

ترجمان دانش

دکتر محمد رفیعی

عنوان: بررسی بیان، ارتباط و ارزش تشخیصی شبکه miR-15a-5p، c-MYB و circHIPK3 در بیماران لوسمی میلوئید حاد

کد سمات: A-12-1757-5

همکاران طرح: لیلا ناصحی، یاسین میرعظیمی، امیرحسین آقایان

دانشکده: پیراپزشکی

تاریخ خاتمه طرح: ۱۴۰۴/۰۶/۲۶

تعیین گروه مخاطب:

- ☐ ۱. رسانه ها و عموم مردم
- ☒ ۲. متخصصین سلامت
- ☐ ۳. سیاست گذاران پژوهشی
- ☐ ۴. سیاست گذاران درمانی

خبر پژوهش:

ژن Circ-HIPK3 می تواند با کاهش بیان در بیماران لوسمی میلوئیدی حاد به عنوان یک تنظیم کننده منفی (tumor suppressor regulator) و یک بیومارکر تشخیصی جدید در نظر گرفته شود.

پیام پژوهش:

لوسمی میلوئیدی حاد (AML) یکی از شایع ترین بدخیمی های خونی با طیف پروگنوزی بسیار گسترده و پاسخ به درمان متفاوت می باشد که این هتروژن سیتی به عوامل مختلفی در رابطه با بیمار و بدخیمی ارتباط دارد. بنابراین آگاهی از پاتوفیزیولوژی AML به کشف بیومارکرهای پروگنوزی، دیاگنوزی و اهداف درمانی جدید در این بیماری کمک می کند.

بیان نسبی ژن Circ-HIPK3 در گروه بیماران AML (۴۰ نفر) نسبت به گروه کنترل (۳۲ نفر) به طور معناداری کاهش داشت و طبق آنالیز منحنی ROC، سطح منحنی زیر نمودار (AUC) ۰,۷۶۲ بود. همچنین شاخص های تشخیصی خوبی در رابطه با بررسی بیان Circ-HIPK3 در نمونه خون محیطی بیماران (PB) به عنوان یک روش تشخیصی غیرتهاجمی و کم هزینه مشاهده شد.

بنابراین این مطالعه به افزایش آگاهی نسبت به پاتوفیزیولوژی بیماران AML و کشف بیومارکرهای پروگنوزی و دیاگنوز و گسترش اهداف درمانی جدید در بیماران AML کمک می کند. Circ-HIPK3 می تواند به عنوان یک تنظیم کننده منفی (tumor suppressor regulator) و یک بیومارکر تشخیصی جدید در نظر گرفته شود.