Molecular screening of prognostically significant leukemia fusion transcript acute lymphoblastic leukemia by multiplex pcr

Lamyaa Nabih Helal El Fadaly

من أكثر السرطانات شيوعا فى الأطفال السرطان الليمفاوى الحاد والذى يكون مصحوبا عادة بتبادل أجزاء من الجينات بين صبغات النواة والتى لها دلالات تنبوئية لمسار المرض واختيار نوع العلاج.إن التعرف على هذه الجينات المعيبة فى مرض السرطان الليمفاوى الحاد جعلت منظمة الصحة العالمية تقسم السرطان الليمفاوى الحاد إلى عدة أنواع:النوع الأول والذى يحتوى على t(12;12) ذو دلالة تنبئوية جيدة الاستجابة للعلاج ويمثل هذا النوع حوالى 20 -25% من حالات السرطان الليمفاوى الحاد.النوع الثانى الذى به السرطان حالات من % 5-6 حوالى النوع هذا ويمثل للعلاج الاستجابة متوسطة تنبوئية دلالة ذو t(1;19) الليمفاوى الحاد.والنوع الثالث به t(22;9)، t(11;4) ذو دلالة تنبوئية سيئة الاستجابة للعلاج ويحتل هذا النوع حوالى 5-6 % (لكل من جين معيب على حدة) من حالات السرطان الليمفاوى الحاد.إن صعوبة التعرف على الجينات المعيبة بسبب تبادل الجينات بين صبغات النواه بالطرق السيتوجينية العادية فى حالات السرطان الليمفاوى الحاد بسبب عدم المقدرة فى الحصول على الميتافيز فى الخلية السرطانية وصعوبة تميز الصبغات والصغر المتناهى للأجزاء المتبادلة إضافة إلى إن هذه الطريقة طويلة ومجهدة واقل حساسية.إن طريقة التعرف على الجينات المعيبة بواسطة الـ FISH، PCR-RT لا يمكن استعمالها للمسح الشامل لعدد كبير من الجينات المعيبة فى وقت واحد لان كل جين معيب له ظروف ملائمة مختلفة عن الأخر فى الحصول عليه.ولذلك كانت طريقة المسح الشامل للجينات المعيبة باستعمال الـ PCR متعدد الاتجاهات التخلقية لتحديد عدد كبير من الجينات المعيبة فى وقت واحد وبدقة متناهية هى الطريقة المثلى.وقد شمل البحث 40 مريضا بسرطان الدم الليمفاوى الحاد كلهم من الأطفال من مستشفى طنطا الجامعى ومعهد الأورام القومى جامعة القاهرة بالإضافة إلى 8 أطفال غير مصابين بسرطان الدم الليمفاوى.وتم إجراء الفحوصات الإكلينيكية والمعملية لجميع الحالات وتم اخذ عينات دم ونخاع عظمى للتشخيص ولإجراء الفحوصات الخاصة بالبحث وتشمل:1- عمل اختبارات الفش لاكتشاف الجينات المعيبة لكل عينة على حدة.2- عمل اختبارات لاكتشاف الجينات المعيبة بطريقة الـ بى سى ار متعدد الاتجاهات التخليقية لتحديد عدد كبير من الجينات المعيبة فى وقت واحد.وتشمل الجينات المعيبة الاتى:t(4; 11)؛ t(1; 19) التخليقية الاتجاهات متعدد ار سى بى الـ نتائج مع الفش توافق النتائج أثبتت وقد t(9; 22) t(12; 21) بدقة 100%.ويبرهن هذا على أن استخدام الـ بى سى ار متعدد الاتجاهات التخليقية يعتبر الأمثل لدقته وسرعته وقلة تكلفته لاكتشاف عد كبير من الجينات المعيبة فى وقت واحد.