

جهش‌های احتمالی ژن تیروئید پراکسیداز در کودکان مبتلا به کم‌کاری مادرزادی دایمی تیروئید در استان اصفهان

سکینه کریمی زارع^۱، دکتر فهیمه سهیلی‌پور^۲، دکتر مرتضی کریمی‌پور^۲، دکتر حسین خان احمد شهرضا^۲، دکتر پریچهر یغمایی^۱، لیلا کوکبی^۲، سپیده امین‌زاده^۲، دکتر مهین هاشمی‌پور^۲، دکتر مسعود امینی^۲، دکتر رضوانه هادیان^۲

(۱) دانشگاه آزاد اسلامی، واحد علوم و تحقیقات تهران، (۲) مرکز تحقیقات غدد درون‌ریز و متابولیسم، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان، (۳) انستیتو پاستور ایران، نشانی مکاتبه‌ی نویسنده‌ی مسئول: اصفهان، خیابان خرم، مرکز تحقیقات غدد درون‌ریز و متابولیسم اصفهان، دکتر مهین هاشمی‌پور؛ e-mail: hashemipour@med.mui.ac.ir

چکیده

مقدمه: کم‌کاری مادرزادی تیروئید، شایع‌ترین بیماری متابولیک و درون‌ریز، و یکی از علل بروز عقب‌افتادگی ذهنی در کودکان است. این بیماری ممکن است در اثر جهش ژن‌های کدکننده‌ی آنزیم‌های دخیل در سنتز هورمون‌های تیروئید رخ دهد که دیس هورمونوز تیروئیدی نام دارد. نقص در ژن تیروئید پراکسیداز به عنوان متداول‌ترین عامل در بروز دیس هورمونوز تیروئید مطرح است. هدف در این مطالعه بررسی شیوع جهش‌های ژن تیروئید پراکسیداز در کودکان مبتلا به دیس هورمونوز تیروئید در استان اصفهان بود. **مواد و روش‌ها:** این مطالعه به صورت مقطعی در روی ۴۰ نوزاد مبتلا به کم‌کاری دایمی مادرزادی تیروئید به دلیل دیس هورمونوز تیروئید انجام شد. استخراج DNA ژنومیک از نمونه‌ی خون این بیماران به روش استاندارد اشباع نمک انجام شد. ۱۷ ناحیه‌ی اگزونی ژن تیروئید پراکسیداز تکثیر شدند و محصولات PCR با روش غربالگری SSCP و تعیین توالی مورد بررسی قرار گرفتند. **یافته‌ها:** یک جهش بدمعنی در موقعیت (G2669A) در اگزون ۱۵ در یک بیمار، و ۷ پلی‌مورفیسم تک‌نوکلئوتیدی مختلف واقع در اگزون‌های ۱، ۷، ۸، ۱۱ و ۱۵ ژن تیروئید پراکسیداز یافت شد. نتیجه‌گیری: شیوع جهش در ژن تیروئید پراکسیداز در این مطالعه در مقایسه با سایر مطالعه‌های مشابه، کمتر بود. این احتمال وجود دارد که جهش مربوط به این ژن در بیماران مورد بررسی مربوط به نواحی اینترونی و تنظیمی باشد. علاوه بر این، استفاده از روش‌های دیگر در کنار SSCP و بررسی ژن‌های دیگر دخیل در دیس هورمونوز تیروئید در مطالعه‌های بعدی لازم به نظر می‌رسد.

واژگان کلیدی: کم‌کاری مادرزادی تیروئید، دیس هورمونوز تیروئید، ژن تیروئید پراکسیداز، جهش، SSCP

دریافت مقاله: ۸۸/۲/۲۹ - دریافت اصلاحیه: ۸۸/۴/۷ - پذیرش مقاله: ۸۸/۵/۳

مقدمه

متداول‌ترین علل قابل پیشگیری عقب‌ماندگی ذهنی محسوب می‌شود. شیوع این بیماری در اروپا و آمریکای شمالی به طور متوسط ۱ در ۳۰۰۰ تا ۴۰۰۰ نوزاد گزارش شده است.^{۱،۲} در ایران، برای اولین بار مطالعه‌های غربالگری کم‌کاری مادرزادی تیروئید در سال ۱۳۶۶، قبل از رفع کمبود ید انجام شد که طرح به دلیل میزان فراخوان بالا متوقف شد.^۳ بعد از

کم‌کاری مادرزادی تیروئید (OMIM No: 274500) یا (CH)، یکی از شایع‌ترین بیماری‌های غدد درون‌ریز کودکان است که در صورت تشخیص و درمان زودرس از

طرح یدرسانی عمومی (سال ۱۳۶۸)، غربالگری کم‌کاری مادرزادی تیروئید دوباره در سال ۱۳۷۶ در تهران و در سال‌های بعد در چند استان دیگر اجرا شد. یافته‌های این بررسی‌ها شیوع بالای این بیماری را در کشور نسبت به آمار جهانی نشان دادند. فراوانی کم‌کاری مادرزادی تیروئید در استان‌های تهران، فارس و اصفهان به ترتیب ۱ در ۹۱۴، ۱ در ۱۴۲۳ و ۱ در ۳۱۷ نوزاد تازه تولد یافته تخمین زده شده است.^{۴۵} در بین مبتلایان، حدود ۱۰٪ موارد به صورت گذرا است و به طور خود به خود و کامل در عرض هفته‌ها یا ماه‌ها از بین می‌رود. سایر موارد به صورت دایمی باقی می‌ماند.^{۴۶} دیس‌ژنزی تیروئید نوع متداول کم‌کاری دایمی مادرزادی تیروئید و شامل ۸۵٪ موارد آن است و اغلب به صورت اسپورادیک (تک‌گیر) بروز می‌کند که به دلیل اشکال در تکامل غده‌ی تیروئید در دوران جنینی ایجاد و به دو نوع آژنزی (فاقد غده‌ی تیروئید) و هیپوپلازی (غده‌ی تیروئید کوچک) تقسیم می‌شود. در نوع هیپوپلازی، غده یا در محل طبیعی خود یا جایگاهی غیر از آن در گردن دیده می‌شود. ۱۵٪ باقی مانده‌ی کم‌کاری مادرزادی تیروئید دایمی با عنوان دیس‌هورمون‌وزن تیروئید شناخته شده است و در آن مبتلایان با وجود داشتن غده‌ی تیروئید طبیعی قادر به سنتز هورمون نیستند. علت دیس‌هورمون‌وزن تیروئید، نقص در فرایند سنتز هورمون تیروئید است. این نوع بیشتر به صورت ارثی با توارث اتوزوم مغلوب گزارش شده است.^{۴۷} در بین ژن‌های مختلف مؤثر در نوع دیس‌هورمون‌وزن، اختلال در ژن تیروئیدپراکسیداز (TPO)،^{۴۸} واقع در کروموزوم 2p25 به عنوان شایع‌ترین و مهم‌ترین عامل شناخته شده است.^{۴۹} این ژن دارای ۱۷ اگزون و با اندازه‌ی تقریبی ۱۵۰ Kbp است و گلیکوپروتئین آهن داری را کد می‌کند که با یک دومین کوچک درون غشایی به غشای داخلی سلول‌های فولیکولی غده‌ی تیروئید متصل می‌شود و نقش اصلی را در سنتز هورمون‌های تیروئیدی ایفا می‌نماید.^{۴۹} تاکنون در مطالعه‌های انجام شده در چند کشور اروپایی و آسیایی، بیش از ۴۰ نوع جهش در ژن TPO شناسایی شده که بسیاری از آنها روی اگزون‌های ۸، ۹ و ۱۴ این ژن واقع شده‌اند. بیشتر جهش‌ها از نوع جهش نقطه‌ای^{۵۰} است و تعداد کمی از آنها از نوع جهش‌های حذف و اضافه هستند. دپلیکاسیون ۴ نوکلئوتیدی GGCC در اگزون ۸ که منجر به کدون خاتمه زودرس در

i - Thyroid Peroxidase

ii - Point mutation

اگزون ۹ می‌شود، شایع‌ترین جهش در بیشتر مطالعه‌ها معرفی شده است.^{۵۱-۵۲}

در استان اصفهان، همزمان با اجرای طرح غربالگری کم‌کاری مادرزادی تیروئید، مطالعه‌های مختلفی در زمینه‌ی یافتن علت شیوع بالای این بیماری در مرکز غدد درون‌ریز و متابولیسم اصفهان در حال انجام است. از آنجا که کمبود ید به عنوان شایع‌ترین علت کم‌کاری مادرزادی تیروئید در جهان معرفی شده،^{۲۹} بعد از انجام طرح یدرسانی عمومی در کشور، مطالعه‌ای در اصفهان در نوزادان و مادران آن‌ها انجام شد که میزان ید در نمونه‌های مورد بررسی در آن مطالعه، در محدوده‌ی طبیعی قرار داشت.^{۳۰} در مطالعه‌ای دیگر، فراوانی نوع کم‌کاری دایمی مادرزادی تیروئید در استان اصفهان بسیار بالاتر از فراوانی این نوع نسبت به آمار جهانی گزارش شد و این نشان می‌دهد که کم‌کاری مادرزادی تیروئید به علت موارد دایمی در استان اصفهان شایع‌تر است.^{۳۱} یافته‌های مطالعه‌های دیگر در این زمینه در استان اصفهان بیان‌گر این است که دیس‌هورمون‌وزن تیروئیدی، علت ابتلای میزان بالاتری از بیماران در مقایسه با آمار جهانی است. از طرف دیگر، شیوع کم‌کاری مادرزادی تیروئید در خانواده‌های دارای ازدواج‌های خویشاوندی، بیشتر است.^{۳۲،۳۳}

بنابراین، به نظر می‌رسد ازدواج فامیلی و جمع شدن ژن‌های جهش‌یافته‌ی اتوزوم مغلوب و بروز دیس‌هورمون‌وزن تیروئیدی تاحدی توجیه‌کننده‌ی شیوع بالای کم‌کاری مادرزادی تیروئید در این استان باشد. این مطالعه به بررسی شیوع جهش‌های احتمالی ژن تیروئید پراکسیداز در کودکان مبتلا به کم‌کاری مادرزادی تیروئید دایمی استان اصفهان با اندازه‌ی غده‌ی تیروئید طبیعی پرداخته است و هدف آن کمک به شناسایی علل بالا بودن شیوع این بیماری در استان اصفهان، استفاده از یافته‌ها در مشاوره‌ی ژنتیک و شناسایی ناقلان در جهت بهتر نمودن برنامه‌ی غربالگری در استان اصفهان است.

مواد و روش‌ها

از ابتدای خرداد ماه ۱۳۸۱، همه‌ی نوزادان متولد شده در استان اصفهان پس از غربالگری اولیه در صورتی که بعد از هفته‌ی دوم تولد $TSH \leq 10$ میلی‌واحد بر لیتر و 7 میکروگرم بر دسی‌لیتر $T4$ داشتند، به عنوان کودکان مبتلا به کم‌کاری مادرزادی تیروئید تلقی و توسط پزشک، با قرص لووتیروکسین درمان شدند. این کودکان از نظر سلامت کلی،

دارای ماده‌ی ضد انعقاد EDTA (۵ میلی‌مول) ریخته شد و در دمای 70°C - نگهداری گردید. نمونه‌های خون برای انجام مراحل بعدی طرح همراه یخ به بخش پزشکی مولکولی انستیتوپاستور تهران انتقال یافت. مطالعه توسط کمیته‌ی اخلاق مرکز تحقیقات غدد درون‌ریز و متابولیسم اصفهان بررسی و تأیید شد.

DNA ژنومیک از خون محیطی بیماران به روش اشباع نمکیⁱ استخراج شد^{۳۴} و بعد از ارزیابی خلوص و غلظت توسط دستگاه اسپکتروفوتومتر، در فریزر -20°C - درجه‌ی سانتیگراد نگهداری شد.

ابتدا با کمک نرم‌افزار GeneRunner ۱۷ جفت آغازگر (primer) برای مناطق اگزونی و مجاور اگزونی ژن تیروئید پراکسیداز طراحی شد (جدول ۱). پس از ساخت آغازگرها، این نواحی به وسیله‌ی واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) بعد از بهینه‌سازی به طور جداگانه تکثیر شدند.

مواد مورد نیاز این واکنش شامل ۱۰ پیکومول از هر آغازگر پایین دست و بالا دست برای هر اگزون، ۵۰۰ نانوگرم DNA ژنومی، مخلوط dNTP (شرکت سیناژن - ایران) با غلظت ۲۰۰ میکرومول، MgCl_2 با غلظت ۲ میلی‌مول، ۲/۵ میکرولیتر بافر 10X و ۰/۵ واحد آنزیم Taq DNA پلی‌مرز (شرکت سیناژن - ایران) در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر بود. برای تکثیر اگزون ۸ به دلیل درصد بالای CG آن علاوه بر مواد فوق به میزان ۱ میکرولیتر دی‌متیل سولفوکساید (DMSO)ⁱⁱ به ترکیب واکنش اضافه شد. PCR در دستگاه ترموسایکر (اپندورف - آلمان) با دمای واسرشت اولیه‌ی ۹۵ به مدت ۴ دقیقه آغاز و سپس ۳۰ سیکل تحت برنامه‌ای با دماهای واسرشت ۹۵ و اتصال، ۵۵-۶۲ (دمای اتصال بهینه شده برای اگزون‌های مختلف) و پلی‌مریزاسیون ۷۲ درجه‌ی سانتیگراد به ترتیب به مدت ۴۵، ۳۰ و ۴۰ ثانیه ادامه پیدا کرد و در نهایت با دمای پلی‌مریزاسیون نهایی ۷۲ درجه به مدت ۵ دقیقه خاتمه یافت. بعد از اتمام واکنش به منظور بررسی، محصول PCR با در نظر گرفتن طول قطعه‌ی تکثیر شده روی ژل آگاروز ۱/۵ تا ۲٪ دارای ۱ میکرولیتر اتیدیم برماید ۰/۵ میلی‌گرم بر میلی‌لیتر، به مدت ۳۰ دقیقه با ولتاژ ۸۰ ولت الکتروفورز و سپس با تابش نور ماورای بنفش مشاهده و اندازه‌ی آن‌ها با اندازه‌ی مارکر 100 bp مقایسه و تأیید شد.

کفایت درمان و سایر موارد به صورت دوره‌ای در مرکز تحقیقات غدد درون‌ریز و متابولیسم پیگیری شدند. در مرحله‌ی بعدی برای تشخیص دایمی یا گذار بودن مشکل کم‌کاری تیروئید در این بیماران، شیرخواران به دو گروه تقسیم شدند.

گروه اول، کودکانی بودند که از زمان شروع مطالعه به سن سه سالگی رسیده بودند. در این افراد قرص لووتیروکسین قطع شد و آن‌ها یک ماه بعد از قطع دارو از نظر ابتلا به کم‌کاری تیروئید دایمی معاینه و آزمایش شدند (با بررسی T4 و TSH) و در صورت اثبات بیماری، به عنوان کودکان مبتلا به کم‌کاری مادرزادی تیروئید دایمی تلقی و دوباره درمان و پیگیری دوره‌ای شدند. علت بیماری در این مقطع، می‌تواند دیس‌ژنزی تیروئید و یا یک اختلال آنزیمی در سنتز هورمون‌های تیروئید (دیس هورمونوژنز تیروئید) باشد. قبل از درمان مجدد، سونوگرافی یا اسکن رادیوایزوتوپ تیروئید انجام شد. سونوگرافی توسط یک رادیولوژیست مجرب در مرکز تحقیقات غدد درون‌ریز و متابولیسم با دستگاه هوندا الکترونیک مدل ۲۰۰۰ و با پروب Linear شماره‌ی ۷/۵ مگاهرتز، و اسکن تیروئید از طریق تصاویر planar در نمای قدامی از ناحیه‌ی گردن در وضعیت extension گردن و با تکسسیم پرنکنتات انجام شد. دستگاه مربوط Gamma camera ESPECT 75 PMT ساخت کشور آلمان بود. تنها کودکانی که در بدو تولد در زمان تشخیص اولیه‌ی کم‌کاری مادرزادی تیروئیدی و قبل از شروع دارو اسکن تیروئید شده‌اند و اسکن تیروئید را نسج تیروئید در محل طبیعی نشان داده بود، از انجام سونوگرافی معاف شدند. کودکانی که در بدو تولد در اسکن آنزنی داشتند برای تأیید یا رد تشخیص دوباره سونوگرافی شدند. در صورتی که نوزاد سونوگرافی یا اسکن طبیعی داشت، دیس‌هورمونوژنز تیروئیدی برای او مطرح شد.

گروه دوم از مبتلایان به کم‌کاری مادرزادی تیروئید دایمی کسانی بودند که پس از سن یک سالگی باوجود درمان همچنان TSH مهار نشده (≥ 10 میلی‌واحد بر لیتر) و مشابه گروه اول سونوگرافی یا اسکن طبیعی داشتند. در مجموع، معیار ورود به این مطالعه، ابتلای کودکان به کم‌کاری مادرزادی تیروئید دایمی و داشتن آناتومی طبیعی تیروئید در سونوگرافی یا اسکن بود. قبل از خون‌گیری رضایت کتبی از والدین بیماران برای ورود به مطالعه گرفته شد.

از هر کدام از کودکان مورد بررسی مقدار ۵ سی‌سی وریدی گرفته و نمونه‌ی خون در لوله‌های فالتون درپوش‌دار،

i- Salting out

ii - Dimethyl Sulfoxide

جدول ۱- مشخصات آغازگرهای به کار رفته برای تکثیر ژن تیروئیدپراکسیداز

ناحیه	آغازگر پایین دست		آغازگر بالادست		دمای آنیلینگ
	توالی (5'→3')	موقعیت سر 5' تا انتهای اگزون	توالی (5'→3')	موقعیت سر 5' تا انتهای اگزون	
اگزون ۱	CACTTTACAAGTTCCAATGATG	+۶۷	GACTTCCTAGCATCTTGACG	-۷۰	۵۸ °C
اگزون ۲	CATGGCCTTGTCAGTGCTTG	+۹۵	AGACAAGGACACAGCGGTTT	-۷۴	۶۰ °C
اگزون ۳	TTAACAATGGCAAGCTTCAG	+۱۲۳	AAGCAACACTGTCAGTGAATC	-۶۷	۶۰ °C
اگزون ۴	CACAAAGTCAAGGTGTCCTC	+۶۵	TT AGTACCAAAGATACCATAGAC	-۶۰	۶۰ °C
اگزون ۵	TCCTTCATGATGGCATCTAGTC	+۷۳	CAAATTCAGATGCTGGAGTCAC	-۱۰۱	۶۱ °C
اگزون ۶	AGCATCACAGGACCCAATC	+۵۲	CTGAGAATGGTGTCTTATATCTG	-۸۶	۶۱ °C
اگزون ۷	TTGACGTTTTAAATAGCACTTAG	+۶۰	GTCATCTTTCTGCTACCACG	-۶۱	۵۵ °C
اگزون ۸	AAGTACCTGGGAGAGAGA AGC	+۱۶۳	AGAGTCTTACAA AGG GTG CAC	-۶۰	۶۰ °C
اگزون ۹	AAGAGTTCATGGGGACCAG	+۴۵	TCA CTGAGATGCTTTTCCTAT C	-۲۹	۶۰ °C
اگزون ۱۰	AGTCTCTCTAGCAGCAGGTTG	+۷۹	GTTTCTCTAGAACTGAGCCAAG	-۵۵	۶۱ °C
اگزون ۱۱	TGTGCAGAACGTGAAGGAAG	+۴۴	AACAAAAGTTCAGTTCTGTGAGAG	-۵۱	۶۱ °C
اگزون ۱۲	CTTTGTTTGATGAGATGCACG	+۵۷	CTC CAT GCA CTG TGA CCT TAC	-۴۲	۶۱ °C
اگزون ۱۳	CTTATATCGGAAACATTCAGATG	+۵۴	CTTTTCTCGTAGTTTGACTACATG	-۴۶	۶۰ °C
اگزون ۱۴	TACAAAAACTCGCAAATGGAC	+۶۹	AGAGAAGCACCTCCCAGAAC	-۶۹	۶۱ °C
اگزون ۱۵	ATTGCAGCCATGTCCAGAG	+۶۹	CAGACTCAGGCAGGACAACC	-۷۵	۶۱ °C
اگزون ۱۶	CCAGATCCTGTCCAACCACT	+۵۹	CTACCCTCCACAGTCACGGT	-۶۱	۶۲ °C
اگزون ۱۷	GTGATTTTGGAACATGAAG	+۴۹	TGTGAAAAGAGCTCCTGTC	-۱۰۸	۶۲ °C

برای بررسی جهش‌های احتمالی ژن تیروئیدپراکسیداز، از آزمایش غربالگری SSCP^۱ استفاده شد. به این صورت که ۵ میکرولیتر از محصول PCR حاصل از تمام نواحی تکثیر شده (به غیر از ناحیه‌ی مربوط به اگزون ۸) به طور جداگانه و به همراه کنترل طبیعی (کنترل منفی) با ۷ میکرولیتر از SSCP loading buffer که شامل فرمامید (۹۵٪)، بروموفنل بلو (۰/۵٪) و زایلین سیانل (۰/۵٪) است، مخلوط شد و ترکیب حاصل به مدت ۱۰ دقیقه در حرارت ۹۵ درجه‌ی سانتی‌گراد برای تکرشته‌ای شدن DNA انکوبه و به سرعت در یخ منتقل شد. سپس نمونه‌ها با استفاده از سرنگ هامیلتون به درون چاهک‌های تعبیه شده روی ژل پلی آکریل

آمید ۲۹ به ۱، ۸٪ غیرتقلیب‌کننده^۲ شامل ۱۰ درصد گلیسرول منتقل و به مدت ۱۶-۱۰ ساعت در دمای ۴ درجه‌ی سانتی‌گراد با ولتاژ ۳۰۰ ولت الکتروفورز شدند. برای ظهور باندها از روش رنگ‌آمیزی نیترات نقره استفاده شد. به این ترتیب که، ابتدا ژل به مدت ۵ دقیقه با محلول شامل ۵٪ اسید استیک و ۴۰٪ اتانول تثبیت، و در ادامه ۱۰ دقیقه با نیترات نقره‌ی ۱٪ رنگ‌آمیزی شد. پس از شستشو با آب مقطر باندها با محلول NaOH ۱/۵٪ و فرمالدئید ۳٪ قابل رویت شدند و در نهایت با اضافه کردن اسید استیک ۱٪ واکنش متوقف شد. سپس، باندهای حاصل با کنترل طبیعی (کنترل منفی) از نظر حرکتی و محل قرار گرفتن، مقایسه شدند و هر نمونه‌ای که

i - Single Conformational Pdymorphism

ii- Nondenaturing

از تعیین توالی کلی و بررسی میزان خطاهای احتمالی در تکنیک SSCP انجام شد.

تجزیه و تحلیل اطلاعات حاصل از تعیین توالی با نرم افزار کروماز انجام شد و سپس با توالی اصلی ژن تیروئید پراکسیداز (Gen Bank Accession Number : DQ011222) به وسیله برنامه‌ی Blast (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Blast>) تطبیق داده شد و به این ترتیب اختلاف باز مربوط با توالی اصلی مشخص شد. پس از انجام آنالیزهای لازم درباره‌ی توالی‌ها و ترجمه‌ی آنها، تغییر به دست آمده با بانک اطلاعاتی موتاسیون، Human Gene Mutation Database (<http://archive.uwcm.ac.uk/uwcm/mg/hgmd0.html>) و بانک اطلاعاتی SNP (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/SNP>) و مطالعه‌های مرتبط با این موضوع مقایسه شدند.

یافته‌ها

از بین کودکان فراخوانده شده، ۴۰ بیمار با $TSH < ۱۰$ میلی‌واحد بر لیتر و $T4 < ۷$ میکروگرم بر دسی‌لیتر در روز ۳ تا ۷ تولد و ۱ ماه پس از قطع دارو در سن ۳ تا ۴ سالگی، و با اسکن و سونوگرافی طبیعی انتخاب و به عنوان بیماران مبتلا به کم‌کاری مادرزادی تیروئید دایمی از نوع دیس‌هورمون‌وزنز وارد این مطالعه شدند. والدین ۱۱ کودک دارای ازدواج خویشاوندی بودند.

همه‌ی DNAهای استخراج شده دارای OD مناسب ($۱/۷$) تا (۲) بودند و از نظر کمی و کیفی برای PCR مناسب تشخیص داده شدند. در همه‌ی بیماران اگزون‌ها و نواحی حد فاصل اگزون‌ها و اینترون‌های ژن تیروئیدپراکسیداز تکثیر شدند.

یافته‌های حاصل از SSCP و تعیین توالی در مجموع ۷ نوع پلی‌مورفیسم تکنوکلوئیدی (SNP) در ژن TPO، و یک جهش را در اگزون ۱۵ نشان دادند. پلی‌مورفیسم‌ها در اگزون یک و ناحیه‌ی مجاور بالادست آن (پروموتور) به صورت هموزیگوت و اگزون‌های ۱۱، ۸، ۷ و ۱۵ در هر دو حالت هموزیگوت و هتروزیگوت در بیماران مشاهده شدند. الگوهای حرکتی SSCP مربوط به نمونه‌های دارای SNP در هر دو حالت هموزیگوت و هتروزیگوت از یکدیگر، و از نمونه‌های فاقد SNP، متفاوت و قابل تشخیص بودند. همه‌ی پلی‌مورفیسم‌های یافت شده در این مطالعه در گذشته گزارش شده و در بانک اطلاعاتی SNP موجود است. در جدول ۲ جایگاه پلی‌مورفیسم‌ها و فراوانی آن در بیماران مورد مطالعه، درج شده است.

در آن تغییر الگوی حرکت نسبت به فرد طبیعی دیده شد، پس از PCR مجدد در حجم کلی ۵۰ میکرو لیتر و خالص‌سازی محصول PCR توسط کیت تخلیص DNA از ژل (کیاژن - آلمان)، و با آغازگرهای پایین دست یا بالادست به روش ختم زنجیره به صورت تجاری (شرکت ماکروژن - کره) تعیین توالی شد.

در اینجا کنترل طبیعی یا کنترل منفی به عنوان فردی در نظر گرفته شد که فاقد هر گونه تغییر نوکلئوتیدی در توالی ژن تیروئیدپراکسیداز باشد. برای انتخاب این مورد از فرد سالم که از نظر بالینی فاقد بیماری دیس‌هورمون‌وزنز تیروئید بود، استفاده شد. فرد طبیعی انتخاب شده دارای میزان TSH و $T4$ طبیعی در سن ۲۰ سالگی بود و اسکن و سونوگرافی تیروئید طبیعی داشت. در این فرد همه‌ی نواحی اگزونی ژن تیروئیدپراکسیداز تعیین توالی شد و نبود تغییر نوکلئوتیدی در توالی ژن تیروئید پراکسیداز تأیید شد.

در شروع آزمایش به علت عدم وجود نمونه‌های دارای تغییر نوکلئوتیدی در ژن TPO در جمعیت مورد، نمونه‌ی کنترل مثبت (نمونه‌ای که در آن وجود تغییر نوکلئوتیدی در ناحیه‌ای از ژن تیروئیدپراکسیداز تأیید شده باشد) وجود نداشت. در هنگام انجام کار، هنگامی که در یک ناحیه‌ی اگزونی ژن تیروئیدپراکسیداز، تفاوت حرکتی در نمونه یک بیمار با کنترل طبیعی (کنترل منفی) مشاهده شد، نمونه‌ی فرد مذکور تعیین توالی شد و نوع تغییر نوکلئوتیدی در آن ناحیه‌ی ژنی تأیید شد. در مراحل بعدی، از این نمونه به عنوان نمونه‌ی کنترل مثبت برای آن ناحیه‌ی ژنی استفاده شد و در کنار نمونه‌ی سایر بیماران و کنترل منفی روی ژل پلی‌آکریل‌آمید الکتروفورز شد.

از آن‌جا که یکی از متغیرهای مهم که بر حساسیت تکنیک غربالگری SSCP اثر می‌گذارد، اندازه‌ی قطعه‌های تکثیر شده توسط PCR است و کاهش تدریجی در حساسیت تکنیک با افزایش طول قطعه‌ی DNA از ۲۵۰ bp به بالا وجود دارد، در این تکنیک معمولاً حد بالای طول قطعه حدود ۳۵۰ باز در نظر گرفته می‌شود. فقط اگزون ۸ به علت بزرگ بودن و نداشتن شرایط مناسب برای بررسی به وسیله‌ی تکنیک SSCP، در همه‌ی نمونه‌ها به طور مستقیم تکثیر و تعیین توالی شد. علاوه بر این، در بین بیماران ۴ فرد که شدیدتر از بقیه بیمار بودند، انتخاب، و علاوه بر بررسی تمام قطعات مربوط به ژن TPO توسط SSCP، کل اگزون‌ها در آن‌ها تعیین توالی شد. این کار برای مقایسه‌ی یافته‌های SSCP با یافته‌های حاصل

جدول ۲-SNP*های به دست آمده‌ی ژن تیروئیدپراکسیداز در بیماران مورد بررسی

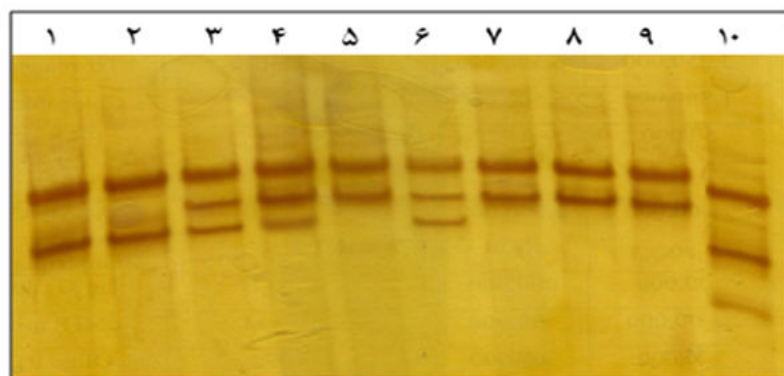
ناحیه	تعداد بیماران با SNP مربوطه					تغییر و موقعیت اسید آمینه	تغییر و موقعیت نوکلئوتید [†]	نوع تغییر	شماره‌ی ارجاع	شماره‌ی ثبت SNP
	فقد SNP	هتروزیگوت	هموزیگوت	تغییر و موقعیت	اسید آمینه					
۱ پروموتور	۲۸	-	۱۲	-	A-35G	-	-	-	-	-
۲ اگزون ۱	۲۸	-	۱۲	**	G11A	**	-	-	۱۳	-
۳ اگزون ۷	۱۹	۱۵	۶	A257S	G859T	-	Missense [‡]	۱۳	rs4927611	
۴ اگزون ۸	۱۷	۱۴	۹	A373S	G1207T	-	Missense	۱۱	rs2280132	
۵ اگزون ۸	۱۹	۱۴	۷	T398S	G1283C	-	Missense	۱۱	rs2175977	
۶ اگزون ۱۱	۱۹	۱۵	۶	D666D	C2088T	-	Synonymous [§]	۱۳	rs10189135	
۷ اگزون ۱۵	۱۲	۱۹	۹	A847V	T2630C	-	Missense	۱۶	rs1126799	

* SNP = شماره‌گذاری بازها بر اساس al. 1989 Kimura et al. (۱۲)، ** اگزون ۱ ژن تیروئیدپراکسیداز به پروتئین کد نمی‌شود، [‡] Missense: جهشی که سبب تغییر اسید آمینه می‌شود، [§] Synonymous جهشی که سبب تغییر اسید آمینه نمی‌شود، A: آلانین، S: سرین، T: ترئونین، D: اسیدآسپارتیک، V: والین

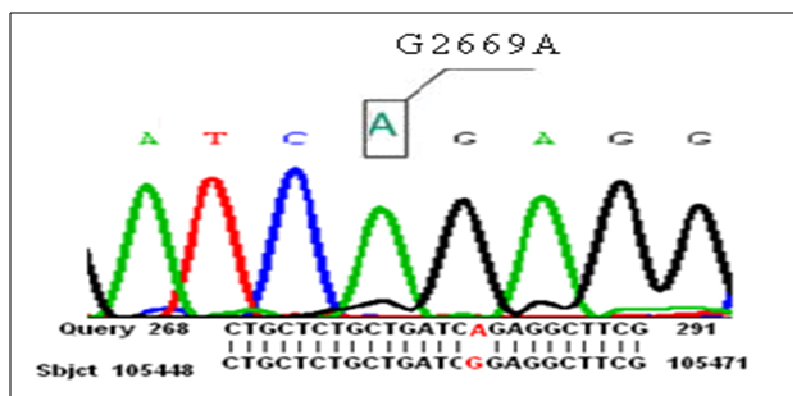
صورت هموزیگوت مشاهده شد. البته جهش مشاهده شده با انجام تعیین توالی با هر دو آغازگر پایین دست و بالا دست تأیید شد (شکل ۲).

در چهار بیماری که تمام اگزون‌های ژن TPO در آن‌ها تعیین توالی شد، جهشی گزارش نشد که این یافته مشابه یافته‌های حاصل از SSCP در این بیماران بود.

یافته‌های SSCP مربوط به اگزون ۱۵، تنها یک الگوی حرکتی متفاوت از کنترل طبیعی و نمونه‌های دارای SNP را در یک بیمار نشان داد (شکل ۱). آنالیز تعیین توالی در فرد مذکور، جابه‌جایی نوکلئوتید گوانین (G) در جایگاه ۲۶۶۹ ژن TPO به آدنین (A) (G2669A) که سبب تغییر اسیدآمینه‌ی گلايسين (G) به آرژینين (A) را در موقعیت ۸۶۰ پروتئین تیروئیدپراکسیداز می‌شود تأیید نمود، که این تغییر به



شکل ۱- نتایج ژل SSCP مربوط به اگزون ۱۵. ردیف ۱: فرد طبیعی. ردیف ۲: فرد فاقد SNP در جایگاه T2630C. ردیف‌های ۳، ۴ و ۶: افراد دارای SNP به صورت هتروزیگوت. ردیف ۵، ۷، ۸ و ۹: افراد دارای SNP به صورت هموزیگوت. ردیف ۱۰: فرد دارای جهش هموزیگوت در موقعیت G2669A.



شکل ۲- نتایج تعیین توالی اگزون ۱۵ مربوط به فرد دارای جهش هموزیگوت در جایگاه G2669A

بحث

آنزیم تیروئیدپراکسیداز (TPO) به دلیل داشتن ۳ نقش کلیدی در فرایند سنتز هورمون‌های تیروئید (اکسیده کردن ید، انتقال ید به اسیدآمینهای تیروزین در پروتئین تیروگلوبین و اتصال تیروزین‌های یددار شده‌ی مجاور به منظور شکل‌گیری هورمون‌های تیروئید)، مهمترین آنزیم در این فرایند است.^۹ جهش در ژن TPO به عنوان تأثیرگذارترین عامل ژنتیکی دیس هورمونوزن تیروئید معرفی شده است.^{۱۰-۲۸}

در این مطالعه، میزان شیوع جهش ژن تیروئیدپراکسیداز در ۴۰ کودک مبتلا به دیس هورمونوزن تیروئید استان اصفهان بررسی شد. از بین ۴۰ بیمار تنها یک مورد یافت شد که دارای جهش در توالی کدکننده‌ی ژن TPO بود. بنابراین، شیوع جهش ژن TPO در بیماران مورد مطالعه پایین است.

جهش گزارش شده، در اگزون ۱۵ ژن TPO در موقعیت G2669A قرار دارد که نتیجه‌ی آن تبدیل اسیدآمینهای غیریونی گلايسین (G) به اسیدآمینهای یونی با بار مثبت آرژینین (A) در موقعیت ۸۶۰ پروتئین تیروئیدپراکسیداز است. از آن جا که اگزون ۱۵ ژن TPO پلی‌پپتید مربوط به دومین (Domain) درون غشایی پروتئین تیروئیدپراکسیداز را کد می‌کند، تغییر حاصل در شیوه‌ی برهمکنش این دومین با غشای داخلی سلول‌های فولیکولی غده‌ی تیروئید تأثیر می‌گذارد و در اتصال صحیح پروتئین با غشای اختلال ایجاد می‌کند. عدم اتصال صحیح که برای عملکرد درست پروتئین TPO ضروری است، منجر به کاهش فعالیت پروتئین و در نتیجه کاهش میزان تولید هورمون تیروئید در فرد می‌شود.^{۲۱}

در مطالعه‌ای که در سال ۲۰۰۷ توسط Avbelj در کشور بوسنی و هرزگوین در ۴۶ بیمار انجام شد، جهش در ژن TPO عامل ۴۵٪ موارد دیس هورمونوزن تیروئید معرفی شد.^{۲۱} در همین سال مطالعه‌ی توسط راکور و همکاران در کشور فلسطین اشغالی در ۲۲ بیمار انجام شد. نتیجه‌ی آن بررسی نیز شیوع بالای جهش ژن TPO در بیماران مبتلا به دیس هورمونوزن تیروئیدی را نشان داد. در آن مطالعه دو نوع جهش در ۹۰٪ بیماران مشاهده شد.^{۲۸} مطالعه‌ی دیگر در سال ۲۰۰۵ توسط رودریگوئز و همکاران در کشور پرتقال در ۵۵ بیمار انجام شد. در آن بررسی ۸ نوع جهش در ۱۳ بیمار گزارش شد.^{۲۳} در مطالعه‌ای که در سال ۲۰۰۲ در کشور تایوان توسط نیو انجام شد، در ۱۶ بیمار مبتلا به دیس هورمونوزن ۷ بیمار (۴۴٪ بیماران) دارای جهش در ژن TPO بودند. در آن مطالعه بیان شد که احتمال وجود جهش در نواحی اینترونی و تنظیمی ژن TPO و یا جهش در سایر ژن‌های دخیل در دیس هورمونوزن تیروئید در سایر بیماران وجود دارد.^{۱۹}

ارتباط به دست آمده بین شیوع جهش در ژن TPO و بیماری دیس هورمونوزن تیروئیدی در این مطالعه با سایر مطالعه‌ها^{۱۹،۲۱،۲۳،۲۸} که ارتباط به نسبت زیادی بین جهش‌های این ژن و بیماری دیس هورمونوزن تیروئیدی یافته بودند، همخوانی نداشت و بسیار پایین‌تر از مطالعه‌های مشابه بود. در مطالعه‌ی ما تعداد بیماران کمتر از مطالعه‌ی بوسنی و پرتقال بیشتر از مطالعه‌ی فلسطین اشغالی و تایوان بود. بنابراین، تعداد بیماران در محدوده‌ی مطالعه‌های مشابه بود و تعداد کم بیماران نمی‌تواند از دلایل شیوع کم جهش در ژن

تیروئیدپراکسیداز باشد. به علاوه، در آن بررسی کم‌کاری تیروئید در کودکان ۱ تا ۳ ساله بررسی شد. روش تعیین نوع دایمی کم‌کاری تیروئید مانند مطالعه‌ی بوسنی و هرزگوین و پرتقال بود و وجود بیماری در افراد مورد مطالعه نمی‌تواند به علت موارد گذرا باشد. تفسیر ما در مورد تغییر میزان جهش در مطالعه‌ی ما شامل موارد زیر است: در مطالعه‌ی حاضر جهش در نواحی اگزونی ژن TPO بررسی گرفت. تاکنون مطالعه‌ی درباره‌ی ارتباط بین جهش در ناحیه‌ی اینترونی و تنظیمی این ژن و بیماری دیس‌هورمونوزن تیروئید گزارش نشده است. همان‌طور که در مطالعه تایوان ذکر شد، احتمال وجود جهش در ناحیه‌ی اینترونی و تنظیمی ژن تیروئیدپراکسیداز در بیمارانی که فاقد جهش در ناحیه‌ی اگزونی بودند، وجود دارد. ممکن است در جمعیت استان اصفهان جهش نواحی اینترونی و تنظیمی ژن تیروئیدپراکسیداز عامل درصد بالاتری از بیماری دیس‌هورمونوزن تیروئید باشد. مسأله‌ی دیگر که باید در مطالعه‌ی ما مد نظر قرار گیرد این است با توجه به این‌که جمعیت اصفهان گنجینه‌ی ژنتیکی مربوط به خود را دارا است، ممکن است برخلاف سایر مطالعه‌ها، در جمعیت اصفهان جهش ژن‌هایی دیگر دخیل در بیماری دیس‌هورمونوزن تیروئید شامل ژن‌های کانال غشایی سدیم - پد، تیروگلوبولین، تیروئیداکسیداز و پندرین شیوع بالاتری از جهش در ژن تیروئیدپراکسیداز داشته و بروز بیماری در بیماران مورد بررسی ما به دلیل جهش در ژن‌های دیگر دخیل در این بیماری باشد. نکته‌ی دیگر مورد بحث، حساسیت تکنیک مورد استفاده در مطالعه است. تکنیک SSCP یکی از روش‌های ارزان و مناسب، با حساسیت بالا برای تشخیص اختلاف‌های ژنتیک است.^{۳۵} اختلاف‌های بسیار جزیی در حد جابه‌جایی تک نوکلئوتیدی و حذف و اضافه‌های کوچک در توالی ژنوم با این روش قابل شناسایی است.^{۳۷،۳۸} شیوع بالای جهش نقطه‌ای در ژن TPO و کاربرد بالای تکنیک SSCP در تشخیص جهش‌های نقطه‌ای در کنار سایر مزایای این روش که به آن اشاره شد، از دلایل انتخاب آن در این مطالعه است. در مطالعه‌ی مربوط به کشورهای بوسنی و هرزگوین و پرتقال نیز از تکنیک SSCP برای غربالگری جهش در ژن تیروئیدپراکسیداز استفاده شده است. در هر دو مطالعه‌ی گذشته، SSCP روش مؤثری برای تشخیص جهش‌های ژن TPO معرفی شده است، که این می‌تواند تأییدی برای انتخاب این روش در مطالعه‌ی حاضر باشد.

اساس SSCP، تشکیل ساختارهای متفاوت ثانویه است که زنجیره‌های تکررشته‌ای DNA در شرایط ویژه مثل تغییر در ترکیب بافرها و یا توالی اسیدهای نوکلئیک به خود می‌گیرند و این مسأله سبب تفاوت الگوی حرکتی قطعات در ژل در نتیجه‌ی الکتروفورز می‌گردد، بنابراین، DNAهای تکررشته‌ای که دارای یک جهش ژنتیکی باشند نسبت به رشته‌های طبیعی روی ژل پلی‌آکریل‌آمید الگوی حرکتی متفاوتی از خود نشان می‌دهند.^{۳۷} برای تأیید تغییر و مشخص شدن نوع آن، نمونه‌های دارای الگوی حرکتی متفاوت تعیین توالی می‌شوند. حد بالای توانایی این روش برای تعیین جهش‌ها حدود ۹۰٪ است.^{۳۸} در مطالعه‌ی ما، قابل تشخیص بودن چند پلی‌مورفیسم تک‌نوکلئوتیدی (SNP) در تعدادی از اگزون‌های ژن TPO با روش SSCP و از طرفی مشابه بودن یافته‌های حاصل از تعیین توالی مستقیم در چهار بیمار با یافته‌های مربوط به SSCP، نشان می‌دهد که حساسیت تکنیک به کار گرفته شده به حد بالای تعیین جهش با این تکنیک نزدیک است. ولی در عین حال تکنیک SSCP نیز مانند سایر تکنیک‌های غربالگری دارای درصدی از خطا است. از معایب SSCP می‌توان وابسته بودن شدید به شرایط آزمایشگاه و عدم تشخیص جهش‌هایی که تأثیر کم در تغییر شکل‌گیری ساختار فضایی تکررشته می‌گذارند، نام برد. در مواردی نیز تغییرات مربوط به نواحی کناری قطعه‌های مورد بررسی با این تکنیک قابل بررسی نیست.^{۳۸} بنابراین، در مطالعه‌ی حاضر، احتمال وجود جهش‌هایی که با روش SSCP قابل تشخیص نیست، وجود دارد.

شایان ذکر است در بعضی موارد، علت بیماری‌های ژنتیک با توارث اتوزوم مغلوب، حذف‌های بزرگ هموزیگوت در ژن است که در این بیماران، نواحی حذف شده با روش PCR تکثیر نمی‌شوند و از این راه قابل تشخیص هستند ولی در صورت داشتن حذف‌های بزرگ هتروزیگوت، به دلیل داشتن یک نسخه‌ی طبیعی ژن، همه‌ی نواحی مورد بررسی با PCR تکثیر یافته که این گونه حذف‌ها با تکنیک SSCP تعیین توالی قابل تشخیص نیستند. همان‌طور که اشاره شد، در همه‌ی بیماران تمام اگزون‌های ژن TPO با PCR تکثیر شده و در هیچ بیماری ناحیه‌ای یافت نشد که قابل تکثیر نباشد و احتمال وجود حذف بزرگ هموزیگوت رد شد ولی امکان وجود حذف‌های بزرگ هتروزیگوت در بیماران مورد بررسی را باید در نظر گرفت. اگرچه تاکنون حذف‌های بزرگ

شده در این مطالعه با بیماری در مقایسه با نمونه‌های طبیعی نیز می‌تواند کمک‌کننده باشد.

سپاسگزاری: این طرح با حمایت مرکز تحقیقات غدد درون‌ریز و متابولیسم دانشگاه علوم پزشکی اصفهان در بخش پزشکی مولکولی انستیتو پاستور ایران انجام شد. از همکاران گروه ژنتیک بخش پزشکی مولکولی انستیتو پاستور ایران، به خصوص سرکار خانم سمیه جمالی و معاونت پژوهشی دانشگاه علوم پزشکی اصفهان و مرکز تحقیقات غدد درون‌ریز و متابولیسم، خانم‌ها نغمه قانع و اکبری، همچنین از همه‌ی بیماران و خانواده‌های محترم آن‌ها که در این طرح ما را یاری رساندند، نهایت سپاس و امتنان را داریم.

References

- Delange F. Neonatal screening for congenital hypothyroidism in Europe. Report of the Newborn Committee of the European Thyroid Association. *Acta Endocrinol suppl (Copenh)* 1979; 223: 3-29.
- Fisher DA, Dussault JH, Foley TP, Klein AH, LaFranchi S, Larsen PR, et al. Screening for congenital hypothyroidism, results of screening one million North American infants. *J Pediatr* 1979; 94: 700-5.
- Azizi F, Oladi B, Nafar abadi M, Hajipour R. Screening for identification congenital hypothyroidism in Tehran: effects of iodid deficiency in increasing inborn transient TSH. *Journal Shaheed Beheshti University of Medical Sciences* 1994;1: 34-8.[farsi]
- Ordookhani A, Mirmiran P, Hajipour R, Hedayati M, Azizi F. Screening for congenital hypothyroidism in the Islamic Republic of Iran: strategies, obstacles and future perspectives. *East Mediterr Health J* 2002; 8: 480-9.
- Hashemipour M, Amini M, Iranpour R, Sadri GH, Javaheri N, Haghighi S, et al. Prevalence of Congenital Hypothyroidism in Isfahan, Iran: Results of a Survey on 20,000 Neonates. *Horm Res* 2004; 62: 79-83.
- Radetti G, Zavallone A, Gentili L, Beck-Peccoz P, Bona G. Foetal and neonatal thyroid disorders. *Minerva Pediatr* 2002; 54: 383-400.
- Park SM, Chatterjee VK. Genetics of congenital hypothyroidism. *J Medi Genet* 2005; 42: 379-89.
- Nascimento AC, Guedes DR, Santos CS, Knobel M, Rubio IG, Medeiros-Neto G. Thyroperoxidase gene mutations in congenital goitrous hypothyroidism with total and partial iodide organification defect. *Thyroid* 2003; 13: 1145-51.
- Kimura S, Hong YS, Kotani T, Ohtaki S, Kikkawa F. Structure of the human thyroid peroxidase gene: comparison and relationship to the human myeloperoxidase gene. *Biochemistry* 1989; 28: 4481-9.
- Abramowicz MJ, Targovnik HM, Varela V, Cochaux P, Krawiec L, Pisarev MA, et al. Identification of a mutation in the coding sequence of the human thyroid peroxidase gene causing congenital goiter. *J Clin Invest* 1992; 90: 1200-4.
- Bikker H, Den Hartog MT, Baas F, Gons MH, Vulsma T, De Vijlder JJM. A 20-basepair duplication in the human thyroid peroxidase gene results in a total iodide organification defect and congenital hypothyroidism. *J Clin Endocrinol Metab* 1994; 79:248-52.
- Bikker H, Vulsma T, Baas F, De Vijlder JJ. Identification of five novel inactivating mutations in the human thyroid peroxidase gene by denaturing gradient gel electrophoresis. *Hum Mutat* 1995; 6: 9-16.
- Kotani T, Umeki K, Yamamoto I, Maesaka H, Tachibana K, Ohtaki S. A novel mutation in the human thyroid peroxidase gene resulting in a total iodide organification defect. *J Endocrinol* 1999; 160:267-73.
- Kotani T, Umeki K, Yamamoto I, Ohtaki S, Adachi M, Tachibana K. Iodide organification defect resulting from co segregation of mutated and null thyroid peroxidase alleles. *Mol Cell Endocrinol* 2001; 182: 61-8.
- Pannain S, Weiss RE, Jackson CE, Dian D, Beck JC, Sheffield VC, et al. Two different mutations in the thyroid peroxidase gene of large inbred Amish kindred: power and limits of homozygosity mapping. *J Clin Endocrinol Metab* 1999; 84:1061-71.
- Bakker B, Bikker H, Vulsma T, De Randamie JS, Wiedijk BM, et al. Two decades of screening for congenital hypothyroidism in the Netherlands: TPO gene mutations in total iodide organification defects (an update). *J Clin Endocrinol Metab* 2000; 85: 3708-12.
- Bakker B, Bikker H, Hennekam RC, Lommen EJ, Schipper MG, Vulsma T, et al. Maternal isodisomy for chromosome 2p causing severe congenital hypothyroidism. *J Clin Endocrinol Metab* 2001; 86:1164-8.
- Umeki K, Kotani T, Kawano J, Suganuma T, Yamamoto I, Aratake Y, et al. Two novel missense mutations in the thyroid peroxidase gene, R665W and G771R, result in a localization defect and cause congenital hypothyroidism. *Eur J Endocrinol* 2002; 146:491-8.
- Niu DM, Hwang B, Chu YK, Liao CJ, Wang PL, Lin CY. High Prevalence of a Novel Mutation (2268 insT) of the Thyroid Peroxidase Gene in Taiwanese Patients with Total Iodide Organification Defect, and Evidence

- for a Founder Effect. *J Clin Endocrinol Metab* 2002; 87: 4208-12.
20. Wu JY, Shu SG, Yang CF, Lee CC, Tsai FJ. Mutation analysis of thyroid peroxidase gene in Chinese patients with total iodide organification defect: identification of five novel mutations. *J Endocrinol* 2002; 172: 627-35.
21. Avbelj M, Tahirovic H, Debeljak M, Kusekova M, Toromanovic A, Krzysnik C, et al. High prevalence of thyroid peroxidase gene mutations in patients with thyroid dyshormonogenesis. *Eur J Endocrinol* 2007; 156: 511-9.
22. Rivolta CM, Esperante SA, Gruñeiro-Papendieck L, Chiesa A, Moya CM, Domené S, et al. Five novel inactivating mutations in the thyroid peroxidase gene responsible for congenital goiter and iodide organification defect. *Hum Mutat* 2003; 22: 259.
23. Rodrigues C, Jorge P, Soares JP, Santos I, Salomão R, Madeira M, et al. Mutation screening of the thyroid peroxidase gene in a cohort of 55 Portuguese patients with congenital hypothyroidism. *Eur J Endocrinol* 2005; 152: 193-8.
24. Ambrugger P, Stoeva I, Biebermann H, Torresani T, Leitner C, Grüters. A Novel mutation of the thyroid peroxidase gene in patients with permanent congenital hypothyroidism. *Eur J Endocrinol* 2001; 145: 19-24.
25. Tajima T, Tsubaki J, Fujieda K. Two novel mutations in the thyroid peroxidase gene with goitrous hypothyroidism. *Endocr J* 1995; 52: 643-5.
26. Pfarr N, Musholt TJ, Musholt PB, Brzezinska R, Pohlenz, J. Congenital primary hypothyroidism with subsequent adenomatous goiter in a Turkish patient caused by a homozygous 10-bp deletion in the thyroid peroxidase (TPO) gene. *Clin Endocrinol (Oxf)* 2006; 64: 514-18.
27. Pfarr N, Borck G, Turk A, Napiontek U, Keilmann A, Muller-Forell W, et al. Goitrous congenital hypothyroidism and hearing impairment associated with mutations in the TPO and SLC26A4/PDS genes. *J Clin Endocrinol Metab* 2006; 91: 2678-81.
28. Tenenbaum-Rakover Y, Mamasiri S, Ris-Stalpers C, German A, Sack J, Allon-Shalev S, et al. Clinical and genetic characteristics of congenital hypothyroidism due to mutations in the thyroid peroxidase(TPO) gene in Israelis. *Clin Endocrinol (Oxf)* 2007; 66: 695-702.
29. Delang F. Screening for congenital hypothyroidism used as an indicator of the degree of iodine deficiency and of its control. *Thyroid* 1998; 8: 1185-92.
30. Hashemipour M, Amini M, Gheisari A, Sharifei S, Iranpour R, Aminorroay A. Comparison of urinary iodine excretion in neonates and their mothers in Isfahan, Iran. *Endocr Pract* 2002; 8: 347-50.
31. Hashemipour M, Hovsepian S, Kelishadi R, Iranpour R, Hadian R, Haghighi S, et al. Permanent and Transient Congenital Hypothyroidism in Isfahan-Iran. *J Med Screen* 2009; 16: 11-16.
32. Hashemipour M, Amini M, Talaie M, Kelishadi R, Hovespian S, Iranpour R, et al. Parental consanguinity among parents of neonates with congenital hypothyroidism in Isfahan. *East Mediterr Health J* 2007; 13(3): 567-574.
33. Iranpour R, Hashemipour M, Amini M, Talaei SM, Kelishadi R, Hovsepian S, et al. [Tc]-99m Thyroid Scintigraphy in Congenital Hypothyroidism Screening Program. *J Trop Pediatr* 2006; 52: 411-5.
34. Miller SA, Dykes DD, Polesky HF. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Res* 1988; 16: 1215.
35. Orita M, Iwahana H, Kanazawa H, Hayashi K, Sekyia T. Detection of polymorphism of human DNA by gel electrophoresis as single-strand conformation polymorphism. *Proc Natl Acad Sci USA* 1989; 86: 2766-70.
36. Sunnucks P, Wilson AC, Beheregaray LB, Zenger K, French J, Taylor AC. SSCP Is Not So Difficult: The Application and Utility of Single-Stranded Conformation Polymorphism in Evolutionary Biology and Molecular Ecology. *Mol Ecol* 2000; 9: 1699-710.
37. Hayashi K. PCR-SSCP: a simple and sensitive method for detection of Mutations in the genomic DNA. *PCR Methods Appl* 1991; 1: 34-8.
38. Nollau P, Wagener C. Methods for detection of point mutations: performance and quality assessment. IFCC Scientific Division, Committee on Molecular Biology Techniques. *Clin Chem* 1997; 43: 1114-28.

Original Article

Potential Mutations of Thyroid Peroxidase Gene in Children with Congenital Hypothyroidism in Isfahan Province

Karimizare S¹, Soheilipour F², Karimipour M³, Khanahmad³, Yaghmayee P¹, Kokabee L³, Aminzadeh S³, Hashemipour M², Amini M², Hadyan R²

¹Sciences and Research Branch, Islamic Azad university, Tehran, ²Endocrine & Metabolism Research Center, Isfahan University of Medical Sciences & Health Services, Isfahan; ³Pasteur Institute of Iran, Molecular Medicine Department, Tehran, I.R.Iran

e-mail: hashemipour@med.mui.ac.ir

Received: 19/04/2009 Accepted: 25/07/2009

Abstract

Introduction: Congenital hypothyroidism (CH), the most common congenital endocrine disorder in childhood and one of the causes of mental retardation, may be caused by defects in the enzymatic cascade of thyroid hormone synthesis, called thyroid dyshormonogenesis, of which thyroid peroxidase gene (TPO) mutations are one of the most common causes. The aim of this study was to assess frequency of TPO gene defects in patients with thyroid dyshormonogenesis in Isfahan province. **Materials and Methods:** This was a cross sectional study conducted on 40 patients with permanent congenital hypothyroidism, due to thyroid dyshormonogenesis. Genomic DNA was extracted from the peripheral blood of these patients, using the salting out method. The 17 exonic region of the TPO gene was amplified and mutation screening was performed by single-strand conformational analysis (SSCP) and sequencing. **Results:** Results demonstrated one missense mutation in the (G2669A) location of exon 15 in one patient and seven different single nucleotide polymorphisms (SNPs) in exons 1, 7, 8, 11 and 15 of the TPO gene. **Conclusion:** Frequency of TPO gene mutation in this study was lower in comparison to other similar studies. It remains possible that in these patients, the disorder was caused by a TPO gene defect in regulatory or intronic regions. In addition, methods besides SSCP analysis and detection of other gene defects in thyroid dyshormonogenesis need to be further investigated in this field.

Keywords: Congenital Hypothyroidism, Thyroid dyshormonogenesis, Thyroid peroxidase gene, Mutation, SSCP