



پایان‌نامه‌ی کارشناسی ارشد: ارزو برادران مقدم، ۱۳۹۶

بررسی بیان ژن‌های $RIPK1$ و $RIPK3$ در ناخنک چشم

هدف: بیماری ناخنک چشم رشد خوش خیم بافت فیبروواسکولار روی قرنیه است. ناخنک چشم یک بیماری سطح چشم است که توسط تکثیر غیرطبیعی اپیتلیال، تغییر شکل ماتریکس، رگ زایی و مهاجرت آسیب شناخته می‌شود. اگرچه اتیولوژی بیماری ناخنک چشم وسیع است، مطالعات بسیاری نشان دهنده مسیر مرگ سلولی در کنترل طبیعی سلولها نقش مهمی دارند. هدف از این مطالعه بررسی سطح بیان ماکرهای نکرپتوزیس در بیماران دارای ناخنک چشم است.

مواد و روش‌ها: با استفاده از روش Real Time PCR بیان $RIPK1$ و $RIPK3$ در ناخنک چشم اولیه در مقایسه با بافت طبیعی ملتحمه مورد بررسی قرار گرفت. ارتباط بین بیان $RIPK1$ و $RIPK3$ و همچنین ارتباط بین فاکتورهای کلینیکوپاتولوژیکال با هر دو بیان ژن ارزیابی شد.

نتایج: مطالعه ما نشان داد که بیان $RIPK3$ بطور معنی‌دار افزایش پیدا کرده است. ولی با این حال $RIPK1$ تغییر بیان در بیشتر نمونه‌ها نداشتیم. همچنین نتایج اماری نشان می‌دهد که این افزایش بیان بجز عود مجدد با هیچ کدام از داده‌های کلینیکال پاتولوژی مرتبط نبوده است.

بحث و نتیجه‌گیری: نتایج این مطالعه، نشان می‌دهد که به احتمال زیاد $RIPK3$ با افزایش بیان با اثر نکرپتوزیس از عود مجدد جلوگیری می‌کند ولی هنوز مکانیسم دقیق مشخص نیست.

کلیدواژه‌ها: ناخنک چشم، بیان ژن، $RIPK1$ و $RIPK3$

شماره‌ی پایان‌نامه: ۱۲۷۳۰۵۵۳۹۵۲۰۰۳

تاریخ دفاع: ۱۳۹۶/۱۱/۰۱

رشته‌ی تحصیلی: زیست‌شناسی - ژنتیک

دانشکده: علوم پایه

استاد راهنما: دکتر علی اکبر جنت‌آبادی

استاد مشاور: ابوالفضل راد

M.A. Thesis:

EXPRESSION ANALYSIS OF THE $RIPK1$ AND $RIPK3$ GENES IN PTERYGIUM

Purpose: Pterygium is a benign growth of fibrovascular tissue on the cornea. It is a common ocular surface disease characterized by the abnormal epithelial proliferation, matrix remodeling, vascularization and the migration of the lesion. Although the etiology of pterygium is elusive, many studies showed that cell death pathway has main role in



regulation of cell cycle. The aim of this study was to examine the expression levels of necropotosis markers in pterygium patients.

Methods: Using real time PCR, the expression of RIP1K and RIP3K were analyzed in primary pterygium when compared to their normal conjunctiva tissues. The correlation between RIP1K and RIP3K, as well as association between clinicopathological indices with both gene expression levels was assessed.

Results: our data showed that the expression of RIP3K is upregulated in pterygium samples, but the expression of RIP1K is not changed. It also indicated that the expression of RIP3K is correlated by recurrence ($p < 0.001$), although there are no any correlation with other demographic data.

Conclusion: The outcomes of present data highlighted the upregulation of RIP3k in pterygium, and this might be presented the mechanism of necropetosis in this disease.