

Association of rs737008 in *PRM1* and rs4780356 in *PRM2* Polymorphisms with Idiopathic Infertility in Iranian men

Elham Siasi^{1*}, Ahmad Aleyasin²

1. Associate Professor, PhD of Genetic, Department of Microbiology, faculty of science, North Tehran Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran

2. Associate Professor, Medical genetic department, National Institute for Genetic Engineering and Biotechnology, Tehran, Iran

Abstract

Aim and Background: Histones are replaced by protamines to package sperm head DNA during mammalian spermatogenesis. Protamine genes variation cause sperm DNA damage and is affect infertility in men. Therefore, this study aim was investigation on association of two rs737008 in *PRM1* gene and rs4780356 in *PRM2* gene polymorphisms with azoospermia and oligospermia in Iranian idiopathic infertile men.

Material and Methods: DNA extraction from blood samples of 96 idiopathic infertile men with azoospermia and oligospermia and 100 normal control men. Prevalance of two studied polymorphisms was identified by restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP). Then results were confirmed with sequencing.

Results: A mutant allele frequency of rs737008 in *PRM1* gene polymorphism was difference in patient and control groups but statistical analysis showed no significant association between this polymorphism prevalence among case and control groups ($P>0.05$). By genotyping shown no existent rs4780356 in *PRM2* gene polymorphism in anyone of case and control groups.

Conclusion: This study finding indicated there was not association with prevalence of two rs737008 in *PRM1* gene and rs4780356 in *PRM2* gene polymorphisms with oligospermia and azospermia and idiopathic male infertility in Iranian population. More studies need to demonstrate the role of these two polymorphisms with idiopathic infertility in Iranian men.

Key words: Male infertility, SNP, *PRM1* and *PRM2* genes, PCR-RFLP, Iau Science.

Corresponding author:

Associate Professor, PhD of Genetic, Department of Microbiology, faculty of science, North Tehran Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran

Email: emi_biotech2006@yahoo.ca

ارتباط پلی مورفیسم های rs737008 در ژن PRM1 و rs4780356 در ژن PRM2 با ناباروری

ادیوپاتیک مردان ایرانی

الهام سیاسی^{۱*}، احمدال یاسین^۲

۱. دانشیار، گروه ژنتیک، دانشکده علوم زیستی، واحد تهران شمال، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

۲. دانشیار، گروه ژنتیک پزشکی، پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری، تهران، ایران

چکیده

سابقه و هدف: در روند اسپرماتوزن پستانداران، پروتئین های پروتامین با اتصال به DNA سر اسپرم، جایگزین هیستون ها شده و سبب بلوغ اسپرم می شوند. تغییر در ژن های کد کننده پروتامین ها منجر به آسیب DNA اسپرم و در نتیجه ایجاد ناباروری در مردان می گردد. بنابراین هدف این تحقیق بررسی ارتباط دو پلی مورفیسم rs737008 و rs4780356 در دو ژن کدکننده پروتئین پروتامین (به ترتیب PRM1 و PRM2)، با ایجاد ازواسپرمی و الیگواسپرمی در مردان نابارور ادیوپاتیک ایرانی بود.

مواد و روش ها: از نمونه خون ۹۶ مرد نابارور ادیوپاتیک که ازواسپرم و اولیگو اسپرم بودند و ۱۰۰ نفر گروه کنترل، استخراج DNA انجام گرفت. حضور دو پلی مورفیسم مورد مطالعه با روش PCR-RFLP بررسی شد. سپس نتایج با روش تعیین توالی تایید شدند.

یافته ها: فراوانی آلل موتان A از پلی مورفیسم rs737008 در ژن PRM1 در مقایسه بین گروه بیمار با گروه کنترل متفاوت بود ولی با آنالیز آماری اختلاف معنی دار بین حضور این پلی مورفیسم بین گروه بیمار و کنترل مشاهده نشد ($P > 0.05$). با ژنوتایپینگ حضور پلی مورفیسم rs4780356 در ژن PRM2، در هیچ یک از گروه بیمار و کنترل مشاهده نشد.

نتیجه گیری: یافته های این تحقیق مشخص نمود که ارتباطی بین حضور دو پلی مورفیسم rs737008 در ژن PRM1 و rs4780356 در ژن PRM2 با ایجاد ازواسپرمی و اولیگواسپرمی و در نتیجه ناباروری ادیوپاتیک جمعیت مردان ایرانی، وجود ندارد. مطالعات بیشتر نیاز است تا نقش این دو پلی مورفیسم با ایجاد ناباروری ادیوپاتیک در مردان ایرانی مشخص گردد.

واژگان کلیدی: ناباروری مردان، پلی مورفیسم، ژن های PRM1 و PRM2، PCR-RFLP، Iau Science

مقدمه

ناباروری در میان ۱۵ درصد زوجین در دنیا وجود دارد ولی در ایران این میزان از امار جهانی بالاتر است و در حدود ۵۰ درصد از موارد به دلیل ناباروری در مردان^۱ است. ناباروری مردان به عنوان یک بیماری کمپلکس مطرح بوده که در بیش از نیمی از موارد به علل ناشناخته است و در ۱۵ درصد موارد به علت ناهنجاری های کروموزومی و تغییرات ژنتیکی می باشد (۱،۲). از سایر عوامل ناباروری می توان به اختلال در تعداد، حرکت و مورفولوژی اسپرم و اختلالات ساختمانی، عدم تعادل هورمونی و عوامل ژنتیکی که در

نویسنده مسئول:

دانشیار، گروه ژنتیک، دانشکده علوم زیستی، واحد تهران شمال،

دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

پست الکترونیکی: emi_biotech2006@yahoo.ca

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۵/۳۱

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۱۱/۱۱

روند اسپرماتوژنز دخالت دارند، اشاره نمود (۱،۲،۳). عوامل ژنتیکی که تا به امروز مشخص شده‌اند و در ناباروری مردان موثر هستند، عبارتند از: اختلالات کروموزومی، بیماریهای تک ژنی، اختلال در میوز و اندوکراین (۲،۴). علی‌رغم تمام عوامل ذکر شده، ۲۵٪ از مردان نابارور دارای آنالیز اسپرم غیر طبیعی هستند که هیچ اتیولوژی برای آنها شناسایی نشده است. این حالت را ناباروری ادیوپاتیک مردان می‌نامند، که با دلایل ژنتیکی متعددی مشخص می‌شود (۴،۵،۶). از عوامل ایجاد کننده ناباروری ادیوپاتیک، که با بررسی کیفیت اسپرم مشخص شده‌اند، می‌توان به فاکتورهای ژنتیکی همچون ژن‌های کروموزوم Y، ژن رسپتور اندروژن و ژن‌های تنظیم کننده هورمون‌های جنسی، تغییرات اپی ژنتیک و اشکال غیر معمول RNA، piRNA، miRNA، IncRNA ها که روی پروسه اسپرماتوژنز تاثیر می‌گذارند، اشاره نمود (۱،۲،۵). اسپرماتوژنز روند حیاتی برای تکامل اسپرم می‌باشد که با تراکم هیستون‌های هسته اسپرم کامل می‌شود. پروتئین‌های پروتامین با جایگزین شدن به جای هیستون‌ها در مراحل تمایز هسته اسپرم در بلوغ سلول‌های اسپرم نقش دارند. این پروتئین‌ها غنی از اسید آمینه‌های آرژینین و سیستئین هستند، که برای تشکیل باندهای DNA و پل‌های دی سولفیدی در هسته اسپرم و تجمع در قسمت سر اسپرم مورد نیاز هستند (۲،۷،۸). دسته اول پروتئین‌های پروتامینی که با ژن کد کننده پروتئین پروتامین (*PRM*: *Protamin gene*) مرتبط هستند، ژن *PRM1* می‌باشد. تمامی پستانداران دارای ژن *PRM1* برای پروتامین‌ها می‌باشند اما انسان و موش علاوه بر آن، ژن *PRM2* را نیز دارند. این ژن‌ها در لوکوس مولتی ژنی در ناحیه‌ای به طول ۲۸ کیلو باز روی کروموزوم ۱۶ که در روند اسپرماتوژنز دخالت دارند قرار دارند و تغییر در آن‌ها سبب ایجاد آزواسپرمی و اولیگواسپرمی در مردان می‌گردد. در تحقیقات گذشته مشخص شده است که بین حضور برخی پلی‌مورفیسم‌ها و جهش‌ها در ژن‌های پروتامین‌ها، با ناباروری مردان ارتباط وجود دارد. این ارتباط می‌تواند با اثرات آن تغییرات ژنتیکی بر روی روند اسپرماتوژنز و دخالت در تغییرات پس از ترجمه پروتئین‌هایی که در تشکیل اسپرم بالغ موثر هستند، همراه باشد. در نتیجه باعث ناباروری و پیامدهایی همچون تغییر در هورمون‌های مردانه، ایجاد الیگواسپرمی یا آزواسپرمی، عدم توانایی ورود اسپرم به تخمک، انجام نپذیرفتن لقاح موفق و همچنین عدم رشد

جنین (حتی در لقاح آزمایشگاهی) می‌گردد (۸،۹،۱۰). مطالعات روی انواع پروتامین‌ها و نقشی که در روند اسپرماتوژنز دارند مشخص نموده است که تنظیمات اپی ژنتیک همچون تغییرات و بازآرایی‌های پروتئین‌های هیستونی و نقش آنها بر عوامل رمدلینگ کننده کروماتین‌ها می‌تواند در جایگزینی پروتامین‌ها به جای هیستون‌ها در پروسه تجمع هسته اسپرم و تشکیل سلول‌های جنسی بالغ در روند اسپرماتوژنز تاثیر گذار باشد. همچنین وجود پروتامین‌ها در بسته بندی صحیح کروماتین که بر عملکرد و حرکت اسپرم بالغ تاثیر دارد و نقش هیدرودینامیکی سر اسپرم که در حفظ اطلاعات ژنتیکی اسپرم موثر است، ضروری می‌باشند (۳،۸،۱۰). بنابراین بررسی مکانیسم‌های مولکولی در خصوص جایگزینی پروتئین‌های پروتامینی در هسته اسپرم می‌تواند مشخص کننده بیومارکرهای اپی ژنتیکی برای شناسایی مردان نابارور بوده و با پتانسیل بالا در درمان این بیماران مطرح باشند. از این رو در این مطالعه به بررسی ارتباط بین حضور دو پلی مورفیسم rs737008 در ژن *PRM1* و rs4780356 در ژن *PRM2* و ناباروری ادیوپاتیک مردان ایرانی با روش PCR-RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) پرداخته شد و نتایج ژنوتایپینگ، با روش تعیین توالی (Sequencing) تایید شدند.

مواد و روش‌ها

نمونه‌گیری

در این تحقیق، ۹۶ مرد نابارور که به دلایل علل ناشناخته ژنتیکی، نابارور ادیوپاتیک تشخیص داده شده بودند و با آگاهی افراد از مطالعه و کسب رضایت نامه برای نمونه‌گیری انتخاب شدند. این مردان دو زیر گروه، آزواسپرم که فاقد اسپرم و ۷۷ نفر بودند و اولیگو اسپرم که دارای کمتر از پنج میلیون سلول اسپرم در میلی لیتر و ۱۹ نفر بودند، را شامل می‌شدند که گروه بیمار بودند. آنان در گروه سنی ۳۰ تا ۴۵ سال قرار داشتند. گروه کنترل شامل ۱۰۰ نفر از مردان بارور سالم بود، که در گروه سنی مشابه قرار داشتند و از نظر پارامترهای فیزیولوژی و ساختمانی و نتایج کاریو تایپینگ دارای حالت نرمال بودند و دارای حداقل یک فرزند بودند. برای نمونه‌گیری، از کلیه افراد ۵ میلی لیتر خون محیطی در فالتون‌های حاوی ۵۰۰ میکرولیتر محلول آنتی کوالانت EDTA (با غلظت 10^{-1} و pH برابر با ۶-۴) و میزان

DNA انجام گرفت. به منظور ارزیابی کمیت و کیفیت DNA های استخراج شده و آگاهی از غلظت و درجه خلوص آن، از دستگاه نانو دراپ و الکتروفورز روی ژل اگاروز استفاده شد.

انجام PCR و الکتروفورز محصول PCR

واکنش PCR برای تکثیر هریک از پلی مورفیسیم‌های مورد مطالعه، با مواد مورد نیاز و پرایمرها و برنامه دستگاه PCR که به ترتیب در جداول ۱ و ۲ و ۳ آورده شده است، انجام گرفت. سپس صحت محصولات PCR با الکتروفورز روی ژل اگاروز و عکسبرداری با دستگاه ژل داک کنترل شد.

۱۰۰ میکرولیتر به ازاء هر یک میلی لیتر خون محیطی گرفته شد. نمونه‌های خون تا زمان استخراج DNA از هسته گلبول‌های سفید خون در دمای ۲۰- سلسیوس نگهداری شدند.

انجام روش‌های مولکولی برای بررسی حضور پلی مورفیسیم‌های rs737008 در ژن *PRM1* و rs4780356 در ژن *PRM2*

استخراج DNA و کنترل کیفیت ژنوم استخراج شده استخراج DNA ژنومیک از خون، با روش استخراج نمکی

جدول ۱- مواد مورد نیاز برای واکنش PCR

حجم	مواد مورد نیاز
۱۹ میکرولیتر	آب مقطر دونیزه
۲/۵ میکرولیتر	PCR بافر
۱ میکرولیتر	Mgcl2
۰/۵ میکرولیتر	dNTP
۰/۵ میکرولیتر	هر یک از پرایمرهای راست و چپ
۱-۱/۲ میکرولیتر	DNA ژنومی نمونه مورد نظر
۰/۲ میکرولیتر	پلیمراز Taq آنزیم
۲۵ میکرو لیتر	حجم نهایی

جدول ۲- مشخصات پرایمرهای مورد استفاده در انجام PCR

نام ژن	توالی پرایمرها	رفرنس
<i>PRM1</i>	F- cccctggcatctataacaggccgc R-tcaagaacaaggagagaagagtgg	۱۱
<i>PRM2</i>	F- ctccagggcccactgcagcctcag R- gaattgctatggcctcacttggtg	۱۱

جدول ۳- برنامه PCR برای تکثیر پلی‌مورفیسم‌های مورد مطالعه.

نام ژن	مرحله دناتوره شدن دما - زمان	مرحله اتصال آغازگر دما - زمان	مرحله طویل شدن دما - زمان	تعداد سیکل PCR	طول قطعه تکثیر شده bp
PRM1	۹۴°C - ۱ دقیقه	۶۶°C - ۱ دقیقه	۷۲°C - ۱ دقیقه	۳۲	۵۵۷
PRM2	۹۴°C - ۴۵ ثانیه	۷۰°C - ۴۵ ثانیه	۷۲°C - ۴۵ ثانیه	۳۲	۵۹۹

یک میکرو لیتر از محصول PCR با یک میکرو لیتر بافر X ۱۰ و ۰/۲ میکرو لیتر آنزیم ۱۰ یونیت بر میکرو لیتر که هر ۰/۱ آن معادل ۱ میکرو لیتر است، مخلوط شد و حجم کلی را با کمک آب دیونیزه به حجم ۱۰ میکرو لیتر رسانده شد. سپس نمونه‌ها را به مدت ۱۶-۲ ساعت در دماهای ۳۷ و ۶۵ درجه سلسیوس که دماهای بهینه به ترتیب برای آنزیم های *Bst* I و *Bsr* I (تهیه شده از شرکت تکاپوزیست) هستند، قرار داده شد. پس از هضم آنزیمی، ژنوتایپینگ نمونه ها با الکتروفورز نمودن محصول PCR-RFLP روی ژل آگاروز ۱/۵٪ انجام گردید. مشخصات آنزیم‌های برش دهنده در این تحقیق در جدول ۴ آورده شده است.

- دما و زمان دناتوره شدن اولیه برای دو پلی‌مورفیسم تکثیر داده شده به ترتیب ۹۴ درجه سلسیوس و ۵ دقیقه بود.
- دما و زمان طویل شدن نهایی برای دو پلی‌مورفیسم تکثیر داده شده به ترتیب ۷۲ درجه سلسیوس و ۵ دقیقه بود.

انجام روش RFLP برای تشخیص پلی‌مورفیسم‌ها-
پس از انجام PCR، برای بررسی حضور دو پلی‌مورفیسم مورد مطالعه از روش RFLP و هضم آنزیمی محصول PCR با آنزیم های محدودالثر استفاده شد. روش کار و مواد و محلول‌های مورد استفاده برای انجام RFLP عبارت بود از:

جدول ۴- قطعات ناشی از هضم آنزیمی محصولات PCR بدنبال استفاده از روش RFLP

ژن	پلی‌مورفیسم	آنزیم	سایت برش	برش الی	طول PCR	طول قطعات حاصل بعد از برش bp
PRM1	Rs737008	<i>Bst</i> I	CG/CG	ال وحشی	۵۵۷	۱۹۶ و ۳۶۱ و ۵۵۷
PRM2	rs4780356	<i>Bsr</i> I	C/CAGT	ال وحشی	۵۹۹	۱۹۹ و ۴۰۰ و ۵۹۹

(به شرکت بایونیر) برای تعیین توالی فرستاده شدند. تعیین توالی انجام شد و در نهایت بلاست انجام گرفت.

تایید صحت نتایج ژنوتایپینگ
برای تعیین سکانس و تأیید محصولات PCR-RFLP نمونه هایی از همو زیگوت غالب و هموزیگوت مغلوب و هتروزیگوت ها انتخاب شده و پس از خالص سازی با کیت سینا کلون، از طرف شرکت تکاپوزیست به کشور کره جنوبی

آنالیزهای آماری

برای آنالیز نتایج تحقیق از برنامه آماری SPSS و آزمون χ^2 (Chi-square) در سطح معنی دار ۰,۰۵ برای بررسی تفاوت های فراوانی آلل ها استفاده شد.

یافته‌ها

نتایج نمونه‌ها

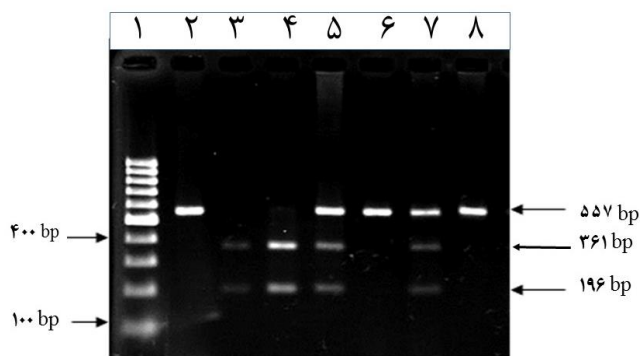
گروه بیمار مردان نابارور از واسپریم و اولیگواسپریم را شامل می‌شدند. این افراد توسط پزشک متخصص اورولوژی مورد بررسی قرار گرفتند. با انجام یک سری آزمایشات اندرولوژی روی بیماران شامل بررسی تاریخچه پزشکی، معاینات فیزیکی، آنالیز مایع سیمن، آنالیز هورمونی برای میزان LH, FSH، بررسی کاریوتایپ بیماران و در برخی موارد بیوپسی بیضه، مردان ناباروری که ادیوپاتیک تشخیص داده شدند، انتخاب شدند. نتایج دموگرافی افراد مورد مطالعه در جدول ۵ آورده شده است.

جدول ۵- دموگرافی گروه بیمار و کنترل در این مطالعه

افراد مورد مطالعه	گروه بیمار از واسپریم	گروه بیمار اولیگواسپریم	گروه کنترل سالم
تعداد	۷۷ نفر	۱۹ نفر	۱۰۰ نفر
گروه سنی	۳۷-۴۵ ($37/04 \pm 4/57$)	۳۷-۴۵ ($37/04 \pm 4/57$)	۴۵-۲۶ ($37/92 \pm 5/31$)
تعداد اسپرم	صفر	کمتر از 5×10^6	بیشتر از 20×10^6
حرکت اسپرم	فاقد حرکت	فاقد حرکت	بیشتر از ۵۰٪ متحرک
مورفولوژی اسپرم	نامعمول و غیر طبیعی	نامعمول و غیر طبیعی	بیشتر از ۳۰٪ طبیعی

نتایج ژنوتایپینگ برای تشخیص پلی‌مورفیسم های **PRM1** و **rs4780356** در ژن **PRM2** برای بررسی دو پلی‌مورفیسم مورد مطالعه از تکنیک PCR – RFLP (هضم آنزیمی با آنزیم های برش دهنده محصول PCR) استفاده گردید. نتایج ژنوتایپینگ، حضور پلی‌مورفیسم **rs4780356** در ژن **PRM2**، را در هیچ یک از گروه بیمار و کنترل نشان نداد و برای پلی‌مورفیسم

rs737008 در ژن **PRM1** در مقایسه بین گروه بیمار با گروه کنترل الل موتان A فراوانی متفاوت داشت و بعنوان ریسک فاکتور مرتبط با ناباروری مطرح است. در شکل ۱ نمونه هایی از ژنوتایپ های هموزیگوت های غالب CC و مغلوب AA و نمونه های هتروزیگوت CA در کنار مارکر مولکولی ۱۰۰ bp آورده شده است که حاصل هضم آنزیمی محصول PCR با آنزیم BstI بوده اند.



شکل ۱- محصولات هضم آنزیمی برای پلی‌مورفیسم rs737008 در ژن *PRM1*

گروه کنترل متفاوت بود ولی از نظر آماری اختلاف معنی دار بین حضور این پلی‌مورفیسم بین گروه بیمار و کنترل وجود نداشت ($P > 0.05$). همچنین فراوانی از حضور پلی‌مورفیسم rs4780356 از ژن *PRM2*، در گروه بیمار و کنترل یافت نشد ($P > 0.05$). بنابراین می‌توان چنین نتیجه گرفت که بین حضور پلی‌مورفیسم‌های rs737008 در ژن *PRM1* و rs4780356 در ژن *PRM2* با ایجاد ازواسپرمی و اولیگواسپرمی در ناباروری ادیوپاتیک مردان ایرانی از نظر آماری ارتباط معنی‌داری وجود ندارد ($P > 0.05$). نتایج فراوانی حضور این دو پلی‌مورفیسم و آنالیز آماری آن بین گروه بیمار و کنترل در جدول ۶ آورده شده است.

خانه شماره ۱: مارکر ژنتیکی ۱۰۰ bp، خانه شماره ۲: نمونه uncut (محصول PCR فاقد برش آنزیمی) (bp)، خانه‌های شماره ۳ و ۴: نمونه‌های هموزیگوت غالب برش یافته (CC) (۳۶۱ bp و ۱۹۶ bp)، خانه‌های شماره ۵ و ۷: نمونه‌های هتروزیگوت برش یافته (CA) (۵۵۷ bp و ۳۶۱ bp و ۱۹۶ bp) و خانه‌های شماره ۶ و ۸: نمونه‌های هموزیگوت موتان فاقد برش (AA) (۵۵۷ bp).

نتایج آنالیز پلی‌مورفیسم‌های rs737008 در ژن *PRM1* و rs4780356 در ژن *PRM2*

با آنالیز آماری نتایج ژنوتایپینگ دو پلی‌مورفیسم مورد مطالعه و مقایسه بین داده‌های دو گروه بیمار و کنترل مشخص شد با اینکه فراوانی آلل موتان A از پلی‌مورفیسم rs737008 در ژن *PRM1* در مقایسه بین گروه بیمار با

جدول ۶- نتایج فراوانی ژنوتایپ‌های پلی‌مورفیسم rs737008 در ژن *PRM1* و rs4780356 در ژن *PRM2* و نتایج آنالیز آماری برای این دو پلی‌مورفیسم بین گروه بیمار و کنترل

P.value	فراوانی ال‌ها در گروه بیمار	فراوانی ال‌ها در گروه سالم	ال‌های پلی مورفیسم	فراوانی گروه بیمار	فراوانی گروه سالم	ژنوتایپ پلی مورفیسم rs737008
	۳۸ (۳۹٪/۶)	۳۸ (۳۸٪)	C	۲۲ (۲۲٪/۹)	۲۴ (۲۴٪)	هموزیگوت غالب (CC)
۰/۸۲				۳۲ (۳۳٪/۳)	۲۹ (۲۹٪)	هتروزیگوت (CA)

هموزیگوت مغلوب (AA)	۴۷ (۴۷٪)	۴۲ (۴۳/۸٪)	A	۶۲ (۶۲٪)	۵۸ (۶۰/۴٪)
فراوانی کل	۱۰۰ (۱۰۰٪)	۹۶ (۱۰۰٪)		۱۰۰ (۱۰۰٪)	۹۶ (۱۰۰٪)
ژنوتایپ پلی مورفسم rs4780356	فراوانی گروه سالم	فراوانی گروه بیمار	الل‌های پلی مورفسم	فراوانی الل‌ها در گروه سالم	فراوانی الل‌ها در گروه بیمار
هموزیگوت غالب (CC)	۱۰۰ (۱۰۰٪)	۹۶ (۱۰۰٪)	C	۱۰۰ (۱۰۰٪)	۹۶ (۱۰۰٪)
هتروزیگوت (CT)	(۰٪)۰	(۰٪)۰			NS*
هموزیگوت مغلوب (CC)	(۰٪)۰	(۰٪)۰	T	(۰٪)۰	(۰٪)۰
فراوانی کل	۱۰۰ (۱۰۰٪)	۹۶ (۱۰۰٪)		۱۰۰ (۱۰۰٪)	۹۶ (۱۰۰٪)

NS* = بدلیل فراوانی صفر برای الل مغلوب T مقدار Pvalue بصورت بدون معنی no significant محاسبه شده است.

نتایج تعیین توالی محصولات PCR

نمونه‌های محصول واکنش PCR برای دو ژن *PRM1* و *PRM2* تعیین توالی گردید و نتایج تعیین توالی در سایت بلاست NCBI برای نمونه‌های هموزیگوت غالب و مغلوب و هتروزیگوت کنترل شدند و با همولوژی که در سایت بلاست مشاهده شد نتایج ژنوتایپینگ با روش PCR-RFLP تایید گردید.

بحث

بر اساس مطالعات انجام شده کمتر از یک سوم دلایل ژنتیکی برای ناباروری هنوز ناشناخته هستند که بنام دلایل ژنتیکی ادیوپاتیک نامیده شده‌اند. با وجود این که فاکتورهای محیطی می‌توانند نقش مهمی در ناباروری مردان داشته باشند، مطالعات امروزه تغییرات ژنتیکی را عامل موثری در این امر می‌داند و خصوصاً توجه زیادی به علل ژنتیکی در ناباروری ادیوپاتیک شده است (۸ و ۱۰). بر این اساس تحقیق حاضر به بررسی ارتباط حضور دو پلی‌مورفسم

rs737008 در ژن *PRM1* و rs4780356 در ژن *PRM2*

و ایجاد ناباروری ادیوپاتیک در جمعیت مردان ایرانی پرداخته است. برای پلی‌مورفسم rs737008 در ژن *PRM1*، فراوانی الل تغییر یافته A در گروه بیمار ۶۰/۴٪ در مقایسه با گروه کنترل ۶۲٪ بود که با توجه به آنالیز ریسک فاکتوری در این خصوص، این الل می‌تواند به عنوان یک فاکتور مرتبط با ناباروری محسوب شود ولی محاسبه مقدار Pvalue برای الل‌های این پلی‌مورفسم نشان داد که در جمعیت مردان نابارور ایرانی اختلاف معنی‌دار بین فراوانی حضور دو الل غالب و موتانت در گروه بیمار و کنترل وجود ندارد و برای پلی‌مورفسم rs4780356 در ژن *PRM2*، فراوانی الل وحشی C در گروه بیمار و کنترل ۱۰۰٪ به دست آمد و فراوانی الل موتانت صفر بود. بنابراین آنالیز نتایج چنین نشان داد که بین فراوانی حضور پلی‌مورفسم‌های مطالعه شده در گروه بیمار و گروه کنترل تفاوت معنی‌دار وجود نداشته است و در نتیجه حضور این پلی‌مورفسم‌ها در جمعیت مردان نابارور ایرانی با ایجاد ناباروری ادیوپاتیک در اثر اولیگواسپرمی و آزواسپرمی،

مرتبط نمی‌باشند (زیرا مقدار Pvalue برای دو پلی مورفیسیم مورد مطالعه، بیشتر از ۰/۰۵ و بدون ارتباط معنی دار بدست آمده است). در ادامه برای نتیجه‌گیری کلی به مقایسه نتایج تحقیقات گذشته و پژوهش حاضر پرداخته شده است. بررسی مطالعات گذشته نشان می‌دهد در سال‌های اخیر تحقیقات زیادی در مورد پلی‌مورفیسیم و جهش‌ها در ژن‌های پروتامین در جمعیت‌های مختلف انجام گرفته است و نتایج متفاوتی از این تحقیقات بدست آمده است (۱۸ و ۱۷ و ۱۶ و ۱۵ و ۱۴ و ۱۳ و ۱۲ و ۱۰ و ۹). تعدادی از این مطالعات ارتباط معنی‌داری را بین پلی‌مورفیسیم یا جهش‌های مورد مطالعه در ژن پروتامین‌ها گزارش نموده‌اند (۲۰ و ۱۹ و ۱۷ و ۱۶ و ۱۵). از این تحقیقات می‌توان به ارتباط پلی‌مورفیسیم rs4780356 در ژن PRM2 با جمعیت مردان نابارور ژاپنی که معنی‌دار گزارش شده است و سبب ایجاد ازواسپرمی در آنان شده است اشاره نمود (۱۱). همچنین تحقیق ال‌زایدی و همکاران در سال ۲۰۱۹ نشان داده است که در جمعیت مردان شهر نجف پلی‌مورفیسیم rs4780356 در ژن PRM2 با ایجاد تترائواسپرمیا و نورواسپرمیا و ناباروری ادیوپاتیک در مردان نابارور عراقی ارتباط معنی‌دار داشته است (۲۱). در تحقیق حاضر که به بررسی ارتباط بین پلی‌مورفیسیم rs4780356 در ژن PRM2 با ناباروری مردان ایرانی پرداخته شده است، نتایج نشان داد که آن پلی‌مورفیسیم در هیچ یک از نمونه‌های گروه بیمار و کنترل یافت نشده و ارتباط معنی‌داری بین این پلی‌مورفیسیم با ناباروری مردان ایرانی وجود ندارد. البته تکرار آزمایشات با تعداد نمونه بیشتر برای اثبات نتایج توصیه می‌گردد. در خصوص پلی‌مورفیسیم rs737008 در ژن PRM1 گزارش‌هایی وجود دارد که بیان می‌دارند بین این پلی‌مورفیسیم با ناباروری مردان ارتباط معنی‌داری وجود دارد (۱۹ و ۱۷ و ۱۶ و ۱۵). ولی در تعداد دیگری از مطالعات، نتایجی مبنی بر عدم ارتباط بین پلی‌مورفیسیم مذکور با ناباروری جمعیتی از مردان ژاپنی و ایرانی بدست آمده است (۲۲ و ۱۱). در مطالعه حاضر نیز فراوانی پلی‌مورفیسیم rs737008 در ژن PRM1 بین جمعیت گروه مردان نابارور ایرانی و گروه کنترل تفاوت معنی‌دار نشان نداده است ($P > 0.05$) که در نتیجه نشان داده شده است که با ایجاد ناباوری در مردان ایرانی مرتبط نمی‌باشد. علاوه بر این موارد، در تعدادی دیگر از مطالعات که در خصوص پلی‌مورفیسیم‌های معمول در ژن‌های کدکننده پروتامین‌ها انجام گرفته است ارتباطی بین پلی‌مورفیسیم‌های مورد

مطالعه و ناباروری مردان مشاهده نشده است (۲۳ و ۱۸ و ۱۶ و ۱۰). در این رابطه می‌توان به مطالعه دهقان پور و همکاران در سال ۲۰۱۹ اشاره نمود که به بررسی ۸ پلی‌مورفیسیم مختلف در ژن‌های PRM1 و PRM2 در مردان نابارور ادیوپاتیک ایرانی پرداخته بودند. نتایج تحقیق آنان نشان داد فراوانی پلی‌مورفیسیم‌های مختلف در این دو ژن بین گروه بیمار و کنترل تفاوت معنی‌داری نداشتند ولی بیان نمودند فراوانی هتروزیگوتی برخی پلی‌مورفیسیم‌ها بر کیفیت و مورفولوژی اسپرم و در نتیجه ایجاد اپوپتوز اسپرم می‌تواند تاثیر گذار باشد (۵). همچنین در تحقیق He و همکاران در سال ۲۰۱۹ که با روش متانالیز برای بررسی ارتباط بین پلی‌مورفیسیم‌های معمول در ژن‌های پروتامین‌ها و ناباروری مردان انجام گرفته بود، چنین گزارش شد که اکثر این پلی‌مورفیسیم‌ها با ناباروری جمعیت مردان آسیایی ارتباط معنی‌دار ندارند ولی می‌توانند با ناباروری جمعیت مردان آفریقایی-اروپایی مرتبط باشند (۹). بر اساس این تحقیقات مشخص می‌شود که فراوانی حضور پلی‌مورفیسیم‌ها در ژن‌های PRM1 و PRM2 در جمعیت ایرانی و مقایسه آن‌ها با سایر جمعیت‌ها، نتایج متفاوتی را نشان می‌دهد که ممکن است به دلایل تفاوت مناطق جغرافیایی و آب و هوایی باشد که با شرایط محیط زیست و عادات زندگی این افراد ارتباط مستقیم دارد و یا بدلیل تفاوت نژاد و قومیت‌های مختلف که حاصل تفاوت ژنتیکی افراد است، باشد و یا به دلیل تفاوت تعداد افراد مورد بررسی و تفاوت سنی آن‌ها باشد که در هر حالت این موارد همگی می‌توانند در نتایج تحقیقات اثر گذار باشند. همچنین ممکن است نوع تغذیه یا ابتلا به بیماری‌های خاص و داروهایی که به طور زمینه‌ای در بیماران مصرف شده، عاملی برای تفاوت نتایج در جمعیت‌های مختلف مردان گردند. در هر صورت ناباروری یک بیماری کمپلکس به شمار می‌آید که می‌تواند تفاوت فاکتورهای محیطی و تفاوت جغرافیایی و قومیتی (ژنتیکی) در جمعیت‌های مختلف از نمونه‌های مورد بررسی، اثرات متفاوت پلی‌مورفیسیم‌های ژن‌های پروتامین را که در بیان ژن‌های مرتبط با اسپرماتوژنز موثر هستند و نقش مهمی در ناباروری مردان دارند، را توجیه نماید. ذکر این نکته در انتها اهمیت دارد که با گسترده‌ی مباحث در زمینه‌های ناباروری و تخصصی شدن هر یک از شاخه‌های مربوط به این دانش، ابداع روش‌های جدید و شیوه‌های نوین در بررسی جهش‌ها و پلی‌مورفیسیم‌ها را قابل تأمل نموده است زیرا به کارگیری این روش‌ها می‌تواند راهگشایی برای

مطالعات جامع‌تر در حوزه های پیش‌آگهی، پیشگیری و درمان این بیماری عاطفی – اجتماعی باشد و گامی موثر در جهت کاربرد روش‌های فارماکوژنتیکی برای این بیماری محسوب گردد.

نتیجه‌گیری

ژن‌های پروتامین، ژن‌هایی اختصاصی و با ساختمان ویژه هستند که برای صحت روند اسپرمتوژنز ضروری‌اند و حضور پلی‌مورفیسم و جهش‌ها، وجود هاپلوتاایپ‌ها و لینک بودن برخی ژن‌ها با این ژن‌ها، می‌تواند در آسیب به اسپرمتوژنز و عدم تشکیل اسپرم سالم و بالغ موثر باشد و در نتیجه سبب ناباروری در جمعیت مردان گردد. گرچه با توجه به نتایج این تحقیق این اثرات به ندرت با ایجاد ناباروری مرتبط

می‌باشد ولی حضور این پلی‌مورفیسم‌ها و اثراتی که آنها بر وقایع اپی‌ژنتیک در روند تغییرات پس از ترجمه این ژن‌ها اعمال می‌نمایند، می‌تواند به عنوان عاملی در تخریب روند اسپرمتوژنز مطرح باشد. لذا مطالعات گسترده و با تعداد نمونه بیشتر در جمعیت‌های مختلف توصیه می‌شود.

سپاسگزاری

از کلیه پرسنل و بیماران مرکز ناباروری نوید و مسئولان محترم پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک که در انجام کارهای آزمایشگاهی این تحقیق کمال همکاری را مبذول فرموده‌اند، تشکر و قدردانی به‌عمل می‌آید.

منابع

1. Azizi F, Omrani MD, Sadighi Gilani MA, Hosseini J. The Genetic Causes of Male Infertility in Iranian Population; A systematic Review. *Men's Health J*, 2018; 2 (1); e1.
2. Venkatesh S, Kumar R, Deka D, Deecaraman M, Dada R. Analysis of sperm nuclear protein gene polymorphisms and DNA integrity in infertile men. *Sys Bio Reprod Med*, 2011; 57: 124–132.
3. Wang T, Gao H, Li W, Liu C. Essential Role of Histone Replacement and Modifications in Male Fertility. *Front Gene*, 2019; 10(962): 1-15.
4. Park Sh. Genetic Factors and Environmental Factors Affecting Male Infertility. *Inter Res J Advan Enginee Sci*, 2016; 1(3): 115-118.
5. Dehghanpour F, Farzaneh Fesahat F, Miresmaeili SM, Zare Mehrjardi E, Honarju A, Talebi AL. Analysis of PRM1 and PRM2 Polymorphisms in Iranian Infertile Men with Idiopathic Teratozoospermia. *Inter J Fertil Steril*, 2019; 13(1): 77-82.
6. Raheem AA, Ralph D. Male infertility: causes and investigations. *Trend uro mens health*, 2011; 2(5): 8-11.
7. Bisht S, Mathur P, Dada R. Protamines and their role in pathogenesis of male infertility. *Transl Cancer Res*, 2016; 5(3):324-326.
8. Tavalae M, Ghorbani R, Nasr-Esfahani MH. The Role of Sperm Protamine in Pathogenesis of Male Infertility. *J Fasa Uni Med Sci*, 2019; 9 (2): 1357-1367.
9. He Q, Deng L, Deng S, Jin T. Association of protamine1 gene c.-190C>A polymorphism with male infertility risk: a meta-analysis. *Int J Clin Exp Med*, 2019; 12(4):3047-3055.
10. Nabi A, Khalili MA, Moshrefi M, Sheikhha MH, Zare Mehrjardi E, Ashrafzadeh HR. Polymorphisms in protamine 1 and 2 genes in asthenozoospermic men: A case-control study. *Int J Reprod Bio Med*, 2018; 16(6): 379-386.
11. Tanaka H, Miyagawa Y, Tsujimura A, Matsumiya K, Okuyama AYN. Single-nucleotide polymorphisms in the protamine-1 and -2 genes of fertile and infertile human male populations. *Molecul Hum Reprod*, 2003; 9: 69-73.
12. Gazouez C, Oriola J, De Mateo S, Vidal-Taboada JM, Ballesca JL. A common protamine 1 promoter polymorphism (C190A) correlates with abnormal sperm morphology and increased protamine P1/P2 ratio in infertile patients. *J Andro*, 2008; 29: 540-548.
13. Iguchi N, Yang S, Lamb DJ. An SNP in protamine 1: a possible genetic cause of male infertility? *J Med Genet*, 2006; 43: 382-384.
14. Imken L, Rouba H, El Houate B, Louanjli N, Barakat A, Chafik A. Mutations in the protamine locus: association with spermatogenic failure? *Molecul Hum Reprod*, 2009; 7: 1-22.
15. Jiang W, Shi L, Liu H, Cao J, Zhu P, Yu M, Guo Y, Cui Y, Xia X. Systematic review and meta-analysis of the genetic association between protamine polymorphism and male infertility. *Andro*, 2018; 50(5): e12990.
16. Jiang W, Sun H, Zhang J, Zhou Q, Wu Q, Li T, Zhang C, Li W, Zhang M, Xia X. Polymorphisms in Protamine 1 and Protamine 2 predict the risk of male infertility: a meta-analysis. *Sci Report*, 2015; 5(15300): 1-11.
17. Jiang W, Zhu P, Zhang J, Wu Q, Li W, Liu S, Ni M, Yu M, Cao J, Li Y, Cui Y, Xia X. Polymorphisms of protamine genes contribute to male infertility susceptibility in the Chinese Han population. *Onco*, 2017; 8(37): 61637-61645.
18. Jodar M, Oriola J, Mestre G, Castillo J, Giwerzman A, Vidal-Taboada J. Polymorphisms, haplotypes and mutations in the protamine 1 and 2 genes. *Int J Androl*, 2011; 34: 470-485.
19. Aydos O.S.E, Hekmatshoar Y, Altınok B, Özkan T, Şakırağaoğlu O, Karadağ A, Kaplan F, Ilgaz S, Taşpınar M, Yükselen I, Sunguroğlu A, Aydos K. Genetic Polymorphisms in PRM1, PRM2, and YBX2 Genes are Associated with Male Factor Infertility. *Genet Test Mol Biomark*, 2018; 22(1):55-61.

20. Tüttelmann F, Křenková P, Römer S, Nestorovic AR, Ljubic M, Štambergová A. A common haplotype of protamine 1 and 2 genes is associated with higher sperm counts. *Int J Androl*, 2010; 33: e240-e280.
21. Al Zeyadi M, AL-Salimi ASM, Albaldawy MT. Single Nucleotide Polymorphism in Protamine 1 and Protamine 2 genes in fertile and infertile for men of Al-Najaf City. *J Phys Conf Ser*, 2019; 1234 (012081): 1-10.
22. Salamian A, Ghaedi K, Razavi S, Tavalae M, Tanhael S, Tavalae M, Salahshouri I, Gourabi HMM. Single nucleotide polymorphism analysis of protamine genes in infertile men. *Royan Institute Inter J Fertil Steril*, 2008; 2(1): 13-18 .
23. Aston KI, Krausz C, Laface I, Ruiz-Castane E, Carrell DT. Evaluation of 172 candidate polymorphisms for association with oligozoospermia or azoospermia in a large cohort of men of European descent. *Hum Reprod*, 2010; 25: 1383-1397.