REVIEW ARTICLE

An Overview on the Effects of Silibinin on Different MicroRNAs Expression in Cancer

Vahid Akbari Kordkheyli[1],
Setareh Zarpou[2],
Ehsan Nabipur[3],
Alireza Tafazoli[4,5],
Abouzar Bagheri[6]

[1] MSc of Medical Biochemistry, Student Research Committee, Mazandaran University of Medical Sciences, Sari, Iran
[2] MSc Student in Medical Biochemistry, Department of Biochemistry-Biophysics and Genetics, Faculty of Medicine, Mazandaran University of Medical Sciences, Sari, Iran
[3] MSc of Biochemistry, Department of biochemistry-genetic and plant biology, Faculty of Basic Sciences, Islamic Azad University, Damghan Branch, Damghan, Iran
[4] MSc of Mmedical Genetics, Department of Biochemistry, Biophysics and Genetics, Medical Faculty, Mazandaran University of Medical Sciences, Sari, Iran
[5] Medical Genetics Research Center, Mashhad University of Medical Sciences, Mashhad, Iran
[6] Assistant Professor, Department of Clinical Biochemistry-Biophysics and Genetics, Molecular and Cell Biology Research Center, Mazandaran University of Medical Sciences, Sari, Iran

(Received April 4, 2017 ; Accepted June 18, 2018)

Abstract

MicroRNAs (miRNAs) are small non-coding RNAs that regulate the expression of about 60% of human genomes. Silibinin or mixture of silybin A and B is a flavonolignans that constitute 70-80% Silymarin which is considered to be its main effective ingredient. Silibinin revealed antioxidant and anti-inflammatory effects by scavenging free radicals, improving antioxidant enzymatic activities, and suppressing NF-κβ activation. One of the recent discoveries about the functions of silibinin, is its ability to change different miRNAs expression, especially in cancer. For instance, silibinin decreases Bcl_2 level by inhibiting miR-21 expression in breast cancer cells that leads to apoptosis. Silibinin elevates miR-203 expression in lung cancer cells that causes stimulation of E-cadherin. The component can differentiate mesenchymal phonotype to epithelial. Also, treatment of glioblastoma cancer cells with silibinin diminishes anti-apoptosis factor XIAP by upregulation of miR-7 that causes prevention of autophagia in these cells. Therefore, silibinin could induce apoptosis and differentiation and inhibit proliferation in different cancer cells via regulation of various miRNAs expression. In this review study we aimed to summarize the studies about the effects of silibinin on different miRNAs expression in various types of cancer cells to distinguish the exact mechanism of silibinin anti-cancer effects.

Keywords: silibinin, miRNA, cancer

J Mazandaran Univ Med Sci 2018; 28 (165):213-229 (Persian).

* **Corresponding Author: Abouzar Bagheri-** Molecular and Cell Biology Research Center, Mazandaran University of Medical Sciences, Sari, Iran (E-mail: a.bagherimg@gmail.com)

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

مروری

مجله دانشگاه علوم پزشکی مازندران
دوره بیست و هشتم شماره ۱۶۵ مهر سال ۱۳۹۷ (۲۲۹-۲۱۳)

مروری بر اثرات سیلیبینین بر روی بیان miRNA های مختلف در سرطان

وحید اکبری کردخیلی[۱]
ستاره زرپو[۲]
احسان نبی پور[۳]
علیرضا تفضلی[۴و۵]
ابوذر باقری[۶]

چکیده

میکرو RNA ها (miRNAs)، RNA های غیر کد کننده‌ای هستند که توانایی تنظیم بیان حدود ۶۰ درصد ژن های ژنوم انسان را دارند. سیلیبینین فلاونولیگنانی است که ۸۰-۷۰ درصد از سیلیمارین را تشکیل داده و ماده موثره اصلی آن می‌باشد. گزارش شده است که سیلیبینین از طریق جمع آوری رادیکال‌های آزاد، افزایش بیان آنزیم‌های آنتی اکسیدانی و مهار فاکتور رونویسی التهابی NF-κβ باعث بروز خواص آنتی اکسیدانی و ضد التهابی می‌شود. یکی از جدیدترین اثرات کشف شده سیلیبینین، توانایی آن در تغییر بیان miRNA های مختلف به خصوص در سرطان می‌باشد. برای مثال سیلیبینین با کاهش بیان miR-21 در سلول‌های سرطانی سینه باعث مهار بیان Bcl_2 و به دنبال آن تحریک آپوپتوز می‌شود. سیلیبینین با افزایش بیان miR-203 در سلول‌های سرطانی ریه منجر به افزایش E-cadherin می‌شود که تمایز به سلول‌های اپیتلیالی را به دنبال دارد. هم‌چنین درمان سلول‌های سرطانی گلیوبلاستوما با سیلیبینین، باعث مهار فاکتور ضد آپوپتوزی XIAP از طریق ارتقا بیان miR-7 شده و منجر به مهار فرآیند اتوفاژی در این سلول‌ها می‌گردد. بدین ترتیب سیلیبینین قادر به تحریک آپوپتوز، مهار تکثیر سلولی و افزایش تمایز در سلول‌های سرطانی از طریق تنظیم بیان miRNA های مختلف می‌گردد. با توجه به نقش بسیار مهم miRNA ها در فرآیندهای متنوع سلولی و مولکولی، در این مطالعه به جمع بندی و مرور مطالعات انجام شده در مورد اثرات سیلیبینین بر بیان miRNA ها در سرطان های گوناگون پرداخته شده است.

واژه های کلیدی: سیلیبینین، miRNA، سرطان

مقدمه

یکی از جدیدترین مکانیسم‌های تنظیم بیان ژن در فرایندهای مختلف سلولی به خصوص سرطان، میکرو RNAها (miRNAها) هستند که درکنار متیلاسیون DNA و استیلاسیون هیستون‌ها به‌عنوان مکانیسم‌های اپی‌ژنتیک معرفی شده‌اند و در تنظیم بیان ژن‌ها نقش مهمی برعهده دارند. miRNAها، RNA های غیرکدکننده درون زاد با حدود ۲۵-۱۸ نوکلئوتید هستند که توانایی تنظیم بیان حدود ۶۰ درصد از کل ژنوم انسان را دارند(۱). نقش تنظیمی miRNA ها در بسیاری از فرایندها مثل: رشد، تمایز، التهاب، سرطان، مقاومت دارویی و دیابت به اثبات رسیده است (جدول شماره ۱). برای مثال miR-9 با هدف قرار دادن NF-κβ در مونوسیت‌ها و نوتروفیل‌ها

مولف مسئول: ابوذر باقری- ساری :کیلومتر ۱۷ جاده فرح آباد، مجتمع انشگاهی پیامبر اعظم(ص)، دانشکد پز شکی E-mail: a.bagherimg@gmail.com
۱. کارشناس ارشد بیوشیمی پزشکی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی مازندران، ساری، ایران
۲. دانشجوی کارشناسی ارشد بیوشیمی پزشکی، کمیته تحقیقات دانشجویی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی مازندران، ساری، ایران
۳. کارشناس ارشد بیوشیمی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه آزاد اسلامی واحد دامغان، دامغان، ایران
۴. کارشناسی ارشد ژنتیک مامایی، گروه بیوشیمی، بیوفیزیک و ژنتیک، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی مازندران، ساری، ایران
۵. مرکز تحقیقات ژنتیک پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی مشهد، مشهد، ایران
۶. استادیار، گروه بیوشیمی بالینی، بیوفیزیک و ژنتیک، مرکز تحقیقات بیولوژی مولکولی و سلولی، دانشگاه علوم پزشکی مازندران، ساری، ایران
تاریخ دریافت : ۱۳۹۷/۲/۸ تاریخ ارجاع جهت اصلاحات : ۱۳۹۷/۲/۱۹ تاریخ تصویب : ۱۳۹۷/۵/۲۳

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

جدول شماره ۱: جدیدترین یافته ها در مورد نقش miRNA های مختلف در شرایط گوناگون

رفرنس	miRNA مسیرهای هدف	افزایش/کاهش بیان	نمونه	miRNA
۲	تحریک تومورزایی از مسیر PI3K/AKT با هدف قرار دادن PTEN	افزایش	سلول های اپیتلیال تیروئیدی	oncomiR-146b
۳	تحریک تکروز سلول‌های سرطانی از طریق کاهش بیان FoxM1	افزایش	سلول های سرطان گردن رحم	tumor suppressor miRNA-6852
۴	تومورزایی با واسطه STAT3	افزایش	سلول های سرطان معده و موش‌های gp130F/F	oncomiR-200 family
۵	مهار متاستاز و تکثیر با هدف قرار دادن STAT3	کاهش	سلول های سرطان پروستات رده DU145	tumor suppressor miR-124
۶	مهار رشد تومور پروستات و متاستاز استخوان با هدف قرار دادن فاکتور رونویسی استخوان‌زا RUNX2	کاهش	سلول های سرطان پروستات انسانی	tumor suppressor miR-466
۷	افزایش گسترش تومور از طریق سرکوب TFAP2C	افزایش	سرطان سلول های غیر کوچک ریه	oncomiR-137
۸	افزایش گسترش تومور با هدف قرار دادن ZO-1	افزایش	سلول های سرطان کولورکتال	oncomiR-103
۹	افزایش IL-6 و Cyr61 و سرکوب Bax و caspase 3	کاهش	موش های دچار خونریزی ساب آرکنوئید	anti-inflammatory miR-22
۱۰	به کارگیری مقلد miR 146a باعث مهار التهاب از طریق سرکوب Nox4، تولید ROS، VCAM 1 و ICAM 1 شد	کاهش	نفروپاتی دیابتی	anti-inflammatory miR-146a
۱۱	افزایش مقاومت دارویی از طریق تحریک مسیر PTEN/Akt	افزایش	سلول های سرطان ریه مقاوم به سیس پلاتین	miR-221
۱۲	مهار مقاومت دارویی با هدف قرار دادن TAZ	کاهش	سلول های سرطان پانکراس	miR-455-3p
۱۳	افزایش این دو miRNA قبل از افزایش گلوکز طی دیابت بوده است	افزایش	موشهای دیابتی	miR-320c ،miR-1225-5p
۱۴	تحریک آترواسکلروزیس از طریق التهاب بافت چربی اطراف عروق	افزایش	موش‌های apoE−/−	miR-19b

باعث کاهش پاسخ التهابی می‌شود(۱۵). خانواده miR-34 در القاء تمایز و توقف چرخه سلولی از طریق کاهش cyclin D1، cyclin E2، CDK4، CDK6 و CDC25A نقش دارند(۱۶) miR 494 از طریق کاهش BIM[1] در NSCLC[2] باعث مقاومت در برابر داروی ضد سرطانی TRAIL می‌شود(۱۷). اما به دلیل این که بیش از ۵۰ درصد از ژن‌های miRNA ها در مکان‌هایی در ارتباط با ژن‌های مرتبط با سرطان قرار دارند، نقش miRNA ها در جنبه‌های مختلف سرطان مثل: پیش‌گیری، تشخیص و درمان بیش‌تر مورد توجه می‌باشد(۱۹،۱۸). اهمیت miRNA ها در سرطان اولین بار در لوسمی CLL نشان داده شد. مطالعات سیتوژنتیکی نشان داد که ناحیه کروموزومی 13q14 در ۵۰ درصد بیماران مبتلا به CLL حذف می‌شود. مطالعات بعدی مشخص کرد که این ناحیه حاوی دو ژن کدکننده miR-16-1 و miR-15a است که به‌صورت پلی‌سیسترونیک رونویسی می‌شوند(۲۰). در سال‌های اخیر، شناسایی و تعیین نقش miRNA های سرکوب‌کننده سرطان (Tumor suppressor miRNA) و سرطان‌زا یا آنکوژن (oncomiR) در ایجاد تومور از اهداف پیشتاز پژوهشگران بوده است. در همین راستا مشخص شده است که miR-15/16 با هدف قرار دادن پروتئین ضدآپوپتوزی BCL2 در لوسمی لنفوئیدی مزمن و COX-2 در سرطان کولون در مهار سرطان نقش دارد(۲۲،۲۱).

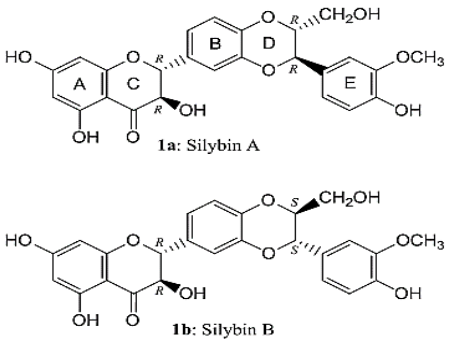
miR-17/92 در سرطان ریه افزایش بیان داشته و با مورد هدف قرار دادن HIF1α باعث پیشرفت تومور می گردد(۲۳). به‌طورکلی در انواع سرطان‌ها، بیان miRNAهای سرکوب‌کننده سرطان کاهش و بیان miRNA های آنکوژن افزایش می‌یابد که نتیجه آن افزایش رشد، تکثیر و متاستاز تومور می‌باشد. بنابراین بازگردانی بیان miRNA های سرکوب‌کننده سرطان با استفاده از مقلدهای miRNA[3]ها و سرکوب بیان miRNA های آنکوژن با استفاده از Antagomir[4] ها و عوامل اپی ژنتیکی مثل متیلاسیون پروموتر می‌تواند مانع از پیشروی سرطان شود. علت عملکرد نادرست miRNA ها در سلول‌های سرطانی می‌تواند جهش، تغییرات اپی ژنتیک، حذف ژنومی یا تغییر در پردازش miRNA ها باشد(۱۸، ۲۴).

در پژوهش‌های مختلفی اثبات شده است که ترکیبات طبیعی مختلف مثل کورکومین، رزوراترول، پلی‌فنل‌ها، کوئرستین و سیلیبینین قادرند روی بیان miRNA ها تاثیر بگذارند و از این طریق اثرات حمایتی در فرآیندهای بیولوژی مختلف به خصوص سرطان از خود به جا بگذارند(۲۷-۲۵). سیلیمارین ۷۰-۸۰ درصد از عصاره دانه گیاه خار مریم (Silybum marianum) را تشکیل می‌دهد و از دیرباز به عنوان حمایت کننده کبد در شرایط بالینی مختلف مثل مسمومیت و کبد چرب شناخته شده می‌باشد(۲۸). سیلیبینین یا ترکیب سیلیبین A و B (تصویر

1. Bcl2-interacting mediator of cell death
2. Non-small cell lung carcinoma
3. miRNA-mimic
4. miRNA antagonists

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

شماره۱) فلاونولیگنانی است که ۸۰-۷۰ درصد از سیلیمارین را تشکیل داده و ماده موثره اصلی آن می‌باشد(۲۹). گزارش شده‌است که سیلیبینین از طریق جمع‌آوری رادیکال‌های آزاد و افزایش بیان آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی باعث ارتقاء ظرفیت آنتی اکسیدانی بدن در شرایط استرس اکسیداتیو می‌شود(۳۰). سیلیبینین قادر است از طریق مهار NF-κβ از التهاب جلوگیری کند(۳۱). هم‌چنین اثرات ضد سرطانی سیلیبینین از طریق القای آپوپتوز و مهار فاکتورهای رشد به اثبات رسیده‌است(۳۲). یکی از جدیدترین اثرات کشف شده سیلیبینین، توانایی آن در تغییر بیان miRNA های مختلف در سلول‌های گوناگون می‌باشد. از این طریق سیلیبینین توانسته ست اثرات مفید قابل توجهی به خصوص در مبحث سرطان نشان دهد. هدف از این مطالعه جمع بندی و مرور مطالعات انجام شده در مورد اثرات سیلیبینین بر بیان miRNA ها در سلول‌های سرطانی مختلف می‌باشد.



تصویر شماره ۱: ساختار سیلیبینین، ترکیب سیلیبین A و B

مواد و روش ها

نحوه جستجو

در این مطالعه از کلیدواژه‌های silibinin، silymarin، microRNA، miRNA، tumor، neoplasm و cancer استفاده شده و مقالات مربوطه از پایگاه‌های معتبر PubMed، Scupos، Google Scholar و Web of Science بدون محدودیت زمانی استخراج شده‌اند.

معیارهای ورود و خروج از مطالعه

مقالات چاپ شده غیر انگلیسی و فارسی، مقالات تکراری، مقالات مروری، انواع خلاصه مقالات و کنفرانس‌ها حذف گردیدند. پس از استخراج مطالعات بر اساس وجود کلیدواژه‌ها در عنوان و خلاصه مقاله، متن کامل مقالات به دقت مورد بررسی قرار گرفته و اطلاعات مورد نیاز به طور دقیق جمع‌آوری گردید.

بیوژنز و نامگذاری miRNA ها

بیش از نیمی از miRNA ها دارای ناحیه پروموتر ویژه بوده و به صورت مستقل بیان می‌شوند. بخش دیگر miRNA ها در میان نواحی اینترونی و اگزونی کدکننده پروتئین‌ها در ژنوم پراکنده‌اند که نمایانگر نقش تعاملی miRNA ها با پروتئین‌های مربوطه می‌باشد(۳۳). سنتز miRNA ها از رونوشت‌های سنجاق سری شکل درون‌زاد مشتق می‌شوند و طی مراحل گوناگون، به بلوغ می‌رسند. بیوژنز آن ها با تشکیل یک رونوشت اولیه (pri-miRNA) که اغلب شامل صدها نوکلئوتید و ساختارهای ساقه-حلقه بوده، آغاز می‌گردد. اکثر این پیش‌سازها توسط آنزیم RNA پلی‌مراز II تشکیل می‌شوند. رونوشت اولیه miRNA ها در هسته توسط یک آنزیم RNaseIII به نام دروشا به صورت یک ساختار سنجاق سری کوچک بریده می‌شود(۳۴). این فرآیند نیاز به همکاری پروتئین واجد ناحیه متصل شونده به RNA دو رشته‌ای (dsRBD) به نام *DGCR8* دارد. *DGCR8* در کنار آنزیم دروشا تشکیل یک کمپلکس پروتئینی به نام Micro processor را می‌دهد که وظیفه برش رونوشت اولیه و تبدیل آن به یک رشته تقریباً ۷۰ نوکلئوتیدی دارای ساختار ناقص ساقه و حلقه (pre-miRNA) را به عهده دارد(۳۵). مطالعات گوناگون نشان داده اند که کارایی آنزیم دروشا بستگی به اندازه حلقه انتهایی، ساختار ساقه مانند و توالی‌های آویزان موجود در محل برش دارد(۳۶). در مرحله بعد پروتئین Exportin 5 که وابسته به RAN-GTP می‌باشد، pre-miRNAها را به

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

سیتوپلاسم منتقل می‌کند. در سیتوپلاسم یک مولکول RNaseIII دیگر به نام Dicer به همراه یک پروتئین dsRBD دیگر به نام TRBP، pre-miRNA را در محل سنجاق سر بریده و آن را به یک RNA دو رشته‌ای کوچک (dsRNA) که شامل رشته بالغ miRNA و رشته مکمل آن می باشد، تبدیل می‌نماید. TRBP سبب فراخوانی پروتئین دیگری به نام آرگونات[1] می‌گردد. این پروتئین به عنوان فاکتور اصلی کمپلکس خاموش‌سازی القا شده توسط RNA (RISC) می‌باشد و در صورت بروز جهش در این ژن، miRNA ها قادر به هیچگونه عملکردی نیستند(۳۸،۳۷). کمپلکس RISC، رشته مولکول RNA ای که انتهای '۵ ناپایدارتری دارد (به‌طور معمول حاوی یوراسیل می‌باشد) را جذب می‌کند. رشته مکمل معمولاً (اما نه در همه موجودات) تجزیه می‌گردد. با این حال برخی از miRNA های یافت شده در انسان و موش همان رشته مکمل هستند(۳۹). هر یک از رشته‌های pre-miRNA می‌توانند مختص به یک نوع بافت ویژه باشند. به عنوان مثال miR-30e-3p در سمت بازوی '۳ و miR-30e-5p در سمت بازوی '۵ به ترتیب، بیش‌تر در معده و طحال بیان می‌گردند(۴۱،۴۰). پس از این RISC حاوی تک رشته miRNA بالغ (miRISC) به عنوان یک کمپلکس کاتالایتیک به سمت mRNA هدف حرکت نموده و سبب جلوگیری از ترجمه آن به پروتئین مربوطه می‌گردد. با شناسایی تعداد زیادی از miRNAها، تعیین سامانه مشخص جهت نامگذاری آن‌ها ضروری شده است. بر این اساس به هر یک از miRNA ها یک عدد حداکثر سه رقمی تعلق می‌گیرد. در صورتی که از یک miRNA خاص دو نسخه یکسان در دو لکوس مختلف ژنوم وجود داشته باشد، از پسوند عددی استفاده می‌شود. برای مثال miR-6-1 و miR-6-2 در مگس سرکه. اگر اختلاف توالی دو miRNA در حد یک یا دو نوکلئوتید باشد از پسوند الفبایی استفاده می‌شود، برای مثال miR181a و miR181b در موش. از عبارت‌های 5p و 3p برای تعیین منشا miRNA از بخش '۵ یا '۳ miRNA اولیه استفاده می شود(۴۲).

تنظیم بیان ژن‌ها توسط miRNA ها

از ویژگی‌های miRNA ها تنظیم ترکیبی می‌باشد. به گونه‌ای که یک miRNA ممکن است صدها RNA هدف مختلف داشته باشد و یک مولکول هدف توسط چندین miRNA تنظیم گردد. یکی از مهم‌ترین مباحث مربوط به miRNA ها، شناسایی mRNA های هدف است. miRNA ها از طریق توالی ۸-۲ نوکلئوتیدی موجود در قسمت '۵ خود (seed sequence) با نواحی مکمل در RNA هدف کمپلکس‌های لازم برای جلوگیری از ترجمه یا تجزیه RNA را ایجاد می نمایند. بروز جهش در توالی seed موجب عدم شناسایی mRNA هدف می شود. در خارج از این ناحیه، اتصال miRNA با mRNA معمولاً به طور کامل صورت نمی گیرد. به این دلیل miRISC، mRNA هدف را برش نمی‌دهد و تنها مانع از ترجمه آن می گردد (مکانیسم غالب در جانوران). اما اگر mRNA هدف به طور کامل با miRNA مکمل باشد، mRNA بدون آدنیل شده و توسط برش اندونوکلئازی ناپایدار و سپس تجزیه می‌شود (مکانیسم غالب در گیاهان)(۴۳). خروجی عملکردی تعامل miRNA-mRNA می تواند تحت تاثیر عواملی که قدرت پیوند miRNA-mRNA را تغییر می دهند، قرار گیرد، برای مثال وجود چندین مکان اتصال برای یک miRNA مشخص در mRNA هدف و جایگاه های مشابه آن‌ها، وجود توالی‌های جانبی آویزان در محل اتصال miRNA، ساختارهای ثانویه mRNA ها و میزان دسترسی miRNA به مکان اتصال(۴۴). خاموش سازی ژن به وسیله miRNA در سه مراحله قبل از ترجمه، همزمان با ترجمه و پس از ترجمه می‌تواند رخ دهد. در خاموش‌سازی قبل از ترجمه، تک رشته بالغ miRNA در یک کمپلکس پروتئینی که شباهت زیادی با RISC دارد، به نام miRNP قرار می‌گیرد. در مواردی

1. Argonaute

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

که miRNA با هدف خود کاملاً مکمل باشد، mRNA هدف در محل جفت شدن با نوکلئوتیدهای ۱۰ و ۱۱ miRNA با استفاده از آنزیم‌هایی مثل decapping، deadenylase، اندو و اگزو نوکلئاز برش خورده و تجزیه می‌شود. در اکثر موارد miRNA ها با mRNA هدف خود به طور کامل جفت نیستند. در این شرایط آرگونات در کمپلکس miRNP-mRNA با فاکتور eIF4E در اتصال به انتهای ′۵ mRNA رقابت می‌کند و از این طریق باعث مهار شروع ترجمه می‌شود(۴۵). هم‌چنین miRNP قادر به جلوگیری از اتصال زیرواحدهای ریبوزوم و شروع ترجمه می‌شود. در فرآیند پس از شروع ترجمه، آرگونات از طریق جمع‌آوری فاکتور eIF6 از اتصال زیرواحد بزرگ ریبوزوم به mRNA و ادامه ترجمه جلوگیری می‌کند(۴۶). علاوه بر این، miRNP می تواند از طریق تداخل با فاکتورهای طویل سازی باعث پایان زودرس ترجمه شود. در این حالت پلی زوم موجود بر روی mRNA نیز متلاشی شده و پپتید ناقص سنتز شده، تجزیه می‌گردد. در فرآیند پس از ترجمه نیز پلی پپتید در کمپلکس‌های پروتئازی تجزیه می‌شود. پس از مهار ترجمه، کمپلکس miRNP به سمت اجسام پردازشی[1] هدایت می‌شوند. نشان داده شده است که mRNA ها بعد از انتقال به اجسام پردازشی، می‌توانند تجزیه هم بشوند که البته محل برش در این حالت متفاوت از حالت جفت شدن کامل با miRNA در کمپلکس miRISC است. در اغلب موارد mRNA درون اجسام پردازشی موقتاً ذخیره و بعداً بیرون آمده و ترجمه از سر گرفته می‌شود. میزان ترجمه مجدد یا تجزیه mRNA به تعادل دینامیکی پلی‌زوم‌ها و miRNP ها در اجسام پردازشی بستگی دارد(۴۷). برخی مطالعات نشان دادند که miRNA به صورت کمپلکس با آرگونات هسته‌ای (Ago) با تغییر ساختار کروماتین باعث مهار رونویسی ژن نیز می‌شود(۴۸). در بعضی از مطالعات مشخص گشته است که miRNA ها علاوه بر نقش بازدارندگی، می‌توانند از طریق ترکیب با پروتئین‌های اختصاصی در کمپلکس miRNP ها، باعث تحریک بیان ژن‌های خاصی شوند (تنظیم مثبت[2]). در مورد این رفتار تنظیمی miRNA ها، مکانیسم‌های گوناگونی پیشنهاد شده است که از آن جمله می توان به سه مورد از مهم‌ترین مکانیسم‌ها اشاره کرد: ۱- اتصال miRNA به توالی‌های غنی از پورین اختصاصی در DNA دو رشته‌ای و ایجاد یک کمپلکس سه تایی (Triplex) و تغییر در ساختار فضایی DNA که خود منجر به تغییر دسترسی فاکتورهای رونویسی به آن ژن می‌گردد. ۲- اتصال miRNA به توالی‌های ویژه موجود در پروموتر ژن‌ها و تغییر حالت متیلاسیون آن‌ها از طریق فراخوانی آنزیم‌های ویژه متیلاسیون. ۳- سرکوب ژن‌های مهارکننده بیان دیگر ژن‌ها و در نتیجه تاثیر مثبت بر بیان ژن‌هایی که تحت تنظیم ژن های مهاری بوده‌اند(۴۹،۵۰). برخی miRNA ها با توجه به نوع سلول، هم به عنوان محرک و هم به عنوان سرکوب کننده بیان ژن عمل می‌کنند. به عنوان مثال miR-145 باعث تحریک بیان ژن میوکاردین طی تمایز ماهیچه شده در حالی که باعث مهار بیان ROCK1 در استئوسارکوما می‌گردد(۵۱،۵۲).

سیلیبینین

ترکیبات مختلفی مثل سیلیبین A و B، سیلیکریستین، سیلیدیانین، تاکسیفولین و کوئرستین از سیلیمارین جداسازی شده‌اند. اما همانطورکه گفته شد، سیلیبینین (2R,3R)-3,5,7-trihydroxy-2-[(2R,3R)-3-(4-hydroxy-3-methoxyphenyl)-2-(hydroxymethyl) -2,3-dihydrobenzo[b][1,4]dioxin-6-yl]chroman-4-one ماده موثره اصلی سیلیمارین می‌باشد. سیلیبینین به دلیل ساختار چند حلقه‌ای و غیر قابل یونیزاسیون، حلالیت بسیار کمی در آب (۰/۵ g/L) و حلالیت نسبی در حلال‌های آلی مثل اتانول (0.1 mg/ml)، DMSO (10) mg/ml و دی متیل فرمامید (20 mg/ml) دارد(۵۳-۵۶). به دلیل خواص آنتی اکسیدانی اثبات شده این حلال‌های

1. Processing body

2. up regulation

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

آلی و تداخل اثرات آن‌ها با سیلیبینین، سیستم‌های انتقال داروی زیادی طراحی شده است، مثل سیلیبینین دی هیدروژن سوکسینات (Legalone)، سیلیبینین فسفاتیدیل کولین (siliphos) و نانو کمپلکس‌های سیلیبینین که دسترسی زیستی سیلیبینین را تا اندازه قابل توجهی افزایش می‌دهند. از آن‌جایی که حلالیت سیلیبینین در لیپیدها هم کم می‌باشد، گذر آن از غشای سلول‌های روده محدود بوده و در نتیجه جذب روده‌ای کمی(حدود ۳۰-۲۰ درصد) دارد. پس از جذب در حدود ۸۰-۷۰ درصد سیلیبینین به سرعت به گلوکورونید متصل شده و از طریق سیستم صفراوی دفع می‌شود. از این رو غلظت خونی آن بسیار پایین است و این می‌تواند یکی از علل عوارض جانبی سیستمی کم آن باشد. بیش از ۹۰ درصد سیلیبینین در پلاسما به حالت کونژوگه با سولفات و گلوکورونید می‌باشد. اما در برخی از بیماری‌های کبدی و کلیوی، غلظت فرم آزاد (فعال) سیلیبینین در خون افزایش می‌یابد(۵۷). اثرات حمایتی سیلیبینین در شرایط بالینی مختلف مثل استرس اکسیداتیو، سرطان، التهاب، بیماری‌های عفونی و مسمومیت در بافت‌های متعدد به اثبات رسیده است (تصویر شماره ۲).

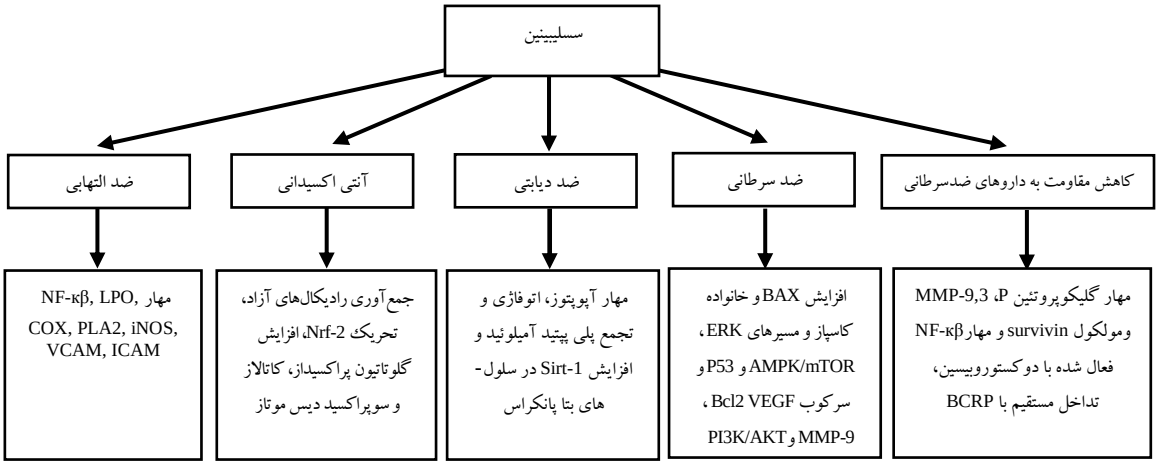
سیلیبینین با جمع‌آوری رادیکال‌های آزاد به خصوص از طریق باندهای دوگانه حلقه C، افزایش بیان آنزیم‌های آنتی اکسیدانی کاتالاز، سوپراکسید دیس موتاز و گلوتاتیون پراکسیداز و تحریک فاکتور رونویسی آنتی‌اکسیدانی Nrf-2 باعث افزایش دفاع آنتی‌اکسیدانی در شرایط استرس اکسیداتیو می‌شود. هم چنین سیلیبینین با کاهش تجزیه iK-β و آنزیم‌های COX-2، PLA2 و iNOS در مهار مازاد پاسخ التهابی نقش دارد(۵۸، ۵۹). اثرات ضد سرطانی سیلیبینین نیز از طریق افزایش پروتئین‌های آپوپتوزی مثل BAX و خانواده CASPAS، تحریک سرکوب‌کننده تومور P53 و کاهش پروتئین ضد آپوپتوزی Bcl_2 و فاکتورهای آنژیوژنز مثل VEDGF و angiopoietin-2 می‌باشد(۱۹). سیلیمارین/ سیلیبینین از طریق مهار گلیکوپروتئین-P و BCRP[1] حساسیت به آنتی‌بیوتیک‌ها و داروهای ضد سرطانی را افزایش می‌دهد(۶۰). البته اثرات دیگری مثل ضد دیابتی و ضد میکروبی نیز از سیلیبینین گزارش شده است(۶۲،۶۱). یکی از جدیدترین اثرات کشف شده سیلیبینین، توانایی آن‌ها در تغییر بیان miRNA ها می‌باشد (جدول شماره ۲). از این طریق سیلیبینین قادر است اثرات مفید قابل توجهی در شرایط بالینی مختلف به خصوص سرطان از خود نشان بدهد.

سرطان سینه

MiR-21 به عنوان یک آنکومیر (oncomiR=oncogenic miRNA) شناخته شده می‌باشد و بیش‌ترین افزایش را نسبت به سایر آنکومیرها در بافت ریه طی سرطان دارد. مشخص شده است که بیان miR-21 در سرطان سینه Era^{+}[2] افزایش چشمگیرتری نسبت به Era^{-} دارد و باعث کاهش سرکوب کننده‌های تومور مثل PTEN، PDCD4 و TM1 می‌گردد(۶۵-۶۳). در تحقیقات نشان داده شده است که سیلیبینین می‌تواند از طریق افزایش PTEN (یکی از محرک‌های آپوپتوز و توقف چرخه سلولی) و کاهش پروتئین ضد آپوپتوز Bcl_2 و miR-21 باعث القای آپوپتوز و توقف چرخه تقسیم سلولی در سلول‌های سرطان سینه شود(۶۶). در همین راستا جهان فروز و همکاران مشخص کردند که انکوباسیون سلول‌های سرطان سینه رده‌های MCF-7 و T47D با سیلیبینین ۱۵۰µM، باعث کاهش بیان miR-21 می‌ردد، که با افزایش PTEN در سلول‌های MCF-7 و کاهش Bcl_2 در هر دو رده همراه بوده است. PTEN از طریق مهار مسیر پیام رسانی AKT/PKB و تاثیر منفی بر تقسیم سلولی به عنوان یک سرکوب کننده تومور مطرح بوده و جهش در آن در بسیاری از سرطان‌ها دیده شده است. بدین ترتیب سیلیبینین با مهار بیان miR-21 اثرات مطلوبی در سرکوب تومور از خود به جا گذاشته است(۶۷). افزایش بیان miR-181a در سلول‌های سرطانی کولون،

1. Breast cancer resistance protein
2. Estrogen receptor alpha

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]



تصویر شماره ۲: اثرات مختلف سیلیبینین و مکانیسم آن‌ها

جدول شماره ۲: اثرات سیلیبینین روی miRNA های محتلف و مسیرهای هدف آن ها

miRNAمسیرهای هدف	افزایش/ کاهش بیانmiRNA	نمونه	درمان
مهار تکثیر و تحریک اپوپتوز از طریق افزایش PTENو کاهش Bcl2	کاهش بیان miR-21	سلول های سرطان سینه رده های MCF-7و T47D	سیلیبینین ۱۵۰ µM
مهار تکثیر سلولی و افزایش آپوپتوز	کاهش بیان miR-181a	سلول‌های سرطان سینه رده SK-BR-3	سیلیبینین ۲۷۴ µM
افزایش آپوپتوز با افزایش caspase-9، P53، BIDو APAF-1	کاهش بیان miR-21 و miR-155	سلول‌های سرطان سینه رده MCF-7	سیلیبینین ۱۰۰ µg/mL
افزایش آپوپتوز و کاهش ماندگاری سلول‌های سرطانی	کاهش بیان miR-141، miR-15a و miRT-21 و افزایش بیان miR-200C	سلول‌های سرطان سینه رده T47D	کمپلکس سیلیبینین با ناتو نیوزومال کت شده با TMC
مهار تبدیل اپیتلیالی به مزانشیمی (EMT) با کاهش SNAIL1 ZEB1 و N-cadherin	کاهش بیان miR-21 و افزایش بیان miR-200c	رت‌های دچار پیوند سلول‌های NSCLC مقاوم به داروی erlotinib	تزریق دهانی سیلیبینین-مگنومین mg/kg ۱۰۰ پنج بار در هفته به مدت ۳۵ روز
مهار مهاجرت سلول‌های سرطانی و رشد تومور با کاهش سطح 3 و 2 HDAC1، و ZEB1 و افزایش E-cadherin	افزایش بیان miR-203 به صورت وابسته به دوز	سلول‌های NSCLC رده A549، H1299 و H460	سیلمارین در دوزهای µg/ml ۵، ۱۰ و ۲۰
مهار اتوفاژی و تحریک آپوپتوز از طریق هدف قرار دادن XIAP	افزایش بیان miR-7-1-3p، miR-9 و miR-181a	سلول‌های سرطان گلیوبلاستوما رده U87MG و T98G	سیلیبینین ۵۰ µM
کاهش تکثیر سلول‌های سرطانی با کاهش AKT2 و FRAP/mTOR	کاهش بیان miR-100 و miR-203	سلول‌های کارسینوما اوروتیال مثانه رده RT4 و T24	سیلیبینین ۱۳۵ µM
مهار سلول‌های سرطانزا با هدف قرار دادن Bmi1 و ADAM10	افزایش بیان miR-494 به صورت وابسته به دوز	سلول‌های کارسینوما اسکوآموس سر و گردن	سیلیبینین در دوزهای ۲۰۰-۵۰
افزایش تمایز به سلول‌های استخوان ساز با فعالسازی مسیر BMP/SMAD/RUNX2	افزایش بیان pre-miR-20b و pre-miR-410 و کاهش بیان pre-miR-30c-1 و pre-miR-221	سلول‌های بنیادی مزانشیمی(MSCs)	سیلیبینین کمپلکس با ذرات نانو chitosan در دوز ۵۰ µM

با افزایش تکثیر سلولی از طریق تحریک فرآیند گلیکولیز همراه می‌باشد(۶۸). هم‌چنین نشان داده شده است که miR-181a باعث تحریک متاستاز در سلول‌های سرطانی کبد با واسطه Osteopontin می‌گردد(۶۹). در همین راستا شاهین‌فر و همکاران اثبات کردند که انکوباسیون سلول‌های سرطان سینه رده SK-BR-3 با سیلیبینین، منجر به کاهش بیان miR-181a، مهار تکثیر سلولی و افزایش آپوپتوز می‌شود. به نظر می‌رسد که یکی از مکانیسم‌های اثرات ضدسرطانی سیلیبینین در این سلول‌ها مهار بیان miR-181a باشد(۷۰). همان طورکه گفته شد، miR-21 در بسیاری از سرطان‌ها از جمله سرطان سینه افزایش بیان داشته و در پیشرفت تومور نقش موثری را ایفا می‌نماید. در مطالعهی نشان داده شد که بیان miR-21 در بیماران مبتلا به سرطان سینه سه برابر بیش‌تر از افراد غیر سرطانی می‌باشد(۷۱). هم‌چنین miR-155 سرکوب‌کننده‌های تومور مثل SOCS-1 و RAD-51 را مهار می‌کند و از این طریق باعث رشد تومور و مهار ترمیم DNA می‌گردد(۷۲). در همین راستا ملکی زاده و همکاران نشان دادند که سیلیبینین µg/mL ۱۰۰ بیان miR-21 و miR-155 را به طور چشمگیری در سلول‌های سرطان سینه رده MCF-7 کاهش می‌دهد. در این پژوهش بیان caspase-9، P53، BID و APAF-1 به عنوان mRNA های هدف miR-21 و miR-155، طی درمان با سیلیبین افزایش یافت(۶۶). Caspase-9، APAF-1 و BID در فرآیند آزادسازی سیتوکروم C از میتوکندری و تشکیل کمپلکس آپوپتوز نقش دارند.

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

P53 نیز یک سرکوب‌کننده شناخته‌شده سرطان می‌باشد که بیان بسیاری از پروتئین‌های آپوپتوزی را تحریک می‌نماید(۷۳)، در نتیجه سیلیبینین با مهار بیان آنکومیرها باعث مهار تکثیر و رشد تومور می‌گردد. در سرطان‌های مختلف، miR-15a به عنوان یک سرکوب‌کننده تومور شناخته شده است که قادر به تحریک آپوپتوز و محدود کردن رشد تومور می‌باشد. در چندین مطالعه گزارش شده که بیان miR-15a در سرطان سینه کاهش می‌یابد(۷۴). هم‌چنین miR-141 و miR-200C عضوی از خانواده miR-200 بوده که عملکرد سرکوب‌کنندگی تومور دارند و بررسی‌ها نشان داده است که طی سرطان سینه کاهش می‌یابند(۷۵).

یزدی و همکاران تاثیر سیلیبینین آزاد و کمپلکس با نانو نیوزومال کت شده با trimethyl chitosan (TMC) را بر روی بیان miRNA های مختلف در سلول‌های رده T47D مورد ارزیابی قرار دادند. در پایان مشخص شد که هر دو فرم سیلیبینین باعث کاهش بیان miR-141، miR-15a و miR-21 و افزایش بیان miR-200C گشته که با افزایش آپوپتوز و کاهش ماندگاری سلول‌های سرطانی همراه بود. اما اثربخشی سیلیبینین TMC نسبت به سیلیبینین آزاد روی تنظیم miRNA ها موثرتر و بیش‌تر بود(۷۶). اما از آن‌جایی‌که در این مطالعه رشد تومور و متاستاز توسط سیلیبینین مهار شده است، در نتیجه به نظر می‌رسد که نقش miR-141 و miR-15a در رشد و متاستاز از اهمیت کم‌تری نسبت به miR-200C و miR-21 برخوردار است.

سرطان ریه

نقش سیلیبینین در کاهش مقاومت سلول‌های سرطانی به داروهای ضد سرطانی از طریق تنظیم بیان miRNA های دخیل در این مسیر مشخص شده است. شواهد روزافزونی دلالت بر نقش فنوتایپ مزانشیمی در مقاومت به داروهای ضد سرطانی erlotinib (مهارکننده EGFR[1]) در سلول‌های NSCLC وجود دارد که تاکید می‌کند سلول‌های مزانشیمی مقاومت بیش‌تری نسبت به سلول‌های اپیتلیالی به داروهای ضدسرطانی از خود نشان می‌دهند(۷۷). در همین راستا Cufí و همکاران نشان دادند که مصرف خوراکی سیلیبینین به مدت ۳۵ روز به طور چشمگیری حجم تومور را در رت‌های دچار پیوند سلول‌های NSCLC مقاوم به داروی erlotinib کاهش می‌دهد. هم‌چنین سیلیبینین حساسیت این سلول‌ها را به erlotinib افزایش می‌دهد. در این پژوهش مشخص شد که در سلول‌های NSCLC مقاوم به داروی erlotinib بیان miRNA های مرتبط با EMT[2] (انتقال اپیتلیال به مزانشیمال) مثل miR-21 و miR-200c به‌طور چشمگیری به ترتیب افزایش و کاهش می‌یابد. تجویز خوراکی و سیستمی سیلیبینین توانسته بیان این miRNAها را در این سلول‌ها کاملاً معکوس کند. سیلیبینین هم‌چنین باعث کاهش بیان مارکرهای مربوط به EMT شامل: ZEB1 (مهارکننده رونویسی اپیتلیالی)، SNAIL1 (تحریک کننده EMT) و N-cadherin (مولکول چسبنده سطحی مزانشیمی) در سلول‌های NSCLC مقاوم به erlotinib می‌گردد(۷۸). نشان داده شده است که miR-21 قادر به افزایش بیان ژن تحریک‌کننده EMT یعنی SNAIL می‌باشد(۷۹). هم چنین با توجه به مطالعات گذشته، miR-200c بیان مهار کننده‌های رونویسی اپیتلیالی ZEB1 و ZEB2 را مورد هدف قرار می‌دهد(۸۰). بدین ترتیب به نظر می‌رسد که سیلیبینین با تنظیم بیان miRNA ها موجب مهار تبدیل فنوتایپ اپیتلیالی به مزانشیمی و افزایش حساسیت به داروی erlotinib در سلول‌های NSCLC شده است. miR-203 به عنوان miRNA مختص پوست دسته بندی می‌شود که در تمایز اپیدرمی نقش دارد. miR-203 البته در بافت‌های اپیتلیوم اسکواموس گردن رحم و مری نیز بیان می‌شود و در سرطان‌های مختلف به عنوان سرکوب کننده تومور عمل می‌کند. گزارش شده است که بیان آن در سرطان ریه کاهش می‌یابد، هم چنین در سرطان کولورکتال بیان

1. Endothelial-drived growth factor receptor

2. Epithelial to mesenchymal transition

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

آن توسط فاکتور تحریک‌کننده EMT یعنی ZEB مهار می‌شود(۸۱). ZEB1 مهار کننده اصلی بیان E-cadherin از طریق تجمع HDAC1[1] و HDAC2 در سلول‌های سرطانی می‌باشد که در نهایت باعث بروز فنوتایپ مزانشیمی و تومورزایی می‌گردد. E-cadherin بر خلاف N-cadherin با افزایش چسبندگی سطحی در بافت اپیتلیالی از تومورزایی جلوگیری می‌کند(۸۲). در این راستا Singh و همکاران نشان دادند که درمان سلول‌های NSCLC رده A549، H1299 و H460 با سیلیمارین در دوزهای ۵ µg/ml، ۱۰ و ۲۰ منجر به افزایش بیان miR-203 به صورت وابسته به دوز شده که با کاهش سطح HDAC1-3 و ZEB1 و افزایش E-cadherin همراه بود(۸۳). بدین طریق سیلیمارین مهاجرت سلول‌های سرطانی و رشد تومور را محدود مینماید.

گلیوبلاستوما

گلیوبلاستوما یکی از سرطان‌هایی است که تغییر بیان miRNA ها در آن مشهود است. با توجه به مطالعات انجام شده، افزایش بیان miR-7 با کاهش حجم تومور و متاستاز همراه است. هم چنین miR-7 با مهار EGFR و مسیر پیام رسانی Akt باعث تحریک آپوپتوز و تمایز در سلول‌های سرطان گلیوبلاستوما می‌گردد(۸۴). در پژوهش Chakrabarti و همکاران مشخص شد که miR-7 می‌تواند XIAP، یک فاکتور ضد آپوپتوز را مورد هدف قرار داده و از این طریق باعث مهار فرآیند اتوفاژی و تحریک آپوپتوز در سلول‌های سرطان گلیوبلاستوما رده U87MG و T98G گردد. هم چنین در این پژوهش مشخص شد که به کارگیری سیلیبینین ۵۰ µM باعث افزایش بیان miR-7 و هم‌چنین miRNA های سرکوب کننده تومور دیگر شامل miR-9 و miR-181a در سلول‌های U87MG و T98G می‌شود. البته این اثر سیلیبینین طی ترکیب با لوتئولین یک فلاونوئید طبیعی تقویت شده بود. از آن جایی که اثربخشی سیلیبینین روی miR-7 بیش‌تر بود، این پژوهشگران نشان دادند که تحریک بیان miR-7 با استفاده از مقلد miR-7 در موش‌های دچار پیوند سلول‌های U87MG و T98G اثرات ضدسرطانی سیلیبینین را تقویت می‌نماید(۸۵).

سرطان مثانه

اثربخشی سیلیبینین در سرطان مثانه نیز مورد بررسی قرار گرفته است. تنظیم بیان miRNA ها یکی از مهم‌ترین مکانیسم‌های عمل سیلیبینین در این مبحث می‌باشد. miR-100 و miR-203 قادر به تحریک تکثیر و رشد سلولی از طریق مسیرهای PI3K-FRAP/mTOR و PI3K/AKT2 در سرطان‌هایی مثل سینه، تخمدان و مثانه می‌باشند(۸۶،۸۷).

در پژوهش de Oliveira و همکاران، سیلیبینین اثرات ضد سرطانی قابل توجهی بر روی سرطان مثانه از خود نشان داده است. آن‌ها مشخص کردند که انکوباسیون سلول‌های سرطان اوروتلیال مثانه رده RT4 (دارای فرم رایج ژن P53) و T24 (دارای فرم جهش یافته ژن P53) با سیلیبینین ۱۳۵ µM-۲۰۰ باعث کاهش بیان miR-100، AKT2 و FRAP/mTOR و افزایش بیان miR-203 در سلول‌های RT4 و کاهش بیان miR-203 در T24 می‌گردد. بیش‌ترین اثر در دوز ۱۵۰ µM مشاهده شد. به نظر می‌رسد که با وجود اثرات ضدسرطانی سیلیبینین در هر دو رده سلول‌های کارسینوما اوروتلیال مثانه، اثر آن بر miR-100، AKT2 و FRAP/mTOR وابسته به ژن P53 می‌باشد که در بلوغ miRNA ها نقش مهمی دارد(۸۸).

سرطان سر و گردن

miR-494 در سرطان‌های مختلف هم به عنوان سرکوب کننده تومور و هم آنکومیر عمل می‌کند. miR-494 در سرطان‌هایی مثل، ریه، پروستات و معده کاهش و در سرطان کولورکتال افزایش بیان دارد(۸۹).

1. Histone deacetylase

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

در پژوهشی که توسط Chang و همکاران انجام شد، اثرات ضد سرطانی سیلیبینین بر روی سلول‌های کارسینومای اسکواموس سر و گردن از طریق تنظیم بیان miR-494 ثبت شد. در این پژوهش مشخص شد که miR-494 با هدف قرار دادن آنکوژن‌هایی مثل Bmi1 و ADAM10 باعث مهار سلول‌های سرطانی اسکواموس سر و گردن می‌شود و به کارگیری سیلیبینین در دوزهای ۵۰-۲۰۰ µM باعث افزایش بیان miR-494 در این سلول‌ها به صورت وابسته به دوز می‌گردد(۹۰). Bmi1 یک سرکوب کننده رونویسی می‌باشد که نشان داده شد در شروع تومور، خود نوسازی و متاستاز سرطان سر و گردن نقش دارد(۹۱). ADAM10 نیز یک گلیکوپروتئین سطحی است که در ارتباط با رگزایی و تومورزایی می‌باشد، به نحوی که مهار بیان ADAM10 با کاهش متاستاز و هجوم در سرطان سر و گردن همراه است(۹۲).

تا کنون بیش از دو هزار miRNA مختلف شناسایی شده که انتظار می‌رود بیان حدود ۶۰ درصد ژن های ژنوم انسان را تنظیم نمایند. miRNA ها از اهداف مورد توجه در تشخیص، پیشگیری و درمان سرطان هستند. در این راستا مقلدها و مهار کننده‌های miRNA های مختلف طراحی شدند تا بیان پروتئین‌های مختلف مثل فاکتورهای رشد و پروتئین‌های آپوپتوزی را تنظیم کنند. miRNA ها با جنبه‌های مختلف سرطان مثل خودنوسازی، آپوپتوز، متاستاز، مقاومت به داروهای ضدسرطانی و فرار از سیستم ایمنی در ارتباط هستند. سیلیبینین ماده موثره اصلی سیلیمارین در طب سنتی کاربرد فراوانی دارد، در نتیجه پی بردن به مکانیسم دقیق اثرات آن اهمیت زیادی دارد. یکی از مکانیسم‌های مهم اثرات سیلیبینین که اخیراً کشف شده است، توانایی آن‌ها در تنظیم بیان miRNA ها می‌باشد و از این طریق قادر است اثرات مثبت چشمگیری در مهار سرطان از خود نشان دهد. اثرات مفید سیلیبینین از طریق تنظیم بیان miRNA ها علاوه بر سرطان در سایر شرایط نیز اثبات شده است. برای مثال Leena و همکاران در پژوهشی نشان دادند که انکوباسیون سلول‌های بنیادی مزانشیمی (MSCs) با سیلیبینین باعث افزایش بیان pre-miR-20b و pre-miR-410 و کاهش بیان pre-miR-30c-1 و pre-miR-221 می‌گردد که با فعالسازی مسیر BMP/SMAD/RUNX2 همراه است و از این طریق منجر به افزایش تمایز به سلول‌های استخوان ساز (استئوبلاست) می‌شود. در این مطالعه مروری نشان داده شد که چگونه سیلیبینین در سلول‌های سرطانی مختلف از طریق تنظیم بیان miRNA ها منجر به مهار تکثیر، متاستاز، اتوفاژی، ماندگاری و مهاجرت سلول‌ها و جلوگیری از تبدیل فنوتایپ اپیتلیالی به مزانشیمی و تحریک آپوپتوز می‌شود. هم چنین با توجه به مطالعات انجام شده، به کارگیری سیستم‌های انتقال دارو مثل کمپلکس سیلیبینین با TMC و هم چنین ترکیب سیلیبینین با سایر فلاونوئیدها مثل لوتئولین می‌تواند اثرات مطلوبتری ایجاد کند. از این رو پیشنهاد می‌شود که اثربخشی سیلیبینین بر روی بیان miRNA های دخیل در بیماری‌های گوناگون مثل دیابت، تصلب شرایین، استرس اکسیداتیو، سرطان های مختلف و ... مورد بررسی قرار گیرد تا مکانیسم‌های مولکولی دقیق اثرات سیلیبینین معین گردد و با هدف گیری بهتری در پروژه‌های درمانی مورد آنالیز قرار بگیرد.

سپاسگذاری

این مقاله حاصل طرح مصوب در کمیته تحقیقات دانشجویی دانشگاه علوم پزشکی مازندران با کد ۲۶۳ می‌باشد. از این کمیته که با حمایت‌های خود ما را در انجام این پژوهش یاری نموده‌اند، کمال تشکر و قدردانی را داریم (کد اخلاق ۲۶۳).

References

1. Griffiths-Jones S, Grocock RJ, Van Dongen S, Bateman A, Enright AJ. miRBase: microRNA

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

sequences, targets and gene nomenclature. Nucleic Acids Res 2006; 34: D140-D144.

2. Ramírez-Moya J, Wert-Lamas L, Santisteban P. MicroRNA-146b promotes PI3K/AKT pathway hyperactivation and thyroid cancer progression by targeting PTEN. Oncogene 2018; 37(25): 3369-3383.
3. Poudyal D, Herman A, Adelsberger JW, Yang J, Hu X, Chen Q, et al. A novel microRNA, hsa-miR-6852 differentially regulated by Interleukin-27 induces necrosis in cervical cancer cells by downregulating the FoxM1 expression. Sci Rep 2018; 8(1): 900.
4. Yu L, Wu D, Gao H, Balic J ,Tsykin A, Han TS, et al. Clinical utility of a STAT3-regulated microRNA-200 family signature with prognostic potential in early gastric cancer. Clin Cancer Res 2018; 24(6): 1459-1472.
5. Wu Z, Huang W, Chen B, Bai PD, Wang XG, Xing JC. Up-regulation of miR-124 inhibits invasion and proliferation of prostate cancer cells through mediating JAK-STAT3 signaling pathway. Eur Rev Med Pharmacol Sci 2017; 21(10): 2338-2345.
6. Colden M, Dar AA, Saini S, Dahiya PV, Shahryari V, Yamamura S, et al. MicroRNA-466 inhibits tumor growth and bone metastasis in prostate cancer by direct regulation of osteogenic transcription factor RUNX2. Cell Death Dis 2017; 8(1): e2572.
7. Chang TH, Tsai MF, Gow CH, Wu SG, Liu YN, Chang YL, et al. Upregulation of microRNA-137 expression by Slug promotes tumor invasion and metastasis of non-small cell lung cancer cells through suppression of TFAP2C. Cancer Lett 2017; 402: 190-202.
8. Ke J, Shao W, Jiang Y, Xu J, Li F, Qin J. MicroRNA‑103 regulates tumorigenesis in colorectal cancer by targeting ZO-1. Mol Med Rep 2018;17(1):783-788.
9. Yu S, Zeng YJ, Sun XC. Neuroprotective effects of p53/microRNA-22 regulate inflammation and apoptosis in subarachnoid hemorrhage. Int J Mol Med 2018; 41(4): 2406-2412.
10. Wan RJ, Li YH. MicroRNA-146a/NAPDH oxidase4 decreases reactive oxygen species generation and inflammation in a diabetic nephropathy model. Mol Med Rep 2018; 17(3): 4759-4766.
11. Wang N, Zhu C, Xu Y, Qian W, Zheng M. Negative Regulation of PTEN by MicroRNA-221 and Its Association with Drug Resistance and Cellular Senescence in Lung Cancer Cells. BioMed Res Int 2018; 2018.
12. Zhan T, Huang X, Tian X, Chen X, Ding Y, Luo H, et al. Downregulation of MicroRNA-455‐3p Links to Proliferation and Drug Resistance of Pancreatic Cancer Cells via Targeting TAZ. Mol Ther Nucleic Acids 2018;10: 215-226.
13. Liu L, Yan J, Xu H, Zhu Y, Liang H, Pan W, et al. Two novel microRNA biomarkers related to β-cell damage and their potential values for early diagnosis of type 1 diabetes. J Clin Endocrinol Metab 2018; 103(4): 1320-1329.
14. Li C, Li S, Zhang F, Wu M, Liang H, Song J, et al. Endothelial microparticles-mediated transfer of microRNA-19b promotes atherosclerosis via activating perivascular adipose tissue inflammation in apoE−/− mice. Biochem Biophys Res Commun 2018; 495(2): 1922-1929.
15. Jones SW, Watkins G, Le Good N, Roberts S, Murphy CL, Brockbank SJ, et al .The identification of differentially expressed microRNA in osteoarthritic tissue that modulate the production of TNF-α and

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

MMP13. Osteoarthritis Cartilage 2009; 17(4): 464-472.

16. Sun F, Fu H, Liu Q, Tie Y, Zhu J, Xing R, et al. Downregulation of CCND1 and CDK6 by miR-34a induces cell cycle arrest. FEBS Lett 2008; 582(10): 1564-1568.
17. Romano G, Acunzo M, Garofalo M, Di Leva G, Cascione L, Zanca C, et al. MiR-494 is regulated by ERK1/2 and modulates TRAIL-induced apoptosis in non–small-cell lung cancer through BIM down-regulation. Proc Natl Acad Sci USA 2012; 109(41): 16570-16575.
18. Jansson MD, Lund AH. MicroRNA and cancer. Mol Oncol 2012; 6(6): 590-610.
19. Bagheri A, Khorshid HRK, Mowla SJ, Mohebbi HA, Mohammadian A, Yaseri M, et al. Altered miR-223 Expression in Sputum for Diagnosis of Non-Small Cell Lung Cancer. Avicenna J Med Biotechnol 2017; 9(4): 189- 195.
20. Calin GA, Dumitru CD, Shimizu M, Bichi R, Zupo S, Noch E, et al. Frequent deletions and down-regulation of micro-RNA genes miR15 and miR16 at 13q14 in chronic lymphocytic leukemia. Proc Natl Acad Sci USA 2002; 99(24): 15524-15529.
21. Cimmino A, Calin GA, Fabbri M, Iorio MV, Ferracin M, Shimizu M, et al. miR-15 and miR-16 induce apoptosis by targeting BCL2. Proc NatIl Acad Sci U S A 2005; 102(39): 13944-13949.
22. Huang E, Liu R, Chu Y. miRNA-15a/16: as tumor suppressors and more. Future Oncol 2015; 11(16): 2351-2363.
23. Hayashita Y, Osada H, Tatematsu Y, Yamada H, Yanagisawa K, Tomida S, et al. A polycistronic microRNA cluster, miR-17-92, is overexpressed in human lung cancers and enhances cell proliferation. Cancer Res 2005; 65(21): 9628-9632.
24. Ando T, Yoshida T, Enomoto S, Asada K, Tatematsu M, Ichinose M, et al. DNA methylation of microRNA genes in gastric mucosae of gastric cancer patients: its possible involvement in the formation of epigenetic field defect. Int J Cancer 2009; 124(10): 2367-2374.
25. Sun M, Estrov Z, Ji Y, Coombes KR, Harris DH, Kurzrock R. Curcumin (diferuloylmethane) alters the expression profiles of microRNAs in human pancreatic cancer cells. Mol Cancer Ther 2008;7(3): 464-473.
26. Bae S, Lee E-M, Cha HJ, Kim K, Yoon Y, Lee H ,et al. Resveratrol alters microRNA expression profiles in A549 human non-small cell lung cancer cells. Mol Cells 2011; 32(3): 243-249.
27. Li W, Liu M, Xu YF, Feng Y, Che JP, Wang GC, et al. Combination of quercetin and hyperoside has anticancer effects on renal cancer cells through inhibition of oncogenic microRNA-27a. Oncol Rep 2014; 31(1): 117-124.
28. Saller R, Meier R, Brignoli R. The use of silymarin in the treatment of liver diseases. Drugs 2001;61(14): 2035-2063.
29. Polachi N, Bai G, Li T, Chu Y, Wang X, Li S, et al. Modulatory effects of silibinin in various cell signaling pathways against liver disorders and cancer–A comprehensive review. Eur J Med Chem 2016;123:577-595.
30. Valenzuela A, Garrido A. Biochemical bases of the pharmacological action of the flavonoid silymarin and of its structural isomer silibinin. Biol Res 1994; 27(2):105- 112.
31. Min K, Yoon WK, Kim SK, Kim BH. Immunosuppressive effect of silibinin in

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

experimental autoimmune encephalomyelitis. Arch Parm Res 2007; 30(10): 1265-1272.

32. Cheung CW, Gibbons N, Johnson DW, Nicol DL. Silibinin-a promising new treatment for cancer. Anticancer Agents Med Chem 2010; 10(3):186-195.
33. Lu J, Getz G, Miska EA, Alvarez-Saavedra E, Lamb J, Peck D, et al. MicroRNA expression profiles classify human cancers. Nature 2005; 435(7043): 834-838.
34. Kim VN. MicroRNA biogenesis: coordinated cropping and dicing. Nat Rev Mol Cell Biol. 2005; 6(5): 376- 885.
35. Yi R, Pasolli HA, Landthaler M, Hafner M, Ojo T, Sheridan R, et al. DGCR8-dependent microRNA biogenesis is essential for skin development. Proc NatI Acad Sci 2008; 106(2): 498-502.
36. Kuehbacher A, Urbich C, Zeiher AM, Dimmeler S. Role of Dicer and Drosha for endothelial microRNA expression and angiogenesis. Circ Res 2007; 101(1): 59-68.
37. Winter J, Jung S, Keller S, Gregory RI, Diederichs S. Many roads to maturity: microRNA biogenesis pathways and their regulation. Nat Cell Biol 2009;11(3): 228-234.
38. Melo SA, Ropero S, Moutinho C, Aaltonen LA, Yamamoto H, Calin GA, et al. A TARBP2 mutation in human cancer impairs microRNA processing and DICER1 function. Nat Genet 2009; 41(3): 365- 370.
39. Wu F, Yu L, Cao W, Mao Y, Liu Z, He Y. The N-terminal double-stranded RNA binding domains of Arabidopsis HYPONASTIC LEAVES1 are sufficient for pre-microRNA processing. Plant Cell. 2007;19(3): 914-925.
40. Ro S, Park C, Young D, Sanders KM, Yan W. Tissue-dependent paired expression of miRNAs. Nucleic Acids Res 2007; 35(17): 5944-5953.
41. Sugihara H, Ishimoto T, Watanabe M, Sawayama H, Iwatsuki M, Baba Y, et al. Identification of miR-30e* regulation of Bmi1 expression mediated by tumor-associated macrophages in gastrointestinal cancer. PloS One 2013; 8(11): e81839.
42. Griffiths-Jones S. The microRNA registry. Nucleic Acids Research 2004; 32(Suppl_1): D109-D111.
43. Bartel DP. MicroRNAs: target recognition and regulatory functions. Cell 2009;136(2): 215-233.
44. Chi SW, Zang JB, Mele A, Darnell RB. Argonaute HITS-CLIP decodes microRNA–mRNA interaction maps. Nature 2009; 460(7254): 479- 486.
45. Mathonnet G, Fabian MR, Svitkin YV, Parsyan A, Huck L, Murata T, et al. MicroRNA inhibition of translation initiation in vitro by targeting the cap-binding complex eIF4F. Science 2007; 317(5845): 1764-1767.
46. Chendrimada TP, Finn KJ, Ji X, Baillat D, Gregory RI, Liebhaber SA, et al. MicroRNA silencing through RISC recruitment of eIF6. Nature 2007; 447(7146): 823- 828.
47. Sen GL, Blau HM. Argonaute 2/RISC resides in sites of mammalian mRNA decay known as cytoplasmic bodies . Nat Cell Biol 2005;7(6): 633- 636.
48. Grewal SI, Elgin SC. Transcription and RNA interference in the formation of heterochromatin. Nature 2007; 447(7143): 399- 406.
49. Paugh SW, Coss DR, Bao J, Laudermilk LT, Grace CR, Ferreira AM, et al. MicroRNAs form triplexes with double stranded DNA at sequence-specific binding sites; a eukaryotic mechanism via which microRNAs could directly alter gene expression. PLoS Comput Biol 2016;12(2): e1004744.

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

50. Schmitz KM, Mayer C, Postepska A, Grummt I. Interaction of noncoding RNA with the rDNA promoter mediates recruitment of DNMT3b and silencing of rRNA genes. Genes Dev 2010; 24(20): 2264-2269.
51. Cordes KR, Sheehy NT, White MP, Berry EC, Morton SU, Muth AN, et al. miR-145 and miR-143 regulate smooth muscle cell fate and plasticity. Nature 2009; 460(7256): 705-710.
52. Li E, Zhang J, Yuan T, Ma B. MiR-145 inhibits osteosarcoma cells proliferation and invasion by targeting ROCK1. Tumor Biol 2014; 35(8): 7645-7650.
53. Javed S, Kohli K, Ali M. Reassessing bioavailability of silymarin. Altern Med Rev 2011; 16(3): 239- 249.
54. Dehmlow C, Erhard J, de Groot H. Inhibition of Kupffer cell functions as an explanation for the hepatoprotective properties of silibinin. Hepatology 1996; 23(4): 749-754.
55. Hayashi K, Maruhashi T, Sakamoto W, Yogo T. Organic–Inorganic Hybrid Hollow Nanoparticles Suppress Oxidative Stress and Repair Damaged Tissues for Treatment of Hepatic Fibrosis. Adv Funct Mater 2018; 28(13): 1870086.
56. Leena R, Vairamani M, Selvamurugan N. Alginate/Gelatin scaffolds incorporated with Silibinin-loaded Chitosan nanoparticles for bone formation in vitro. Colloids Surf B Biointerfaces 2017;158:308-18.
57. Wu JW, Lin LC, Hung SC, Chi CW, Tsai TH. Analysis of silibinin in rat plasma and bile for hepatobiliary excretion and oral bioavailability application. J Pharm Biomed Anal 2007; 45(4): 635-641.
58. Prabu SM, Muthumani M. Silibinin ameliorates arsenic induced nephrotoxicity by abrogation of oxidative stress ,inflammation and apoptosis in rats. Mol Biol Rep 2012; 39(12):11201-1116.
59. Gu M, Singh RP, Dhanalakshmi S, Agarwal C, Agarwal R. Silibinin inhibits inflammatory and angiogenic attributes in photocarcinogenesis in SKH-1 hairless mice. Cancer Res 2007; 67(7): 3483-3491.
60. Cooray HC, Janvilisri T, van Veen HW, Hladky SB, Barrand MA. Interaction of the breast cancer resistance protein with plant polyphenols. Biochem Biophys Res Commun 2004; 317(1): 269-275.
61. Cheng B, Gong H, Li X, Sun Y, Zhang X, Chen H, et al. Silibinin inhibits the toxic aggregation of human islet amyloid polypeptide. Biochem Biophys Res Commun 2012; 419(3): 495-499.
62. de Oliveira DR, Tintino SR, Braga MF, Boligon AA, Athayde ML, Coutinho HD, et al. In vitro antimicrobial and modulatory activity of the natural products silymarin and silibinin. BioMed Res Int 2015; 292797.
63. Sempere LF, Christensen M, Silahtaroglu A, Bak M, Heath CV, Schwartz G, et al. Altered MicroRNA expression confined to specific epithelial cell subpopulations in breast cancer. Cancer Res 2007; 67(24): 11612-11620.
64. Zhu S, Wu H, Wu F, Nie D, Sheng S, Mo YY. MicroRNA-21 targets tumor suppressor genes in invasion and metastasis. Cell Res 2008; 18(3): 350-359.
65. Wickramasinghe NS, Manavalan TT, Dougherty SM, Riggs KA, Li Y, Klinge CM. Estradiol downregulates miR-21 expression and increases miR-21 target gene expression in MCF-7 breast cancer cells. Nucleic Acids Res 2009; 37(8): 2584-2895.
66. Zadeh MM, Motamed N, Ranji N, Majidi M, Falahi F. Silibinin-induced apoptosis and

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

downregulation of microRNA-21 and microRNA-155 in MCF-7 human breast cancer cells. J Breast Cancer 2016;19(1):45-52.

67. Jahanafrooz Z, Motamed N, Bakhshandeh B. Effects of miR-21 downregulation and silibinin treatment in breast cancer cell lines. Cytotechnology 2017;69(4): 667-680.
68. Wei Z, Cui L, Mei Z, Liu M, Zhang D. miR-181a mediates metabolic shift in colon cancer cells via the PTEN/AKT pathway. FEBS Lett 2014; 588(9): 1773-1779.
69. Bhattacharya SD, Garrison J, Guo H, Mi Z, Markovic J, Kim VM, et al. Micro-RNA-181a regulates osteopontin-dependent metastatic function in hepatocellular cancer cell lines. Surgery 2010;148(2): 291-297.
70. Shahinfar P, Motamed N, Birjandian E, Shabanpour O. Silibinin: An Inhibitor of Mir-181a Gene Expression in Sk-Br-3 Breast Cancer Cell Line. Indian J Pharm Educ Res 2017; 51(4): 597-602.
71. Gao J, Zhang Q, Xu J, Guo L, Li X. Clinical significance of serum miR-21 in breast cancer compared with CA153 and CEA. Chin J Cancer Res 2013; 25(6): 743-748.
72. Gasparini P, Lovat F, Fassan M, Casadei L, Cascione L, Jacob NK, et al. Protective role of miR-155 in breast cancer through RAD51 targeting impairs homologous recombination after irradiation. Proc Nati Acad Sci 2014; 111(12): 4536-4541
73. Kang MH, Reynolds CP. Bcl-2 inhibitors: targeting mitochondrial apoptotic pathways in cancer therapy. Clin Cancer Res 2009; 15(4): 1126-1132.
74. Klein U, Lia M, Crespo M, Siegel R, Shen Q, Mo T, et al. The DLEU2/miR-15a/16-1 cluster controls B cell proliferation and its deletion leads to chronic lymphocytic leukemia. Cancer Cell 2010; 17(1): 28-40.
75. Chang Bp, Wang Ds, Xing Jw, Yang Sh, Chu Q, Yu Sy. miR-200c inhibits metastasis of breast cancer cells by targeting HMGB1. J Huazhong Univ Sci Technology Med Sci 2014; 34(2): 201-206.
76. Yazdi Rouholamini SE, Moghassemi S, Maharat Z, Hakamivala A, Kashanian S, Omidfar K. Effect of silibinin-loaded nano-niosomal coated with trimethyl chitosan on miRNAs expression in 2D and 3D models of T47D breast cancer cell line. Artif Cells Nanomed Biotechnol 2018; 46(3): 524-535.
77. Thomson S, Buck E, Petti F, Griffin G, Brown E, Ramnarine N, et al. Epithelial to mesenchymal transition is a determinant of sensitivity of non–small-cell lung carcinoma cell lines and xenografts to epidermal growth factor receptor inhibition. Cancer Res 2005; 65(20): 9455-9462.
78. Cufí S, Bonavia R, Vazquez-Martin A, Oliveras-Ferraros C, Corominas-Faja B, Cuyàs E, et al. Silibinin suppresses EMT-driven erlotinib resistance by reversing the high miR-21/low miR-200c signature in vivo. Sci Rep 2013; 3: 2459.
79. Bornachea O, Santos M, Martínez-Cruz AB, García-Escudero R, Duenas M, Costa C, et al. EMT and induction of miR-21 mediate metastasis development in Trp53-deficient tumours. Sci Rep 2012; 2: 434.
80. Korpal M, Lee ES, Hu G, Kang Y. The miR-200 family inhibits epithelial-mesenchymal transition and cancer cell migration by direct targeting of E-cadherin transcriptional repressors ZEB1 and ZEB2. J Biol Chem 2008; 283 (22): 14910-14914.
81. Wellner U, Schubert J, Burk UC, Schmalhofer O, Zhu F, Sonntag A, et al. The EMT-

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

activator ZEB1 promotes tumorigenicity by repressing stemness-inhibiting microRNAs. Nat Cell Biol 2009; 11(12): 1487-1495.

82. Aghdassi A, Sendler M, Guenther A, Mayerle J, Behn CO, Heidecke CD, et al. Recruitment of histone deacetylases HDAC1 and HDAC2 by the transcriptional repressor ZEB1 downregulates E-cadherin expression in pancreatic cancer. Gut 2011; 31(3): 439-448.
83. Singh T, Prasad R, Katiyar SK. Therapeutic intervention of silymarin on the migration of non-small cell lung cancer cells is associated with the axis of multiple molecular targets including class 1 HDACs, ZEB1 expression, and restoration of miR-203 and E-cadherin expression. Am J Cancer Res 2016; 6(6): 1287-1301.
84. Li X, Carthew RW. A microRNA mediates EGF receptor signaling and promotes photoreceptor differentiation in the Drosophila eye. Cell 2005; 123(7): 1267-1277.
85. Chakrabarti M, Ray SK. Anti-tumor activities of luteolin and silibinin in glioblastoma cells: overexpression of miR-7-1-3p augmented luteolin and silibinin to inhibit autophagy and induce apoptosis in glioblastoma in vivo. Apoptosis 2016; 21(3): 312-328.
86. Luo J, Manning BD, Cantley LC. Targeting the PI3K-Akt pathway in human cancer. Cancer Cell 2003;4(4): 257-262.
87. Gingras AC, Raught B, Sonenberg N. Regulation of translation initiation by FRAP/mTOR. Genes Dev 2001; 15(7): 807-826.
88. de Oliveira DT, Sávio ALV, de Castro Marcondes JP, Barros TM, Barbosa LC, Salvadori DMF, et al. Cytotoxic and toxicogenomic effects of silibinin in bladder cancer cells with different TP53 status. J Biosci 2017; 42(1): 91-101.
89. Sun HB, Chen X, Ji H, Wu T, Lu HW, Zhang Y, et al. miR-494 is an independent prognostic factor and promotes cell migration and invasion in colorectal cancer by directly targeting PTEN. Int J Oncol 2014; 45(6): 2486-2494.
90. Chang YC, Jan CI, Peng CY, Lai YC, Hu FW, Yu CC. Activation of microRNA-494-targeting Bmi1 and ADAM10 by silibinin ablates cancer stemness and predicts favourable prognostic value in head and neck squamous cell carcinomas. Oncotarget 2015; 6(27): 24002-24016.
91. Allegra E, Trapasso S, Pisani D, Puzzo L. The role of BMI1 as a biomarker of cancer stem cells in head and neck cancer: a review. Oncology 2014; 86(4): 199-205.
92. Murphy G. The ADAMs: signalling scissors in the tumour microenvironment. Nat Rev Cancer 2008; 8(12): 929-941.

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]