پژوهنده (مجله پژوهشی دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی)
سال چهاردهم، شماره ۳، پی در پی ۶۹، صفحات ۱۴۷ تا ۱۵۱
مرداد و شهریور ۱۳۸۸

تاریخ دریافت مقاله: ۱۳۸۷/۶/۴
تاریخ پذیرش مقاله: ۱۳۸۸/۱۰/۴

بررسی ژنوتیپ G1793A ژن MTHFR در بیماران مبتلا به سرطان کولورکتال اسپورادیک

دکتر مهدی منتظرحقیقی[1*]، روح ا... نجارصادقی[2]، دکتر سیدرضا محبی[3]، محسن وامدی[4]، دکتر محمدرضا زالی[5]

۱. دکتری تخصصی ژنتیک، محقق، مرکز تحقیقات بیماری‌های گوارش و کبد، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی
۲. دانشجوی دکتری بیوشیمی، مرکز تحقیقات بیماری‌های گوارش و کبد، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی
۳. دکتری ویروس‌شناسی، مرکز تحقیقات بیماری‌های گوارش و کبد، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی
۴. دانشجوی دکتری آمار، مرکز تحقیقات بیماری‌های گوارش و کبد، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی
۵. استاد، مرکز تحقیقات بیماری‌های گوارش و کبد، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی

چکیده

سابقه و هدف: سرطان کولورکتال از شایع‌ترین سرطان‌های کشنده در کشورهای صنعتی میان زنان و مردان است که دومین عامل مرگ‌های حاصل از سرطان در آمریکا می‌باشد. آنزیم ۱۰ و ۵ متیلن تتراهیدروفولات ردوکتاز (MTHFR) که توسط ژن MTHFR ساخته می‌شود، در متیلاسیون، سنتز و ترمیم DNA نقش دارد. علاوه بر آن این آنزیم نقش مهمی در متابولیزم فولات بر عهده دارد. در این تحقیق پلی‌مورفیسم ژن MTHFR (1793G>A) در افراد مبتلا به سرطان کولورکتال مورد بررسی قرار گرفته است.

مواد و روش‌ها: این مطالعه یک مطالعه توصیفی است که در آن، ژنوتیپ ۲۲۷ بیمار مبتلا به سرطان کولورکتال با استفاده از روش PCR و Pyrosequencing مورد ارزیابی قرار گرفت.

یافته‌ها: فراوانی ژنوتیپ‌های GG، GA و AA در بین افراد مبتلا، به ترتیب ۹۸/۳٪، ۱/۷٪ و صفر درصد بود. متوسط سن مبتلایان ۶۸/۳ سال بود؛ به طوری که در افراد دارای ژنوتیپ GG، ۶۹/۱ سال و در مبتلایان با ژنوتیپ GA، ۶۶/۸ سال تعیین گردید. هیچ فرد مبتلایی با ژنوتیپ AA دیده نشد و ۱/۷٪ افراد مبتلا ژنوتیپ GA داشتند، در حالی که افراد مبتلا به سرطان کولورکتال (۹۸/۳٪)، دارای ژنوتیپ GG بودند

نتیجه‌گیری: به نظر می‌رسد که ژنوتیپ 1793G>A ژن MTHFR در بروز سرطان کولورکتال نقش داشته باشد. تحقیقات بیشتر در این زمینه توصیه می‌شود.

واژگان کلیدی: سرطان غیرفامیلی کولورکتال، آنزیم متیلن تتراهیدروفولات ردوکتاز، پلی‌مورفیسم، Pyrosequencing، rs2274976

مقدمه[1]

سرطان کولورکتال سومین سرطان شایع در دنیا می‌باشد و دومین سرطانی است که منجر به بیشترین میزان مرگ و میر ناشی از سرطان، در سراسر دنیا می‌شود. سالانه ۶۵۵۰۰۰ نفر در دنیا در اثر ابتلابه این بیماری از بین می‌روند و شیوع آن در یک قرن گذشته روند رو به رشدی را نشان داده است (۱و۲). بروز این سرطان در ایران نیز در سه دهه گذشته افزایش داشته است و مشکلی جدی برای سلامت جامعه ما به شمار می‌آید (۳). این سرطان دارای دو نوع ارثی (Familial) و غیرارثی (Sporadic) می‌باشد. ۸۰٪ موارد به صورت اسپورادیک هستند در حالی که ۲۰٪ بقیه الگوی توارثی دارند (۴).

همانند سایر سرطان‌ها، فاکتورهای محیطی و ژنتیکی زیادی در ایجاد این بیماری دخیل هستند. احتمالاً سرطان کولورکتال غیرفامیلی با پلی‌مورفیسم‌های موجود در لوکوس‌های ژن‌ها در ارتباط است. یکی از شایعترین انواع پلی‌مورفیسم‌هایی که امروزه در بیشتر مراکز تحقیقاتی جهان برای تعیین ارتباط آنها با سرطان‌ها و بیماری‌های گوناگون مورد مطالعه قرار می‌گیرند، چندشکلی‌های تک نوکلئوتیدی (Single Nucleotide Polymorphisms) یا SNPs می‌باشد.

*نویسنده مسئول مکاتبات: دکتر مهدی منتظرحقیقی؛ تهران، اوین، بیمارستان طالقانی، مرکز تحقیقات بیماری‌های گوارش و کبد؛ پست الکترونیک: mah_montazer@yahoo.com

[Downloaded from pajoohande.sbmu.ac.ir on 2026-11-14]

آنزیم ۵ و ۱۰ متیلن تتراهیدروفولات ردوکتاز که توسط ژن MTHFR (5,10- methylenetetrahydrofolate reductase) کد می‌شود، نقش مهمی در ایجاد ارتباط بین چرخه ساخت و متیلاسیون DNA دارد (۹-۵).

فعالیت MTHFR سبب تبدیل ۵ و۱۰ متیلن تتراهیدروفولات به ۵ متیلن تتراهیدروفولات می‌شود که ماده اول به عنوان سوبسترا برای سنتز DNA لازم است؛ در حالی که دومین ماده در متیلاسیون DNA نقش دارد.

ژن MTHFR یک ژن پلی‌مورفیک می‌باشد و پلی‌مورفیسم‌های تک نوکلئوتیدی متنوعی در آن وجود دارد. یک پلی مورفیسم شایع G1793A می‌باشد که تغییر نوکلئوتید گوانین به آدنین منجر به جایگزینی اسید آمینه آرژنین با گلوتامین در کدون ۵۹۴ می‌شود. این تغییر، با کاهش فعالیت آنزیم همراه است (۱۰). هدف از انجام این تحقیق، بررسی ژنوتیپ G1793A، در افراد مبتلا به سرطان کولورکتال غیرارثی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

این تحقیق یک مطالعه توصیفی است که بیماران به طور مستمر (sequentially) از افرادی که در یک دوره زمانی یک‌ساله از ۸۵/۱/۱ لغایت ۸۶/۶/۱ به بخش کولونوسکوپی بیمارستان طالقانی تهران مراجعه کرده‌اند و نتیجه کولونوسکوپی آنها از نظر وجود بافت توموری با استفاده از آزمایش‌های پاتولوژی تایید شده بود، انتخاب شدند. در نهایت تعداد ۲۴۴ بیمار با این شرایط به مطالعه وارد شدند. بیمارانی که سابقه فامیلی ابتلا به سرطان کولورکتال در بستگان درجه اول (پدر، مادر، برادر، خواهر و فرزند) و درجه دوم (پدربزرگ، مادربزرگ، عمه، خاله، عمو، دایی و نوه) داشتند، از مطالعه خارج شدند. از کلیه بیماران رضایت‌نامه کتبی اخذ و در مورد نحوه استفاده از نتایج و داوطلبانه بودن حق شرکت یا عدم شرکت در این مطالعه، توضیح داده شد. فرم رضایت‌نامه اخلاقی شرکت افراد در مطالعه توسط کمیته اخلاق مرکز تحقیقات گوارش و کبد دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی تصویب شد و مورد استفاده قرار گرفت. از تمامی بیماران ۱۰ میلی‌لیتر خون محیطی جهت انجام آزمایش‌های ژنتیکی گرفته شد.

انتخاب SNP: با بررسی SNP ها در ژن MTHFR با استفاده از بانک اطلاعاتی محتوی اطلاعات مربوط به فرکانس آللی و هتروزایگوتی SNP ها مانند SNP500Cancer (http://snp500cancer.nci.nih.gov/) و سایت اختصاصی پروژه بین‌المللی Hap Map (http://www.hapmap.org) و dbSNP (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/SNP) این SNP انتخاب شد (۱۱) که یک SNP مهم با شماره دسترسی rs2274976 در اگزون ۱۱ این ژن می‌باشد که در سال ۲۰۰۲ برای اولین بار در دنیا تعیین شد (۱۲و۱۳) و هتروزیگوسیتی آن ۰/۱۲۶ می‌باشد.

واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز (PCR): با استفاده از DNA استخراج‌شده از خون محیطی (با استفاده از روش استاندارد فنل- کلروفرم) (۱۴)، ناحیه مورد نظر از ژن MTHFR (شماره دستیابی ژن NC-000001) توسط یک جفت پرایمر که یکی از آنها (پرایمر فوروارد) بیوتینه شده بود، تکثیر یافت. مشخصات مربوط به پرایمرها در جدول ۱ آ مده است. شرایط PCR برای یک واکنش با حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر به این شرح بود: یک میکرولیتر از DNA ژنومی (۱۰۰ نانوگرم)، ۲۰ pM از هر پرایمر، ۰/۲ mM از هر dNTP، ۲mM $MgCl_2$ و ۰/۲ U/µl از Ampli taq Gold پلیمراز.

PCR با برنامه زیر انجام گرفت:

	زمان	دما
	۵ دقیقه	۹۴ درجه سانتی‌گراد
۳۵ سیکل	۳۰ ثانیه	۹۴ درجه سانتی‌گراد
	۴۵ ثانیه	۵۹ درجه سانتی‌گراد
	۴۵ ثانیه	۷۲ درجه سانتی‌گراد
	۱۰ دقیقه	۷۲ درجه سانتی‌گراد

جدول ۱- توالی و مشخصات مربوط به پرایمرهای PCR , Pyrosequencing

پرایمرهای PCR, Pyrosequencing (5'→3')				Score: 98 Quality: High	
پرایمر	Id	توالی پرایمر	bp	Tm°C	GC (%)
PCR	Forward	GTGGGCCTTGTTCTATTCCG	۲۰	۷۰/۶	۵۵
PCR	Reverse	ACGGGGACTCCTCCTCAT	۱۸	۶۸/۴	۶۱/۱
Sequencing	Sequencing	TTGCCCTGTGGATTG	۱۵	۵۴/۶	۵۳/۳

[Downloaded from pajoohande.sbmu.ac.ir on 2026-11-14]

Pyrosequencing

Pyrosequencing یک تکنیک توالی‌یابی DNA می‌باشد که بر اساس تشخیص پایروفسفات (ppi) آزادشده در یک واکنش آبشاری آنزیمی و تولید نور مرئی در حین سنتز DNA عمل می‌کند.

آبشار آنزیمی با پلیمریزاسیون یک نوکلئوتید و آزاد شدن پایروفسفات (ppi) به عنوان نتیجه استفاده آنزیم پلی‌مراز از آن نوکلئوتید، انجام می‌شود. با به‌کارگیری نوکلئوتید به وسیله پلی‌مراز، پایروفسفات، رها شده و متعاقباً ATP را به ATP سولفوریلاز تبدیل می‌کند که انرژی لازم برای تبدیل لوسیفراز به اکسید لوسی‌فرین و تولید نور را فراهم می‌کند و از آنجایی که نوع نوکلئوتید اضافه شده مشخص است، سکانس DNA تعیین می‌گردد (۱۶و۱۵).

Pyrosequencing با استفاده از محصول PCR و یک پرایمر Sequencing انجام شد (جدول ۱).

آنالیز SNP مورد نظر با استفاده از نرم‌افزار مخصوص (SNP Software) صورت گرفت. به این صورت که پیک‌های حاصله بر اساس الگوی پاچش (dispensation) ارزیابی شدند، تعیین ژنوتایپ به وسیله نرم‌افزار PSQ96MA V2.1.1 صورت گرفت و نتایج به صورت گراف بر روی مانیتور متصل به نرم‌افزار آشکار شدند.

آنالیز آماری

متغیرهای کمی به صورت میانگین±انحراف معیار و متغیرهای کیفی به صورت درصد بیان شدند. تجزیه و تحلیل متغیرهای گروه‌بندی شده با آزمون مجذور کای و متغیرهای کمی با آزمون t صورت پذیرفت.

یافته‌ها

از ۲۴۴ نمونه مورد بررسی، ۱۷ بیمار به دلیل عدم تکمیل پرونده اطلاعات آنها، از مطالعه حذف شدند. از ۲۲۷ بیمار باقیمانده، ۱۲۵ نفر (۵۵/۱٪) مرد و ۱۰۲ نفر (۴۴/۹٪) زن بودند. میانگین سنی بیماران ۶۸/۳ سال ثبت شد (جدول ۲). میانگین سنی افراد بیمار دارای ژنوتیپ GG ۶۹/۱±۶/۴ سال و میانگین سنی برای مبتلایان دارای ژنوتیپ GA ۶۶/۸±۶/۱ سال مشخص گردید.

فراوانی آللی در بیماران به ترتیب G =٪۹۹ و A =٪۱ مشاهده شد. فراوانی ژنوتیپ‌ها در بیماران برای ژنوتیپ‌های AA، GA و GG به ترتیب ۰٪ ، ۱/۷٪ و ۹۸/۳٪ تعیین شد و هیچ فردی با دو آلل جهش‌یافته یعنی با ژنوتیپ AA در میان بیماران مشخص نشد.

بین جنسیت و نوع ژنوتیپ اختلاف معنی‌داری مشاهده نشد (p=۰/۶۲۹). میانگین سنی در افراد دارای ژنوتیپ GG و GA با یکدیگر تفاوت معنی‌داری نداشت (p=۰/۴۷۶).

جدول۲- مشخصات بیماران مورد مطالعه

ریسک فاکتور		GG	GA	AA
جنس	مرد	۱۲۲ (۵۴/۷٪)	۳ (۷۵٪)	۰
	زن	۱۰۱ (۴۵/۳٪)	۱ (۲۵٪)	۰
سن		۶۹/۱±۶/۴	۶۶/۸±۶/۱	۰

بحث

آنزیم ۵ و ۱۰ متیلن تتراهیدروفولات ردوکتاز نقش اصلی را در متابولیسم فولات داراست. این آنزیم از یک طرف در تولید پورین برای سنتز DNA و از طرف دیگر در سنتز متیونین و متیلاسیون DNA نقش دارد. احتمال می‌رود پلی‌مورفیسم‌های این ژن در ایجاد سرطان دخیل باشند. یکی از پلی‌مورفیسم‌های این ژن که جدیداً تعیین شده است، ژنوتایپ G1793A می‌باشد و تاکنون هنوز عملکرد مشخصی برای آن تعیین نشده است.

با توجه به این که این پلی‌مورفیسم جدید شناخته شده است و هنوز مطالعات زیادی بر روی آن انجام نشده است، این تحقیق برای اولین بار به بررسی ژنوتایپ ژن MTHFR و سرطان کولورکتال غیرفامیلی در جمعیت بیمار می‌پردازد. بنابراین یافته‌های این تحقیق با نتایج حاصل از تنها مطالعه‌ای که تاکنون بر روی این پلی‌مورفیسم و سرطان اندومتر در جمعیت چین انجام شد، مقایسه گردید که بیانگر تفاوت یافته‌های مطالعه حاضر با نتایج به دست آمده از آن تحقیق است (۱۸)، زیرا نتایج مطالعه در جمعیت چین نشان داد که فراوانی این آلل نادر (G1793A) در جمعیت چین نسبتاً بالاتر (۱۰٪) از سفیدپوستان (۵/۸٪) بوده در حالی که فراوانی این آلل در جمعیت مورد مطالعه این پژوهش (مبتلا به سرطان روده بزرگ) ۱/۷٪ می‌باشد.

پیشنهاد می‌شود به منظور مطالعه دقیق‌تر، یک گروه کنترل به عنوان شاهد انتخاب شود و ژنوتیپ‌های آن تعیین گردد تا ارتباط بین این ژنوتیپ‌ها و سرطان روده بزرگ بررسی شود.

اگرچه مطالعات مشابهی در مورد بررسی این ژنوتیپ و بیماری‌های دیگر انجام گرفته است ولی مزیت‌های این طرح این است که ژنوتیپ‌ها با استفاده از روش جدید پایروسکونسینگ (Pyrosequencing) مورد مطالعه قرار گرفتند و مزیت دیگر آن، جدید بودن مطالعه می‌باشد که تاکنون

[Downloaded from pajoohande.sbmu.ac.ir on 2026-11-14]

بررسی این ژنوتیپ در سرطان کولورکتال مورد ارزیابی قرار نگرفته است.

لازم به یادآوری است که در انجام این تحقیق محدویت‌های زیادی وجود داشت؛ از جمله عدم اندازه‌گیری میزان جذب فولات رژیم غذایی، زیرا کمبود فولات ممکن است منجر به کاهش دسترسی به ۵ متیلن تتراهیدروفولات لازم برای متیلاسیون مجدد هموسیستیین به متیونین شود که این امر می‌تواند به نوبه خود منجر به کاهش سطح متیونین، S آدنوزیل ال متیونین و هایپرمتیلاسیون کلی ژنوم گردد و نهایتاً منجر به افزایش میزان موتاسیون از طریق ناپایدار کردن ژنوم شود. کمبود فولات همچنین ممکن است باعث افزایش خطای همانندسازی DNA از طریق اتصال نابجای یوراسیل به DNA گردد که در نتیجه سبب افزایش میزان شکست کروموزومی خواهد شد. علاوه بر این به نظر می‌رسد که کاهش میزان فولات با هایپرمتیلاسیون توالی‌های CpG در نواحی پروموتوری شماری از ژن‌های مهارکننده و ژن‌های ترمیم‌کننده DNA مرتبط باشد که باعث کاهش بیان این ژن‌ها می‌شود (۲۶-۲۳)؛ لذا پیشنهاد می‌شود که برای انجام مطالعات مشابه بعدی این متغیرها در نظر گرفته شود.

از دیگر محدودیت‌های این مطالعه عدم اطلاع دقیق از میزان مصرف الکل در افراد شرکت‌کننده در این مطالعه بود، چرا که الکل می‌تواند به عنوان یک آنتاگونیست برای فولات عمل کند و نقش بازدارنده در جذب فولات داشته باشد (۲۸-۲۷). بنابراین پیشنهاد می‌شود برای انجام مطالعات مشابه این موضوع نیز مورد توجه قرار بگیرد.

نتیجه‌گیری

به نظر می‌رسد که ژنوتیپ 1793G>A ژن MTHFR در بروز سرطان کولورکتال نقش داشته باشد. به این صورت که افرادی که واجد این ژنوتیپ می باشند، دارای اثر محافظتی در مقابل سرطان روده بزرگ غیرارثی هستند.

REFERENCES

1. John D. Potter. Colorectal cancer: molecules and Populations; J Natl Cancer Inst 1999;91:916-32.

2. Naccarati A, Pardini B, Hemminki K, Vodicka P. Sporadic colorectal cancer and individual susceptibility: A review of the association studies investigating the role of DNA repair genetic polymorphisms; Mutation Research 2007;635:118–145.

3. Moghimi-Dehkordi B, Safaee A, Zali MR. Prognostic factors in 1,138 Iranian colorectal cancer patients. Int J Colorectal Dis 2008 ;7:683-688.

4. Fearon ER, Vogelstein BA. A genetic model for colorectal tumorigenesis. Cell 199;61:759-67.

5. Oyama K, Kawakami K, Maeda K, Ishiguro K, Watanabe G. The association between methylenetetrahydrofolate reductase polymorphism and promoter methylation in proximal colon cancer. Anticancer Res 2004;24:649-54.

6. Issa JP, Ottaviano YL, Celano P, Hamilton SR, Davidson NE, Baylin SB, et al. Methylation of the oestrogen receptor CpG island links aging and neoplasia in human colon. Nat Genet 1994;7:536-40.

7. Duthie SJ, Narayanan S, Brand GM, Pirie L, Grant G. Impact of folate deficiency on DNA stability. J Nutr 2002;132:2444S-49S.

8. Ulrich CM, Curtin K, Samowitz W, Bigler J, Potter JD, Caan B, et al. MTHFR variants reduce the risk of G:C->A:T transition mutations within the p53 tumor suppressor gene in colon tumors. J Nutr 2005;135:2462-7.

9. Narayanan S, McConnell J, Little J, Sharp L, Piyathilake CJ, Powers H, et al. Associations between two common variants C677T and A1298C in the methylenetetrahydrofolate reductase gene and measures of folate metabolism and DNA stability (Strand Breaks, Misincorporated Uracil, and DNA Methylation Status) in Human Lymphocytes In vivo. Cancer Epidemiol Biomarkers Prev 2004;13:1436-43.

10. Kawakami K, Ruszkiewicz A, Bennett G, Moore J, Watanabe G, Iacopetta B, et al .The folate pool in colorectal cancers is associated with DNA hypermethylation and with a polymorphism in methylenetetrahydrofolate reductase; Clin Cancer Res 2003;1:5860-5.

11. Curtin K, Slattery ML, Ulrich CM, Bigler J, Levin TR, Wolff RK, et al. Genetic polymorphisms in one-carbon metabolism: associations with CpG island methylator phenotype (CIMP) in colon cancer and the modifying effects of diet; Carcinogenesis 2007;28:1672-9.

12. Levi F, Pasche C, Lucchini F, La Vecchia C. Selected micronutrients and colorectal cancer. a case-control study from the canton of Vaud, Switzerland; Eur J Cancer 2000;36:2115–19.

[Downloaded from pajoohande.sbmu.ac.ir on 2026-11-14]

13. Harnack L, Jacobs DR Jr, Nicodemus K. Relationship of folate, vitamin B-6, vitamin B-12, and methionine intake to incidence of colorectal cancers. Nutr Cancer 2002;43:152– 58.

14. Choi SW, Mason JB. Folate status: effects on pathways of colorectal carcinogenesis. J Nutr 2002;132:2413S-18S.

15. Osian G, Procopciuc L, Vlad L. MTHFR polymorphisms as prognostic factors in sporadic colorectal cancer. J Gastrointestin Liver Dis 2007;16:251-6.

16. Battistelli S, Vittoria A, Stefanoni M, Bing C, Roviello F. Total plasma homocysteine and methylenetetrahydrofolate reductase C677T polymorphism in patients with colorectal carcinoma. World J Gastroenterol 2006;14:6128-32.

17. Ulvik A, Ueland PM, Fredriksen A, Meyer K, Vollset SE, Hoff G, et al. Functional inference of the methylenetetrahydrofolate reductase 677 C > T and 1298A > C polymorphisms from a large-scale epidemiological study. Hum Genet 2007;121:57-64.

18. Levine AJ, Siegmund KD, Ervin CM, Diep A, Lee ER, Frankl HD, et al. The methylenetetrahydrofolate reductase 677C-->T polymorphism and distal colorectal adenoma risk. Cancer Epidemiol Biomarkers Prev 2000;9:657-63.

19. Choi SW, Mason JB. Folate and carcinogenesis: an integrated scheme. J Nutr 2000;130:129–32.

20. Lievers KJ, Boers GH, Verhoef P. A second common variant in the methylenetetrahydrofolate reductase (MTHFR) gene and its relationship to MTHFR enzyme activity, homocysteine, and cardiovascular disease risk. J Mol Med 2001;79:522– 28.

21. van der Put NM, Gabreels F, Stevens EM, Smeitink JA, Trijbels FJ, Eskes TK, et al. A second common mutation in the methylenetetrahydrofolate reductase gene: an additional risk factor for neural-tube defects; Am J Hum Genet 1998; 62:1044–51.

22. Song C, Xing D, Tan W, Wei Q, Lin D. Methylenetetrahydrofolate reductase polymorphisms increase risk of esophageal squamous cell carcinoma in a Chinese population. Cancer Res 2001;8:3272–75.

23. Hustad S, Midttun O, Schneede J. The methylenetetrahydrofolate reductase 677c→t polymorphism as a modulator of a b vitamin network with major effects on homocysteine metabolism. Am J Hum Genet 2007;80:846–55.

24. Marchand LL, Wilkens LR. The MTHFR C677T polymorphism and colorectal cancer the multiethnic cohort study. Cancer Epidemiol Biomarkers Prev 2005;14:1198-203.

25. Murata M, Ikeda Y, Opare-Sem O, Rosenberg N. The frequent 5,10-methylenetetrahydrofolate reductase C677T polymorphism is associated with a common haplotype in whites, japanese, and Africans. Am J Hum Genet 2002;70:758–62.

26. Bailey LB. Folate, methyl-related nutrients, alcohol, and the MTHFR 677C-->T polymorphism affect cancer risk: intake recommendations. J Nutr 2003;133:3748S-53S.

27. Van den Donk M, van Engeland M, Pellis L. Dietary folate intake in combination with MTHFR C677T genotype and promoter methylation of tumor suppressor and DNA repair genes in sporadic colorectal adenomas. Cancer Epidemiol Biomarkers Prev 2007;16:327-33.

[Downloaded from pajoohande.sbmu.ac.ir on 2026-11-14]