یپی مورفیسم ناحیه پروموتور زن رمز کننده آنتیژن ۴ وایسته به لنفوسیت T

پروموتور سنتوتیک در لوپوس ارتمتوس (سلی‌کُنش کرکس)
روش بررسی

مطالعه حاضر به صورت مورد-شاهدی حاضر بر روی تیم‌های بیماری لوبوس که در اردیبهشت ماه 1387 تا 15 مهرماه 1388 به دو مراحل تخصصی بیماران آموزشی درمانی پنج آدر شهرستان گرگان مراجعه کرده بودند، انجام شد.

American College of Rheumatology (ACR)

وارد استاندارد کردن مطالعه، در دو مرحله انجام گرفت.

تشخیص: در مراحل اول، دکترین بیمارترین نیز به دست آمده در مرحله دوم از کل افراد شرکت کننده در مطالعه رضایت نامه کنی دریافت شد.

داده‌های فردی مورد نیاز و علائم بالینی بیماران مورد بررسی قرار گرفت و چک لیست از پنج تیم شبد leve 300 استاندارد کرده است. از ناحیه DNA بیماران نمونه‌گیری گردیده است. از ناحیه آزمایش‌گرده مورد شد.

Roche Diagnostics GmbH, Mannheim.

پروتکل استاندارد کردن استخراج گردید. استخراج شد با پریمورها (DNA forward 5'-AAATGAATTGGACTGGAT و 5'-TTACGAGAAAGGAAGCCGTG-3')، 300CT SLE در پراوری و تاخیر این افزایش CTLA-4 در پروتئوز ویروس CTLA-4 بالاتر از بیماری مورد مطالعه است. 4

PCR

PCR

Polymerase chain reaction–restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP)

Msel (New England Biolabs [NEB], Hitchin, کند. مورد بررسی قرار گرفتند. نتیجه و واکنش‌ها Hertfordshire, U.K)

 venta زل آگاری 7/3 و 1 رگله‌آمیز ایپیدروم بر میان نشانه‌گری گردید.

نقطه‌بندی آماده برای ال C26 و 21 نفر یا برای ال T، 76 و 130 نفر بوده (160) Dadehای بهدست آمده SPSS software, version 16 (SPSS Inc, Chicago, IL.

روش بررسی

مطالعه حاضر به صورت مورد-شاهدی حاضر بر روی تیم‌های بیماری لوبوس که در اردیبهشت ماه 1387 تا 15 مهرماه 1388 به دو مراحل تخصصی بیماران آموزشی درمانی پنج آدر شهرستان گرگان مراجعه کرده بودند، انجام شد.

American College of Rheumatology (ACR)

وارد استاندارد کردن مطالعه، در دو مرحله انجام گرفت.

تشخیص: در مراحل اول، دکترین بیمارترین نیز به دست آمده در مرحله دوم از کل افراد شرکت کننده در مطالعه رضایت نامه کنی دریافت شد.

داده‌های فردی مورد نیاز و علائم بالینی بیماران مورد بررسی قرار گرفت و چک لیست از پنج تیم شبد leve 300 استاندارد کرده است. از ناحیه DNA بیماران نمونه‌گیری گردیده است. از ناحیه آزمایش‌گرده مورد شد.

Roche Diagnostics GmbH, Mannheim.

پروتکل استاندارد کردن استخراج گردید. استخراج شد با پریمورها (DNA forward 5'-AAATGAATTGGACTGGAT و 5'-TTACGAGAAAGGAAGCCGTG-3')، 300CT SLE در پراوری و تاخیر این افزایش CTLA-4 در پروتئوز ویروس CTLA-4 بالاتر از بیماری مورد مطالعه است. 4

PCR

PCR

Polymerase chain reaction–restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP)

Msel (New England Biolabs [NEB], Hitchin, کند. مورد بررسی قرار گرفتند. نتیجه و واکنش‌ها Hertfordshire, U.K)

venta زل آگاری 7/3 و 1 رگله‌آمیز ایپیدروم بر میان نشانه‌گری گردید.

نقطه‌بندی آماده برای ال C26 و 21 نفر یا برای ال T، 76 و 130 نفر بوده (160) Dadehای بهدست آمده SPSS software, version 16 (SPSS Inc, Chicago, IL.

رواپورت سیستیک انتحار شده است.
وراث کیفی از ریسک فاکتورهای مهم ابتلا به SLE به شباهت می‌رود. واضح است که آنتی‌ژن Zn و بازیه به ترکیب T نیوتروفیلی، CT و نیوتروفیلی (CTLA-4) نقش مهمی در بازدیدی و دفعه سایوس H بر بیزه دارد. کاهش بین شایع سطح عظیم CTLA-4 در CTLA-4 اختلالات خود این‌ها مانند لوپوس ارتماتوس، سیستمیک موثر می‌باشد.

آگرچه هر دوی پیلی‌مورفیسیم ها و Zn-4 کنترل شونده کننده پیلی‌مورفیسیم‌های Zn-4 عناوین کننده (CTLA-4) در شایع مطالعات ارتباط معناداری بین پیلی‌مورفیسیم‌های Zn-4 و پیلی‌مورفیسیم‌های Zn و پیلی‌مورفیسیم‌های لوپوس را در کنترل 0.11 به بررسی حاضر ارتباط معناداری بین پیلی‌مورفیسیم‌های 318CT و پیلی‌مورفیسیم‌های لوپوس پایان داد. نتایج نشان داد در لوپوس CC مشارکت CT و CT معناداری بین پیلی‌مورفیسیم‌های 318CT و پیلی‌مورفیسیم‌های لوپوس پایان داد. نتایج نشان داد در لوپوس CC مشارکت CT و CT معناداری بین پیلی‌مورفیسیم‌های 318CT و پیلی‌مورفیسیم‌های لوپوس پایان داد.

جدول 1: توزیع فراوانی الی زن‌توپی‌های پیلی‌مورفیسیم 318CT در پیماران و گروه کنترل

<table>
<thead>
<tr>
<th>OR (CI/65)</th>
<th>P</th>
<th>کنترل</th>
<th>پیماران</th>
<th>Zنیژن</th>
<th>CTنیژن</th>
<th>CTنیژن</th>
<th>Tنیژن</th>
<th>Cنیژن</th>
<th>Tنیژن</th>
<th>Cنیژن</th>
<th>Tنیژن</th>
<th>Cنیژن</th>
<th>Tنیژن</th>
</tr>
</thead>
<tbody>
<tr>
<td>0.10(0.03-0.35)</td>
<td>0.001</td>
<td>25(68.99)</td>
<td>10(25)</td>
<td>10(25)</td>
<td>10(25)</td>
<td></td>
<td></td>
<td></td>
<td></td>
<td></td>
<td></td>
<td></td>
<td></td>
</tr>
<tr>
<td>0.05(0.01-0.27)</td>
<td>0.001</td>
<td>34(85)</td>
<td>10(25)</td>
<td>10(25)</td>
<td>10(25)</td>
<td></td>
<td></td>
<td></td>
<td></td>
<td></td>
<td></td>
<td></td>
<td></td>
</tr>
<tr>
<td>0.01(0.00-0.05)</td>
<td>0.001</td>
<td>15(37.5)</td>
<td>10(25)</td>
<td>10(25)</td>
<td>10(25)</td>
<td></td>
<td></td>
<td></td>
<td></td>
<td></td>
<td></td>
<td></td>
<td></td>
</tr>
</tbody>
</table>

مورد

بحث

مطالعات مختلف عنوان می‌کنند که فاکتورهای محیطی و زن‌توپی‌های در کنار یکدیگر ریسک ابتلا به پیماران را افزایش می‌دهند. اما

http://tumj.tums.ac.ir
References


Association between CTLA-4 gene polymorphism and the risk of systemic lupus erythematosus: brief report

**Abstract**

Received: 23 Dec. 2013   Accepted: 24 Jan. 2013   Available online: 13 Apr. 2015

**Background:** Cytotoxic lymphocyte antigen-4 (CTLA-4) plays an important role in regulating T cell activation. CTLA-4 gene polymorphisms are related with genetic susceptibility to various autoimmune diseases, including systemic lupus erythematosus (SLE). We analyzed the role of CTLA-4 polymorphisms at positions -318CT in patients who suffer from SLE.

**Methods:** This study was performed on 180 SLE patients referred to 5th Azar University Hospital in Gorgan, Iran. Three hundred and four ethnically-and age-matched healthy controls with no history of autoimmune diseases entered the study between 5th May 2008 and 23rd October 2009. DNA was extracted from blood samples according to the standard procedure. Polymerase chain reaction- restriction fragments length polymorphism (PCR-RFLP) was used to analyze the genotype and allele frequencies of this polymorphism. PCR was carried out using the following primers: forward 5'-AAATGAATTGGACTGGATGGT-3' and reverse 5'-TTACGAGAAAGGAAGCGTG-3'. The frequency of alleles and genotypes were assessed using direct counting. Chi-square test and Fisher's exact test were used to compare the association between the alleles and genotype frequencies and SLE. P<0.05 were considered statistically significant.

**Results:** The CC genotype was observed in 94.5% of the SLE patients and 82.4% of the controls; the difference was statistically significant (P=0.0001, OR=3.51, CI95%=1.77-7.53). The CT genotype, on the other hand, was more frequently observed in the control group (17.1% vs. 5.5%, P=0.0001, OR=0.28). T allele was significantly more common in the controls compared to SLE patients (P=0.0001, OR=0.26, CI95%=0.13-0.53).

**Conclusion:** Our results suggest that the -318C/T polymorphism of CTLA-4 gene might play a significant role in the genetic susceptibility to SLE. Therefore, further studies on populations, especially from other Middle East countries, are needed to confirm our results.

**Keywords:** CTLA-4, polymorphism, genetics, promoter regions, systemic lupus erythematosus.