

چکیده فارسی:

مقدمه: سرطان کولورکتال یکی از رایج ترین سرطان‌ها در سطح جهان بوده و از نظر شیوع رتبه‌ی سوم را در بین سرطان‌های دیگر دارا می‌باشد. فاکتورهای رونویسی، به عنوان آخرین عضو از مسیرهای پیام-رسان دخیل در تنظیم چرخه‌ی سلولی و آپوپتوز، نقش کلیدی و مهمی را در پروسه‌ی سرطان‌زایی انواع مختلفی از بدخیمی‌ها ایفا می‌کنند. NFATc2 و γ PPAR دو فاکتور رونویسی هستند که نقش داشتن آنها در سرطان کولورکتال طی مطالعات قبلی تایید شده است. در همین راستا در مطالعه‌ی حاضر، تغییر سطح بیان نسبی این ژن‌ها طی پدیده‌ی کارسینوژنز آنالیز شده و ارتباط بیان نسبی این ژن‌ها با اطلاعات کلینیکوپاتولوژیکی بیماران نیز مورد بررسی قرار گرفت.

روش‌ها: طی پروسه‌ی جراحی بیماران مبتلا به سرطان کولورکتال، مجموعه‌ای از 47 بافت توموری و بافت نرمال حاشیه‌ای متناسب جمع‌آوری شد. بعد از استخراج RNA تام، روش Real-time PCR برای اندازه‌گیری تغییرات بیان ژن‌های NFATc2 و γ PPAR استفاده شد. تفاوت در سطح بیان mRNA این ژن‌ها و همچنین ارتباط با ویژگی‌های کلینیکوپاتولوژیک بیماران با آزمون‌های آماری مناسب بررسی شد. در آزمون‌های آماری $P_{\text{value}} < 0/05$ معنی‌دار تلقی شد.

یافته‌ها: سطح بیان نسبی ژن NFATc2 در بافت‌های توموری نسبت به بافت‌های سالم حاشیه‌ای به میزان 58٪ افزایش نشان داد (1/58 برابر شده است $p < 0/05$). سطح بیان نسبی ژن γ PPAR نیز در بافت‌های توموری نسبت به بافت سالم به میزان 9/5٪ کاهش نشان داد، ولی این کاهش بیان در بازه‌ی

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

بین تغییرات بیان ژن NFATc2 و γ PPAR و ویژگی‌های کلینیکوپاتولوژیکی بیماران نیز ارتباط معنی‌داری 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 ، PPAR γ ، NFATc2 ، CRC