

۵۷. ارتباط سطوح سرمی RNA غیر کدکننده طولانی ANRIL با استعداد ابتلا به نفروپاتی دیابتی در بیماران عراقی

جلالی الف، محمود ناجی ج. گروه زیست شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه اراک، اراک، ایران

نفروپاتی دیابتی که به آن بیماری کلیه دیابتی نیز گفته می شود، از جمله عوارض جدی دیابت های نوع ۱ و ۲ است. این عارضه بر کار معمول کلیه ها برای حذف مواد زائد و مایعات اضافی از بدن تأثیر می گذارد. *ANRIL* (آنتی سنس رونویسی از ژن اینترژنیک رونویسی شده از RNA) یک نوع RNA غیرکدکننده طولانی (lncRNA) است که در تنظیم بیان ژن های دیگر نقش مهمی دارد. این lncRNA با بیماری های مختلفی از جمله سرطان، بیماری های قلبی عروقی و دیابت مرتبط شده است. مشخص شده است که RNA غیرکدکننده طولانی *ANRIL* در پاتوژنز نفروپاتی دیابتی نقش دارد. با این حال، اهمیت بالینی *ANRIL* در بیماران نامشخص است. در این مطالعه، به منظور بررسی ارتباط سطوح بیان *ANRIL* با احتمال ابتلا به نفروپاتی دیابتی، ۴۰ فرد سالم (کنترل) و ۸۰ فرد بیمار از هر دو جنس، مورد بررسی قرار گرفتند. برای اندازه گیری میزان بیان *ANRIL* از روش RT-qPCR استفاده گردید. ابتدا cDNA سنتز و سپس با استفاده از پرایمرهای اختصاصی، میزان بیان ژن هدف اندازه گیری شد. برای تحلیل داده ها و استخراج اطلاعات معنی دار از نرم افزار SPSS و روش t استفاده گردید. نتایج نشان داد که بیان *ANRIL* در بیماران نفروپاتی دیابتی به طور قابل توجهی نسبت به گروه کنترل افزایش دارد و می توان نتیجه گیری کرد که بیان بالای *ANRIL* در خون محیطی بیماران با پیشرفت نفروپاتی دیابتی مرتبط و یک عامل خطر مستقل نفروپاتی دیابتی است.

۵۸. ارتباط معکوس ترکیبات ژنوتیپی *vacA c2* و *cagPAI* با خطر ابتلا به سرطان معده در اردبیل

بختی س.ز.^۱، لطیفی نوید س.^۲، یزدانبد ع.^۳ ۱- گروه بیولوژی سلولی و مولکولی، بخش زیست شناسی، دانشکده علوم طبیعی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران. ۲- گروه بیولوژی سلولی و مولکولی، بخش زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران. ۳- مرکز تحقیقات سرطان های دستگاه گوارش، دانشگاه علوم پزشکی اردبیل، اردبیل، ایران

عفونت هلیکوباکتریلوری (*H. pylori*) عامل اصلی سرطان معده (GC) در ایران است. ژنوتیپ جزیره بیماریزای *cag* (*cagPAI*) و ناحیه *vacA-c* هلیکوباکتریلوری در بروز GC دارد. هدف از این مطالعه تعیین تأثیر ژن های *cagG*، *cagL*، *cagH* و *orf17* از *cagPAI* و ژنوتیپ های ناحیه *vacA-c* هلیکوباکتریلوری در توسعه GC در اردبیل است. در مجموع ۱۸۸ سویه هلیکوباکتریلوری از ۲۵۰ بیمار مبتلا به گاستریت غیر آتروفی (NAG) و GC جدا شده، DNA از آن استخراج شده و تعیین ژنوتیپ شد. ارزیابی هیستوپاتولوژی نیز بر نمونه ها انجام شد. نمونه ها شامل ۶۵/۱۸۸ با NAG و ۱۲۳/۱۸۸ با GC بودند. نتایج نشان داد بین فراوانی ژن های *cagL*، *cagH* و *orf17* در سویه های GC و NAG تفاوت معنی داری وجود نداشت ($P < 0.05$). نتایج آنالیزهای رگرسیون لجستیک ساده نشان داد که ژنوتیپ های $cagG^+$ ، $cagH^+/vacAc2$ ، $cagL^+/vacAc2$ ، $cagG^+/vacAc2$ و $orf17^+/vacAc2$ ارتباط معکوس با خطر GC در اردبیل داشت؛ (OR 95% (CI) به ترتیب برابر با ۰/۲۹۵ (۰/۱۵۴-۰/۵۶۵)، ۰/۱۵۲ (۰/۰۴۵-۰/۵۰۷)، ۰/۱۶۱ (۰/۰۵۶-۰/۴۶۵)، ۰/۱۴۰ (۰/۰۴۳-۰/۴۳۳) و ۰/۲۵۸ (۰/۰۸۰-۰/۸۳۴) و P-value ها به ترتیب برابر ۰/۰۰۲، ۰/۰۰۱، ۰/۰۰۰، ۰/۰۳۲ و ۰/۰۰۲ بود. حضور ژنوتیپ *vacA c2* در ترکیب با ژنوتیپ های $cagH^+$ ، $cagL^+$ ، $cagG^+$ و $orf17^+$ یک ارتباط معکوس قوی با خطر GC نشان داد.

۵۹. ارزیابی آلل های مقاوم و حساس اگزون ۲ ژن BoLA-DRB3 به بیماری لکوز گاوی با مدل سازی و داکینگ ملکولی

بهارلو غ.^۱، امینی ح.ر.^۱، صالحی اسکندری ب.^۲ ۱- گروه زیست شناسی، موسسه آموزش عالی نوردانش میمه، اصفهان. ۲- گروه زیست شناسی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران

هدف از مطالعه حاضر ارزیابی و مقایسه آلل های شناسایی شده ژن *MHC-II* حساس و مقاوم به بیماری لکوز گاوی بود. بدین منظور از مدل سازی برهمکنش ساختار پروتئینی آلل های مختلف این ژن و پروتئین سطحی ویروس لوکومیای گاوی، با استفاده از داکینگ ملکولی پیشرفته، جهت شناسایی اهمیت هر یک از این آلل ها در سطح مولکولی و اتمی استفاده گردید. بر این اساس، توالی پروتئینی مربوط به آلل های مقاومت (*DRB3.2*11*، *DRB3.2*23* و *DRB3.2*28*) و حساسیت (*DRB3.2*8*، *DRB3.2*22* و *DRB3.2*16*) به بیماری لکوز گاوی و توالی پروتئینی ویروس، به ترتیب از پایگاه های IPD-MHC و NCBI اخذ و از برنامه Modeller جهت مدل سازی ساختار سه بعدی پروتئین ها استفاده و داکینگ پروتئین-پروتئین با استفاده از برنامه HADDOCK انجام و انرژی اتصال مربوط به هر جفت برهمکنش یادداشت شد. نتایج نشان داد که تمایل اتصال پروتئین حاصل از آلل *DRB3.2*11* (2/1163-) به پروتئین سطحی ویروس لوکومیای گاوی نسبت به آلل های دیگر بیشتر بوده (۱۰۲۳-، ۹۷۶/۵-، ۸۶۵/۵-، ۸۵۹/۸-، ۷۹۳/۲- به ترتیب برای آلل های *DRB3.2*28*، *DRB3.2*23*، *DRB3.2*16*، *DRB3.2*22* و