

فراوانی آلی و ژنوتیپی پلی مورفیسم rs2288258 در ناحیه ژنی HEXA در جمعیت اصفهان

نسرین وهاب^۱، علی جزایری^۱، صادق ولیان بروجنی^{۱*}

(۱) گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه اصفهان، اصفهان، ایران

تاریخ پذیرش: ۹۵/۵/۲۳

تاریخ دریافت: ۹۵/۲/۱۵

چکیده:

مقدمه: تای ساکس یک بیماری ژنتیکی با توارث اتوزومی مغلوب است که سیستم عصبی مرکزی را درگیر می‌کند. ایلماری به طور عمده ناشی از جهش در ژن HEXA واقع در کروموزوم ۱۵ می‌باشد. تعیین توالی به منظور شناسایی جهش‌ها و تنوعات ژنی موجود در ژن HEXA استفاده می‌شود که بسیار پرهزینه و وقت‌گیر است. متناوباً، آنالیز پیوستگی مارکرهای چند شکلی مانند چندشکلی‌های تک نوکلئوتیدی (SNP) می‌تواند راه مناسبی برای تعیین افراد ناقل و همچنین تشخیص پیش از تولد در خانواده‌های دارای فرزند مبتلا ارائه نماید.

مواد و روش‌ها: در پایگاه‌های داده موجود تعداد زیادی از مارکرهای SNP برای ناحیه ژنی HEXA معرفی شده‌اند. در مطالعه حاضر وضعیت ژنوتیپی و اطلاع دهنده‌گی مارکر rs2288258 واقع در ناحیه ژنی HEXA با استفاده از روش Tetra-primer ARMS PCR و با طراحی پرایمرهای جدید در جمعیت اصفهان بررسی شد. از نرم‌افزار Power Marker برای تخمین فراوانی آلی، فراوانی ژنوتیپی، تعادل هاردی-واینبرگ و محتوی اطلاع رسانی چند شکلی (PIC) (Polymorphism Information Content) استفاده شد.

یافته‌های پژوهش: نتایج حاصل بیانگر فراوانی آلی جزئی (MAF) ۹/۱۲٪ و مقدار PIC = ۰/۱۵۲۰ برای مارکر rs2288258 در جمعیت اصفهان بود. همچنین بررسی تعادل هاردی-واینبرگ نشان داد که جمعیت مورد نظر برای مارکر مربوطه در تعادل می‌باشد.

بحث و نتیجه‌گیری: نتایج حاصل بیانگر فراوانی آلی جزئی (MAF) ۹/۱۲٪ و مقدار PIC = ۰/۱۵۲۰ برای مارکر rs2288258 در جمعیت اصفهان بود. همچنین بررسی تعادل هاردی-واینبرگ نشان داد که جمعیت مورد نظر برای مارکر مربوطه در تعادل می‌باشد. در مجموع مطالعه براساس نتایج این مطالعه، مارکر ژنتیکی rs2288258 می‌تواند به عنوان یک مارکر تک نوکلئوتیدی در مطالعات پیوستگی برای شناسایی ناقلین و تشخیص پیش از تولد جهش‌های ژن HEXA در جمعیت اصفهان معرفی شود.

واژگان کلیدی: HEXA، آنالیز پیوستگی، چند شکلی تک نوکلئوتیدی، جمعیت اصفهان

مقدمه

بیماری تای ساکس (TSD) یک بیماری ژنتیکی با الگوی وراثتی اتوزوم مغلوب است که سیستم عصبی مرکزی را درگیر می‌کند. این بیماری یک اختلال ذخیره لیزوزومی است که علت آن نقص در عملکرد آنزیم بتاهگروز آمینیداز A و تجمع گانگلیوزید GM2 در لیزوزوم است (۲و۱). شدت بیماری بسته به اینکه چه مقدار از فعالیت آنزیم باقی مانده متفاوت است و از نظر بالینی به سه شکل حاد، تحت حاد و مزمن تظاهر می‌کند (۳-۶).

بتا هگروز آمینیداز A یک آنزیم هتروداایمر است که از یک زیر واحد α و یک زیر واحد β تشکیل شده است. زیر واحد α توسط ژن HEXA واقع در کروموزوم ۱۵ و زیر واحد β توسط ژن HEXB واقع در کروموزوم ۵ رمز می‌شود (۳). بیماری تای ساکس به طور عمده در اثر جهش در ژن HEXA ایجاد می‌شود که باعث نقص در زیر واحد α و در نتیجه ناکارایی آنزیم HexA می‌شود (۱). این اختلال باعث تجمع گانگلیوزید GM2 در لیزوزوم می‌شود و از آنجا که نورون‌ها دارای تراکم بیشتری از گانگلیوزید GM2 هستند این تجمع باعث تورم و مرگ نورون‌ها در اثر آپوپتوز و بروز علائم کلینیکی می‌شود (۷-۹). لازم به ذکر است که آنزیم HexA برای تجزیه سوبسترای خود به GM2 activator نیاز دارد که توسط ژن GM2A کد می‌شود این کوفاکتور با اتصال به گانگلیوزید GM2 و ایجاد کمپلکس محلول در آب شرایط را برای تجزیه در محیط آب دوست لیزوزوم فراهم می‌کند، جهش در ژن GM2A باعث بروز واریانت AB می‌شود (۱۰و۱۱). تشخیص بیماران مشکوک به تای ساکس از طریق سنجش آنزیمی و آنالیز مولکولی امکان‌پذیر است (۱۲). اکثر گزینه‌های درمانی پیشنهاد شده برای بیماری تای ساکس بر دو روش افزایش سطح آنزیم و کاهش سطح سوبسترا متمرکز است (۱۳).

تای ساکس از بیماری‌های ژنتیکی نادر است شیوع جهانی آن تقریباً ۱ در هر ۳۲۰۰۰۰ تولد است اما در برخی از جمعیت‌ها مانند یهودیان اشکنازی و کانادایی‌های فرانسوی تبار ده برابر شایع‌تر است (۱۴و۱۵). تاکنون بیش از ۱۰۰ موتاسیون در ژن

HEXA گزارش شده است که بعضی از آن‌ها با گروه‌های نژادی خاص مرتبط هستند جهش شایع در بین یهودیان اشکنازی که در ۸۰ درصد حاملین دیده شده درج‌شدگی ۴ نوکلئوتیدی TATC در اگزون ۱۱ ژن HEXA است، این جهش در بین غیر یهودیان نیز با فراوانی ۳۰ درصد شایع‌ترین جهش شناخته شده است (۱۶و۱۷). جهش شایع در جمعیت کانادایی‌های فرانسوی تبار حذف ۷/۶ کیلو بازی شامل کل اگزون ۱ بخشی از اینترون ۱ و ناحیه بالادست اگزون ۱ است (۱۸).

Amos Frisch و همکارانش برای تشخیص تاریخچه ژنتیکی جهش رایج بین یهودیان اشکنازی (۱۲۷۸TATC ins) از ۵ مارکر D15S981- D15S131- D15S1050- D15S197- D15S188 استفاده کردند و قدمت این جهش را ۱۲-/+۴۰ نسل گزارش کردند (۱۶). همین‌طور Mazal Karpati تاریخچه ژنتیکی دو جهش جدید C1351G و G749T را با استفاده از مارکرهای D15S131, D15S1025, D15S981, D15S1050 در جمعیت یهودیان عراقی بررسی کرد (۱۹).

در حال حاضر راهبرد اساسی برای مقابله با این بیماری تشخیص قبل از تولد بیماری می‌باشد. اصولاً تشخیص مولکولی تای ساکس بر پایه دو روش بررسی مستقیم جهش‌های ژنی و بررسی غیرمستقیم توسط آنالیز پیوستگی با استفاده از مارکرهای چندشکلی متصل به ژن انجام می‌شود. مارکرهای چند شکلی تک نوکلئوتیدی (SNP) شایع‌ترین چندشکلی‌ها در ژنوم انسان هستند که فراوانی آن‌ها به‌طور متوسط ۱ در هر ۲۹۰ جفت باز در ژنوم است (۲۰). یک تغییر تک نوکلئوتیدی زمانی به عنوان یک SNP در نظر گرفته می‌شود که فراوانی آل مغلوب آن در جمعیت ۱٪ یا بیشتر باشد. چندشکلی‌های تک نوکلئوتیدی که اکثر موارد حالت دو آللی دارند مزایای شناخته شده و قابل توجه بسیاری در آنالیز پیوستگی دارند که از جمله آن‌ها می‌توان به فراوانی بالا، پراکندگی، پایداری، پیوستگی شدید و حتی سرعت و توان بالای سیستم‌های تعیین SNP اشاره کرد (۲۱).

در آنالیز پیوستگی برای بررسی انتقال آل‌های جهش‌یافته در خانواده‌های دارای فرزند مبتلا، به

موقعیت ۳۶۷۲۰ برای مطالعه در جمعیت اصفهان انتخاب شد.

در این تحقیق از روش Tetra-Primer ARMS PCR برای تعیین ژنوتیپ مارکر استفاده شد. این روش به دو پرایمر خارجی و دو پرایمر داخلی و اختصاصی آلی برای تعیین ژنوتیپ چند شکلی تک نوکلئوتیدی نیاز دارد. با توجه به این که روش مزبور از ۴ پرایمر در یک واکنش بهره می‌گیرد، بنابراین می‌توان هر دو آلی مارکر را به طور همزمان بررسی کرد (۲۵) پرایمرهای مورد استفاده در این مطالعه از طریق پایگاه اینترنتی Tetra primer ARMS PCR Search Frame و با استفاده از نرم‌افزار Oligo7 طراحی شدند (۲۶). توالی پرایمرها در جدول ۱ نشان داده شده است.

محلول واکنش PCR در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر به صورت زیر تهیه شد: $0.5 \mu\text{L}$ از دو پرایمر خارجی (10Pm)، $0.5 \mu\text{L}$ از دو پرایمر داخلی (10Pm)، $0.25 \mu\text{L}$ از Taq DNA Polymerase ($5 \text{U}/\mu\text{L}$)، $1 \mu\text{L}$ از dNTP mix (10mM)، $2/5 \mu\text{L}$ از MgCl_2 (50mM)، $1 \mu\text{L}$ از TaqDNAbuffer (50mM)، $2 \mu\text{L}$ DNA (80ng) که در نهایت با ddH_2O به حجم $25 \mu\text{L}$ رسانده شد. واکنش‌های PCR بر روی نمونه‌های DNA ژنومی توسط دستگاه ترموسایکلر (Eppendorf, Germany) طبق شرایط بهینه شده زیر انجام شد: ۵ دقیقه دمای واسرشت اولیه در 94°C و سپس به دنبال آن ۳۰ چرخه متوالی از دمای واسرشت در 94°C (۴۰ ثانیه)، دمای اتصال پرایمری در 57°C (۵۰ ثانیه) و دمای تکثیر قطعات در 72°C (۵۰ ثانیه) انجام شد. در نهایت به منظور تکمیل فرایند تکثیر قطعات دمای 72°C به مدت ۸ دقیقه اعمال شد.

محصولات تکثیر شده بر روی ژل آگارز ۲٪ به مدت ۴۵ دقیقه در ولتاژ ۸۰V تفکیک شدند و سپس با اتیدیوم برآمید رنگ‌آمیزی گردید و باندهای مربوطه با استفاده از دستگاه Gel documentation (Biometra) زیر نور UV مورد بررسی قرار گرفتند.

بررسی آماری نتایج: افراد در گونه‌های دیپلوئید در یک لوکوس هموزیگوت یا هتروزیگوت هستند. وجود هتروزیگوسیتی نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی است. تخمین فراوانی آلی، فراوانی ژنوتیپی فنوتیپ‌های

مارکرهای اطلاع دهنده (گویا) نیاز است. یکی از ویژگی‌های مهم یک مارکر اطلاع دهنده این است که درجه هتروزیگوتی آن بالا باشد. فراوانی آلی و درجه هتروزیگوتی مارکرهای چندشکلی معمولاً در جمعیت‌های مختلف متفاوت است. بنابراین در مطالعات پیوستگی برای شناسایی افراد ناقل (هتروزیگوت) و تشخیص پیش از تولد به روش غیرمستقیم، مارکرهای مورد استفاده بایستی در جمعیت تحت مطالعه به‌طور جداگانه بررسی شوند.

تاکنون هیچ مطالعه‌ای مبنی بر بررسی مارکرهای چندشکلی ناحیه ژنی HEXA در جمعیت ایرانی انجام نشده است. در پایگاه‌های داده انواع مارکرهای چندشکلی برای ناحیه ژنی HEXA معرفی شده است. از بین مارکرهای چندشکلی موجود، rs2288258 در اینترون ۱۳ با فراوانی آلی 0.18 برای مطالعه انتخاب شد. در این مطالعه خصوصیات ژنوتیپی و اطلاع دهنده این مارکر در جمعیت اصفهان به عنوان نمونه ای از جمعیت ایران مورد بررسی قرار گرفته است که نتایج آن می‌تواند در مطالعات پیوستگی برای ردیابی جهش به ژن HEXA و همچنین تقویت اطلاعات ساختاری ژنتیکی جمعیت ایران مورد استفاده قرار گیرد.

مواد و روش‌ها:

نمونه‌گیری و استخراج DNA: در این مطالعه نمونه‌های خون از ۱۴۸ فرد سالم و غیر خویشاوند در جمعیت اصفهان جمع‌آوری شدند پس از کسب رضایت‌نامه کتبی از همه افراد شرکت‌کننده در مطالعه، مقدار ۱۰ میلی‌لیتر از خون محیطی این افراد برای استخراج DNA نمونه‌گیری و برای جلوگیری از لخته شدن خون در لوله حاوی یک میلی‌لیتر EDTA با غلظت 0.5 مولار نگهداری شدند. استخراج DNA ژنومی از سلول‌های خون افراد به روش غیر آنزیمی میلر (Salting out) انجام شد و سپس کمیت و کیفیت آن توسط دستگاه اسپکتروفتومتر مورد بررسی قرار گرفت (۲۲).

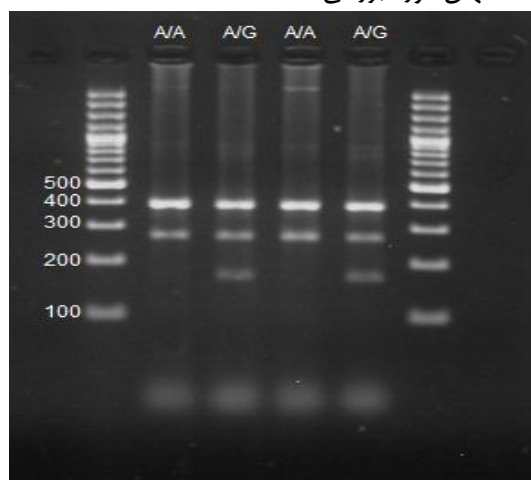
مارکر و تعیین ژنوتیپ: کلیه مارکرهای SNP موجود در ناحیه ژنی HEXA در پایگاه اطلاعاتی UCSC Genome browser و dbSNP مورد بررسی قرار گرفتند (۲۳ و ۲۴) و در نهایت مارکر rs2288258 در

قرار گرفت. این مارکر یک چند شکلی تک نوکلئوتیدی (SNP) است که در اینترون ۱۳ ژن HEXA قرار دارد و دارای آلل غالب A و آلل مغلوب G می‌باشد. بنابراین ژنوتیپ‌های AA، AG و GG در جمعیت قابل شناسایی می‌باشند. نمونه‌های DNA افراد سالم و غیر خویشاوند با استفاده از پرایمرهای اختصاصی و روش Tetra-primer ARMS PCR تعیین ژنوتیپ شدند. سه باند با طول‌های متفاوت ۳۸۴، ۲۶۶ و ۱۶۷ جفت باز بر روی ژل آگارز تفکیک شدند. قطعه بزرگ ۳۸۴ جفت بازی که دربردارنده چند شکلی تک نوکلئوتیدی است نشان دهنده باند کنترل است و دو قطعه کوچک ۲۶۶ و ۱۶۷ جفت بازی هر یک به ترتیب نشان دهنده باندهای اختصاصی برای آلل غالب A و آلل مغلوب G هستند. نتایج حاصل نشان داد که افراد هتروزیگوت دارای هر سه باند در موقعیت‌های ۳۸۴، ۲۶۶ و ۱۶۷ جفت باز هستند. در حالی که افراد هموزیگوت غالب و مغلوب تنها دارای باند کنترل و یکی از دو باند اختصاصی آلل بودند (شکل ۱).

هموزیگوت و هتروزیگوت و وجود تعادل هاردی واینبرگ (HWE) با استفاده از نرم‌افزار Power Marker انجام شد (۲۷). تعادل هاردی واینبرگ بیان می‌کند که در جمعیتی با جفت‌گیری تصادفی بدون انتخاب، جهش، یا مهاجرت فراوانی‌های آللی و فراوانی‌های ژنوتیپی از نسلی به نسل دیگر ثابت هستند (۲۸). هم‌چنین میزان فاکتور ظرفیت اطلاعاتی چند شکلی (PIC) نیز با استفاده از نرم‌افزار Power Marker انجام شد. فاکتور PIC معیاری برای تعیین میزان اطلاع‌دهندگی مارکرهای چند شکلی است. این فاکتور برای مارکرهایی که دارای تعادل هاردی-واینبرگ در جمعیت می‌باشند تعریف می‌شود که به تعداد و فراوانی آلل‌ها و درجه هتروزیگوسیتی مشاهده شده در جمعیت وابسته است (۲۹).

یافته‌های پژوهش:

مارکر ژنتیکی rs2288258 در ناحیه ژنی HEXA در یک گروه از افراد سالم در جمعیت اصفهان مورد بررسی



شکل ۱- تعیین ژنوتیپ مارکر rs2288258 با استفاده از روش Tetra-primer ARMS PCR.

مربوط به فرد هتروزیگوت A/G می‌باشد. نمونه‌ها بر روی ژل آگارز ۲٪ تفکیک شده‌اند. تعیین ژنوتیپ افراد تحت مطالعه نشان داد که ۱۲۱ نفر (۸۱/۷۶٪) دارای ژنوتیپ A/A و ۲۷ نفر (۱۸/۲۴٪) دارای ژنوتیپ A/G بودند. فراوانی مربوط به این ژنوتیپ‌ها در جدول شماره ۲ نشان داده شده است. در جمعیت مورد مطالعه فراوانی آللی آلل‌های غالب و مغلوب به ترتیب ۹۰/۸۸٪ و ۹/۱۲٪ به دست آمد.

برای هر فرد یک ستون در نظر گرفته شده است. در همه ستون‌ها باند ۳۸۴ جفت بازی نشان دهنده کنترل داخلی است. باندهای اختصاصی ۲۶۶ و ۱۶۷ جفت بازی هر یک به ترتیب نشان دهنده آلل‌های A و G می‌باشند. الگوی باندها بر روی ژل آگارز دو نوع ژنوتیپ را نشان می‌دهد. ستون سوم و پنجم مربوط به یک فرد هموزیگوت A/A و ستون چهارم و ششم

جدول ۱- توالی پرایمرهای طراحی شده برای تعیین آلل‌های مارکر rs2288258 توسط روش Tetra-primer ARMS PCR

Forward inner primer (A allele)	5'- GCTGCCTTTCAGACATCCATATA -3'
Reverse inner primer (G allele)	5'- CCAAATAACTCAATCCCTTTAGAAGAC -3'
Forward outer primer	5'- CAAGGACAGGATTTTCGCATC -3'
Reverse outer primer	5'- AGTCTCTCCTTCCCCATTTCG -3'

آزمون دقیق فیشر نشان داد که مقدار P برای جمعیت اصفهان ۰/۳۳۷۶ است. این مقدار P بزرگ‌تر از ۰/۰۵ است که بیانگر وجود تعادل هاردی واینبرگ برای این مارکر در جمعیت اصفهان است (جدول شماره ۲).

وجود تعادل هاردی واینبرگ از طریق محاسبه P بر اساس آزمون دقیق فیشر مورد بررسی قرار گرفت. در صورتی که مقدار P کوچک‌تر از ۰/۰۵ به دست آید فرضیه مبنی بر وجود تعادل هاردی واینبرگ برای لوکوس موردنظر رد می‌شود. نتایج به دست آمده از

جدول ۲- تعداد افراد و فراوانی‌های مشاهده شده برای انواع ژنوتیپ‌های مارکر rs2288258 در جمعیت اصفهان.

A/G	A/A	ژنوتیپ
۲۷	۱۲۱	تعداد افراد
۰/۱۸۲۴	۰/۸۱۷۶	فراوانی

است (۳۰). نتایج به دست آمده از مطالعه حاضر نشان داد که مقدار PIC برای مارکر rs2288258 در جمعیت اصفهان ۰/۱۵۲۰ می‌باشد. بنابراین مارکر rs2288258 می‌تواند به عنوان یک مارکر در مطالعات پیوستگی در جمعیت اصفهان معرفی شود (جدول شماره ۳).

بررسی‌ها نشان می‌دهد که PIC بزرگ‌تر از ۰/۲۵ می‌تواند به عنوان یک شاخص مناسب برای گویا بودن یک مارکر تک نوکلئوتیدی در نظر گرفته شود. با در نظر گرفتن ماهیت دو آللی SNPs، مقدار PIC برای این نوع مارکرهای در مقایسه با ریز ماهواره‌ها کمتر

جدول ۳- مقایسه فراوانی آللی مارکر rs2288258 در نمونه‌ای از جمعیت ایران (جمعیت اصفهان) با جمعیت‌های دیگر جهان (۲۴).

rs2288258 آلل G	جمعیت
۳۲۰۵	آفریقا
۴۰۴	اروپا
۴۰۹	ایتالیا
۹۰۱۲	ایران (مطالعه حاضر)
۴۰۵	تگزاس
۱۸۰۲	چین
۱۷۰۱	چین تایپه
۳۵	ژاپن
۴۵۰۹	کنیا لوهیا
۳۶۰۹	کنیا ماسایی
۱۷۰۲	مکزیک
۳۷۰۸	نیجریه
۲۴۰۱	میانگین

بحث و نتیجه گیری:

امروزه شناسایی صحیح ژن عامل بیماری اصلی ترین چالش در تشخیص مولکولی بیماری های چندژنی می باشد. با توجه به تعدد جهش های مرتبط با ژن HEXA و پرهزینه و وقت گیر بودن بررسی مستقیم جهش ها، بررسی مارکرهای چند شکلی در آنالیز پیوستگی می تواند راه مناسبی جهت بررسی مولکولی بیماری ارائه نماید. استفاده از مارکرهای چند شکلی تک نوکلئوتیدی (SNPs) برای بررسی های غیرمستقیم به علت پایداری و همچنین پیوستگی شدید با ژن بسیار قابل اعتمادتر است. بررسی های غیرمستقیم با استفاده از مارکرهای چند شکلی موجود در ژن HEXA می تواند در تعیین افراد ناقل (هتروزیگوت) و تشخیص پیش از تولد در خانواده های مبتلا به TSD وابسته به HEXA مورد استفاده قرار گیرد. از بین مارکرهای موجود در ناحیه ژنی HEXA، مارکر rs2288258 در اینترون ۱۳ ژن برای این مطالعه انتخاب شد. در این مطالعه فراوانی آللی و همچنین درجه هتروزیگوسیتی این مارکر در جمعیت اصفهان مورد بررسی قرار گرفت و نتایج حاصل با اطلاعات مربوط به دیگر جمعیت ها مقایسه شد. نتایج به دست آمده از مطالعه حاضر بر روی مارکر rs2288258 نشان می دهد که آلل A با فراوانی ۹۰/۸۸٪ و آلل G با فراوانی ۹/۱۲٪ به ترتیب بیشترین و کمترین فراوانی را در جمعیت اصفهان دارند. فراوانی آللی و هم چنین درجه هتروزیگوسیتی برای مارکرهای چند شکلی این ناحیه ژنی به صورت اختصاصی برای جمعیت های مختلف توسط پایگاه داده UCSC Genome Browser ارائه شده است (۲۴). نتایج در جدول شماره ۳ نشان داده شده است. بر اساس گزارشات این پایگاه تقریباً در تمام جمعیت های بررسی شده آلل A با فراوانی بیشتر به عنوان آلل غالب و آلل G مغلوب شناخته شده است؛ هم چنین مشخص شده است که بیشترین فراوانی آلل G (MAF) مربوط به جمعیت کنیا لوهیا می باشد. این در حالی است که جمعیت اروپا در مقایسه با سایر جمعیت ها دارای فراوانی آلل مغلوب کمتری است.

مقایسه نتایج به دست آمده از این مطالعه با اطلاعات موجود در پایگاه داده UCSC Genome Browser نشان می دهد که فراوانی آلل G (MAF) برای مارکر rs2288258 در نمونه های از جمعیت ایران (جمعیت اصفهان) نسبت به جمعیت های نیجریه، ژاپن، چین، چین تایپه، کنیا لوهیا، کنیا ماسایی، آفریقا و مکزیک کمتر است در حالی که از جمعیت های اروپا، تگزاس و ایتالیا بیشتر است. این یافته ها نشان می دهد که مارکر rs2288258 می تواند در جمعیت های نیجریه، کنیا لوهیا، کنیا ماسایی، آفریقا و ژاپن (MAF) بزرگ تر از ۰/۱۲) به عنوان یک مارکر گویا جهت بررسی های غیرمستقیم آلل های جهش یافته ژن HEXA مورد استفاده قرار گیرد.

مشخص شده است که انحراف از تعادل هاردی واینبرگ می تواند صحت بررسی های آماری را تحت تأثیر قرار دهد. از این رو پس از تعیین فراوانی آللی و ژنوتیپی افراد، در مرحله بعد، وجود تعادل هاردی واینبرگ مورد بررسی قرار گرفت. نتایج حاصل نشان داد که تعادل هاردی واینبرگ برای مارکر rs2288258 در جمعیت اصفهان وجود دارد.

در مجموع نتایج حاصل از این مطالعه نشان داد که مارکر rs2288258 با فراوانی آللی (MAF) ۹/۱۲٪ و مقدار $PIC=0/1520$ می تواند به عنوان مارکر تک نوکلئوتیدی در آنالیز پیوستگی و تشخیص مولکولی غیرمستقیم آلل های جهش یافته ژن HEXA در اصفهان مورد استفاده قرار گیرد. از سوی دیگر اطلاعات به دست آمده از این مطالعه می تواند در تقویت اطلاعات ساختاری ژنتیکی جمعیت ایران مؤثر باشد.

سپاسگزاری

از معاونت محترم پژوهشی دانشگاه اصفهان جهت تأمین بودجه این مطالعه در غالب پژوهانه و کلیه افرادی که در تهیه نمونه ما را یاری نموده اند تشکر و قدردانی می شود.

References

1. Kolter T, Schepers U, Sandhoff K. Tay-sachs disease encyclopedia of molecular mechanisms of disease. Springer Publication.2009; P.2027.
2. Parenti G, Pignata C, Vajro P, Salerno M. New strategies for the treatment of lysosomal storage diseases. *Int J Mole Med*2013;31:11-20.
3. Myerowitz R. Tay-sachs disease causing mutations and neutral polymorphisms in the Hex A gene. *Hum Mut*1997:195-208.
4. Maegawa GH, Stockley T, Tropak M, Banwell B, Blaser S, Kok F, et al. The natural history of juvenile or subacute GM2 gangliosidosis 21 new cases and literature review of 134 previously reported. *Pediatrics* 2006;118:1550-62.
5. Jamrozik Z, Lugowska A, Gołębiowski M, Krolicki L, Mączewska J, Kuzmakozakiewicz M. Late onset GM2 gangliosidosis mimicking spinal muscular atrophy. *Gene* 2013; 527:679-82.
6. Bley AE, Giannikopoulos OA, Hayden D, Kubilus K, Tifft CJ, Eichler FS. Natural history of infantile GM2 gangliosidosis. *Pediatrics* 2011; 128:1233-41.
7. Huang JQ, Trasler JM, Igdoura S, Michaud J, Hanai N, Gravel RA. Apoptotic cell death in mouse models of GM2 gangliosidosis and observations on human Tay-sachs and Sandhoff diseases. *Hum Mole Genet*1997;6:1879-85.
8. Mullen T, Obeid L. Ceramide and apoptosis exploring the enigmatic connections between sphingolipid metabolism and programmed cell death. *Anticancer Agents Med Chem*2012; 12:340-63.
9. Myerowitz R, Lawson D, Mizukami H, Mi Y, Tifft CJ, Proia RL. Molecular pathophysiology in Tay-sachs and Sandhoff diseases as revealed by gene expression profiling. *Hum Mole Genet* 2002; 11:1343-51.
10. Platt FM. Sphingolipid lysosomal storage disorders. *Nature* 2014; 510:68-75.
11. Sandhoff K, Harzer K. Gangliosides and gangliosidoses principles of molecular and metabolic pathogenesis. *J Neurosci*2013;33:10195-208.
12. Karimzadeh P, Jafari N, Biglari HN, Dari SJ, Abadi FA, Alaee MR, et al. GM2-gangliosidosis Sandhoff and Tay-sachs disease diagnosis and neuroimaging findings an Iranian pediatric case series. *Iranian J Child Neurol* 2014; 8:55.
13. Tandon A. Therapeutic options for Tay-sachs Disease. *J Biol Med* 2002;19:10-2.
14. Triggsraine B, Akerman B, Clarke J, Gravel R. Sequence of DNA flanking the exons of the HEXA gene and identification of mutations in Tay-sachs disease. *Am J Hum Genet*1991; 49:1041.
15. Stenson PD, Ball EV, Howells K, Phillips AD, Mort M, Cooper DN. The human gene mutation database providing a comprehensive central mutation database for molecular diagnostics and personalised genomics. *Hum Genom*2009;4:69.
16. Frisch A, Colombo R, Michaelovsky E, Karpati M, Goldman B, Peleg L. Origin and spread of the 1278insTATC mutation causing Tay-sachs disease in Ashkenazi Jews genetic drift as a robust and parsimonious hypothesis. *J Hum Genet* 2004;114:366-76.
17. Haghghi A, Rezazadeh J, Shadmehri AA, Haghghi A, Kornreich R, Desnick RJ. Identification of two HEXA mutations causing infantile onset Tay-sachs disease in the Persian population. *J Hum Genet* 2011;56:682-4.
18. Martin DC, Mark BL, Triggsraine BL, Natowicz MR. Evaluation of the risk for Tay-sachs disease in individuals of French Canadian ancestry living in new England. *Clin Chem*2007; 53:392-8.
19. Karpati M, Gazit E, Goldman B, Frisch A, Colombo R, Peleg L. Specific mutations in the HEXA gene among Iraqi Jewish Tay-sachs disease carriers dating of founder ancestor. *Neurogenetics* 2004; 5:35-40.
20. Kruglyak L, Nickerson DA. Variation is the spice of life. *Nature Gene*2001; 27:234-5.
21. Botstein D, Risch N. Discovering genotypes underlying human phenotypes past successes for mendelian disease future approaches for complex disease. *Nature Genet* 2003; 33:228-37.
22. Miller S, Dykes D, Polesky H. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Res* 1988; 16:1215.
23. Adrienne Kitts, MS, Lon Phan, Minghong W, Johnbradley H. The database of short genetic variation dbSNP. 2th ed. *NCBI Handbook*2013.
24. UCSC Genome Browser. *NCBI Handbook*. 2th ed.2013.

25. Ye S, Dhillon S, Ke X, Collins AR, Day IN. An efficient procedure for genotyping single nucleotide polymorphisms. *Nucleic Acids Res* 2001;29: 88.
26. Old J, Hartevelde CL, Traeger-Synodinos J, et al. Prevention of thalassaemias and other haemoglobin disorders. 2th.ed Laboratory protocols Publication.2012.
27. PowerMarker software. Available from: www.statgen.ncsu.edu/powermarker/
28. Guo SW, Thompson EA. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics* 1992:361-72.
29. Elahi E, Kumm J, Ronaghi M. Global genetic analysis. *J Biochem Mole Biol* 2004;37:11-27.
30. Chen H, He H, Zou Y, Chen W, Yu R, Liu X, et al. Development and application of a set of breeder-friendly SNP markers for genetic analyses and molecular breeding of rice *Oryza sativa* L. *Theor Appl Genet* 2011; 123:869-879.

Allele Frequency and Genotyping of rs2288258 Polymorphism in HEXA Gene Region in the Isfahan Population

Vahhab N¹, Jazaeri A¹, Vallianborujeni S^{1*}

(Received: May 4, 2016 Accepted: August 13, 2016)

Abstract

Introduction: Tay-Sachs is a genetic disorder with autosomal recessive inheritance affecting the central nervous system. The disorder mainly results from mutations in the HEXA gene on chromosome 15. Sequencing is used to detect mutations and sequence variations in the HEXA gene, which is expensive and time consuming. Alternatively, linkage analysis of polymorphic markers such as single nucleotide polymorphism (SNP) could be used in heterozygous carrier detection and prenatal diagnosis of the disease in families with an affected individual.

Materials & methods: A large number of SNP markers have been introduced for the HEXA gene in the electronic databases. In the present study the genotype and informative situation of rs2288258 genetic marker in HEXA gene region was investigated using Tetra-primer ARMS PCR technique with newly designed primers in Isfahan population. Estimation of allelic frequency, genotype frequency, presence of Hardy Weinberg Equilibrium (HWE) and the amount of polymorphism

information content (PIC) was computed by Power Marker software.

Findings: The results indicated 9.12% minor allele frequency (MAF) and PIC=0.1520 for rs2288258 marker in the Isfahan population. Also, analysis of Hardy-Weinberg Equilibrium showed the presence of equilibrium for this marker in the mentioned population.

Discussion & conclusions: The results indicated 9.12% minor allele frequency (MAF) and PIC=0.1520 for rs2288258 marker in the Isfahan population. Also, analysis of Hardy-Weinberg Equilibrium showed the presence of equilibrium for this marker in the mentioned population. Totally, according to the results of this study rs2288258 genetic marker could be introduced as an SNP marker for linkage analysis in carrier detection and prenatal diagnosis of HEXA mutations in Isfahan population.

Keywords: HEXA, Linkage analysis, Single nucleotide polymorphism, Isfahan population

1. Dept. of Biology, Faculty of Science, Isfahan University, Isfahan, Iran

* Corresponding author Email: svallian@sci.ui.ac.ir