

چکیده فارسی:

مقدمه: سرطان کولورکتال یکی از رایج ترین سرطان ها در سطح جهان بوده و از نظر شیوع رتبه ی سوم را در بین سرطان های دیگر دارا می باشد. فاکتورهای رونویسی، به عنوان آخرین عضو از مسیرهای پیام-رسان دخیل در تنظیم چرخه ی سلولی و آپوپتوز، نقش کلیدی و مهمی را در پروسه ی سرطان زایی انواع مختلفی از بدخیمی ها ایفا می کنند. NFATc2 و $\text{PPAR } \gamma$ دو فاکتور رونویسی هستند که نقش داشتن آنها در سرطان کولورکتال طی مطالعات قبلی تایید شده است. در همین راستا در مطالعه ی حاضر، تغییر سطح بیان نسبی این ژن ها طی پدیده ی کارسینوژنز آنالیز شده و ارتباط بیان نسبی این ژن ها با اطلاعات کلینیکوپاتولوژیکی بیماران نیز مورد بررسی قرار گرفت.

روش ها: طی پروسه ی جراحی بیماران مبتلا به سرطان کولورکتال، مجموعه ای از 47 بافت توموری و بافت نرمال حاشیه ای متناسب جمع آوری شد. بعد از استخراج RNA تام، روش Real-time PCR برای اندازه گیری تغییرات بیان ژن های NFATc2 و $\text{PPAR } \gamma$ استفاده شد. تفاوت در سطح بیان mRNA این ژن ها و همچنین ارتباط با ویژگی های کلینیکوپاتولوژیک بیماران با آزمون های آماری مناسب بررسی شد. در آزمون های آماری $P_{\text{value}} < 0/05$ معنی دار تلقی شد.

یافته ها: سطح بیان نسبی ژن NFATc2 در بافت های توموری نسبت به بافت های سالم حاشیه ای به میزان 58٪ افزایش نشان داد (1/58 برابر شده است $p < 0/05$). سطح بیان نسبی ژن $\text{PPAR } \gamma$ نیز در بافت های توموری نسبت به بافت سالم به میزان 9/5٪ کاهش نشان داد، ولی این کاهش بیان در بازه ی

اطمینان تعیین شده معنی دار نبود. [$P_{\text{value}} = 0/598$ C.I.95٪ (0/072-0/310)]

بین تغییرات بیان ژن NFATc2 و $\text{PPAR } \gamma$ و ویژگی های کلینیکوپاتولوژیکی بیماران نیز ارتباط معنی داری مشاهده نشد ($p > 0/05$).

نتیجه گیری: یافته های ما نشان داد که می توان از بیان نسبی ژن NFATc2 به عنوان یک بیومارکر تشخیصی یا پیش بینی کننده در سرطان کولورکتال استفاده کرد. در مورد فاکتور γ PPAR نیز همین توضیحات صادق است، اما برای اثبات این ادعا به مطالعات و بررسی های بیشتری نیاز است.

واژگان کلیدی : Real-time PCR ، γ PPAR ، NFATc2 ، CRC