

بررسی پلی مورفیسم ژن های چرخه اسید فولیک در عدم تفرق صحیح کروموزوم ۲۱

در بیماران سندرم داون

آل یاسین سید احمد (PhD)^۱، رضائی شیدا^۱، غضنفری محمد^۱.

۱- استادیار، پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری، گروه ژنتیک پزشکی

نویسنده مسئول مکاتبات، آدرس الکترونیک: ahmad.aleyasin@nrcgeb.ac.ir

چکیده

برخی پلی مورفیسم های رایج در ژن های MTHFR (C667T, A1298C) و MTRR (A66G)، بعنوان ریسک فاکتورهای ژنتیک مادری سندروم داون در برخی از جمعیت ها مطالعه گردیده اند. اگر چه، این مطالعات تاکنون ریسک فاکتورهای ژنتیک مادری را بدون تعیین منشاء والدینی عدم تفرق صحیح کروموزوم ۲۱ بیماران مورد بررسی قرار داده اند. در این مطالعه منشاء والدینی عدم تفرق صحیح کروموزوم ۲۱ با استفاده از ۵ مارکر STR اختصاصی کروموزوم ۲۱ (D21S11, D21S1414, D21S1440, D21S1411, D21S1412) در ۲۶۰ خانواده دارای فرزند سندروم داون آزمایش شده است. منشاء والدینی تریزومی در ۲۲۶ بیمار سندروم داون تعیین گردید که در ۱۹۸ مورد با منشاء مادری و در ۲۸ مورد با منشاء پدری مشخص شد. ۲۲۶ مادر دارای فرزند سندروم داون و ۱۷۲ مادر سالم دارای فرزند سالم به عنوان گروه کنترل برای مقایسه فراوانی پلی مورفیسم های رایج ژن های MTHFR (A1298C, C667T) و MTRR (C66G) بررسی شدند. رابطه معنی داری بین عدم تفرق صحیح کروموزوم ۲۱ مادری و پلی مورفیسم A1298C ژن MTHFR مشاهده شد ($p=0/0$, $\chi^2=15/6$). این مطالعه اهمیت تعیین منشاء والدینی در بررسی ریسک فاکتورهای ژنتیک مادری در سندروم داون را نشان می دهد. ارتباط معنی دار پلی مورفیسم A1298C ژن MTHFR در بیماران با منشاء مادری به عنوان ریسک فاکتور ژنتیکی در جمعیت ایرانی، آگاهی درباره اتیولوژی عدم تفرق صحیح کروموزوم ۲۱ و نقش پلی مورفیسم ژن فولات در مادران سندروم داون را افزایش می دهد.

واژه های کلیدی

سندروم داون،
عدم تفرق صحیح کروموزومی،
مارکرهای ملکولی،
منشاء والدینی کروموزوم،

مقدمه

سندروم داون یکی از علل رایج عقب ماندگی ذهنی و جسمی است که اغلب نتیجه عدم تفرق صحیح کروموزوم ۲۱ در مرحله میوز یا با فراوانی کمتر در تقسیمات میتوزی سلول تخم می باشد. کروموزوم اضافه ۲۱ معمولاً با منشاء مادری است و با فراوانی بیشتری با افزایش سن مادری رخ می دهد (۱۳، ۲۴). علی رغم تحقیقات بسیاری که صورت گرفته است، مکانیسم دقیق

اتیولوژی عدم تفرق صحیح کروموزوم ۲۱ هنوز مشخص نشده است (۵، ۶، ۷). مطالعات اخیر در جمعیت های مختلف نشان داده که پلی مورفیسم های ژن فولات کم و بیش در اتیولوژی عدم تفرق صحیح کروموزوم ۲۱ در مادران سندرم داون تاثیر دارد (۱۰، ۱۱، ۱۳، ۱۴، ۱۶، ۲۱، ۳۰). تعدادی از مطالعات، کاهش اسید فولیک به همراه پلی مورفیسم های ژن های متابولیسم کننده فولات و افزایش سطح هموسیستئین خون را در مادران دارای فرزند سندروم داون نشان داده است (۱۱، ۳۰). کمبود مزمن اسید فولیک باعث هیپومتیلاسیون DNA، hyperhomocysteinemia، شکست DNA، تغییر در الگوی نوتریکی کروموزوم و عدم تفرق صحیح کروموزوم می شود. پلی مورفیسم های ژن های فولات به همراه کاهش اسید فولیک در رژیم غذایی با بسیاری از بیماری ها مانند ناهنجاری های مادرزادی، بیماری های قلبی و سرطان ارتباط معنی داری دارد (۸، ۹، ۱۸، ۲۰، ۲۲، ۲۵). متابولیسم اسید فولیک برای سنتز پورین ها، تیمیدیلات ها و S آدنوزیل متیونین (SAM) ضروری است (۹، ۲۵). آنزیم مهم در چرخه متابولیسم فولات خود حاصل آنزیم متیلن تتراهیدروفولات ردوکتاز (MTHFR) است که به عنوان آنزیمی کلیدی به ترتیب در سنتز ۵-متیلن تتراهیدروفولات و متیونین عمل می کند (۱۲). انتقال سیتوزین (C) به تیمیدین (T) در جایگاه نوکلئوتیدی ۶۷۷ باعث جایگزینی آلانین به والین، پایداری حرارتی آنزیم و کاهش فعالیت آن به حدود ۳۵٪ در مقایسه با ژنوتیپ نرمال در هتروزیگوت C/T و ۷۰٪ در حالت هموزیگوت T/T می شود. پلی مورفیسم A1298C ژن MTHFR باعث جایگزینی گلوتامات به آلانین و در هموزیگوس جهش یافته (CC) باعث کاهش متوسط فعالیت آنزیمی می شود (۲۳).

فولات در فرم حلقوی عمدتاً به شکل متیل تتراهیدروفولات وجود دارد و به عنوان دهنده متیل برای متیلاسیون مجدد هموسیستئین به متیونین توسط آنزیم متیونین سنتاز که آنزیمی وابسته به ویتامین B12 است، عمل می کند. یکی دیگر از آنزیم های مهم در متابولیسم فولات متیونین سنتاز ردوکتاز است، که واکنش سنتز متیونین را در فرم فعال جهت

متیلاسیون مجدد هموسیستئین به متیونین نگه می دارد. سومین پلی مورفیسم مورد مطالعه، در موقعیت A66G ژن MTRR است که باعث کاهش فعالیت آنزیمی و افزایش میزان هموسیستئین خون می شود (۱۹، ۳۳).

ولی همچنان بحث درباره نقش پلی مورفیسم های ژن های فولات در جمعیت های مختلف وجود دارد (۱۱، ۳۰). اینکه عامل مستعد کننده برای عدم تفکیک صحیح کروموزومی در مادران دارای فرزند مبتلا به سندروم داون پلی مورفیسم فولات است یا دیگر فاکتورهای محیطی یا ژنتیکی، به عنوان سؤال اصلی در اتیولوژی تریزومی ۲۱ مطرح است (۱۱). اگرچه مطالعات بر روی مادران دارای فرزند سندروم داون در زمینه متابولیسم فولات با منشاء مادری در مبتلایان به سندروم داون قبلاً در ایتالیا، ایرلند، فرانسه و هند انجام گرفته و در برخی از آن ها ارتباط معنی داری را نشان داده، اما تعیین منشاء والدینی در مادران صورت نگرفته است. علت عدم تفرق صحیح ممکن است بسته به منشاء والدینی متفاوت باشد (۵، ۶، ۷، ۲۹). درصد منشاء پدری در جمعیت های مختلف از ۵ تا ۱۲٪ گزارش شده است. از این رو وارد کردن مادران دارای فرزند مبتلا به سندروم داون با منشاء پدری می تواند باعث تغییر فراوانی پلی مورفیسم ها و منتج به ارتباط منفی کاذب در مادران سندرم داون شود.

استفاده از مارکرهای مولکولی STR اختصاصی کروموزوم ۲۱ امکان تعیین منشاء والدینی عدم تفرق صحیح کروموزوم را ممکن می سازد. در این مطالعه مبتلایان به سندروم داون به گروه های با منشاء پدری و مادری تقسیم شدند (۳۴). در این مطالعه برای اولین بار در ایران مادران سندروم داون بر اساس منشاء تریزومی ۲۱ بیماران دسته بندی شده و فراوانی پلی مورفیسم الل های A1298C، C677T و A66G در ژن های MTHFR و MTRR محاسبه شده است.

مواد و روش ها

نمونه گیری

این مطالعه بر روی ۲۲۶ خانواده دارای فرزند سندروم داون و ۱۷۲ مادر سالم دارای فرزند سالم صورت گرفت. از بیماران

۷۲ درجه به مدت ۳۰ ثانیه جهت طویل سازی رشته DNA صورت گرفت. سیکل ها ابتدا با ۹۵ درجه به مدت ۵ دقیقه جهت جداسازی رشته های DNA از یکدیگر آغاز شد و در انتها با ۷۲ درجه به مدت ۱۰ دقیقه جهت تکمیل طویل سازی رشته DNA به اتمام رسید. سپس صحت محصولات PCR با تعیین توالی مستقیماً مورد تأیید قرار گرفت. جهت اثبات وجود پلی مورفیسم C677T محصول PCR آن در معرض آنزیم برش دهنده (Roche, Germany) HinfI، بر اساس Chen et al, 1996 هضم شد. حضور پلی مورفیسم C677T ژن MTHFR، یک جایگاه برش برای آنزیم HinfI به وجود می آورد که با تولید دو قطعه DNA با طول های ۱۰۸ bp و

۱۴۷bp پس از الکتروفورز قابل رویت است. واکنش PCR برای پلی مورفیسم های A1298C و A66G مشابه شرایط اعمال شده برای پلی مورفیسم C677T ژن MTHFR صورت گرفت به استثناء دمای اتصال آغازگر که در ۵۵ درجه انجام گردید. قطعه تکثیر شده به طول ۱۶۳ bp برای پلی مورفیسم A1298C با آنزیم برش دهنده MboII هضم شد، Fermentas, Lithuania (Vilna)، که جایگزینی C به A یکی از چهار جایگاه برش آنزیم MboII را از بین می برد. عدم مشاهده برش با حضور چهار قطعه (۱۸، ۳۱، ۳۰ و ۸۴ bp) در افراد جهش یافته به جای پنج قطعه (۱۸، ۳۱، ۲۸، ۳۰ و ۵۶ bp) در هموزیگوت های سالم تأیید می شود (۳۱). جهت اثبات وجود پلی مورفیسم A66G در ژن MTRR، محصول PCR آن با طول ۱۵۴ bp توسط آنزیم اندونوکلاز NdeI هضم شد (Fermentas, Vilna, Lithuania).

جایگزینی A به G یک جایگاه برشی دیگر برای این آنزیم به وجود می آورد که با حضور دو قطعه با طول های ۲۴ و ۱۳۰bp در افراد جهش یافته هموزیگوت به جای یک قطعه ۱۵۴bp در هموزیگوت های سالم مشخص می شود (۳۳). قطعات حاصل از هضم آنزیمی در ژل پلی اکریلامید ۱۲٪ بررسی شدند. جهت شناسایی مشخصه های محصولات PCR سه نمونه تعیین توالی شدند و تشابه توالی آن ها با استفاده از BLAST (NCBI) با توالی های انسانی به تأیید رسید.

و والدینشان ۵ میلی لیتر خون محیطی در دو لوله، یکی حاوی آنتی کوآگولانت Na-Heparin جهت استفاده در بررسی های سیتولوژیک و دیگری حاوی آنتی کوآگولانت EDTA برای استفاده در بررسی های PCR گرفته شد. تهیه کاریوتایپ برای زیرگروهی که قبلاً کاریوتایپ نشده بودند، با استفاده از روش های سیتوژنتیکی معمول انجام گرفت. جهت بررسی DNA نمونه های خون جمع آوری شده از روش معمول استخراج نمک استفاده شد (۲۶).

منشاء والدینی و مرحله میوزی عدم تفرق صحیح کروموزومی در سندروم داون

منشاء والدینی و مرحله اشتباه میوزی عدم تفرق صحیح کروموزوم ۲۱ با استفاده از ۵ مارکر STR اختصاصی کروموزوم ۲۱ (D21S11, D21S1414, D21S1440, D21S1411, D21S1412) صورت گرفت (۱، ۲). این مارکرها در جمعیت ایران و دیگر جمعیت ها پلی مورفیک بوده و اخیراً جهت تشخیص سندرم داون با استفاده از ال های اختصاصی کروموزوم ۲۱ در بیماران سندروم داون مورد استفاده قرار گرفته است (۳، ۲۷، ۲۸).

بررسی پلی مورفیسم های ژن های MTHFR و MTRR

تعداد ۲۲۶ مادر دارای فرزند سندرم داون با منشاء والدینی تعیین شده و ۱۷۲ نمونه کنترل برای پلی مورفیسم های معمول C677T، A1298C ژن MTHFR و پلی مورفیسم A66G ژن MTRR مورد آزمایش قرار گرفته شد. جفت پرایمر های تکثیر کننده قطعه ۲۵۴ bp ژن MTHFR حاوی کدون ۶۷۷ با توالی 5'gcc tct cct gac tgt cat cc3' برای آغازگر مستقیم و توالی 5'gga gct tat ggg ctc tcc tg3' برای آغازگر معکوس طراحی شدند. توالی آغازگرهای مربوط به پلی مورفیسم A1298C ژن MTHFR و A66G ژن MTRR به ترتیب از Skibola et al, 1999 و Dr. Jill James از مرکز تحقیقات سم شناسی آمریکا گرفته شد. برای تکثیر پلی مورفیسم C677T، PCR در ۳۲ سیکل حاوی ۹۵ درجه به مدت ۳۰ ثانیه جهت جداسازی رشته های DNA از یکدیگر، ۶۰ درجه به مدت یک دقیقه برای اتصال پرایمر به DNA و

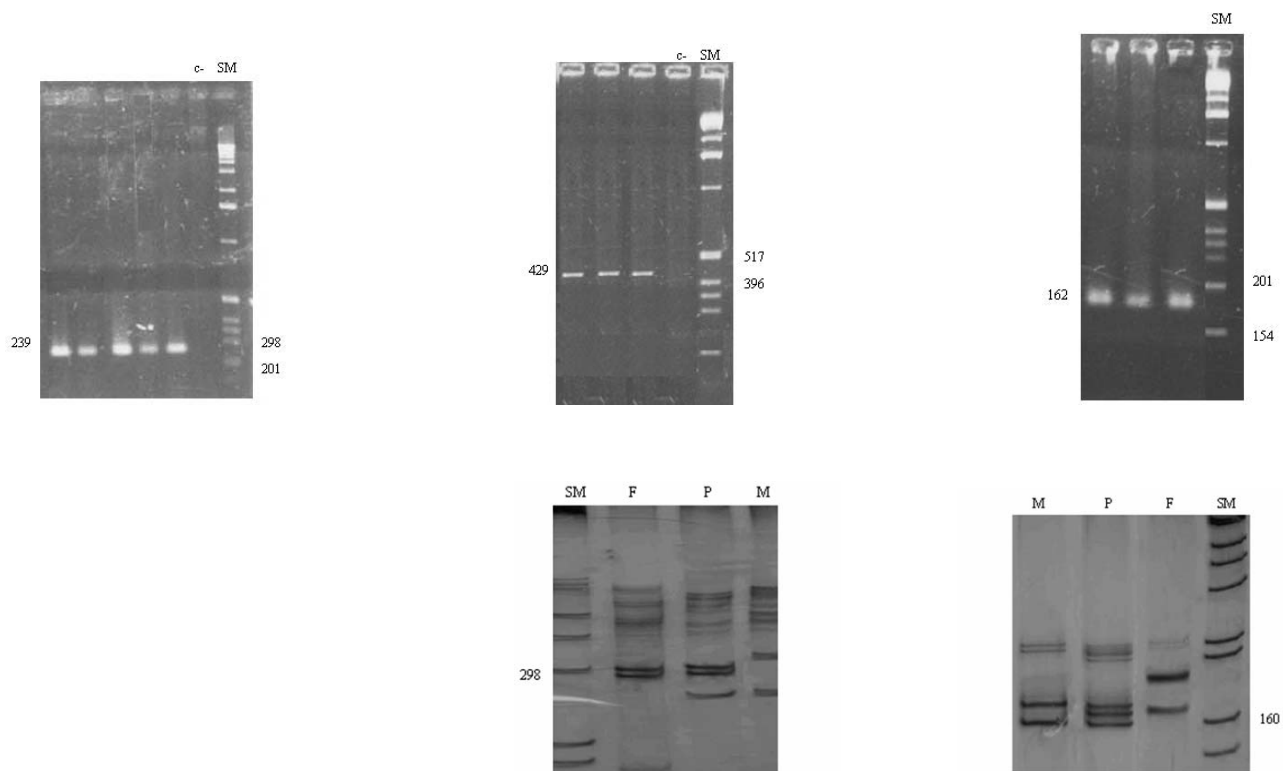
آنالیزهای آماری

فراوانی های الی در نمونه های بیمار و کنترل با تست χ^2 Pearson و استفاده از نرم افزار (SPSS Illinois) (Chicago,) تعیین شد. بررسی ارتباط بین پلی مورفیسم های موجود میان نمونه های بیمار و کنترل جداگانه بر اساس منشاء والدینی صورت گرفت. در این روش مادران دارای فرزند داون بر اساس منشاء والدینی تریزومی به دو گروه اصلی، گروه اول با منشاء مادری و گروه دوم با منشاء پدری تقسیم شدند. فراوانی های الی برای هر سه پلی مورفیسم با شمارش الی ها محاسبه شد و ارزش آماری برای هر گروه جداگانه بدست آمد (۳).

نتایج

بر اساس آنالیزهای کاریوتایپینگ از ۲۶۰ نمونه، ۲۴۸ نمونه تریزومی آزاد کروموزوم ۲۱ را نشان دادند. DNA تایپینگ با استفاده از ۵ مارکر STR، به خوبی منشاء والدینی را در ۲۲۶ نمونه مشخص کرد (توضیحات بیشتر راجع به روش انجام آزمایش، پلی مورفیسم مارکرها در رفرنس های ۱ و ۲ آمده است). همچنین تریزومی آزاد کروموزوم ۲۱ در نمونه های سه الی با روش مولکولی به تأیید مجدد رسید (شکل ۱ و ۲).

شکل ۱: نتایج الکتروفورز محصول PCR مارکرها از راست به چپ D3 با طول ۱۶۲ bp، D4 با طول ۴۲۹ bp و D5 با طول ۲۳۹ bp. SM: سایز مارکر X



شکل ۲: نتایج الکتروفورز ژل پلی اکریامید ۸٪ شکل سمت راست مارکر D3 شامل ژنوتیپ های پدر (۴/۲)، بیمار (۳/۲/۱) و مادر (۳/۱) و مارکر D5 شامل ژنوتیپ های پدر (۳/۲)، بیمار (۳/۲/۱) و مادر (۴/۱).

SM: سایز مارکر X

F: پدر P: بیمار M: مادر

منشاء والدینی در ۲۲۶ نمونه با تریزومی آزاد ۲۱ در ۱۹۸ نمونه (۸۷٪) با منشاء مادری و ۲۸ نمونه (۱۳٪) با منشاء پدری تشخیص داده شدند. فراوانی الی برای پلی مورفیسم های A66G و A1298C، C677T در گروه کنترل برابر با ۲۱/۲٪ (۷۳/۳۴۴) برای ال T، ۳۲/۸٪ (۱۱۳/۳۴۴) ال C و ۳۶/۶٪ (۱۲۶/۳۴۴) ال G محاسبه شد.

فراوانی ال T در پلی مورفیسم C677T ژن MTHFR در میان مادران سندروم داون برابر با ۲۳/۴٪ (۱۰۶/۴۵۲) محاسبه شد که نسبت به مادران گروه کنترل (۲۱/۲٪ (۷۳/۳۴۴)) بالاتر بود.

ولی آنالیزهای آماری ارتباط معنی داری نشان ندادند. فراوانی ال T در نمونه های با منشاء مادری برابر با ۲۵/۷٪ (۴/۵۶) و در نمونه های با منشاء پدری ۷٪ (۴/۵۶) بدست آمد. فراوانی این ال در مادران دارای فرزند سندروم داون با منشاء مادری از فرکانس بیشتری برخوردار بود اما ال T با علل مادری سندروم داون رابطه معنی داری نشان نداد.

فراوانی ال موتان C در پلی مورفیسم A1298C در کل نمونه ی مادران برابر با ۴۲٪ (۱۹۰/۴۵۲)، مادران با منشاء مادری ۴۴/۴٪ (۱۷۶/۳۹۶)، و مادران با منشاء پدری ۲۵٪ (۱۴/۵۶) به دست آمد (جدول ۱).

جدول ۱: فراوانی الی پلی مورفیسم ژن های MTHFR و MTRR در گروه کنترل و بیمار. ارزش آماری به دست آمده جهت تعیین ارتباط بین هر پلی مورفیسم و ایجاد سندرم داون.

منشاء پدری	منشاء مادری	منشاء (مربع ارزش آماری کای)	گروه کنترل	گروه بیمار	پلی مورفیسم
۱۰۲	۱۰۷				
۲۴ (۸۵/۷)	(۵۱/۵)	۰/۲۱ (۱/۶۷)	(۶۲/۲)	۱۲۶ (۵۵/۸)	MTHFR 677 CC
			۵۷		
۴ (۱۴/۳)	۹۰ (۴۵/۵)	۰/۰۵ (۲/۹۶)	(۳۳/۱)	۹۴ (۴۱/۶)	MTHFR 677 CT
۰ (۰/۰)	۶ (۳/۰)	۰/۴۱ (۱/۱۴)	۸ (۴/۷)	۶ (۲/۷)	MTHFR 677 TT
			۷۹		
۱۴ (۵۰)	۵۲ (۲۶/۳)	۰/۰ (۱۱/۸)	(۴۵/۹)	۶۶ (۲۹/۲)	MTHFR 1298 AA
	۱۱۶		۷۳		
۱۴ (۵۰)	(۵۸/۶)	۰/۰ (۸/۹)	(۴۲/۴)	۱۳۰ (۵۷/۵)	MTHFR 1298 AC
			۲۰		
۰ (۰/۰)	۳۰ (۱۵/۲)	۰/۶۵ (۰/۲۴)	(۱۱/۶)	۳۰ (۱۳/۳)	MTHFR 1298 CC
			۵۷		
۷ (۲۵)	۶۶ (۳۳/۳)	۰/۹۱ (۰/۰۳)	(۳۳/۱)	۷۳ (۳۲/۳)	MTRR 66 AA
	۱۱۸		۱۰۴		
۱۹ (۶۷/۹)	(۵۹/۶)	۱/۰ (۰/۰)	(۶۰/۵)	۱۳۷ (۶۰/۶)	MTRR 66 AG
۲ (۷/۱)	۱۴ (۷/۱)	۰/۸۴ (۰/۰۷)	۱۱ (۶/۴)	۱۶ (۷/۱)	MTRR 66 GG
۲۸	۱۹۸		۱۷۲	۲۲۶	Total

نتایج آنالیز آماری پلی مورفیسم A1298C در نمونه های مذکور یک ارتباط معنی داری را با مادران با منشاء مادری ($P=0/0$ و $\chi^2=15/6$) و ارتباطی منفی با نمونه های با

منشاء پدری را نشان داد ($P=0/161$). این نشان می دهد که پلی مورفیسم A1298C تاثیر مهمی را در عدم تفرق صحیح کروموزوم ۲۱ با منشاء مادری دارد (جدول ۲).

جدول ۲: نتایج مربع کای و ارزش آماری پلی مورفیسم ژن های MTHFR و MTRR در گروه بیمار بر اساس منشاء والدینی.

مربع کای	ارزش آماری	منشاء والدینی	پلی مورفیسم
۶/۰۱	۰/۰۵	مادری	MTHFR C677T
۶/۱۴	۰/۰۵	پدری	
۳/۶۴	۰/۱۶	کل	
۱۵/۶	۰/۰۰	مادری	MTHFR A1298C
۳/۶۵	۰/۱۶	پدری	
۱۲/۰۶	۰/۰۰	کل	
۰/۰۷	۰/۹۶	مادری	MTRR A66G
۰/۷۳	۰/۶۹	پدری	
۰/۰۹	۰/۹۵	کل	

مطالعه هاپلوتایپ (CC/CC) پلی مورفیسم های ۱۲۹۸ و ۶۷۷ نشان داد که ژنوتایپ CC پلی مورفیسم A1298C در ۹۲٪ همراه با هموزیگوت نرمال CC در پلی مورفیسم C677T ژن MTHFR است. محاسبه ریسک نسبی این پلی مورفیسم ها با هاپلوتایپ های CC/CC، CT/CC و TT/CC یا TT به ترتیب برابر با ۷/۷، ۷/۰، ۷/۷ بدست آمد. عدم مشاهده همزمان فرم هموزیگوت دو جهش (TT/CC) می تواند به علت شانس بقای کمتر برای جنین هائی با این هاپلوتایپ باشد. فراوانی ژنوتایپ GG در پلی مورفیسم A66G ژن MTRR در میان مادران نمونه های سندروم داون نسبت به مادران گروه کنترل بالاتر بود اما آنالیزهای آماری ارتباطی معنی داری نشان نداد. ارتباط معنی داری برای پلی مورفیسم های C677T ژن MTHFR و C66G ژن MTRR در هر دو گروه مادران نیز مشاهده نشد (جدول ۲).

بحث

این مطالعه برای اولین بار به بررسی ریسک فاکتور ژنتیک سندروم داون در مادران دارای فرزند داون در ایران پرداخته است. در این مطالعه برای ارزیابی دقیق رابطه ریسک فاکتور

مادری با پلی مورفیسم های ژن های MTHFR و MTRR، منشاء والدینی در خانواده های سندروم داون مشخص گردید. مادران مبتلایان به سندروم داون به دو گروه مادران با منشاء مادری و مادران با منشاء پدری تقسیم شدند. در این مطالعه ۱۳٪ مادران با منشاء پدری و ۸۷٪ با منشاء مادری شناسائی شدند. تعیین منشاء والدینی به ارزیابی بهتر ریسک فاکتور ژنتیک مادری کمک می کند. هنگامی که منشاء والدینی در نظر گرفته شد، آنالیزهای آماری ارتباط معنی داری بین پلی مورفیسم A1298C ژن MTHFR با منشاء والدینی مادری و ارتباط منفی با مادران با منشاء والدینی پدری نشان دادند. این مطالعه نه تنها اهمیت تعیین منشاء والدینی را جهت بررسی ریسک فاکتورهای سندروم داون نشان می دهد بلکه نشان می دهد که فراوانی پلی مورفیسم A1298C به عنوان ریسک فاکتور ژنتیک مادری به طور معنی داری در مادران سندروم داون با منشاء مادری بالاتر است.

فراوانی ال T در پلی مورفیسم C677T ژن MTHFR و ال G در پلی مورفیسم C66G ژن MTRR در میان مادران مبتلایان به سندروم داون نسبت به گروه کنترل بالاتر است اما

ارتباط معنی داری در دو گروه مورد مطالعه مشاهده نشد. حضور همزمان ژنوتیپ پلی مورفیک CC در 1298 با ژنوتیپ نرمال CC در 677 ژن MTHFR در ۹۲٪ از نمونه ها مشاهده شد. هاپلوتایپ TC/TT به صورت نادر و TT/CC در هیچ یک از نمونه ها مشاهده نشد. دو سوم مبتلایان به سندروم داون قبل از تولد سقط می شوند و این ممکن است با بروز هاپلوتایپ CC/TT ارتباط داشته باشد و باعث شانس بقاء کمتر در جنین گردد. اگرچه رابطه بین اختلال در متابولیسم فولات و بروز تریزومی ۲۱ هنوز به روشنی مشخص نشده است اما یکی از فرضیات به بیان رابطه میان جریان خون فولیکولی و تقسیم کروموزومی داخل اووسیت های در حال تقسیم اشاره می کند. طی یک بررسی که بر روی ۱۰۰۰ نمونه مایع فولیکولی بدست آمده از اووسیت انسانی صورت گرفت، مشخص شد که احتمال بروز ناهنجاری در سازماندهی کروموزوم های دوک متافازی در فولیکول ها با شرایط کمبود اکسیژن بالاتر است. همچنین مشاهده شد که ویژگی جریان خون فولیکول با میزان اکسیژن خارج فولیکولی مرتبط است. طی یک بررسی مشخص شد که افزایش سطح هموسیستئین خون می تواند باعث ترومبوفیلیا، در نتیجه انسداد و تخریب اپیتلیوم مویرگ های فولیکولی و اختلال در اکسیژن رسانی به فولیکول ها و اووسیت های در حال تکوین گردد (۱۷، ۳۲). تخریب مویرگ های اطراف اووسیت ها توسط Gaulder نیز گزارش شده است، وی همچنین بیان کرد که عدم تعادل هورمونی می تواند علت کاهش جریان خون و کاهش اکسیژن رسانی به تخمک طی بلوغ اووسیت ها باشد.

این مطالعه درک بهتری در ارتباط با مکانیسم های عدم تفرق صحیح کروموزوم ۲۱ و جهش ژن فولات به عنوان ریسک فاکتور مادری سندروم داون را فراهم می آورد. ال C مادری پلی مورفیسم ۱۲۹۸ ژن MTHFR احتمال بروز سندروم داون با متشاء مادری را افزایش می دهد و می تواند در رخداد عدم تفرق صحیح کروموزوم ۲۱ دخالت داشته باشد. وجود هاپلوتایپ های CC/CC، CT/CC و CT/CC یا TT می تواند ریسک سندروم داون را بیش از ۷ برابر نسبت به گروه کنترل

افزایش دهد. در نتیجه این هاپلوتایپ ها را می توان به عنوان یک ریسک فاکتور مهم مادری در بروز سندروم داون در نظر گرفت و غربالگری سندروم داون و در صورت لزوم تشخیص قبل از تولد در بارداری های افراد با این هاپلوتایپ ها را می توان توصیه کرد.

مطالعات در جمعیت های دیگر ژنوتیپ 677TT در جمعیت آمریکائی و هندی به عنوان ریسک فاکتور مادری در ایجاد سندروم داون نشان داده شده است. در جمعیت هندی بروز همزمان ژنوتیپ CC پلی مورفیسم A1298C و ژنوتیپ TT پلی مورفیسم C677T در مادران، ریسک ایجاد سندروم داون را ۷ برابر نسبت به گروه کنترل افزایش می دهد، که این میزان مشابه مقادیری است که در این مطالعه بدست آمده است (۴ و ۱۶).

این اطلاعات بیانگر نقش فاکتورهای ژنتیکی و تغییر متابولیسم فولات به عنوان ریسک فاکتور ژنتیک مادری در ایجاد سندروم داون می باشد. مطالعات بیشتر در مورد ریسک فاکتورهای ژنتیک سندروم داون می تواند به اطلاعات ما در ارتباط با ایجاد تریزومی کروموزوم ۲۱ کمک کند.

تشکر و قدردانی

این تحقیق در پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری و حمایت مالی این واحد صورت گرفت. بدین وسیله از خانم ها دکتر فائزه جهانشاد و سمیه رئوف زاده، معاونت محترم تشخیص و توانبخشی امور اجتماعی سازمان آموزش و پرورش استثنائی، مدارس کودکان استثنائی و تمامی کسانی که در انجام این پروژه ما را یاری کردند، تشکر و قدردانی می کنیم.

منابع

- (1) Ahmad Aleyasin, Mohammad Ghazanfari, Shahla Mohammad Ganji, Faezeh Jahanshad (2004) Application of molecular DNA markers (STRs) in molecular diagnosis of Down syndrome in Iran. *Journal of Sciences, Islamic Republic of Iran*, 15 (2): 103-108
- (2) Ahmad Aleyasin, Mohammad Ghazanfari, Shahla Mohammad Ganji, Faezeh Jahanshad (2004) Parental origin of meiotic error of the extra chromosome 21 as indicated by STR polymorphic markers among some Iranian Down Syndromes. *Archives of Iranaian medicine*, 7 (2): 118-121.
- (3) Adinolfi M, Sherlock J, Pertl B (1995) Rapid detection of selected aneuploidies by quantitative fluorescent PCR. *Bioessays* 17: 661-664.
- (4) Amit Kumar Rai et al (2006) MTHFR C677T and A1298C polymorphisms are risk factors for Down's syndrome in Indian mothers. *Journal of Human Genetics*, 51: 278-283.
- (5) Antonarakis SE (1991) Parental origin of the extra chromosome in trisomy 21 as indicated by analysis of DNA polymorphisms. *Down Syndrome Collaborative Group. N Engl J Med* 324: 872-876.
- (6) Antonarakis SE, Petersen MB, McInnis MG et al (1992) The meiotic stage of nondisjunction in trisomy 21: determination by using DNA polymorphisms. *Am J Hum Genet* 50: 544-550.
- (7) Antonarakis SE (1993) Human chromosome 21: genome mapping and exploration, circa 1993. *Trends Genet* 9: 142-148.
- (8) Blount BC, Mack MM, Wehr CM et al (1997) Folate deficiency causes uracil misincorporation into human DNA and chromosome breakage: implications for cancer and neuronal damage. *Proc Natl Acad Sci U S A* 94: 3290-3295.
- (9) Bottiglieri T (1996) Folate, vitamin B12, and neuropsychiatric disorders. *Nutr Rev* 54: 382-390.
- (10) Chango A, Fillon-Emery N, Mircher C et al (2005) No association between common polymorphisms in genes of folate and homocysteine metabolism and the risk of Down's syndrome among French mothers. *Br J Nutr* 94: 166-169.
- (11) Eskes TK (2006) Abnormal folate metabolism in mothers with Down syndrome offspring: review of the literature. *Eur J Obstet Gynecol Reprod Biol* 124: 130-133.
- (12) Frosst P, Blom HJ, Milos R et al (1995) A candidate genetic risk factor for vascular disease: a common mutation in methylenetetrahydrofolate reductase. *Nat Genet* 10: 111-113.
- (13) Gueant JL, Anello G, Bosco P et al (2005) Homocysteine and related genetic polymorphisms in Down's syndrome IQ. *J Neurol Neurosurg Psychiatry* 76: 706-709.
- (14) Hobbs CA, Sherman SL, Yi P et al (2000) Polymorphisms in genes involved in folate metabolism as maternal risk factors for Down syndrome. *Am J Hum Genet* 67: 623-630.
- (15) Hook EB, Cross PK, Schreinemachers DM (1983) Chromosomal abnormality rates at amniocentesis and in live-born infants. *Jama* 249: 2034-2038.
- (16) James SJ, Pogribna M, Pogribny IP et al (1999) Abnormal folate metabolism and mutation in the methylenetetrahydrofolate reductase gene may be maternal risk factors for Down syndrome. *Am J Clin Nutr* 70: 495-501.
- (17) Kim JM, Lee H, Chang N (2002) Hyperhomocysteinemia due to short-term folate deprivation is related to electron microscopic changes in the rat brain. *J Nutr* 132: 3418-3421.
- (18) Kim YI (2000) Methylenetetrahydrofolate reductase polymorphisms, folate, and cancer risk: a paradigm of gene-nutrient interactions in carcinogenesis. *Nutr Rev* 58: 205-209.
- (19) Leclerc D, Wilson A, Dumas R et al (1998) Cloning and mapping of a cDNA for methionine synthase reductase, a flavoprotein defective in patients with homocystinuria. *Proc Natl Acad Sci U S A* 95: 3059-3064.
- (20) Lucock M (2000) Folic acid: nutritional biochemistry, molecular biology, and role in disease processes. *Mol Genet Metab* 71: 121-138.
- (21) Martinez-Frias ML, Perez B, Desviat LR et al (2006) Maternal polymorphisms 677C-T and 1298A-C of MTHFR, and 66A-G MTRR genes: is there any relationship between polymorphisms of the folate pathway, maternal homocysteine levels, and the risk for having a child with Down syndrome? *Am J Med Genet A* 140: 987-997.
- (22) Mattson MP, Shea TB (2003) Folate and homocysteine metabolism in neural plasticity and neurodegenerative disorders. *Trends Neurosci* 26: 137-146.
- (23) Ou CY, Stevenson RE, Brown VK et al (1996) 5,10 Methylenetetrahydrofolate reductase genetic polymorphism as a risk factor for neural tube defects. *Am J Med Genet* 63: 610-614.
- (24) Penrose L (1933) The relative effects of paternal and maternal age in mongolism. *J. Genet* 27: 219.

- (25) Pietrzik K, Bronstrup A (1997) The role of homocysteine, folate and other B-vitamins in the development of atherosclerosis. Arch Latinoam Nutr 47: 9-12.
- (26) Sambrook J, Frisch E, T M (1989) Molecular cloning: a laboratory manual. NY, Cold Spring Harbor,.
- (27) Samura O, Pertl B, Sohda S et al (2000) Female fetal cells in maternal blood: use of DNA polymorphisms to prove origin. Hum Genet 107: 28-32.
- (28) Samura O, Sohda S, Johnson KL et al (2001) Diagnosis of trisomy 21 in fetal nucleated erythrocytes from maternal blood by use of short tandem repeat sequences. Clin Chem 47: 1622-1626.
- (29) Sherman DJ, Ross MG, Day L, Humme J, Ervin MG (1991) Fetal swallowing: response to graded maternal hypoxemia. J Appl Physiol 71: 1856-1861.
- (30) Sheth JJ, Sheth FJ (2003) Gene polymorphism and folate metabolism: a maternal risk factor for Down syndrome. Indian Pediatr 40: 115-123.
- (31) Skibola CF, Smith MT, Kane E et al (1999) Polymorphisms in the methylenetetrahydrofolate reductase gene are associated with susceptibility to acute leukemia in adults. Proc Natl Acad Sci U S A 96: 12810-12815.
- (32) Stanger O, Weger M (2003) Interactions of homocysteine, nitric oxide, folate and radicals in the progressively damaged endothelium. Clin Chem Lab Med 41: 1444-1454.
- (33) Wilson A, Platt R, Wu Q et al (1999) A common variant in methionine synthase reductase combined with low cobalamin (vitamin B12) increases risk for spina bifida. Mol Genet Metab 67: 317-323.
- (34) Yang Q, Sherman SL, Hassold TJ et al (1999) Risk factors for trisomy 21: maternal cigarette smoking and oral contraceptive use in a population-based case-control study. Genet Med 1: 80-88.