

خلاصه فارسی

مقدمه

BCL2 مهمترین پروتئین ضد آپوپتوز و BAX مهمترین پروتئین پروآپوپتتیک می باشد. بیان آنها، از طریق تنظیم در رونویسی کنترل شده و این روند باعث می شود که سلول به سمت آپوپتوز پیش رود یا دچار نامیرایی شود. بنابراین کیفیت این پروتئین ها، مقادیر آنها و نسبت آن دو به همدیگر می توانند در القاء بدخیمی و همچنین در سلولهای طبیعی تاثیر گذار باشند.

تاکنون درجه بندی قابل قبولی برای لوکمی لنفوبلاستیک حاد ارائه نشده است و این مطالعه قصد دارد علاوه بر توصیف الگوی پلی مورفیسم های ناحیه پرموتری دخیل در بیان این دو پروتئین، گامی اولیه در جهت معرفی معیار یا معیارهایی جهت درجه بندی یا مرحله بندی این بدخیمی معرفی کند تا در اتخاذ روشهای درمانی مناسب تر و اثر بخش تر سودمند واقع شود.

مواد و روش ها

۶۲ بیمار شناخته شده ALL که در مراحل مختلف درمان بیماری قرار داشتند و ۶۲ فرد سالم به عنوان گروه کنترل که از لحاظ سن و جنس همخوانی داشتند در این تحقیقات وارد گردید. گروه بیماران، پس از نمونه گیری به مدت یکسال پیگیری گردیدند. پس از ژنوتایپینگ ناحیه پرموتری ژنهای BCL2 و BAX، توسط متد RFLP-PCR، بیماران در نه گروه بر اساس نوع ژنوتایپ ها مرتب گردیده و تخمین میزان بقاء بیماران از طریق داده های قبلی بیماران محاسبه و به صورت دو به دو باهم مقایسه گردید.

نتایج

میزان فراوانی آلل های AC،AA و CC در گروه بیماران در ناحیه BCL2 C-938A به ترتیب (۵۳/۲۳٪) ۳۳مورد، (۲۹/۰۳٪) ۱۸مورد و (۱۷/۷۴٪) ۱۱ مورد بود. در گروه کنترل (۲۱/۰٪) ۱۳، (۴۳/۵٪) ۲۷، (۳۵/۵٪) ۲۲مورد بود که با که میزان فراوانی این آلل ها در بین دو گروه از لحاظ آماری معنی دار بود (P=0.003). همچنین فراوانی آلل های AA، AG و GG ناحیه پرموتری BAX G- 248A در بین بیماران، (۲۴/۲٪) ۱۵، (۳۸/۷٪) ۲۴ و (۳۷/۱٪) ۲۳ بود که این نسبت در گروه کنترل به

ترتیب (٪) ۱۳(۲۱/۰)، ۲۵ (٪) ۴۰/۳ و ۲۴(۳۸/۷٪) مورد بود که با مقدار $p < 0.05$ از لحاظ آماری این اختلاف فراوانی معنی دار نبود. همچنین تخمین میزان بقاء در بین آلل های مختلف ژن BCL2 در گروه بیماران معنی دار بود ($p=0.002$) ولی در بین آلل های مختلف ژن BAX تخمین میزان بقاء از لحاظ آماری اختلاف معنی داری نشان نداد.

بحث و نتیجه گیری

نتایج این مطالعه نشان دادند که پلی مورفیسم در ناحیه پروموتری ژن BCL2 می تواند به طور معنی داری با میزان شیوع و یا بروز بیماری ALL ارتباط داشته باشد. ولی پلی مورفیسم های ناحیه پروموتری BAX گویایی کافی نشان نمی دهد. همچنین بررسی پلی مورفیسم ناحیه پروموتری BCL2 نسبت به پلی مورفیسم پروموتری ژن BAX از لحاظ تخمین میزان بقاء و یا معرفی سیستم های دسته بندی که بر پایه پلی مورفیسم های ژنی پایه ریزی خواهند گردید، فاکتور کاربردی تری می تواند در نظر گرفته شود. البته معرفی اینگونه سیستمی نیازمند بررسی پلی مورفیسم ژنهای بیشتر و دخیل نمود سایر یافته های آزمایشگاهی و بالینی خواهد بود.

کلمات کلیدی: لوکمی لنفوبلاستیک حاد، BCL2، BAX، مرحله بندی، پلی مورفیسم