مجله علوم پزشکی دانشگاه آزاد اسلامی
دوره ۱۵، شماره ۳، پاییز ۸۴، صفحات ۱۱۳ تا ۱۲۰

Original Article

ارزیابی‌بازآرایی بای/اولیگوکلونال ژن‌های ایمونوگلوبولین و گیرنده‌های لنفوسیت T در کودکان ایرانی مبتلا به لوسمی لنفوبلاستی حاد از نوع پیش‌سازهای B

دکتر بهزاد پوپک[۱]، دکتر علی اکبر پورفتح اله[۲]، دکتر حسین نجم آبادی[۳]، دکتر سید حسین یحیوی[۴]، دکتر یوسف مرتضوی[۵]، دکتر پروانه وثوق[۶]، دکتر شهلا انصاری دماوندی[۷]، دکتر خدیجه ارجمندی رفسنجانی[۷]، دکتر محمد تقی ارزانیان[۸]، دکتر مینا ایزدیار[۹]، دکتر غلامرضا باهوش[۷]، دکتر الهام شاهقلی[۷]، دکتر امیر علی حمیدیه[۱۰]، دکتر محمد فرانوش[۱۱]،دکتر گلاره خسروی پور[۱۲]، فریبا حق نژاد دوشانلو[۱۳]

[۱] استادیار، گروه هماتولوژی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد پزشکی تهران
[۲] استاد، گروه هماتولوژی، دانشگاه تربیت مدرس
[۳] دانشیار، گروه ژنتیک، دانشگاه علوم بهزیستی
[۴] استاد، گروه بیهوشی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد پزشکی تهران
[۵] استادیار، دانشگاه علوم پزشکی زنجان
[۶] استاد، گروه هماتولوژی، دانشگاه علوم پزشکی تهران
[۷] استادیار، گروه هماتولوژی، دانشگاه علوم پزشکی تهران
[۸] استاد، گروه هماتولوژی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی
[۹] دانشیار، گروه هماتولوژی، دانشگاه علوم پزشکی تهران
[۱۰] فلوشیپ هماتولوژی-انکولوژی اطفال، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی
[۱۱] فلوشیپ هماتولوژی-انکولوژی اطفال، دانشگاه علوم پزشکی تهران
[۱۲] پزشک، آزمایشگاه پیوند
[۱۳] کارشناس، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد پزشکی تهران

چکیده

سابقه و هدف: *بازآرایی کلونال ژن‌های ایمونوگلوبولین و گیرنده لنفوسیت T در کودکان مبتلا به لوسمی لنفوبلاستی حاد ممکن است به شکل منوکلونال، بای یا اولیگوکلونال باشد. با توجه به مشخص نبودن الگوی بای/ اولیگوکلونال در بیماران ایرانی مطالعه حاضر در کودکان مبتلا به لوسمی لنفوبلاستی حاد از نوع پیش ساز های B انجام شد.*

روش بررسی: *در مطالعه آینده‌نگر حاضر ۱۴۰ بیمار با تشخیص B-precursor ALL برای مطالعه انتخاب شدند. پس از استخراج DNA آزمایش PCR به منظور تکثیر منطقه خیلی متغیر IgH، Igκ، TCR-δ، (Dδ2-Dδ3,Vδ2-Dδ3) TCR-γ, (V γ I ، V γ II ، V γ) با استفاده از پرایمرهای مشترک انجام شد. نمونه‌های روزهای ۱۴، ۲۸، ۴۵، هفته دهم تا سه ماه، شش ماه و بیش از ۶ ماه نیز از بیماران تهیه شد و روشهای زمان تشخیص برای این نمونه‌ها نیز انجام شد.*

یافته‌ها: *۱۱۴ بیمار (۹۰/۵٪) دارای بازآرایی کلونال درژن IgH با استفاده از پرایمرهای مشترک نواحی CDR-III و CDR-I بودند (منوکلونال۵۷/۸٪، بای‌کلونال ۳۴/۹٪ و اولیگوکلونال۵/۵٪). الگوی کلونال Igκ-Kde در ۵۹ بیمار (۶۷٪) وجود داشت (۱۰٪ بای‌کلونال). بازآرایی کلونال γ -TCR شامل V γ I و V γ II/V γ و V γ به ترتیب در ۶۴/۹٪ و ۷۹/۳٪ از بیماران وجود داشت (بای‌کلونال ۵٪). بازآرایی V γ II شایعترین نوع (۴۶/۸٪) بود. ۴۷ (۴۵/۲٪) و ۱۱ (۱۶/۶٪) نفر از بیماران به ترتیب دارای بازآرایی Vδ2-Dδ3 (۲۷/۷٪ بای‌کلونال، ۴/۳٪ الیگوکلونال) و Dδ2-Dδ3 (یک بیمار با الگوی بای‌کلونال) بودند. تفاوت معنی‌داری بین دو گروه با بازآرایی منوکلونال و بای‌کلونال و نتایج پاسخ به درمان در روز ۱۴، ۲۸ و روز ۴۵ تا یکسال پس از درمان وجود نداشت.*

نتیجه‌گیری: *الگوی بای/ اولیگوکلونال در ژن‌های بازآرایی شده IgH، TCR-γ، TCR-δ و Igκ تقریبا مشابه گزارشهای قبلی است و از نظر پاسخ به درمان نیز اختلاف معنی‌داری تا زمان پیگیری بین دو گروه با بازآرایی منوکلونال و بای‌کلونال وجود نداشت.*

واژگان کلیدی: *بازآرایی ژن، لوسمی لنفوبلاستی حاد، الگوی بای‌کلونال.*

مقدمه

بازآرایی ژن ایمونوگلوبولین (Ig) و گیرنده لنفوسیت T (T cell receptor = TCR) شاخصهای منحصر بفردی را برای ارزیابی کلونالیتی (Clonality) و حداقل بیماری باقیمانده در لوسمی‌لنفوبلاستی‌حاد (Acute lymphoblastic leukemia=ALL) بوجود می‌آورد. این بازآرایی که ممکن است در زمان تشخیص

آدرس نویسنده مسئول: تهران، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد پزشکی، دکتر بهزاد پوپک
(**email**: bpoopak@yahoo.com)
تاریخ دریافت مقاله: ۱۳۸٤/۵/۱۳
تاریخ پذیرش مقاله: ۱۳۸٤/۸/۱۰

[Downloaded from tmuj.iautmu.ac.ir on 2026-11-15]

تک/دو یا چند دودمانی باشد تقریبا در تمامی کودکان مبتلا به ALL وجود دارد (۴-۱).

بازآرایی ژن TCR و Ig در لوسمی لنفوبلاستی حاد از نوع پیش‌سازهای B و T ممکن است مستعد به تشکیل زیر کلون (Subclone) باشد. این فرایند بخاطر ادامه روند بازآرایی و یا بازآرایی ثانویه بعلت وجود سیستم فعال آنزیم recombinase در بدخیمی‌های نارس لنفوئید است. در مطالعات مختلف روی ALL کودکان از نوع پیش‌سازهای B، اولیگوکلونالیتی با میزانهای متفاوت در ژنهای بازآرایی شده در زمان تشخیص گزارش شده است. به عنوان مثال باز آرایی بای/ اولیگوکلونال در ژن IgH را ۴۵-۱۵٪ گزارش کرده‌اند (۷-۵). هدف از مطالعه حاضر که برای اولین بار در ایران انجام می‌شود ارزیابی موارد بای/ اولیگوکلونال در کودکان ایرانی مبتلا به لوسمی لنفوبلاستی حاد از نوع پیش‌سازهای B از جنبه‌های مختلف از جمله فراوانی، ارتباط با پارامترهای کمی و کیفی و بالاخره از نظر پاسخ به درمان است.

مواد و روشها

در این مطالعه آینده‌نگر، ۱۸۳ کودک با تشخیص لوسمی حاد قبل از شروع درمان مورد بررسی قرار گرفتند. پس از ارزیابی مرفولوژیک (L_1=٪۴۴ و L_2=٪۴۱) و ایمونوفنوتیپ، ۱۴۰ بیمار با تشخیص B-precursor ALL (BP-ALL) برای مطالعه انتخاب شدند. اطلاعات مربوط به تاریخچه پزشکی، علایم بالینی، اولین CBC و ایمونوفنوتیپ بیماران ثبت شد. ۱۶ مورد به دلایل مختلف از جمله دژنره شدن سلول‌ها، ارسال نمونه پس از اولین دوره درمان، همولیز شدید، کهنه بودن نمونه و آلودگی باکتریایی از پژوهش حذف شدند. سلولهای تک‌هسته‌ای که بلاست‌ها را نیز شامل می‌شدند با گرادیان غلظتی (Ficoll: 1.077-1.080 g/cm^2) جدا شدند. استخراج DNA سلول‌های تک‌هسته‌ای به دو روش اصلاح شده میکرو (manual) و با استفاده از کیت استخراج (High Pure PCR Template, (Roche, Cat. No. 1-796-828 انجام شد. برای اطمینان از کیفیت DNA استخراج شده اندازه‌گیری غلظت، درجه خلوص (OD260/OD280) DNA (biophotometer Eppendorf)، الکتروفورز بر روی ژل آگارز ۱٪ به منظور ارزیابی فراگمانتاسیون و انجام آزمایش PCR با پرایمرهای ژن β-گلوبین انجام شد. آسپیره‌های مغز استخوان طبق برنامه از پیش تعیین شده پس از شروع شیمی‌درمانی (به روش BFM) و نیز در روزهای ۱۴، ۲۸، ۴۵، هفته دهم تا سه ماه، شش ماه و بیش از ۶ ماه از بیماران تهیه شد و پروتکل‌های تهیه گستره، رنگ‌آمیزی رایت، جداسازی سلول‌های تک‌هسته‌ای و استخراج DNA و کنترل کیفیت مثل نمونه‌های قبلی انجام شد. برای تکثیر ژن IgH، زنجیره سبک κ، ژن TCR-γ, (Dδ2-Dδ3, Vδ2-Dδ3) TCR-δ (Vγ، VγII،V γ I) بازآرایی شده از روشهای موجود استفاده شد (۷-۵،۱۰، ۱۲،۱۶،۱۳).

برای تمام واکنشها، کنترل مثبت (ارسالی توسط پروفسور Toneو بیمارانی که بازآرایی مثبت داشتند)، کنترل منفی (آب مقطر استریل و مخلوط اصلی Master mix) و کنترل مخلوط DNA پلی‌کلونال استخراج شده از سلولهای تک هسته‌ای خون محیطی ۸ فرد سالم و نیز با استفاده از پرایمرهای عمومی ژن زنجیره بتاگلوبین به عنوان استاندارد داخلی منظور شد.

برای افتراق محصولات PCR تک دودمانی از محصولات PCR پلی‌کلونال طبیعی یا واکنشی در ارزیابی بازآرایی ژن‌های Igκ و IgH پس از آنالیز هترودوپلکس (محصولات PCR ابتدا ۵ دقیقه در ۹۵ درجه سانتی‌گراد و سپس ۶۰ دقیقه در ۴ درجه در ترمال سایکلر قرار گرفتند)، الکتروفورز بر روی ژل پلی‌آکریلامید ۸٪ (۲۰۰ ولت/۹۰ دقیقه) انجام شد و از رنگ‌آمیزی نقره برای مشاهده باندها استفاده شد. به منظور تایید محصولات تکثیر شده، تعیین توالی بر روی تعدادی از نمونه‌ها پس از الکتروفورز بر روی ژل آگارز ۱٪ و مرحله خالص‌سازی با استفاده از کیت Mega Pure انجام شد (کمپانی SEQ Lab آلمان) و با توالی‌های مشابه در بانک ژنی مقایسه شد.

آنالیز آماری با برنامه نرم‌افزاری SPSS و آزمونهای t-test، Mann Whitney U-test و کای‌دو انجام شد.

یافته‌ها

در مطالعه حاضر ۱۸۳ کودک با تشخیص اولیه لوسمی حاد مورد بررسی قرار گرفتند که پس از ارزیابی سیتومرفولوژیک و ایمونوفنوتیپی، ۷ بیمار مبتلا به لوسمی میلوئیدی حاد (Acute myelogenous leukemia=AML)، ۹ بیمار مبتلا به T-ALL، یک نفر مبتلا به بیماری هوچکین، یک نفر مبتلا به لنفوم بورکیت و ۱۴۰ مورد مبتلا به لوسمی لنفوبلاستی حاد از نوع پیش‌سازهای B (BP-ALL) بودند. در گروه BP-ALL ۷۲ نفر(۵۳/۳٪) پسر و۶۳ نفر(۴۶/۷٪) دختر بودند. میانگین سنی کودکان مبتلا ۳/۵±۵/۳ سال (از حداقل شش ماه تا حداکثر ۱۳ سال) بود. شایعترین شکایات عمده بیماران عبارت بودند از: کم‌خونی و علائم مربوط به آن از جمله رنگ‌پریدگی،

[Downloaded from tmuj.iautmu.ac.ir on 2026-11-15]

ضعف و بی‌حالی، تب و دردهای استخوانی. سابقه فامیلی ابتلا به بیماریهای بدخیم از جمله لوسمی در ۸/۷٪ از بیماران وجود داشت. شایعترین علائم بالینی بیماران عبارت بودند از: تب (۳۱/۹٪)، کم‌خونی و علائم آن (۵۵/۱٪)، بزرگی طحال (۴۳/۵٪) و بزرگی کبد (۳۶/۲٪)، علائم خونریزی (۲۴/۶٪)، تورم غدد لنفاوی (۱۶/۴٪)، کاهش وزن (۱۰/۱٪)، عفونت و علائم آن (۲/۹٪) و علائم درگیری CNS (۱/۴٪).

با توجه به ارزیابی‌های ایمونوفنوتیپی با فلوسیتومتری، سه شاخص شایع در بیماران عبارت بودند از: CD19 (۷۴٪)، CD10 (۵۷٪) و HLA-DR (۵۳٪).

از ۱۲۶ بیمار مبتلا به BP-ALL، ۱۰۷ بیمار (۸۴/۹٪) دارای بازآرایی کلونال در ژن IgH در ناحیه CDR-3 بودند (شکل ۱). از این گروه ۶۳ نفر (۵۸/۹٪) دارای بازآرایی منوکلونال، ۳۸ نفر (۳۵/۵٪) بازآرایی بای‌کلونال و ۶ نفر (۵/۶٪) بازآرایی اولیگوکلونال بودند.

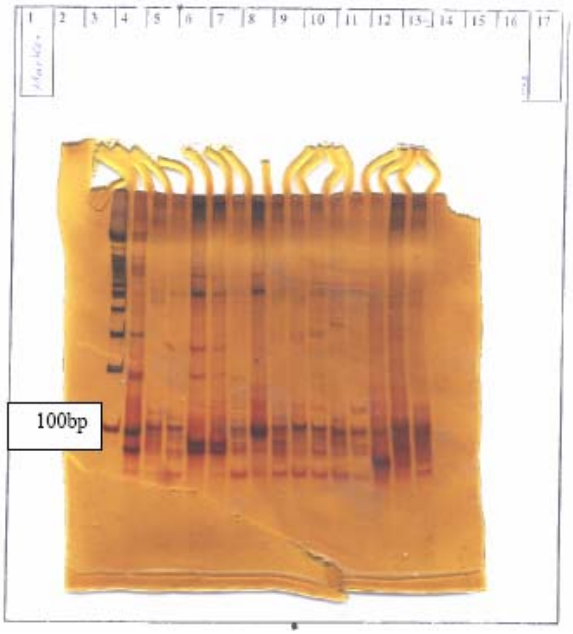
بازآرایی ژن زنجیره سبک ایمونوگلوبولین از نوع کاپا (κ) در ۸۸ بیمار مبتلا به BP-ALL ارزیابی شد که در ۵۹ (۶۷٪) بیمار یکی از بازآرایی‌های VkI تا VkIV (شکل۲) مشاهده شد (جدول ۱).

جدول ۱- فراوانی بازآرایی Igk (VkI-IV/kde) در ۹۴ بیمار مبتلا به BP-ALL

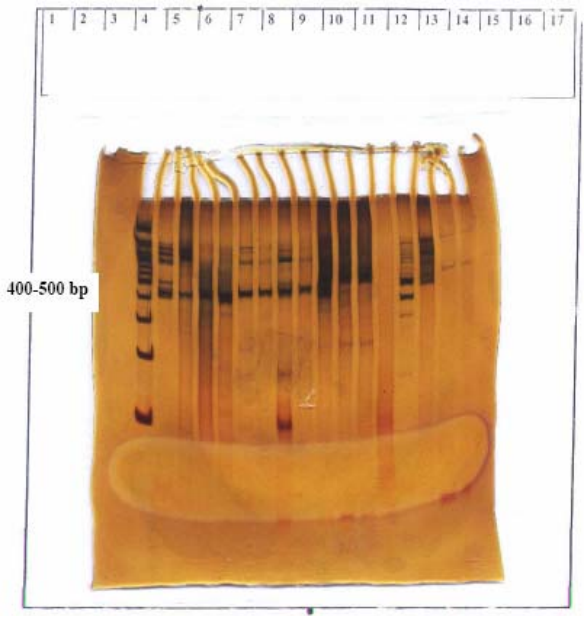
بازآرایی	VKI/kde	VKII/kde	VKIII/kde	VKIV/kde
کلونال	۲۲(۲۵/۰)*	۱۴(۱۵/۹)	۲۰(۲۲/۷)	۳(۴/۴)
منوکلونال	۲۰(۹۰/۹)	۱۳(۹۳)	۱۸(۹۰)	۲
بایکونال	۲(۹/۱)	۱(۷)	۲(۱۰)	۱

* اعداد داخل پرانتز معرف درصد هستند

بازآرایی کلونال ناحیه متغیر (V=Variable) ژن گیرنده لنفوسیت T از نوع گاما (TCR-γ) در ۱۲۶ بیمار BP-ALL به دو صورت ارزیابی شد. در حالت اول موارد مثبت و مثبت همراه اسمیر خفیف کلونال در نظر گرفته شد در حالیکه در حالت دوم فقط مواردی که باند بدون اسمیر داشتند کلونال تلقی شدند. در این بین ۱۰۰ (۹۶٪) مورد منوکلونال و ۵ مورد (۴٪) بای‌کلونال گزارش شد ولی هیچ مورد اولیگوکلونالی مشاهده نشد (شکل ۳). بازآرایی VγI-JγI.3/2.3 و VγI-JγI.1/2.1 از ژن TCR-γ مورد ارزیابی قرار گرفت که نتایج آن در جدول ۲ آمده است. برای بیمارانی که فاقد بازآرایی ناحیه VγI بودند، منطقه VγII از ژن TCR-γ مورد ارزیابی قرار گرفت (جدول ۳).

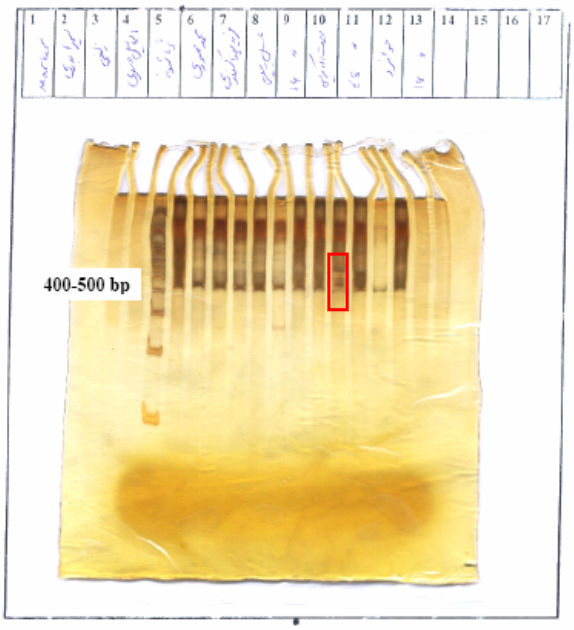


شکل ۱- نتایج بازآرایی زنجیره سنگین ایمونوگلوبولین. لاین ۸ و ۱۴ بازآرایی منوکلونال را به صورت یک باند و لاین ۵،۲ و ۶ بازآرایی بای‌کلونال با حضور دو باند را نشان می‌دهند. لاین ۱۵و۱۶ حالت اسمیر را که نشان‌دهنده عدم وجود بازآرایی کلونال است، نشان می‌دهند



شکل ۲- نتایج بازآرایی زنجیره سبک ایمونوگلوبولین. لاین ۶ تا ۹ بازآرایی منوکلونال را به صورت یک باند و لاین ۲و۱۴ بازآرایی بای‌کلونال با حضور دو باند را نشان می‌دهد. بقیه لاین‌ها حالت اسمیر یا منفی را نشان می‌دهند.

[Downloaded from tmuj.iautmu.ac.ir on 2026-11-15]



شکل ۳- نتایج بازآرایی ژن گیرنده لنفوسیت T نوع گاما. لاین ۷-۳ بازآرایی منوکلونال را به صورت یک باند با اسمیر خفیف زمینه، لاین ۱۰ بازآرایی بای کلونال با حضور دو باند و لاین‌های ۹،۸،۲، ۱۱ و ۱۳ حالت اسمیر را که نشان‌دهنده عدم وجود بازآرایی کلونال است، نشان می‌دهد.

جدول۲- فراوانی بازآرایی کلونال ژن گیرنده لنفوسیتT از نوع γ در ناحیه VγI*

بازآرایی	VγI-Jγ1.3/2.3	VγI-Jγ1.1/2.1	VγI-γ1.3/2.3+Jγ1.1/2.1
کلونال	(۲۷)۲۰	(۱۳/۶)۱۰	(۲۹/۷)۲۲
منوکلونال	(۸۵)۱۷	(۷۰)۷	(۸۱/۸)۱۸
بای‌کونال	(۱۵)۳	(۳۰)۳	(۱۸/۲)۴

*در ستون سوم مجموع مواردی که با Jγ1.3/2.3 یا Jγ1.1/2.1 مثبت بوده‌اند، لحاظ شده است و مواردی که با هر دو مثبت بوده‌اند، حذف شده است. اعداد داخل پرانتز نیز معرف درصد هستند.

جدول۳- فراوانی بازآرایی کلونال در ژن گیرنده لنفوسیت T از نوع γ در ناحیه VγII*

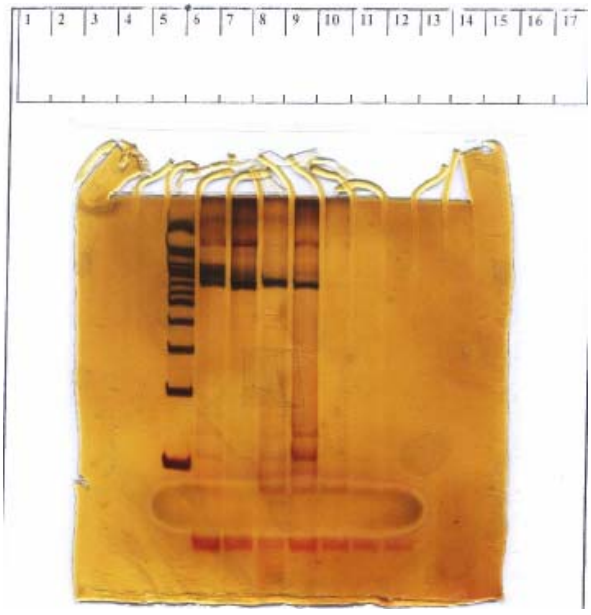
بازآرایی	VγII-γ1.3/2.3	VγII-γ1.1/2.1	VγIIJγ1.3/2.3OrJγ1.1/2.1
کلونال	(۳۱/۲)۲۰	(۲۹/۲)۱۲	(۴۵/۳)۲۹
منوکلونال	(۱۰۰)۲۲	(۹۱/۶)۱۱	(۹۶/۵)۲۸
بای‌کونال	۰	(۸/۴)۱	(۳/۵)۱

* در ستون سوم تنها مواردی قید شده است که بازآرایی یکی از دو ناحیه Jγ1.3/2.3 یا Jγ1.1/2.1 را داشته باشد و مواردی که با هر دو مثبت بوده‌اند، لحاظ نگردیده است. اعداد داخل پرانتز نیز معرف درصد هستند.

نتایج کلی بازآرایی مناطق VγI (۲۹/۴٪) و VγII (۴۶/۸٪) از ژن TCR-γ نشان دهنده بازآرایی کلونال در ۶۴/۹٪ از بیماران ارزیابی شده است. نتایج ارزیابی بازآرایی ژن گیرنده لنفوسیت T از نوع دلتا(TCR-δ) که برای دو بازآرایی Vδ2-Dδ3 و Dδ2-Dδ3 (شکلهای ۴و۵) انجام شد در جدول ۴ آورده شده است.



شکل ۴- نتایج بازآرایی ژن گیرنده لنفوسیت T نوع دلتا (V δ 2 D δ 3). لاین ۱۰ بازآرایی منوکلونال را به صورت یک باند، لاین ۴ و ۵ بازآرایی بای‌کلونال با حضور دو باند و لاین ۲ بازآرایی اولیگوکلونال را نشان می‌دهد. لاین‌های ۹-۶ و ۱۱ حالت اسمیر و نردبان را که نشان‌دهنده عدم وجود بازآرایی کلونال است، نشان می‌دهند.



شکل ۵- نتایج بازآرایی ژن گیرنده لنفوسیت T نوع دلتا (D δ 2 D δ 3). لاین ۵-۲ بازآرایی منوکلونال را به صورت یک باند نشان می‌دهد.

[Downloaded from tmuj.iautmu.ac.ir on 2026-11-15]

جدول۴- فراوانی بازآرایی کلونال Vδ2-Dδ3 و Dδ2-Dδ3 از ژن TCR-δ

بازآرایی	ژن TCR-δ	
	Vδ2-Dδ3	Dδ2-Dδ3
کلونال	۴۷(۴۵/۲)*	۱۱(۱۶/۶)
منوکلونال	۳۲(۶۸/۱)	۱۰(۹۱)
بای‌کونال	۱۳(۲۷/۷)	۱(۹)
اولیگوکلونال	۲(۴/۳)	۰
مجموع هر دو بازآرایی	۵۸(۵۵/۸)	

*اعداد داخل پرانتز نیز معرف درصد هستند

میانگین متغیرهای کمی شامل سن، شمارش گلبولهای سفید خون، پلاکت، هموگلوبین، LDH و شاخصهای ایمونوفنوتیپ (CD2,3,5,10,19,20,34,22c,22s,TdT,HLA-DR) در دوگروه با بازآرایی منوکلونال و بای‌کلونال IgH، TCR-γ ، TCR-δ و Igκ تفاوت معنی‌داری نشان ندادند. تنها تفاوت معنی‌دار بین دو گروه منوکلونال و بای‌کونال Igκ، میانگین شاخصهای CD19 (۷۳/۷±۷/۰ در مقابل ۵۱/۴±۱۶/۲، p<۰/۰۱) و CD20 (۲۶/۷±۱۱/۶ در مقابل ۹/۵±۴/۴، p<۰/۰۱) بود.

میانگین HLA-DR در دو گروه با بازآرایی منوکلونال و بای‌کونال TCR-γ تفاوت معنی‌داری نشان داد (۴۸/۸±۷/۰ در مقابل ۸۲/۴±۴/۰، p<۰/۰۵).

بین متغیرهای کیفی شامل جنس، تب، کم‌خونی، هپاتومگالی، اسپلنومگالی، کاهش وزن، تمایل به خونریزی، عفونت و تورم غدد لنفاوی در دو گروه با بازآرایی منوکلونال و بای‌کلونال IgH، TCR-γ، TCR-δ و Igκ تفاوت معنی‌داری گزارش نشد.

تفاوت معنی‌داری بین دو گروه با بازآرایی منوکلونال و بای‌کلونال IgH، TCR-γ، TCR-δ و Igκ و نتایج پاسخ به درمان مثبت و منفی در روز ۱۴، ۲۸ و روز ۴۵ تا یکسال پس از درمان وجود نداشت.

بحث

در ارزیابی بازآرایی‌های ژن های TCR-δ, TCRγ, IgH و IgK پس از انجام آزمایش هترودوپلکس و الکتروفورز بر روی ژل با قدرت تفکیک بالا (پلی‌آکرپلامید ۸٪) و رنگ‌آمیزی نقره بر اساس تعداد باندها، بازآرایی‌ها در سه گروه منوکلونال، بای‌کلونال و اولیگوکلونال قرار می‌گیرند. بازآرایی ژن IgH در بیماران ایرانی در ۵۸٪، ۳۵٪ و ۵/۵٪ موارد به ترتیب منوکلونال، بای‌کلونال و اولیگوکلونال بود. مطالعات مختلف فراوانی بازآرایی بای/ اولیگوکلونال را ۴۵-۱۵٪ در BP-ALL گزارش نموده‌اند (۱۰-۸) که دراین راستا با نتایج حاصل مطابقت دارد. نکته جالب دیگر در مطالعه حاضر وجود بای‌کلونالیتی در بازآرایی IgH در T-ALL بود که ۳ بیمار از ۴ بیمار دارای بازآرایی، الگوی بای‌کلونال داشتند که برای حصول نتایج بهتر باید تعداد نمونه بیشتری را ارزیابی نمود.

در مورد TCR-γ با بررسی ناحیه متغیر (V) تنها ۴٪ از بیماران الگوی بای‌کلونال داشته و هیچ مورد اولیگوکلونال مشاهده نشد. در بررسی با پرایمرهای گروه VγI و VγII به ترتیب بای‌کلونالیتی در ۱۸/۲٪ و ۸/۴٪ بیماران مشاهده شد. بازآرایی دو آللی (Bi-allelic) در ۳۵٪ موارد BP-ALL گزارش شده است (۱۱) اما بیش از دو بازآرایی TCR-γ تنها در ۳٪ موارد ثبت شده است که همگی جزء گروه BP-ALL بودند (۱۱). علت شیوع کمتر بای/اولیگوکلونالیتی در TCR-γ فعالیت کمتر سیستم V(D) Jrecombinase است که در بازآرایی Ig و TCR مسئول بازآرایی رده متقاطع می‌باشد (۱۲،۱۳). علت دیگر در دسترس نبودن لوکوس TCR در پیش‌سازهای خیلی نارس لنفوئیدی است.

اولیگوکلونالیتی TCR-γ در BP-ALL ۸-۰٪ (۱۷-۱۴) و در T-ALL ۵-۰٪ (۱۴،۷،۲۱-۱۸) گزارش شده است. تنها مورد استثناء مطالعه Szczepanski و همکاران بود که اولیگوکلونالیتی در ۳۸٪ از بیماران BP-ALL گزارش شده است (۱۲). در مطالعه Tone و همکاران که اولیگوکلونالیتی با حضور بیش از دو بازآرایی در یک بیمار بدون پلی‌زومی کروموزوم ۷ تعریف شده بود، در ۴٪ بیماران ALL رده B الگوی اولیگوکلونال گزارش شد و هیچ بیمار T-ALL این الگو را نداشت (۱۱).

در مطالعه حاضر ۲۷/۷٪ از موارد بازآرایی Vδ2Dδ3 دارای الگوی بای‌کلونال و ۴/۳٪ الگوی اولیگوکلونال داشتند. در مورد Dδ2Dδ3 تنها در یک بیمار (۹٪) بازآرایی بای‌کلونال مشاهده شد.Zurstadt و Grumayer بازآرایی بای/ اولیگوکلونال را به ترتیب در ۲۵٪ و ۳۰٪ از کودکان مبتلا به BP-ALL گزارش نمودند (۲۳،۲۲). طبق نظر Grumayer و همکاران بازآرایی‌های چندگانه TCR-δ(V-D) یا TCR-γ فقط ناشی از بازآرایی از وضعیت اولیه بر روی آللهای مختلف است زیرا فرایند بازآرایی بیشتری بر روی بازآرایی موجود اتفاق نمی‌افتد. استثناء در مورد بازآرایی ثانویه و اتصال Vδ2Dδ3 به ناحیه Jα می‌باشد که منجر به حذف لوکوس TCR-γ می‌شود. این نوع بازآرایی در ۲۰٪ از بیماران BP-ALL گزارش شده است.

ژن IgH بر روی کروموزوم ۱۴ قرار داشته و در پلی‌زومی ۱۴ بیشتر توسط PCR تکثیر شده و می‌تواند توجیهی بر اولیگوکلونالیتی باشد. Kitchingman و همکاران

[Downloaded from tmuj.iautmu.ac.ir on 2026-11-15]

هیپردیپلوئیدی را در ۹ نفر از ۱۸ بیماری که الگوی اولیگوکلونال داشتند، گزارش نمودند (۷). ۸ نفر از این گروه پلی‌زومی ۱۴ داشتند. Tone و همکاران تغییر در کروموزوم ۱۴ بصورت پلی‌زومی (یک مورد) و یک مورد t(2;14) را تنها در دو بیمار از بیمارانی که بازآرایی بای/ اولیگوکلونال داشتند، گزارش کردند. این مکانیسم می‌تواند نشان دهد مکانیسمی علاوه بر پلی‌زومی ممکن است عامل این مسئله باشد (۷).

توجیه دیگر حضور دو جمعیت متفاوت در مغز استخوان، حضور دو اتفاق مجزا بخاطر تشکیل زیرکلون (Subclone) می‌باشد. چهار مکانیسم برای تشکیل زیرکلون پیشنهاد شده است: جایگزینی VH با VH، بازآرایی VH با قطعه D-JH بازآرایی شده از قبل، جایگزینی در ژن بازآرایی شده D-JH، بازآرایی ادامه‌دار در سلول‌های پیش‌ساز بازآرایی نشده.

بازآرایی چندگانه V_HDJ_H و ادامه‌دار در ژن IgH در سلول‌های بدخیم ALL شایع بوده و نشان می‌دهد مهار فعالیت سیستم آنزیمی Recombinase ممکن است در بلاست‌های ALL اتفاق نیفتد (۶). توالی پیام نوترکیب (RSS) بخش Kde تقریباً ۲Kb پایینتر از قطعه ژنی CK قرار گرفته و می‌تواند با قطعه‌های ژنی VK (VKI-VKVI) بازآرایی یافته و منجر به بازآرایی VK-Kde (حذف JK-CK) شود. تنوع ناحیه اتصال بازآرایی IgK-Kde در BP-ALL نسبتاً زیاد است بطوریکه متوسط ورود (insertion) ۴/۷ نوکلئوتید و متوسط حذف ۹/۵ نوکلئوتید است (۲۴). فراوانی و ناحیه اتصالی نسبتاً بزرگ بازآرایی IgK-Kde اهداف جالبی را برای PCR در ارزیابی MRD فراهم می‌سازد. علاوه بر این بر خلاف اکثر بازآرایی‌های ژنی IgH، TCR-γ و TCR-δ بازآرایی ادامه‌دار یا ثانویه ندارند و این مسئله ناشی از عدم حضور RSS در منطقه پائین Kde است. بنابراین می‌توان آنها را بعنوان بازآرایی مرحله نهایی در نظر گرفت. اطلاعات حاصل از دو روش PCR و SB مشخص ساخت که بازآرایی منوکلونال IgK-Kde در هر دو گروه بیماران بازآرایی منوکلونال/ اولیگوکلونال IgH با فراوانی قابل مقایسه اتفاق می‌افتد. بنابراین با توجه به فراوانی نسبتاً زیاد (~۵۰٪) در BP-ALL بخصوص که غالباً بازآرایی در هر دو آلل اتفاق می‌افتد (~۵۰-۶۰٪) بنظر می‌رسد لوکوس IgK راحت در دسترس سیستم آنزیمی Recombinase قرار می‌گیرد و بدین ترتیب فعالیت زیادی را برای اولیگوکلونالیتی انتظار داریم اما عملاً اولیگوکلونالیتی تنها در موارد کمی از بیماران با این نوع بازآرایی (~۱۰٪) دیده می‌شود و بقیه منوکلونال هستند (۲۴). در مطالعه حاضر تنها۱۰٪ از بیماران بازآرایی بای‌کلونال داشته و هیچ مورد اولیگوکلونال مشاهده نکردیم (۶ مورد از ۵۹ مورد). بنظر می‌آید بازآرایی نهایی سریعاً اتفاق افتاده و بصورت منوکلونال دیده می‌شود.

در مطالعه Grumayer و همکاران در لوسمی‌هایی که بازآرایی‌های هتروژن (Bi/oligoclonal)Vδ2Dδ3 داشتند، ۳ بیمار از نظر ژن IgH و TCR-γ هتروژن بودند (۲۳). در بررسی حاضر ۹ بیمار دارای بازآرایی بای‌کلونال/ اولیگوکلونال توام برای IgH و TCR-δ؛ ۵ نفر IgH و TCR-γ؛ یک نفر TCR-δ و IgK؛ و یک نفر نیز برای IgH و IgK بازآرایی بای‌کلونال/ اولیگوکلونال توام داشتند. علاوه بر این در یک بیمار هر سه بازآرایی IgH، TCR-δ و TCR-γ الگوی بای‌کلونال/ اولیگوکلونال گزارش شد. از آنجائی‌که بیشترین بازآرایی سنجیده شده مربوط به ژن IgH است بنظر می‌رسد در صورتیکه تعداد برابری از بیماران برای تمام بازآرایی‌های مورد ارزیابی قرار گیرند، هتروژنیسیته توام در تعداد بیشتری از موارد دیده خواهد شد.

تنها یافته‌های با ارزش حاصل از ارزیابی پارامترهای کمی در دو گروه با بازآرایی منوکلونال و بای/ اولیگوکلونال مربوط به اختلاف بین میانگین شاخصهای CD19 و CD20 در دو گروه مزبور با بازآرایی IgK بود بطوریکه در گروه منوکلونال میزان شاخصها بیشتر بود. بین میانگین HLA-DR در دو گروه با بازآرایی منوکلونال و بای‌کلونال TCR-γ نیز تفاوت معنی‌داری وجود داشته و در گروه بای‌کلونال بیشتر بود. ارزش این تفاوتها در دو گروه مشخص نیست و باید مطالعات بیشتری در این زمینه انجام شود. در این مطالعه بازآرایی منوکلونال و بای/ اولیگوکلونال ژن IgH را در دو گروه با و بدون شاخص CD10 (CALLA) بررسی کردیم که از نظر وفور بازآرایی و الگوی آن تفاوتی مشاهده نشد. Tone و همکاران نیز همین نتیجه را گزارش نمودند (۷).

در متغیرهای کیفی نیز اختلاف معنی‌داری بین دو گروه مشاهده نشد. نکته جالب در مطالعه حاضر فقدان اختلاف در نتایج ارزیابی MRD در روز ۱۴، ۲۸ (انتهای درمان القایی) و روز ۴۵ تا یکسال پس از درمان در دو گروه منوکلونال و بای/ اولیگوکلونال بازآرایی‌های IgH و TCR-γ ، TCR-δ و IgK بود که شاید تائیدی بر عدم اختلاف دو گروه از نظر پارامترهای بالینی باشد.

Stankovic و همکاران میزان عود و عدم پاسخ به درمان را در بیمارانی که در زمان تشخیص اولیگوکلونال بودند نسبت به بیمارانی که بازآرایی منوکلونال داشتند، بیشتر عنوان کردند (۶۴٪ در مقابل ۲۶٪) و متغیر بودن کلون را بطور مستقل در پیشگویی عاقبت بیمار مهم دانستند (۶). البته در این مطالعه

[Downloaded from tmuj.iautmu.ac.ir on 2026-11-15]

مدت پیگیری بیماران ۱۸ تا ۹۰ ماه پس از شروع درمان بود که با مطالعه حاضر متفاوت است. Tone و همکاران درصد عود را در موارد منوکلونال و بای/ اولیگوکلونال با توجه به بازآرایی IgH به ترتیب ۲۸/۱٪ و ۲۶/۶٪ گزارش نمودند و معتقدند که این حالت با عاقبت کلینیکی بدتری همراه نیست (۷).

در مطالعه دیگری Foroni و همکاران پیامد بالینی در بیماران با بازآرایی منوکلونال و اولیگوکلونال را قابل مقایسه با هم دانسته و میزان زندگی بدون بیماری (Disease free survival) را در دو گروه تا حدی مشابه گزارش کردند. این در حالیست که در مطالعات دیگر نیز اولیگوکلونالیتی با پیامد بد بالینی همراه نبوده است (۲۷-۲۵).

مشکلی اولیگوکلونالیتی در زمان تشخیص مشخص نبودن کلون منجر به عود است که باید با تکنیکهای MRD-PCR مورد ارزیابی و پیگیری قرار گیرد. بازآرایی‌های درحال انجام و ثانویه IgH ممکن است در فاصله زمانی بین تشخیص و عود اتفاق افتاده و منجر به از دست دادن اهداف اختصاصی در پیگیری MRD شود (۲۸).

ادامه بازآرایی‌های ویا بازآرایی ثانویه در ALL اغلب بخاطر بازآرایی VH به DH-JH و یا جایگزینی VH به تفکیک اتفاق می‌افتد. در این دو نوع بازآرایی ناحیه اتصالی DH-JH بدون تغییر باقی می‌ماند لذا طراحی پرایمرها برای ناحیه ثابت و پایدار می‌تواند از نتایج منفی کاذب در PCR جلوگیری نماید.

اهداف MRD-PCR منوکلونال در ALL پیش‌سازهای B از پایداری زیادی برخوردار است بطوری‌که تقریبا ۹۰٪ همان اهداف در زمان عود بیماری قابل تشخیص هستند. در مقابل تنها ۴۰٪ از اهداف MRD-PCR اولیگوکلونال در زمان عود بیماری ثابت هستند لذا جداسازی بازآرایی‌های منوکلونال از اولیگوکلونال ژن TCR/Ig مهم خواهد بود. پایداری در اهداف منوکلون (۸۹٪) بیش از موارد اولیگوکلونال (۴۰٪) بود (۹). Dongen و همکاران از اهداف کلونال TCR, Ig در ارزیابی ۹۴ بیمار استفاده کردند که ۷۱٪ از اهداف در زمان تشخیص بود و بیشترین پایداری مربوط به IgK-Kde (۹۰٪) و سپس TCR-γ (۷۵٪)، IgH (۶۴٪) و TCR-δ (۶۳٪) بود (۹).

تشکر و قدردانی

از معاونت محترم پژوهشی دانشگاه سرکار خانم دکتر چایچیان و همکاران ایشان در حوزه معاونت بخصوص سرکار خانم امینیان به خاطر همکاری مستمر تشکر و قدردانی می‌شود. از خانمها فراهانی، رادپور، رستمی، بیاری و خانی کمال تشکر را داریم.

REFERENCES

1. Hoffbrand AV, Lewis SM, Tuddenham EDG, editors. Postgraduate hematology. 4th edition. Butterworth–Heinemann, 1999;p:354-73.
2. Provan D, Gribben J, editors. Molecular hematology. New York, Blackwell Science, 2000;p:42-59.
3. Hodges E, Krishna MT, Pickard C, Smith JL. Diagnostic role of tests for T cell receptor (TCR) genes. J Clin Pathol 2003;56(1):1-10.
4. Gameiro P, Moreira I, Yetgin S, Papaioannou M, Potter MN, Prentice HG, et al. Polymerase chain reaction (PCR)-and reverse transcription PCR-based minimal residual disease detection in long-term follow-up of childhood acute lymphoblastic leukemia. Br J Haematol 2002;119:685-96.
5. Szczepanski T, Flohr T, Van der Velden VHJ, Bartram CR, van Dongen JJ. Molecular monitoring of residual disease using antigen receptor genes in childhood acute lymphoblastic leukemia. Best Pract Res Clin Haematol 2002;15(1):37-57.
6. Green E, McConville CM, Powell JE, Mann JR, Darbyshire PJ, Taylor AM, et al. Clonal diversity of Ig and T-cell receptor rearrangements identifies a subset of childhood B-precursor acute lymphoblastic leukemia with increased risk of relapse. Blood 1998;92(3):952-8.
7. Scrideli CA, Defavery R, Bernards JE, Tone LG. Prognostic significance of bi/oligoclonality in childhood acute lymphoblastic leukemia as determined by polymerase chain reaction. Sao Paulo Med J/Rev Paul Med 2001;119(5):175-80.
8. Campana D. Determination of minimal residual disease in leukemia patients. Br J Haematol 2003;121:823-38.
9. Szczepanski T, Willemse MJ, Brinkhof B. Comparative analysis of Ig and TCR gene rearrangements at diagnosis and at relapse of childhood precursor-B–ALL provides improved strategies for selection of stable PCR targets for monitoring of minimal residual disease. Blood 2002;99(7):2315-23.

[Downloaded from tmuj.iautmu.ac.ir on 2026-11-15]

10. Steward CG, Goulden NJ, Katz F, Baines D, Martin PG, Langlands K, et al. A polymerase chain reaction study of the stability of Ig heavy chain and Tcell receptor delta gene rearrangements between presentation & relapse of childhood B-lineage acute lymphoblastic leukemia. Blood 1994;83:1355-62.

11. Scrideli CA, Queiróz Rosane GP, Kashima S, Sankarankutty BO, Tone LG. T cell receptor gamma (TCRG) gene rearrangements in Brazilian children with acute lymphoblastic leukemia: analysis and implications for the study of minimal residual disease. Leuk Res 2004;28:267-73.

12. Szczenpanski T, Beishuizen A, Pongers-Willemse MJ. Cross-lineage T cell receptor gene rearrangements in more than ninety percent of childhood precursor-B acute lymphoblastic leukemias: alternative PCR targets for detection of minimal residual disease. Leukemia 1999;13:196–205.

13. Van Dongen JJM, Wolvers-Tettero ILM. Analysis of immunoglobulin and T cell receptor genes. Part I. Basic and technical aspects. Clin Chem Acta 1991;198:1–92.

14. Brumpt C, Delabesse E, Beldjord K, Davi F, Cayuela JM, Millien C, et al. The incidence of clonal T-cell receptor rearrangements in B-cell precursor acute lymphoblastic leukemia varies with age and genotype. Blood 2000;9(6):2254-61.

15. Cavè H, Guidal C, Rohrlich P. Prospective monitoring and quantification of residual blasts in childhood acute lymphoblastic leukemia by polymerase chain reaction study of δ and γ T-cell receptor genes. Blood 1994;83:1892–902.

16. Sykes PJ, Snell LE, Brisco MJ, Neoh SH, Hughes E, Dolman G, et al. The use of monoclonal gene rearrangement for detection of minimal residual disease in acute lymphoblastic leukemia of childhood. Leukemia 1997;11:153–8.

17. Januszkieewicz DA, Nowak JS. Detection of clonality by polymerase chain reaction in childhood B-lineage acute lymphoblastic leukemia. Ann Hematol 1994;69:107–10.

18. Szczepanski T, Langerak AW, van Dongen JJM. T cell receptor gamma (TCRG) gene rearrangements in T-cell acute lymphoblastic leukemia reflect 'end-stage' recombinations: implications for minimal residual disease monitoring. Leukemia 2000;14:1208–14.

19. Jacquy C, Delepaut B, Brichard B, Vaerman JL, Zenebergh A, Brichard B, et al. A prospective study of minimal residual disease in childhood B-lineage acute lymphoblastic leukemia: MRD level at the end of induction is a strong predictive factor of relapse. Br J Haematol 1997;98:140–6.

20. Roberts WM, Estrov Z, Zipf TL. Measurements of residual leukemia during remission in childhood acute lymphoblastic leukemia. N Engl J Med 1997;336:317–23.

21. Scrideli CA, Kashima S, Tone LG, Defavery R. Clonal evolution as the limiting factor in the detection of minimal residual disease by polymerase chain reaction in children in Brazil with acute lymphoid leukemia. J Pediatr Hematol Oncol 2002;24:364–7.

22. Zur Stadt U , Eckert C , Rischewski J. Identification and characterization of clonal incomplete T-cell receptor Vd2–Dd3/Dd2-Dd3 rearrangements by denaturing high-performance liquid chromatography and subsequent fragment collection: implications for minimal residual disease monitoring in childhood acute lymphoblastic leukemia. J Chromatogr 2003;792:287-98.

23. Kressler E, Panzar S, Ghali DW, Haas OA, Gadner H, Panzer-Grumayer ER. Heterogenous TCR delta Vδ2-Dδ3 rearrangements and their relation to IgH and TCR gamma status in childhood B cell precursor Leukemias. Leuk Res 1999;23:1089-96.

24. Van der Velden VHJ, Willemse MJ, van Dongen JJM. Immunoglobulin kappa deleting element rearrangements in precursor-B acute lymphoblastic leukemia are stable targets for detection of minimal residual disease by real-time quantitative PCR. Leukemia 2002;16:928-36.

25. Coyle LA, Papaioannou M, Yaxley JC, Chim JS, Attard M, Hoffbrand AV, et al. Molecular analysis of leukemic B cells in adult and childhood acute lymphoblastic leukemia. Br J Haematol 1996;94:685-93.

26. Forestier E, Nordenson I, Lindstrom A, Roos G, Lindh J. Simultaneous immunoglobulin T-cell receptor gene rearrangements and multiclonality in childhood acute lymphoblastic leukemia. Acta Paediatr 1994;83:319.

27. Moreira I, Papaioannou M, Palmisano GL, et al. B-cell oligoclonality in ALL: a mixed bag of IgH clone with important biological, clinical and prognostic significance. Blood 1998;92:224a.

28. Beishuizen A, Verhoeven MA, Van Wering ER, Hahlen K, Hooijkaas H, van Dongen JJ. Analysis of Ig and T-cell receptor genes in 40 childhood acute lymphoblastic leukemias at diagnosis & subsequent relapse: implications for the detection of minimal residual disease by polymerase chain reaction analysis. Blood 1994; 83:2238-47.

[Downloaded from tmuj.iautmu.ac.ir on 2026-11-15]