است. با توجه به مشکلات استخراج RNA از ادرار در این مقاله تمرکز محققان حاضر بر بررسی روش‌های استخراج RNA کل (حاوی microRNA ها) و یافتن مناسب‌ترین روش است. بررسی دقت و تکرارپذیری روش مورد نظر، کاربرد دو RNA کوچک مولکول 5s rRNA و U6 snRNA حضور چهار microRNA mir-21، mir-141، mir-127 و mir-205 مرتبط با سرطان مثانه، دیگر مواردی است که در مطالعه حاضر به آن‌ها پرداخته می‌شود.

به عنوان RNA راهنمای باعث خاموش شدن بیان ژن‌ها در مرحله پس از رونویسی می‌شود [۱]. تاکنون بیش از ۷۰۰ نوع microRNA در انسان شناسایی شده است (mirBase release 13.0). هر کدام از این mRNA ها تعدادی mRNA هدف دارد. آن‌ها عملکرد مهاری خود را با اتصال به این اهداف و القای تجزیه یا مهار ترجمه آن‌ها انجام می‌دهند [۲، ۳]. نقش microRNA ها در فرایندهای حیاتی متنوعی از جمله رشد سلولی، تکوین، آپوپتوز (Apoptosis) و تمایز سلولی ثابت شده است [۴، ۵] چگونگی عملکرد و تنظیم بیان microRNA ها هنوز تا حدود زیادی ناشناخته است و حتی پیچیده‌تر از آن شبکه تنظیمی است که microRNA ها با یکدیگر و با ژن‌های هدف خود تشکیل می‌دهند.

مطالعات انجام شده در سال‌های اخیر نشان دهنده وجود الگوی منحصر به فردی از microRNA ها در بافت‌های مختلف بدن و تغییر این الگو در برخی بیماری‌ها از جمله سرطان است [۶]. محققان نشان دادند که microRNA ها ابزار مناسبی برای طبقبندی تومورها است [۷، ۸]. به تازگی microRNA ها در مایعات بدن مانند خون محیطی نیز شناسایی و ردیابی شده است [۹-۱۲]. این یافته باعث شد امکان استفاده از آن‌ها به عنوان نشانگرهای زیستی آینده مطرح شود [۱۳-۱۶]. در این زمینه مطالعات زیادی برای بیماری‌های مختلف و به‌ویژه انواع سرطان‌ها در حال انجام است.

سرطان مثانه از جمله سرطان‌های شایع با میزان مرگ و میر بالا است [۱۷]. در این سرطان نیز مانند دیگر انواع سرطان‌ها تشخیص زود هنگام، هزینه‌های درمان را کاهش داده، امکان پاسخ به درمان و احتمال بھبودی را افزایش می‌دهد. روش رایج تشخیص در این سرطان سیستوسکوپی (Cystoscopy) است که روشی دردناک، تهاجمی و پرهزینه است. روش‌های آزمایشگاهی دیگری هم وجود دارند مانند آزمون‌های BTA (Fibrin Degradation FDP), Bladder Tumor Antigen Products) و ... که با وجود سهولت انجام، دقت و اختصاصیت کمی دارد. بنابراین نیاز به روش‌های جدید که آسان

آگاهانه و با رضایت کامل فرد انجام شدند. نمونه‌ها در لوله‌های اپن دورف تقسیم شد و تا زمان استخراج RNA در فریزر -۲۰ درجه سانتی گراد نگهداری شد.

۲-۲- استخراج RNA کل

به منظور استخراج RNA کل، نمونه‌های ادرار به پنج گروه تقسیم شد و استخراج به روش‌های زیر انجام شد (جدول ۱). نمونه‌های مورد بررسی در این گروه‌ها به طور اتفاقی از افراد کنترل و بیمار انتخاب شد.

۲- مواد و روش‌ها

۱-۲- جمع‌آوری نمونه ادرار

نمونه ادرار بیماران از مردان مبتلا به سرطان مثانه بستری در بخش اورولوژی و نفرولوژی بیمارستان بقیه ا... جمع‌آوری شد. جمع‌آوری نمونه مردان گروه کنترل در آزمایشگاه پاتولوژی قلهک انجام شد. برای تأیید سلامت این افراد یک بررسی کامل خون و ادرار شامل آزمون PSA (Prostate-Specific Antigen)، سونوگرافی کلیه، مثانه، پروستات و ویزیت اورولوژی صورت گرفت. نمونه‌گیری‌ها به طور

جدول ۱: روش‌های مورد استفاده برای استخراج RNA کل از ادرار

نام گروه	محلول استخراج	حجم نمونه (میکرولیتر)	مجاورت با پروتئیناز *	روش استخراج	تعداد نمونه
گروه ۱	(Invitrogen) LS	۲۵۰	خیر	طبق دستورالعمل کمپانی	۱۲
گروه ۲	(Invitrogen) LS	۵۰۰	خیر	طبق دستورالعمل کمپانی	۸
گروه ۳	(Invitrogen) LS	۵۰۰	بلی	طبق دستورالعمل کمپانی	۱۰
گروه ۴	(Invitrogen) LS	۵۰۰	بلی	با ایجاد تغییراتی در دستورالعمل کمپانی **	۲۲
گروه ۵	(ایران) RNX	۵۰۰	بلی	طبق دستورالعمل کمپانی	۱۱

در گروه‌های مختلف با استفاده از دستگاه اسپکتروفوتومتر (Thermo scientific, Wilmington, DE) ND-1000 نانودرایپ (Thermo scientific, Wilmington, DE) ND-1000 بررسی شد.

* به منظور مجاورت نمونه‌ها با پروتئیناز k میکرولیتر از این آنزیم (TAKARA ، ژاپن) به ۵۰۰ میکرولیتر نمونه افزوده شد و به مدت ۱ ساعت در دمای ۵۶ درجه سانتی گراد قرار داده شد و سپس بلاfacسله استخراج انجام شد.

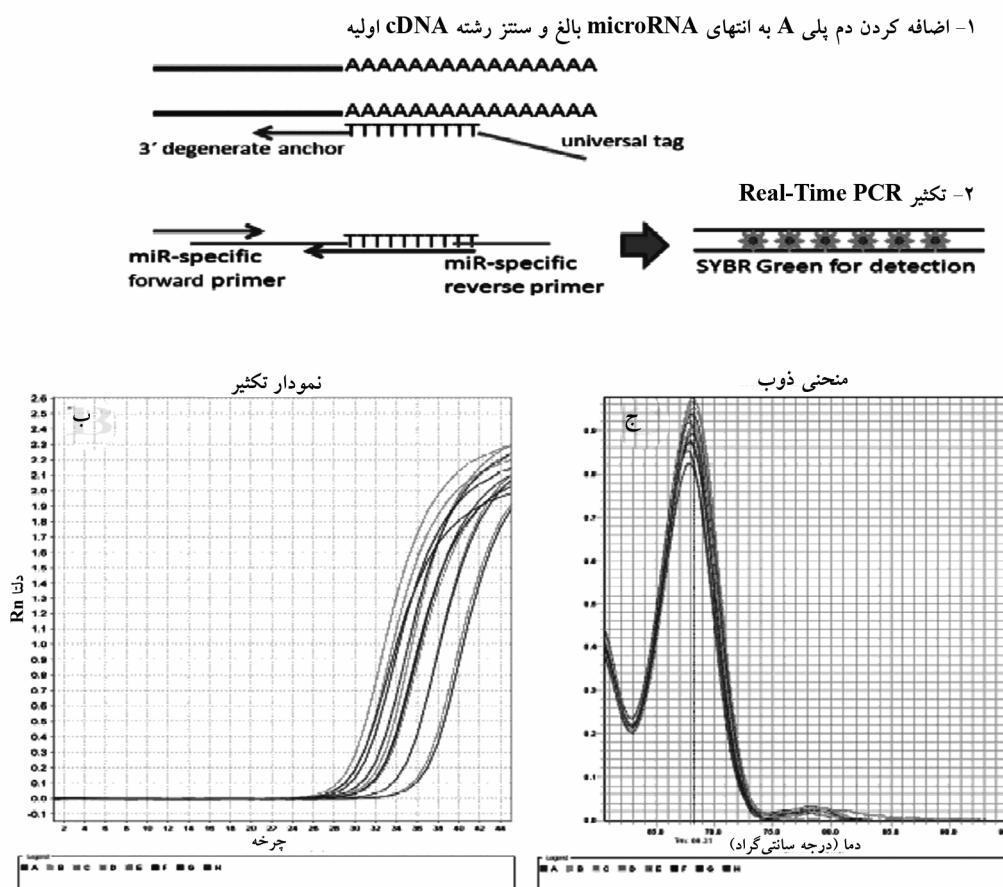
** تغییرات انجام شده در روش استخراج به این صورت بود که در مرحله رسوب‌دهی RNA از اتانول ۱۰۰ درصد حجمی/حجمی به جای پروپان‌دیول (Propanediol) استفاده شد و نمونه به مدت ۱۲ ساعت در دمای ۲۰ درجه سانتی گراد قرار داده شد سپس لوله به مدت ۳۰ دقیقه در دمای ۴ درجه سانتی گراد با دور ۱۲۰۰۰ g سانتریفوژ شد. در مرحله محلول‌سازی، رسوب RNA در ۴ میکرولیتر آب مجاور شده با DEPC (سیناژن، ایران) حل شد و به مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۵۶ درجه سانتی گراد قرار داده شد. در پایان کمیت و کیفیت تمام RNA های استخراج شده

۳-۲- انجام Real-Time RT-PCR

برای مقایسه سطوح miRNA ها در RNA کل استخراج شده در گروه‌های چهار (تریزول LS تغییر یافته) و پنج (RNX)، حجم مساوی ۵۰۰ میکرولیتر از سه نمونه (۲ بیمار و یک کنترل) به هر دوی این روش‌ها استخراج شد و سپس ۴ میکرولیتر از RNA کل حاصل با آنزیم I DNase مجاور شد. ۵ میکرولیتر از ۱۰ میکرولیتر Fermentas cDNA محصول این مرحله با استفاده از کیت سنتز (Exiqon, Denmark, product # 203300) (پلی‌آدنیله شده و cDNA ساخته شد. سپس محصول cDNA به نسبت ۱:۲۰

استفاده شد. برای این بررسی از آغازگرهای (Locked Nucleic Acid) LNA (Primers) حاوی تهیه شده از شرکت Exiqon استفاده شد (شکل ۱).

رقیق شد و ۸ میکرولیتر از آن برای بررسی حضور mir-21, 141, 127, 205 U6 snRNA در این نمونه‌ها با استفاده از روش Real-time qRT-PCR و مخلوط سایبر گرین



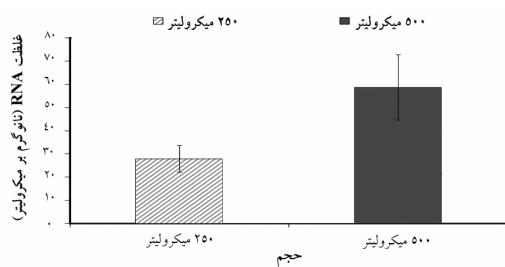
شکل ۱ شکل شماتیک از روش ساخت cDNA و تکثیر miRNA ها به کمک cDNA با استفاده از آغازگرهای پلی T، تکثیر cDNA حاصل با استفاده از آغازگرهای اختصاصی LNA و بررسی محصول در روش Real-Time PCR با استفاده از رنگ سایبر گرین، ب) نمودار تکثیر miR-21 در نمونه‌های ادرار، ج) منحنی ذوب محصول تکثیر miR-21 در نمونه‌های ادرار

برای بررسی حضور miR-21, miR-141, miR-205 در نمونه‌های ادرار، یک مخلوط از ۱۰ نمونه مختلف برای هر یک از دو گروه مورد بررسی (افراد کنترل و افراد مبتلا به سرطان مثانه) تهیه شد. برای تهیه مخلوط نمونه‌ها ۵۰ میکرولیتر از نمونه ۱۰ فرد هر گروه مخلوط شده و به حجم کلی ۵۰۰ میکرولیتر رسید. RNA کل این مخلوط‌ها به روش

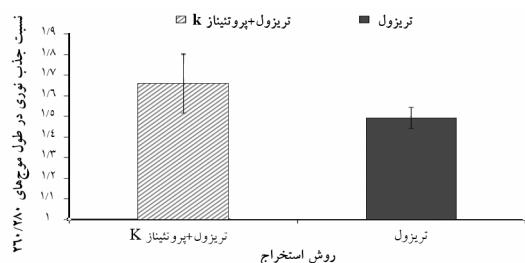
به منظور مطالعه تکرارپذیری بررسی‌ها، RNA کل از ۸ نمونه مختلف (۵ طبیعی و ۳ بیمار) به روش تریزول تغییر یافته، استخراج شد. برای هر نمونه ۲ بار cDNA ساخته شد و (Duplicate) 5srRNA و mir-21 به صورت دو نسخه‌ای (Duplicate) بررسی شد. دو تکرار مربوط به هر نمونه در زمان‌های جداگانه انجام شد.

۳- نتایج

طراحی این مطالعه به منظور یافتن یک دستورالعمل قابل اعتماد و تکرارپذیر برای استخراج RNA کل حاوی RNA miRNA ها صورت گرفت.



نمودار ۱ تأثیر حجم نمونه ادرار بر غلظت RNA کل حاصل از استخراج؛ مقایسه دو حجم ۲۵۰ و ۵۰۰ میکرولیتر از ادرار اختلاف معنی دار غلظت RNA کل در بین آن دو را نشان می دهد. P value کمتر از 0.05 به عنوان سطح معنی داری در نظر گرفته شد.



نمودار ۲ تأثیر مجاورت ادرار با پروتئیناز K بر کیفیت RNA کل استخراج شده؛ مقایسه شدت جذب نوری در دو گروه تریزول و تریزول+پروتئیناز K، تأثیر معنی دار افزودن پروتئیناز بر خلوص RNA کل استخراج شده را نشان می دهد (P value > 0.05).

۱-۳- تأثیر حجم نمونه، مجاورت با پروتئیناز و تغییرات دستورالعمل بر محصول RNA کل

مقایسه دو حجم اولیه ۲۵۰ و ۵۰۰ میکرولیتر از ادرار نشان داد که افزایش حجم نمونه باعث افزایش غلظت RNA $\frac{۳۳}{۴}$ نانوگرم بر میکرولیتر در گروه یک در مقابل $\frac{۷۵}{۳۸}$ نانوگرم بر میکرولیتر در گروه دوم) اختلاف این دو غلظت با $P=0.02$ معنی دار بود (نمودار ۱). خلوص (نسبت

تریزول LS تغییر یافته استخراج شد. حضور miR-21 miR-127، ۱۴۱ miR-205 به روش ذکر شده و به صورت دو نسخه ای بررسی شد.

۴-۲- تکثیر 5s rRNA به عنوان کنترل داخلی

حضور 5srRNA در مخلوط نمونه های فوق بررسی شد سپس ۲۲ نمونه مختلف (بیمار و کنترل) انتخاب شد و میزان این RNA کوچک مولکول در آنها به روش Real-Time به صورت دو نسخه ای بررسی شد.

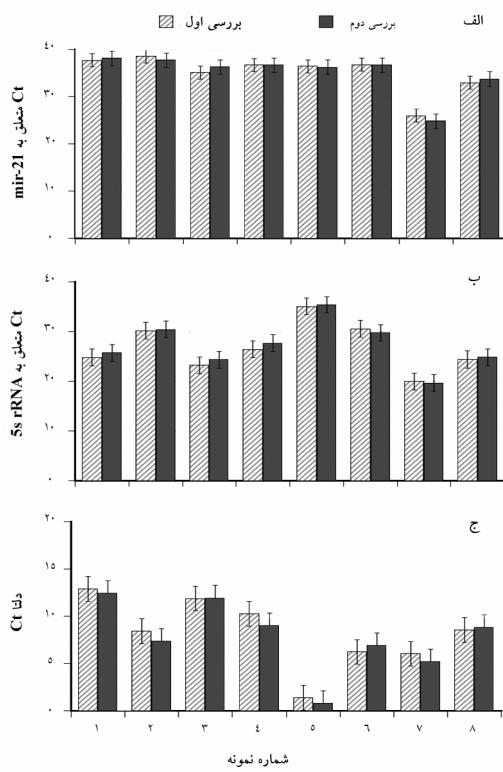
۵- بررسی اثر انجام دیر تکثیر microRNA های موجود در ادرار

به این منظور RNA کل از ۴ نمونه مختلف تازه و منجمد نشده با روش تریزول LS تغییر یافته استخراج شد. در همان زمان حجم ۵۰۰ میکرولیتر از هر نمونه در فریزر -20 - درجه سانتی گراد قرار داده شد و منجمد شد. بعد از ۵ روز کل RNA از این نمونه های منجمد استخراج شد. محصول RNA هر دو گروه در فریزر -80 - درجه سانتی گراد قرار داده شد و ده روز بعد به طور همزمان دو miR-21 microRNA و miR-141 و 5s rRNA به روش ذکر شده، در آنها بررسی شد.

۶- تجزیه و تحلیلهای آماری

داده های مربوط به غلظت و خلوص (نسبت جذب در طول موج های $260/280$) با استفاده از آزمون های آماری غیرپارامتری Mann-whitney U و ویلکاکسون (Wilcoxon) مقایسه و بررسی شد. مقدار $P < 0.05$ به عنوان معیار معنی داری در تمام آزمون ها در نظر گرفته شد. تکرارپذیری و همبستگی نتایج Real-Time با استفاده از آزمون های آلفای کرونباخ (α) (Cronbach's α) و سنجیده T-test شد. تمام آزمون های آماری با استفاده از نرم افزار آماری SPSS انجام شد.

این دو روش، میانگین Ct برای mir-21 در روش تریزول LS تغییر یافته پایین‌تر از روش RNX است (نمودار ۳). حضور snRNA u6 در هر سه نمونه فوق غیرقابل تشخیص بود.



نمودار ۴ تکرارپذیری روش و نتایج به دست آمده در ۸ نمونه مختلف؛ آلف و (ب) نشان دهنده Ct های دو تکرار سنجش 5s rRNA و miR-21 در ۸ نمونه مختلف است. ج) نماینگر ΔCt های محاسبه شده برای دو تکرار بررسی ۸ نمونه مذکور است. نتایج به دست آمده از دو بار سنجش هر نمونه در روزهای مختلف نشان دهنده تکرارپذیری نتایج است.

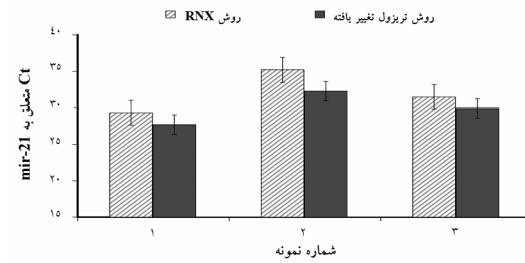
۳-۳- تکرارپذیری و همبستگی نتایج در تکرارهای مختلف

بررسی ها همبستگی معنی داری را بین نتایج تکرارهای مختلف سنجش mir-21 و همچنین 5srRNA در هر نمونه نشان داد. همبستگی بین دو سنجش mir-21 در هشت نمونه مختلف ۰/۹۸۵ و برای ۵srRNA با مقدار $P=0/000$

جدب در طول موج های ۲۶۰/۲۸۰ RNA به دست آمده در این دو گروه (۱/۴۳ در گروه یک در مقابل ۱/۴۹ در گروه دو) اختلاف معنی داری را نشان نمی داد.

مجاورت نمونه ها با پروتئیناز نسبت جذب در طول موج های ۲۶۰/۲۸۰ را از ۱/۴۹ در گروه دو به ۱/۶۶ در گروه سه افزایش داد (نمودار ۲)؛ اما این تغییر اختلاف معنی داری در غلظت RNA ایجاد نکرد.

ایجاد تغییرات جزئی در دستورالعمل تریزول LS، هرچند باعث بهبود غلظت از ۴۳/۳۱ در گروه سه به ۵۲/۷۷ نانوگرم بر میکرولیتر در گروه چهار شد، اما تجزیه و تحلیل های آماری نشان داد که این اختلاف معنی دار نیست. نسبت جذب ۲۶۰/۲۸۰ در گروه چهار (۱/۸۱) به طور معنی داری بالاتر از گروه سه (۱/۶۶) بود ($P=0/006$). مقایسه بین دو روش استخراج تریزول LS تغییر یافته و RNX (گروه های ۴ و ۵) اختلاف معنی داری را در غلظت و خلوص RNA حاصل از این دو روش نشان نداد.



نمودار ۳ میانگین مقادیر Ct miR-21 در نمونه های ادرار استخراج شده به دو روش تریزول تغییر یافته و RNX؛ مقایسه میانگین مقادیر miR-21 Ct در نمونه های ادرار استخراج شده به دو روش تریزول تغییر یافته و RNX نشان دهنده اختلاف معنی دار در محتوای miR-21 در بین محصولات RNA حاصل از این دو روش است.

۲-۲- تأثیر روش استخراج در غلظت microRNA ها

نتایج Real-Time روی سه نمونه استخراج شده به هر دو روش فوق (تریزول LS تغییر یافته و RNX) نشان داد که با وجود عدم تفاوت در کیفیت و کمیت RNA استخراج شده به

۵-۳- بررسی تکثیر U6 snRNA و ۵s rRNA به عنوان کنترل داخلی

U6 snRNA در اکثر نمونه‌های مورد بررسی غیرقابل تشخیص بود، بنابراین استفاده از آن به عنوان کنترل داخلی امکان‌پذیر نبود. بررسی حضور ۵s rRNA در مخلوط نمونه‌های دو گروه بیمار و کنترل، نشان دهنده وجود این RNA کوچک مولکول در حد قابل توجهی در نمونه‌ها بود. سپس بررسی روی ۲۲ نمونه مجزای بیمار و کنترل انجام شد و مشخص شد که ۵s rRNA در تمام نمونه‌ها وجود دارد.

۶- اثر انجماد- ذوب بر کیفیت تکثیر microRNA

نتایج بررسی‌های کمی نشان داد که Ct های miR-21 و miR-141 در حالت تازه در سه نمونه از چهار نمونه مورد بررسی به طور قابل توجهی بالاتر از حالت منجمد است و نمونه چهارم اختلاف چندانی را نشان نداد (جدول ۲).

بود. مقدار آلفای کرونباخ این سنجش برای mir-21 ۰/۹۹۱ و برای ۵srRNA ۰/۹۹۵ بود. از آنجایی که ΔCt از اهمیت Real-Time ویژه‌ای در محاسبات کمی در واکنش‌های پذیری سنجش، برخوردار است، به‌منظور اثبات دقیق و تکرارپذیری سنجش، ΔCt های این دو سنجش به دست آمد به این طریق که ΔCt ۵srRNA در هر سنجش از mir-21 Ct در همان سنجش کم شد. همبستگی بین دو ΔCt در این ۸ نمونه ۰/۹۹۰ و آلفای کرونباخ آن ۰/۹۹۵ بود (نمودار ۴).

۶-۴- تعیین حضور miR-21، miR-205 و

miR-205 در نمونه‌های ادرار

بررسی حضور چهار microRNA miR-141، miR-21، miR-205 و miR-127 در مخلوط نمونه‌ها نشان داد که غیر از miR-127 که در هیچ‌یک از دو گروه حضور نداشت، وجود سایر microRNA در هر دو گروه بیمار و کنترل قابل تشخیص بود.

جدول ۲ مقایسه میزان ۵s rRNA، miR-141 و miR-21 در نمونه‌های تازه و منجمد؛ Ct های پایین‌تر در شکل منجمد نمونه‌ها مشاهده می‌شود.

شماره نمونه	نمونه ۱		نمونه ۲		نمونه ۳		نمونه ۴	
	Ct miR-21	Ct miR-141	Ct ۵s rRNA	Ct miR-21	Ct miR-141	Ct ۵s rRNA	Ct miR-21	Ct miR-141
قبل از انجماد	۳۰/۷۶	۳۴/۶۰	۳۶/۶۰	۳۱/۴۱	۳۰/۷۶	۳۴/۶۰	۳۱/۴۱	۳۰/۷۶
بعد از انجماد	۳۲/۰۲	۳۲/۹۷	۳۲/۰۲	۳۱/۷۳	۳۱/۷۰	۳۵/۳۷	۳۱/۷۰	۳۱/۷۳
قبل از انجماد	۳۶/۶۵	۳۶/۶۵	۳۶/۶۵	۳۰/۸۲	۳۰/۸۲	۳۶/۴۴	۳۶/۶۵	۳۶/۶۵
بعد از انجماد	۶۴/۳۳	۶۴/۳۳	۶۴/۳۳	۲۵/۳۹	۲۵/۳۹	۳۶/۴۴	۲۷/۶۶	۲۷/۶۶
قبل از انجماد	۳۲/۹۴	۳۲/۹۴	۳۲/۹۴	۲۶/۴۰	۲۶/۴۰	۳۶/۴۴	۲۷/۶۰	۲۷/۶۰
بعد از انجماد	۳۶/۶۵	۳۶/۶۵	۳۶/۶۵	۸۲/۲۴	۸۲/۲۴	۳۶/۶۵	۲۷/۶۶	۲۷/۶۶

توجهی افزایش می‌یابد که این موضوع از نظر اقتصادی مقرن به صرفه نمی‌باشد و مطالعات هم نشان داده است که نیازی به این حجم بالای ادرار نمی‌باشد. با ریقی‌سازی‌های متولی ادرار (فرمول زیر) مشخص می‌شود که مقدار RNA به کار رفته برای تکثیر هریک از microRNAها، محصول حدود ۰/۵ میکرولیتر از حجم اولیه ادرار است. میکرولیتر /۵ = $500 \times 1/10 \times 1/2 \times 1/10 = 0.05$

۶- بحث

در پژوهش حاضر تلاش شد تا روش‌های استخراج RNA از ادرار بهینه‌یابی شود. روشی، مناسب است که بتواند این microRNA های دارای نقش احتمالی نشانگر زیستی را به طور قابل اعتماد و تکرارپذیر استخراج کند. نتایج پژوهش حاضر نشان داد که در صورت داشتن حجم بالایی از نمونه ادرار، میزان مصرف تریزول برای استخراج RNA به مقدار قابل

آن است که ۵s tRNA برعلاف U6 snRNA کترول داخلی مناسbi برای نمونه‌های ادرار است. زیرا در تمام نمونه‌ها به میزان قابل قبولی حضور دارند و میزان آن نیز در نمونه‌های مختلف از ثبات خوبی برخوردار است.

تکرار روند بررسی روی نمونه‌های مختلف نشان می‌دهد که دستورالعمل مورد استفاده روشی تکرارپذیر و قابل اعتماد است و به همین دلیل می‌توان از آن برای بررسی microRNA های ادراری به عنوان نشانگر زیستی برای تشخیص انواع بیماری‌ها از جمله سرطان مثانه استفاده نمود. به ویژه همبستگی و مشابهت ΔCt های بدست آمده از تکرار بررسی روی نمونه یک فرد دلیل خوبی برای تکرارپذیر بودن روش مورد استفاده است. یافته دیگری که مناسب بودن microRNA های ادراری به عنوان نشانگر زیستی تقویت می‌کند، مقاومت آن‌ها در مقابل روند انجام داده است [۱۸]. نتایج بررسی حاضر نشان می‌دهد که روند انجام داده و ذوب نه تنها باعث کاهش قدرت تشخیص microRNA ها در ادرار نمی‌شود بلکه اثر مثبت هم دارد. حتی اگر این افزایش ایجاد شده معنی دار نباشد، باز می‌توان این گونه نتیجه گرفت که فرایند انجام نمونه و بررسی با تأخیر آن که معمولاً در آزمایشگاه‌های تشخیص طبی انجام می‌شود تأثیر منفی بر نمونه ندارد.

۵- تشکر و قدردانی

با تشکر و سپاس از مرکز تحقیقات اورولوژی و نفرولوژی و بخش اورولوژی مردان بیمارستان بقیه ...، برای تأمین بخشی از هزینه‌های مالی این تحقیق و نمونه‌های بیماران، جناب آقای دکتر لواسانی برای همکاری صمیمانه در جمع آوری نمونه‌های گروه کترول و آزمایشگاه تشخیص طبی قلهک که در بررسی سلامت مراجعین گروه کترول ما را یاری فرمودند.

از بین پنج گروه مورد مطالعه بیشترین کمیت و بهترین کیفیت RNA متعلق به گروه‌های چهار و پنج (تریزول LS تعییر یافته و RNX) بود. با وجود این‌که اختلاف این دو از نظر آماری معنی‌دار نبود، اما نتایج Real-Time نشان داد که قابلیت تریزول LS در حفظ و نگهداری RNA های کوچک مولکول مانند microRNA ها بیشتر است.

در مطالعات قبلی ارتباط برخی از microRNA ها با سرطان مثانه در نمونه‌های باقی این سرطان‌ها گزارش شده بود [۲۱-۱۹]. در بین این microRNA ها تغییر فاحش بیانی چهار miR مورد بررسی در این تحقیق در اکثر مقالات ذکر شده بود. در این مطالعه محققان حاضر سعی بر بررسی حضور این چهار miR در ادرار افراد مبتلا به سرطان مثانه در مقایسه با گروه کترول داشتند. از بین این miR-127 در نمونه‌های بیماران و گروه کترول یا قابل تشخیص نبود یا به مزهای انتهایی تشخیص بسیار نزدیک بود. سایر microRNA ها در اکثر نمونه‌ها حضور داشت. این می‌تواند اولین گام در استفاده از این microRNA ها به عنوان نشانگرهای تشخیصی سرطان مثانه باشد.

در مورد کترول‌های داخلی، حضور U6 snRNA در اکثر نمونه‌های مورد بررسی یا قابل تشخیص نبود یا به مزهای انتهایی تشخیص نزدیک بود (Ct بالای ۳۸). این یافته‌ها با گزارشی که اخیراً توسط هنک (Hanke) و همکارانش ارایه شده بود تطابق داشت [۱۰]. بنابراین U6 snRNA نمی‌تواند کترول داخلی مناسbi برای نمونه‌های ادرار باشد. یک کترول داخلی مناسب باید دو خصوصیت کلیدی داشته باشد؛ اول این که در تمام نمونه‌های گروه آزمون و کترول به میزان قابل قبولی بیان داشته باشد و دیگر این که این بیان تحت تأثیر عامل مورد بررسی نباشد به عنوان مثال اگر مطالعه روی نمونه‌های سرطانی انجام می‌شود، میزان کترول داخلی نباید تحت تأثیر فرایند تومورزاوی باشد. نتایج بدست آمده در این تحقیق بیانگر

۶- منابع

[1] Bartel DP. MicroRNAs: genomics, biogenesis,

mechanism, and function. Cell 2004; 116(2):

- 281-97.
- [2] Nelson P, Kiriakidou M, Sharma A, Maniataki E, Mourelatos Z. The microRNA world: small is mighty. *Trends Biochem Sci* 2003; 28(10): 534-40.
- [3] Kuokkanen S, Chen B, Ojalvo L, Benard L, Santoro N, Pollard JW. Genomic profiling of microRNAs and messenger RNAs reveals hormonal regulation in microRNA expression in human endometrium. *Biol Reprod* 2010; 82(4): 791-801.
- [4] Calin GA, Croce CM. MicroRNA signatures in human cancers. *Nat Rev Cancer* 2006; 6(11): 857-66.
- [5] Harfe BD. MicroRNAs in vertebrate development. *Curr Opin Genet Dev* 2005; 15(4): 410-5.
- [6] Volinia S, Calin GA, Liu CG, Ambs S, Cimmino A, Petrocca F, Visone R, Iorio M, Roldo C, Ferracin M, Prueitt RL, Yanaihara N, Lanza G, Scarpa A, Vecchione A, Negrini M, Harris CC, Croce CM. A microRNA expression signature of human solid tumors defines cancer gene targets. *Proc Natl Acad Sci USA* 2006; 103(7): 2257-61.
- [7] Lu J, Getz G, Miska EA, Alvarez-Saavedra E, Lamb J, Peck D, Sweet-Cordero A, Ebert BL, Mak RH, Ferrando AA, Downing JR, Jacks T, Horvitz HR, Golub TR. MicroRNA expression profiles classify human cancers. *Nature* 2005; 435(7043): 834-8.
- [8] Tam W. The emergent role of microRNAs in molecular diagnostics of cancer. *J Mol Diagn* 2008; 10(5): 411-4.
- [9] Cortez MA, Calin GA. MicroRNA identification in plasma and serum: a new tool to diagnose and monitor diseases. *Expert Opin Biol Ther* 2009; 9(6): 703-11.
- [10] Hanke M, Hoefig K, Merz H, Feller AC, Kausch I, Jocham D, Warnecke JM, Sczakiel G. A robust methodology to study urine microRNA as tumor marker: microRNA-126 and microRNA-182 are related to urinary bladder cancer. *Urol Oncol* 2010; 28(6):655-61.
- [11] Zubakov D, Boersma AW, Choi Y, van Kuijk PF, Wiemer EA, Kayser M. MicroRNA markers for forensic body fluid identification obtained from microarray screening and quantitative RT-PCR confirmation. *Int J Legal Med* 2010; 124(3): 217-26.
- [12] Park NJ, Zhou H, Elashoff D, Henson BS, Kastratovic DA, Abemayor E, Wong DT. Salivary microRNA: discovery, characterization, and clinical utility for oral cancer detection. *Clin Cancer Res* 2009; 15(17): 5473-7.
- [13] Huang Z, Huang D, Ni S, Peng Z, Sheng W, Du X. Plasma microRNAs are promising novel biomarkers for early detection of colorectal cancer. *Int J Cancer* 2010; 127(1): 118-26.
- [14] Rosell R, Wei J, Taron M. Circulating MicroRNA Signatures of Tumor-Derived Exosomes for Early Diagnosis of Non-Small-Cell Lung Cancer. *Clin Lung Cancer* 2009; 10(1): 8-9.
- [15] Wang K, Zhang S, Marzolf B, Troisch P, Brightman A, Hu Z, Hood LE, Galas DJ. Circulating microRNAs, potential biomarkers for drug-induced liver injury. *Proc Natl Acad Sci USA* 2009; 106(11): 4402-7.
- [16] Gilad S, Meiri E, Yogev Y, Benjamin S,

- Lebanony D, Yerushalmi N, Benjamin H, Kushnir M, Cholakh H, Melamed N, Bentwich Z, Hod M, Goren Y, Chajut A. Serum microRNAs are promising novel biomarkers. PloS One 2008; 3(9): e3148.
- [17] Jemal A, Siegel R, Xu J, Ward E. Cancer statistics, 2010. CA Cancer J Clin 2010; 60(5): 277-300.
- [18] Chen X, Ba Y, Ma L, Cai X, Yin Y, Wang K, Guo J, Zhang Y, Chen J, Guo X, Li Q, Li X, Wang W, Zhang Y, Wang J, Jiang X, Xiang Y, Xu C, Zheng P, Zhang J, Li R, Zhang H, Shang X, Gong T, Ning G, Wang J, Zen K, Zhang J, Zhang CY. Characterization of microRNAs in serum: a novel class of biomarkers for diagnosis of cancer and other diseases. Cell Res 2008; 18(10): 997-1006.
- [19] Gottardo F, Liu CG, Ferracin M, Calin GA, Fassan M, Bassi P, Sevignani C, Byrne D, Negrini M, Pagano F, Gomella LG, Croce CM, Baffa R. Micro-RNA profiling in kidney and bladder cancers. Urol Oncol 2007; 25(5): 387-92.
- [20] Wang G, Zhang H, He H, Tong W, Wang B, Liao G, Chen Z, Du C. Up-regulation of microRNA in bladder tumor tissue is not common. Int Urol Nephrol 2010; 42(1): 95-102.
- [21] Dyrskjøt L, Ostenfeld MS, Bramsen JB, Silahtaroglu AN, Lamy P, Ramanathan R, Fristrup N, Jensen JL, Andersen CL, Zieger K, Kauppinen S, Ulhøi BP, Kjems J, Borre M, Orntoft TF. Genomic profiling of microRNAs in bladder cancer: miR-129 is associated with poor outcome and promotes cell death in vitro. Cancer Res 2009; 69(11): 4851-60.