



## پیش‌بینی و معرفی بیوانفورماتیکی برخی از microRNA ها و موثر در رده ی سلولی SH-SY5Y تحت بیمار MPP+ به عنوان مدل بیماری پارکینسون

استاد راهنما و نویسنده مسئول: دکتر کامران قائدی، دانشیار گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه اصفهان  
نویسنده اول: مسعود باقی، دانشجوی کارشناسی ارشد زیست شناسی سلولی و مولکولی، دانشکده علوم، دانشگاه اصفهان  
نویسنده دوم: الهه یادگاری، دانشجوی کارشناسی ارشد زیست شناسی سلولی و مولکولی، دانشکده علوم، دانشگاه اصفهان

**مقدمه و اهداف:** استرس اکسیداتیو که منجر به مرگ آپوپتوزی در نورون ها می گردد، نقش مهمی در پاتوژنز پارکینسون ایفا می کند. بر هم خوردن تنظیم microRNA ها می تواند منجر به بروز بیماری مخرب اعصاب متعددی شود. این مولکول ها ، روند های پاتوژنی هم چون استرس اکسیداتیو و آپوپتوز را در بیماری های مخرب اعصاب تنظیم می کنند.

**روش اجرا:** با توجه به نقش مهم آپوپتوز، اختلال کارکرد میتوکندری و استرس اکسیداتیو در پاتوژنز بیماری، این دو مولکول غیر کدکننده ، که در مدل های بیماری تغییرات بیانی قابل توجهی دارند برای این بررسی انتخاب شدند. به منظور بررسی نقش microRNA ها در مدل بیماری، از دو پایگاه داده miRWalk 2.0 و TargetScan (v7) به منظور پیش بینی بر همکنش های microRNA-هدف استفاده شد.

**یافته ها:** اثرات احتمالی microRNA ها در مدل بیماری پارکینسون آنالیز شد. جمع بندی نتایج حاصل از پایگاه های داده، مشخص شد که miR-181a\* و miR-181b احتمال بسیار قوی می توانند موجب تاثیرات تنظیمی بر روی ژن های موثر در روند بیماری پارکینسون داشته باشد.

**نتیجه گیری:** بر اساس یافته ها می توان چنین پیش بینی نمود که با توجه به امتیاز بالای microRNA های معرفی شده در دیتابیس های مزبور، این مولکول ها احتمالا می توانند نقش موثری در روند بیماری پارکینسون ایفا نمایند. بنابراین می توان این مولکول های غیرکدکننده را به عنوان کاندید های مناسب جهت بررسی های آزمایشگاهی در این زمینه معرفی نمود.

**کلمات کلیدی:** بیماری پارکینسون، پیش بینی microRNA، SH-SY5Y.