Research on Medicine Original Article

The Quarterly journal of School of Medicine, Shahid Beheshti University of Medical Sciences 2021 ;Vol.45; No.3

Evaluation of the association between Val158Met polymorphism of COMT gene from estrogen metabolism pathway and risk of breast cancer

Maryam Sadat Shirkhorshidi[1], Zahra Tahmasebi Fard*[2], Farzaneh Tafvizi[3]

1. Department of Genetics, Domghan Branch, Islamic Azad University, Domghan, Iran

2. Department of Biology, Roudehen Branch, Islamic Azad University, Roudehen, Iran

3. Department of Biology, Parand Branch, Islamic Azad University, Parand, Iran

(Received: 2019/10/22 Accepted: 2020/06/16)

Abstract

Background: *Breast Cancer (BC) is the most common cancer in women. Polymorphisms of some genes have been implicated in many diseases such as breast cancer. COMT involved in estrogen metabolism reduces activity by three to four times by altering valine amino acid to methionine and may be at risk for breast cancer. The aim of the present study was to investigate the association between Val158Met polymorphism of COMT gene and BC in a group of Iranian women.*

Materials and Methods: *In the current case-control study, 96 patients and 96 healthy individuals were selected. The DNA of their white blood cells was extracted using salt saturation method and the genotypes of the participants were determined via RFLP-PCR. The data were analyzed using chi-square and logistic regression tests.*

Results*: There was no statistically significant relationship between mean age and cigarette smoking. The AA mutant genotype had a statistically significant relationship between the two groups. Examination of dominant and recessive genetic models also revealed that this polymorphism is associated with a high risk of BC and increases the risk of breast cancer by 3.1 and 2.8, respectively, compared with the control group. Also, carriers of allele A were 3 times more likely to develop BC.*

Conclusion*: This polymorphism appears to be related to the risk of breast cancer in Iranian women and the presence of the A allele may be considered as one of the risk factors for breast cancer.*

Keywords: *Breast cancer; Polymorphism; COMT gene; Restriction Fragment Length Polymorphisms*

**Corresponding author: Zahra Tahmasebi Fard*

Email: ztahmasebi@riau.ac.ir, ztahmasebifard@yahoo.com

[Downloaded from pejouhesh.sbmu.ac.ir on 2026-07-14]

پژوهش در پزشکی
مقاله پژوهشی
فصلنامه علمی پژوهشی دانشکده پزشکی دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی شهید بهشتی
دور ۴۵، شماره ۳، ۱۴۰۰، صفحات ۴۴ تا ۴۹

بررسی ارتباط بین پلی‌مورفیسم Val158Met ژن COMT از مسیر متابولیسمی استروژن با خطر ابتلا به سرطان پستان

مریم سادات شیرخورشیدی[۱] ، زهرا طهماسبی‌فرد*[۲] ، فرزانه تفویضی[۳]

۱. گروه ژنتیک، واحد دامغان، دانشگاه آزاد اسلامی، دامغان، ایران
۲. گروه زیست‌شناسی، واحد رودهن، دانشگاه آزاد اسلامی، رودهن، ایران
۳. گروه زیست‌شناسی، واحد پرند، دانشگاه آزاد اسلامی، پرند، ایران

دریافت: ۱۳۹۸/۷/۳۰ پذیرش: ۱۳۹۹/۳/۲۷

چکیده:

سابقه و هدف: سرطان پستان شایع‌ترین سرطان در زنان بوده و در ۳۲درصد از موارد سرطان زنان دیده می‌شود. پلی مورفیسم‌هاي برخی از ژن‌ها، از عوامل دخیل در بسیاری از بیماری‌ها مثل سرطان پستان معرفي شده‌اند. آنزیم COMT یکي از آنزیم‌هاي دخیل در متابولیسم استروژن است که با تغییر اسید آمینه والین به متیونین، کاهش سه تا چهار برابری در فعالیت داشته و می‌تواند در خطر بروز سرطان پستان دخیل باشد. هدف از این مطالعه، بررسي ارتباط پلي‌مورفیسم Val۱۵۸Met از ژن COMT با سرطان پستان گروهي از زنان ایراني بود.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه موردی-شاهدی، ۹۶ بیمار مبتلا به سرطان پستان و ۹۶ فرد سالم زیر نظر پزشک متخصص انتخاب شدند. DNA گلبول‌هاي سفید آن‌ها، به روش نمک اشباع استخراج شد و ژنوتایپ افراد مطالعه شده با تکنیک RFLP –PCR تعیین شد. داده‌هاي به دست آمده با آزمون‌هاي آماري کاي دو و رگرسیون لوجستیك بررسي شدند.

یافته‌ها: دو گروه از نظر میانگین سني و متغیر مصرف سیگار رابطه آماري معناداري نداشتند. با رگرسیون لوجستیك مشخص شد که ژنوتایپ موتانت AA بین دو گروه مطالعه شده رابطه آماري معناداري داشت. بررسي مدل‌هاي ژنتیکي غالب و مغلوب هم مشخص کرد که این پلي‌مورفیسم با خطر ابتلا به سرطان پستان مرتبط است و به ترتیب ۳/۱ و ۲/۸ برابر شانس ابتلا به سرطان پستان را در مقایسه با افراد شاهد افزایش مي‌داد. حاملان آلل A به میزان ۳ برابر شانس بیشتر براي مبتلا شدن به سرطان پستان داشتند.

نتیجه گیری: به نظر مي‌رسد این پلی‌مورفیسم با خطر ابتلا به سرطان پستان در زنان ایراني مرتبط است و مي‌توان حضور آلل A را به عنوان یکي از عوامل افزایش‌دهنده خطر ابتلا به سرطان پستان در نظرگرفت.

واژگان کلیدی: سرطان پستان، پلی‌مورفیسم، ژن COMT، RFLP

مقدمه:

سرطان پستان ۱۸درصد از سرطان‌های زنان و یکی از بدخیمی‌های شایع بین زنان است(۱). در ایران نیز از مهم‌ترین عوامل مرگ و میر در زنان است. در چهاردهه اخیر، میزان بروز آن کمتر از دیگر نقاط آسیا بوده، در حالی که سن ابتلا حداقل یک دهه جوان‌تر از سن ابتلای زنان کشورهای پیشرفته گزارش شده است(۲). دلیل اصلی ایجاد سرطان پستان ناشناخته بوده، اما تخمین زده شده که یک چهارم موارد می‌تواند منشأ ارثی داشته باشد(۱) عوامل اتیولوژی از جمله قرار گرفتن طولانی‌مدت در معرض استروژن به خصوص ۱۷-بتااستراديول (۱)، عوامل تغذیه، شیوه زندگی، مواد شیمیایی سرطان‌زای محیط و همچنین استرس اکسیداتیو و کربونیل نقش مهمی در پاتوژنز و پیشرفت سرطان بازی می‌کنند(۳).

سطح سرمی استروژن (۱۷- بتا استرادیول) از عوامل دخیل در ایجاد و گسترش سرطان پستان معرفی شده است (۱و ۴). استرادیول هورمون اصلی زنان در سنین باروری است که پس از ترشح از تخمدان‌ها به سرعت اکسید شده و به استرون تبدیل می‌شود. از سوی دیگر، تعادل شیمیایی بین استرادیول و استرون در گردش خون برقرار شده به گونه‌ای که استرون در اثر هیدراتاسیون به استرادیول تبدیل می‌شود(۵). از آنجا که سلول‌های اپی‌تلیال مجرای غدد پستانی، حاوی گیرنده‌های استروژنی هستند، به استروژن مترشحه از تخمدان‌ها برای رشد طبیعی غده پستانی پاسخ می‌دهند(۶). تحقیق‌ها حاکی از آن است که زنان مبتلا به سرطان پستان سطح سرمی استرادیول بیشتری نسبت به سایرین دارند. همچنین زنان یائسه‌ای که تحت استروژن درمانی هستند، احتمال بیشتری برای مبتلا شدن به سرطان پستان دارند(۷).

نویسنده مسئول: زهرا طهماسبی‌فرد
پست الکترونیک: *ztahmasebi@riau.ac.ir; ztahmasebifard@yahoo.com*

[Downloaded from pejouhesh.sbmu.ac.ir on 2026-07-14]

تعداد زیادی از ژن‌های مرتبط با انواع مختلفی از سرطان‌ها، حاوی پلی مورفیسم تک نوکلئوتیدی (SNP) هستند. SNP ها در پروموتر ژن‌ها، اگزون‌ها، اینترون‌ها و همچنین مناطق '۵ و '۳- ترجمه نشده ژن‌ها (UTRs) قرار دارند و با مکانیسم‌های مختلف، بر بیان ژن تأثیر می‌گذارند. شناخت مکانیسم‌های تحت تأثیر SNP که سبب ایجاد حساسیت به سرطان می‌شود، برای درک پاتوژنز مولکولی سرطان‌های مختلف بسیار مهم است. از دیدگاه بالینی، SNP ها نشانگرهای زیستی تشخیصی و درمانی بالقوه در بسیاری از انواع سرطان به حساب می‌آیند. مکانیسم‌های ژنتیکی و اپی‌ژنتیکی که زمینه ساز استعداد ابتلا به سرطان‌های مرتبط با SNPهستند، سبب شده، تاSNP ها به عنوان نشانگرهای زیستی بالقوه سرطان به حساب آیند(۸). مطالعه‌ها نشان داده پلی‌مورفیسم‌های رایج در ژن‌های دخیل در متابولیسم استروژن و پروژسترون و اثر متقابل بین آن‌ها، با خطر ابتلا به سرطان پستان مرتبط است(۹).

ژن COMT یا کاتکول o-متیل ترانسفراز در جایگاه ژنی بازوی بلند کروموزوم ۲۲ (۲۲q۱۱) قرار دارد و در بافت‌های انسانی همچون کلیه، کبد، پستان و همچنین گلبول‌های قرمز خون به میزان بالایی بیان می‌شوند(۱۰). این آنزیم با انتقال متیل به کاتکول استروژن سبب غیرفعال شدن آن‌ها می‌شود. کاتکول استروژن یک ترکیب سرطان‌زای تولید شده در مسیر متابولیسمی استروژن است (۱۱) که از طریق آسیب زدن بهDNA و همچنین تولید رادیکال‌های آزاد (ROS) می‌تواند در القای سرطان نقش داشته باشد(۱۲) در حالی‌که متوکسی استروژن(فرم خنثی شده)، سبب تحریک آپوپتوز، مهار رگ‌زایی، مهار رشد تومور و در نتیجه کاهش خطر ابتلا به سرطان می‌شود(۱۳). در انسان، یک کپی از COMT هر دو فرم محلول (COMT (S-COMT و فرم متصل به غشاء (COMT (MB-COMT را کد می‌کند که از طریق فعالیت دو پروموتور جداگانه حاصل می‌شود. یک تغییر در باز گوانین به باز آدنین در کدون 108 (S-COMT) یا 158 (MB-COMT) سبب تغییر اسید آمینه والین به متیونین در هر دو فرم پروتئین می‌شود(۱۴). این پلی‌مورفیسم اشکال متعدد رونویسی از ژن، نظیر بیان زیاد (والین/والین H/H)، متوسط (والین/متیونین H/L) و یا کم (متیونین / متیونین L/L) را ایجاد می‌کند که سبب اختلاف ۳ تا ۴ برابری در فعالیت آنزیم بین بیان زیاد و کم ژن‌ها می‌شود(۱۵). به دلیل نقش تغییرهای ژنی نظیر پلی مورفیسم Val۱۵۸Met روی میزان فعالیت آنزیم، فرض بر این بود که این تغییر ژنی، بر میزان ابتلا به سرطان پستان نیز موثر است. از این‌رو هدف این مطالعه، بررسی ارتباط بین تغییر ژنتیکی Val۱۵۸Met در ژن COMT از مسیر متابولیسمی استروژن با خطر ابتلا به سرطان پستان در گروهی از زنان ایرانی بود.

مواد و روش‌ها:

جامعه مورد مطالعه

مطالعه حاضر از نوع مورد_شاهدی بود. افراد شرکت‌کننده در طرح، از مراجعان به بیمارستان شهدای تجریش تهران بودند. گروه مورد، ۹۶ زن مبتلا به سرطان پستان زیر نظر پزشک متخصص و بررسی‌های ماموگرافی انتخاب شدند. گروه کنترل نیز در همان طیف سنی افراد بیمار قرار داشتند و پس از اطمینان از نداشتن بیماری‌هایی نظیر فشار خون، دیابت، سرطان (بخصوص سرطان پستان در خویشاوندان درجه یک) انتخاب شدند. افراد انتخاب شده از نظر طیف سنی مشابه بودند. افراد شرکت‌کننده در محدوده سنی ۷۲- ۳۲ سال قرار داشتند. مشارکت تمامی افراد در طرح منوط به کسب رضایت‌نامه آگاهانه بود.

استخراج DNA :

از همه داوطلبان ۵ ml خون گرفته شد و به لوله‌های حاوی ماده ضد انعقاد EDTA ۵۰۰ µl (۰/۵ میلی‌مولار) منتقل شد و تا زمان استخراج DNA در فریزر ۷۰- درجه سانتی‌گراد ذخیره شدند. سپس DNA های ژنومی با استفاده از روش نمک اشباع (salting out) جدا شدند. سپس غلظت و کیفیت آن‌ها توسط دستگاه نانودراپ و ژل آگاروز بررسی شد(۱۶).

تعیین ژنوتیپ افراد:

برای تعیین ژنوتایپ افراد، ابتدا پرایمر های اختصاصی رفت 5 - CGAGGCTCATCACCATCGAGATC- 3 و برگشت 5 - CTGACAACGGGTCAGGCATGCA- 3 طراحی شدند سپس برای انجام واکنش PCR، ۱۰µl از مستر میکس تجاری Amplicon، ۱۰µl آب مقطر، ۱ µl از پرایمر رفت (۱۰ پیکومول) و ۱ µl از پرایمر برگشت (۱۰ پیکومول) و ۵۰ ng از DNAی هر نمونه، با هم مخلوط شدند تا طبق برنامه دستگاه ترموسایکلر (Bio Rad,USA) شامل مرحله واسرشت اولیه C ۹۴° برای ۵ دقیقه ، بعد ۳۵ سیکل در C ۹۴° برای ۱ دقیقه، C ۶۲/۵° برای ۳۰ ثانیه و C ۷۲° برای ۳۰ ثانیه و در نهایت تنها در یک سیکل C ۷۲° برای ۵ دقیقه تکثیر شوند و قطعه ۱۰۸ جفت بازی روی ژل آگاروز ۱/۵درصد مشاهده شود.

بخشی از قطعه‌های تکثیر شده تحت تاثیر آنزیم محدوالاثر *NlaIII* (10U) ((New England BioLabs, Beverly, MA (۱۷) به مدت ۱۶-۱۸ ساعت در بن‌ماری ۳۷ درجه سانتی‌گراد قرار گرفت. در نهایت، محصول نهایی روی ژل آگارز ۳درصد الکتروفورز شد تا روی ژل، باند bp۱۰۸ نشاندهنده ژنوتایپ COMT-LL(AA)، دو باند bp۹۲bp & ۱۶ نیز بیانگر ژنوتایپ COMT-HH(GG) و باندهای bp۱۰۸bp & ۹۲bp، ۱۶ نیز نشاندهنده ژنوتایپ هتروزیگوت COMT-HL(AG) مشاهده شوند. توزیع ژنوتیپ‌ها و آلل‌ها در گروه‌های مورد مطالعه طبق تعادل هاردی-واینبرگ، بررسی شد.

تجزیه و تحلیل آماریک

با استفاده از نرم‌افزار IBM SPSS 23.0 و به کمک آزمون آماری رگرسیون لوجستیک، رابطه بین پلی‌مورفیسم و خطر ابتلا به سرطان پستان با مدل‌های مختلف ژنتیکی بررسی شد و نتایج با مقادیر نسبت شانس (ORs) و فاصله اطمینان ۹۵درصد گزارش شد. از آزمون X۲ برای بررسی رابطه بین ژنوتایپ‌ها و متغیرهای سن و BMI نیز استفاده شد. دو گروه از نظر شاخص‌های دموگرافیکی نیز به کمک آزمون کای دو بررسی شدند و میانگین متغیرهای سن و BMI با آزمون t-test محاسبه شد تا با ± انحراف معیار گزارش شود . P<۰/۰۵ به عنوان یک ضریب آماری معناداری در نظر گرفته شد.

نتایج:

سن در گروه مورد ۸/۳±۵۴/۳ سال و در گروه کنترل ۱۰/۷±۵۵/۵ سال بود و اختلاف معناداری نداشتند (p =۰/۳۷۸). اما میزان BMI در گروه مورد Kg/ ۲ m۲±۲۴/۹ و در گروه کنترل ۱/۶ Kg/m۲ ± ۲۴/۳ بود که تفاوت معناداری داشتند (p =۰/۰۲۹). بررسی پرونده پاتولوژی بیماران نشان داد که ۱۳/۵درصد در گرید I ، ۳۹/۶درصد در گرید II ، ۳۵/۴درصد در گرید III و ۱۱/۵درصد در گرید IV قرار داشتند.

نتایج در جدول ۱ نشان داده شده است. بررسی فراوانی آللی در دو گروه بیمار و کنترل نشان داد که آلل A به عنوان آلل ریسک‌پذیر در گروه بیمار با بیشترین فراوانی برابر ۳۵/۴ درحالی‌که در گروه کنترل ۱۵/۶ بود. برعکس، فراوانی آلل G در بیماران با ۶۴/۶ فراوانی کمتری نسبت به گروه کنترل با ۸۴/۴ داشت.

جدول ۱: توزیع فراوانی ژنوتایپ‌ها و آلل‌ها در دو گروه مطالعه شده با رگرسیون لوجستیک

ژنوتایپ	بیمار	کنترل	OR (95%) CI	P-Value
GG(COMT-HH) COMT-HH	۵۹ (%۶۱/۵)	۸۰(%۸۳/۳)	رفرنس	۱
AA(COMT-LL)	۳۱(%۳۲/۳)	۱۴(%۱۴/۶)	۳ (۱/۵ -۶/۱)	۰/۰۰۳
AG(COMT-HL)	۶ (%۶/۲)	۲ (%۲/۱)	۴/۱ (۰/۸ -۲۰/۹)	۰/۰۹
G	۱۲۴	۱۶۲	رفرنس	۱
A	۶۸	۳۰	۳ (۱/۸-۴/۹)	۱/۴ × ۱۰$^{-۵}$

[Downloaded from pejouhesh.sbmu.ac.ir on 2026-07-14]

جدول ۲: بررسی ارتباط بین پلی مورفیسم Val۱۵۸Met از ژن COMT با خطر ابتلا به سرطان پستان در مدل های ژنتیکی غالب و مغلوب به کمک رگرسیون لوجستیک

مدل ژنتیکی	ژنوتایپ	بیماران	کنترل	p-value	نسبت شانس (CI95%)
غالب	GG	۵۹	۸۰	رفرنس	۱
	AA+AG	۳۷	۱۶	۰/۰۰۱	۳/۱ (۶/۲ -۱/۶)
مغلوب	GG+AG	۶۵	۸۲	رفرنس	۱
		۳۱	۱۴	۰/۰۰۵	۲/۸ (۵/۷– ۱/۴)

جدول ۳: متغیرهای سن و BMI با ژنوتایپ پلی مورفیسم Val۱۵۸Met از ژن COMT با آزمون کای دو

ژنوتایپ	سن					BMI				
	≤۵۰		>۵۰		p-value	≤۲۵		>۲۵		p-value
	مورد	کنترل	مورد	کنترل		مورد	کنترل	مورد	کنترل	
GG	۱۶	۲۲	۴۳	۵۸	۱	۳۲	۵۱	۲۷	۲۹	۰/۳
AA	۱۲	۴	۱۹	۱۰	۰/۵	۱۸	۱۱	۱۳	۳	۰/۲
AG	۱	۰	۵	۲	۰/۶	۲	۲	۴	۰	۰/۱

برای تعیین نقش پلی‌مورفیسم بر خطر ابتلا به سرطان پستان از مدل های ژنتیکی غالب و مغلوب استفاده شد تا با رگرسیون لوجستیک علاوه بر بررسی رابطه آماری بین ژنوتایپ‌ها و سرطان پستان، شانس ابتلا نیز محاسبه شود. نتایج جدول ۲ نشان دهنده ارتباط بین تغییر Val۱۵۸Met از ژن COMT با شانس ابتلای ۳/۱ برابر در مدل ژنتیکی غالب و ۲/۸ برابر در مدل ژنتیکی مغلوب بود.

در بررسی دیگری رابطه بین شاخص سن و BMI با ژنوتایپ‌های پلی مورفیسم Val۱۵۸Met ارزیابی شد. اما ارتباط معناداری مشاهده نشد. نتایج در جدول ۳ آورده شده است.

بحث:

نتایج مطالعه حاضر در راستای سایر مطالعه‌ها، نشان داد که در حاملان AA(COMT-LL) با کم‌ترین فعالیت آنزیم، شانس ابتلا به سرطان پستان، به میزان سه برابر افزایش می‌یابد. در افراد هتروزیگوت AG(COMT-HL) با فعالیت متوسط آنزیم COMT رابطه معناداری بین گروه سرطانی و گروه کنترل مشاهده نشد اما شانس ابتلا به سرطان پستان ۴/۱ برابر بود. در مطالعه‌های متعدد پیشین نیز، پلی‌مورفیسم COMT Val158Met با اثر کاهش فعالیت آنزیم، مرتبط با خطر ابتلا به سرطان پستان در جمعیت-های مختلف گزارش شده بود(۱۸- ۲۴). در مطالعه متاآنالیزی Guo-Xing Wan, و همکارانش ۱۴ مطالعه انجام شده در ارتباط با پلی مورفیسم Val۱۵۸Met و سرطان پستان تجزیه و تحلیل آماری شد و نتایج نشان داد که این پلی‌مورفیسم با خطر ابتلا به سرطان پستان به خصوص با زنان یائسه مرتبط است. از آنجا که پلی‌مورفیسم کدون ۱۵۸ از ژن COMT می‌تواند آلل‌های COMT-H و COMT-L را به وجود آورد. تصور بر این است که در حالت (COMT-Met (COMT-A به دلیل تشکیل و تجمع کارسینوژن‌های کاتکول استروژن، خطر بالایی برای ابتلا به سرطان پستان وجود دارد. شواهد متعددی از این فرضیه حمایت می‌کند. زیرا تغییر آمینواسیدی سبب کاهش فعالیت COMT و عدم تنظیم متابولیسم استروژن می‌شود(۲۵).

در تضاد با مطالعه‌های پیشین و مطالعه حاضر، Ding H (۲۶) و Mao C (۲۷) همکاران‌شان ارتباط معناداری بین پلی‌مورفیسم COMT Val158Met و خطر ابتلا به سرطان پستان مشاهده نکردند که شاید حجم نمونه کم و یا ژنتیک متفاوت قومیت‌های مختلف بر نتایج به دست آمده تاثیرگذار باشد.

تحقیق‌های جدید نشان می‌دهد که استروژن می‌تواند تکثیر سلول‌های اپی‌تلیال را تحریک کند و آن‌ها را حساس به اشتباه‌های ژنتیکی در همانندسازی DNA نماید تا اغلب فنوتیپ‌های بدخیم به دلیل عدم تصحیح اشتباه‌های همانندسازی به وجود آید(۲۸). بنابر این، ژن‌های تنظیم‌کننده رونویسی و ترجمه در مسیر بیوسنتز و متابولیسم استروژن می‌توانند بر عملکرد استروژن تاثیرگذار باشند و حساسیت به سرطان پستان را منجر شوند(۲۹). یکی از این ژن‌های دخیل در متابولیسم استروژن، ژن COMT است. آنزیم COMT در تبدیل OH-۲ و OH-۴ کاتکول استروژن‌ها به متوکسی استروژن‌ها نقش دارد تا قدرت تخریبی آن‌ها را روی DNA کم کند(۳۰). تحقیق‌ها نیز نشان داده که افزایش دو متوکسی استروژن به عنوان یک متابولیت ضدسرطان (با مهار رگ‌زایی و میتوز) در ارتباط با سرطان‌های پستان، ریه و لوکمی است(۳۱-۳۳).

از محدودیت‌های تحقیق، بررسی تغییر ژنتیکی COMT Val158Met روی حجم نمونه کم بود که به دلایل مالی و اجرایی، تعداد محدودی از بیماران برای مطالعه در نظر گرفته شدند. از موارد دیگر می‌توان به در دسترس نبودن قومیت‌های متفاوت ایرانی از جمله بلوچ و کرد اشاره کرد که به احتمال از نظر ژنتیکی تفاوت‌هایی با دیگر اقوام ایرانی داشته باشند. به دلیل بررسی نشدن این تغییر ژنتیکی در زنان ایرانی این مطالعه برای نخستین بار تاثیر پلی مورفیسم COMT Val158Met را روی بیماران ایرانی نشان داد که در تایید این نتایج پیشنهاد می‌شود با حجم نمونه بالاتر، تاثیر این تغییر ژنتیکی روی فعالیت آنزیمی در قومیت‌های متفاوت، مطالعه‌هایی انجام شود تا بتوان پلی‌مورفیسم COMT Val158Met را به عنوان یک بیومارکر معرفی کرد. از آنجا که مکانیسم‌های مرتبط با پلی‌مورفیسم ژن و حساسیت به سرطان بسیار پیچیده‌اند، زیرا به دلیل تغییر در ساختار ژن، بر پایداری mRNA ، متیلاسیون و بیان آلل خاص تأثیرگذار هستند، بنابراین مکانیسم‌های عملکردی آن‌ها به بررسی بیشتر و دقیق‌تری نیاز دارد.

نتیجه گیری:

نتایج ما نشان داد که تغییر ژنتیکی در COMT Val158Met در بیماران سرطان پستان بیشتر از افراد کنترل بود و به احتمال این تغییر ژنتیکی، یکی از فاکتورهای موثر در خطر ابتلا به سرطان پستان در زنان ایرانی است. تحقیق‌های بیشتر در آینده به تایید نتایج این تحقیق و معرفی این تغییر ژنتیکی به عنوان یک بیومارکر شناسایی‌کننده سرطان پستان کمک خواهد کرد.

[Downloaded from pejouhesh.sbmu.ac.ir on 2026-07-14]

منابع:

1- Yasuda MT., Sakakibara H, and Shimoi K. Estrogen- and stress-induced DNA damage in breast cancer and chemoprevention with dietary flavonoid. Genes Environ. 2017; 39: 10.

2- Mousavi SM, Montazeri A, Mohagheghi MA, Jarrahi AM, Harirchi I, Najafi M, et al. Breast cancer in Iran: an epidemiological review. Breast J. 2007;13(4):383-91.

3- Rohrmann S, Lukas Jung SU, Linseisen J, Pfau W. Dietary intake of meat and meat-derived heterocyclic aromatic amines and their correlation with DNA adducts in female breast tissue.Mutagenesis. 2009; 24(2):127-32.

4- Gomes-Rochette NF, Souza LS, Tommasi BO, Pedrosa DF, Eis SR, Fin ID, et al. Association of PvuII and XbaI polymorphisms on estrogen receptor alpha (ESR1) gene to changes into serum lipid profile of post-menopausal women: Effects of aging, body mass index and breast cancer incidence. PLoS One. 2017 ; 12(2):e0169266.

5- Yue W, Wang JP, Li Y, Fan P, Liu G, Zhang N, et al. Effects of estrogen on breast cancer development: role of estrogen receptor independent mechanisms. Int J Cancer. 2010 ;127(8): 1748–1757.

6- Anderson E. The role of oestrogen and progesterone receptors in human mammary development and tumorigenesis. Breast Cancer Res. 2002;4(5):197-201.

7- Cummings SR, Duong T, Kenyon E, Cauley JA, Whitehead M, Krueger KA. Multiple Outcomes of Raloxifene Evaluation (MORE) Trial. Serum estradiol level and risk of breast cancer during treatment with raloxifene. JAMA. 2002;287(2):216-20.

8- Deng N, Zhou H, Fan H and Yuan Y. Single nucleotide polymorphisms and cancer susceptibility. Oncotarget. 2017; 8 (66): 110635-110649.

9- Diergaarde B, Potter JD, Jupe ER, Manjeshwar S, Shimasaki CD, Pugh TW, et al. Polymorphisms in genes involved in sex hormone metabolism, estrogen plus progestin hormone therapy use, and risk of postmenopausal breast cancer. Cancer Epidemiology and Prevention Biomarkers. 2008;17(7): 1751-1759.

10- Grossman MH, Emanuel BS and Budarf ML. Chromosomal mapping of the human catechol-O-methyltransferase gene to 22q11. 1→q11.Genomics. 1992;12(4): 822-825.

11- Lajin B, Hamzeh AR, Ghabreau L, Mohamed A, A Moustafa AE, Alachkar A. Catechol-O-methyltransferase Val 108/158 Met polymorphism and breast cancer risk: a case control study in Syria. Breast Cancer. 2013 ; 20(1):62-6.

12- Wen Ch, Wu L, Fu L, Wang B, Zhou H. Unifying mechanism in the initiation of breast cancer by metabolism of estrogen (Review). MolecularMedicineReports. 2017;16 (2): 1001-1006 .

13- Zhu BT and Conney AH: Is 2-methoxyestradiol an endogenous estrogen metabolite that inhibits mammary carcinogenesis? Cancer Res.1998; 58:2269–2277.

14- Lachman HM, Papolos DF, Saito T, Yu YM, Szumlanski CL, Weinshilboum RM. Human catechol-O-methyltransferase pharmacogenetics: description of a functional polymorphism and its potential application to neuropsychiatric disorders.Pharmacogenetics. 1996 ; 6(3):243-50.

15- Weinshilboum RM, Otterness DM, Szumlanski CL. Methylation pharmacogenetics: Catechol O-methyltransferase, thiopurine methyltransferase, and histamine N-methyltransferase. Annu Rev Pharmacol Toxicol. 1999;39:19–52.

16- Mehri F, Tahmasebi Fard Z, and Ghoraeian P. The Investigation of Functional Genetic Variation in COMT Gene Promoter (rs2020917 & rs2075507) in Iranian Patients with Breast Cancer. Int J Cancer Manag. 2019;12(12):e92008.

17- Bassam Lajin, Amal Alachkar. Detection of catechol-O-methyltransferase (COMT) Val158Met Polymorphism by a New Optimized PCR-RFLP Method. Am. J. Biomed. Sci. 2011; 3(3): 170-175.

18- Hong CC, Thompson HJ, Jiang C, Hammond GL, Tritchler D, Yaffe M. et al. Val158Met Polymorphism in Catechol-O-methyltransferase Gene Associated with Risk Factors for Breast Cancer. Cancer Epidemiology Biomarkers and Prevention. 2003; 12(9): 838-47.

19- Tan W, Qi J, Xing DY, Miao XP, Pan KF, Zhang L, et al. Relation between single nucleotide polymorphism in estrogen-metabolizing genes COMT, CYP17 and breast cancer risk among Chinese women. Zhonghua Zhong Liu Za Zhi. 2003;25(5):453-6.

20- Wang Q, Wang YP, Li JY, Yuan P, Yang F, Li H. Polymorphic catechol-O-methyltransferase gene, soy isoflavone intake and breast cancer in postmenopausal women: a case-control study. Chin J Cancer. 2010:29(7):683-8.

21- Lavigne JA, Helzlsouer KJ, Huang HY, Strickland PT, Bell DA, Selmin O., et al. An association between the allele coding for a low activity variant of catechol-O-methyltransferase and the risk for breast cancer. Cancer Res. 1997;57: 5493-5497.

22- Millikan RC, Pittman GS, Tse CK, Duell E, Newman B, Savitz D. et al. Catechol-O-methyltransferase and breast cancer risk. Carcinogenesis (Lond.). 1998;19: 1943-1947.

23- Yim DS, Parkb SK, Yoo KY, Yoon KS, Chung HH, Kang HL, et al. Relationship between the Val158Met polymorphism of catechol O-methyl transferase and breast cancer. Pharmacogenetics. 2001;11: 279-286.

24- Kocabas NA, Sardas S, Cholerton S, Daly AK, Karakaya AE. Cytochrome P450 CYP1B1 and catechol-O-methyltransferase (COMT) genetic polymorphisms and breast cancer susceptibility in a Turkish population. Arch. Toxicol. 2002; 76: 643-649.

25- Wan GX, Cao YW, Li WQ, Li YC, and Li F. The Catechol-O-Methyltransferase Val158Met Polymorphism Contributes to the Risk of Breast Cancer in the Chinese Population: An Updated Meta-Analysis. J Breast Cancer. 2014; 17(2): 149–156.

26- Ding H, Fu Y, Chen W, Wang Z. COMT Val158Met polyn morphism and breast cancer risk: evidence from 26 case-control studies. Breast Cancer Res Treat. 2010;123: 265–270.

27- Mao C, Wang XW, Qiu LX, Liao RY, Ding H, Chen Q. Lack of association between catechol-O-methyltransferase Val108/158Met polymorphism and breast cancer risk: a meta-analysis of 25,627 cases and 34,222 controls. Breast Cancer Res Treat. 2010;121:719–725.

28- Lin WY, Chou YC, Wu MH, Jeng YL, Huang HB, You SL, et al. Polymorphic catechol-O-methyltransferase gene, duration of estrogen exposure, and breast cancer risk: a nested case-control study in Taiwan. Cancer Detect Prev. 2005;29:427–432.

29- Qin X, Peng Q, Qin A, Chen Z, Lin L, Deng Y, et al. Association of COMT Val158Met polymorphism and breast cancer risk: an updated meta-analysis. Diagn Pathol. 2012;7:136.

30- Cavalieri EL, Stack DE, Devanesan PD, Todorovic R, Dwivedy I, Higginbotham S. et al. Molecular origin of cancer: Catechol estrogen-3,4-quinones as endogenous tumor initiators. Proc Natl Acad Sci USA. 1997;94:10937–10942.

31- Lakhani NJ, Sarkar MA, Venitz J, Figg WD. 2-Methoxyestradiol, a promising anticancer agent. Pharmacotherapy. 2003;23:165–172.

[Downloaded from pejouhesh.sbmu.ac.ir on 2026-07-14]

32- Dalvai M, Bystricky K. Cell Cycle and Anti-Estrogen Effects Synergize to Regulate Cell Proliferation and ER Target Gene Expression. PLoS ONE. 2010; 5(6): e11011.
33- Napoli N, Donepudi S, Sheikh S, Rini GB, and Armamento-Villareal R. increased 2-Hydroxylation of Estrogen in Women with aFamily History of Osteoporosis. The Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism. 2005;90(4):2035–2041

[Downloaded from pejouhesh.sbmu.ac.ir on 2026-07-14]