بررسی ارتباط پلی‌مورفیسم‌های Gly972Arg و Ala512Pro در ژن IRS1 با بیماری دیابت نوع ۲ در استان سیستان و بلوچستان

علی اسلامی[۱]، احمد راشکی[۲*]، سیدکاظم صباغ[۳]، زهرا راشکی‌قلعه‌نو[۴]

۱- کارشناس ارشد ژنتیک، گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه زابل، زابل، ایران ۲- دانشیار، گروه پاتوبیولوژی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه زابل، زابل، ایران
۳- دانشیار، گروه زیست‌شناسی، مجتمع علوم دانشگاه یزد، یزد، ایران ۴- استادیار، گروه میکروب‌شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی زابل، زابل، ایران

اطلاعات

نوع مقاله:
مقاله پژوهشی

تاریخچه مقاله:
وصول: ۹۷/۷/۲۰
پذیرش: ۹۷/۱۰/۲۲

کلیدواژگان:
بیماری دیابت نوع ۲
پلی‌مورفیسم
ژن *IRS1*

نویسنده مسئول:
احمد راشکی
موبایل: ۰۹۱۵۱۹۷۰۸۷۷
ایمیل: ah_rashki@usal.es
آدرس: ایران، زابل، دانشگاه زابل، دانشکده دامپزشکی، گروه پاتوبیولوژی

خلاصه فارسی

مقدمه: دیابت نوع ۲ شایع‌ترین نوع دیابت بوده و ۹۰٪ موارد این بیماری را به خود اختصاص داده است. ژن انسولین رسپتور سوبسترای -۱ (IRS1) به‌عنوان میانجی بین گیرنده‌های انسولین و شبکه پیچیده‌ای از مولکول‌های پیام‌رسان داخل سلول‌های ماهیچه‌ای، کبد و بافت چربی ایفای نقش می‌کند. لذا ممکن است کاندید مناسبی برای استعداد ابتلاء به دیابت نوع ۲ باشد. در این مطالعه ارتباط پلی‌مورفیسم‌های Gly972Arg و Ala512Pro ژن *IRS1* با استعداد ابتلاء به دیابت نوع ۲، مورد ارزیابی قرار گرفت.

روش کار: در این پژوهش مورد- شاهدی ۱۰۰ بیمار مبتلاء به دیابت نوع ۲ و ۱۰۰ فرد سالم بررسی شدند. استخراج DNA با استفاده از روش ترکیب فنل- کلروفرم با پروتیناز K انجام شد. تعیین ژنوتیپ افراد به روش RFLP-PCR انجام شد. سپس آنالیز آماری نتایج با استفاده از آزمون کای-دو صورت گرفت.

نتایج: نتایج به‌دست آمده، نشان داد درصد فراوانی ژنوتیپ‌های GA, GG و AA برای پلی‌مورفیسم rs1801278 (Gly972Arg) در افراد بیمار ۸۲/۱۸ و ۰ درصد و در افراد سالم ۱۵/۸۵ و۰ درصد بود. نتایج بررسی آماری نشان داد که فراوانی آللی و ژنوتیپی Gly972Arg در گروه بیمار و کنترل اختلاف معناداری نداشت (P=۰/۶۱). همچنین پلی‌مورفیسم Ala512Pro در جمعیت سیستان و بلوچستان یافت نشد.

نتیجه‌گیری: تحلیل آماری نتایج به‌دست آمده، نشان‌دهنده عدم ارتباط آلل‌های این دو پلی‌مورفیسم از ژن *IRS1* در جمعیت سیستان و پلوچستان با خطر بروز بیماری دیابت نوع ۲ بود.

لطفاً به مقاله به شکل زیر استناد کنید:

اسلامی ع، راشکی ا، صباغ س.ک، راشکی‌قلعه‌نو ز. بررسی ارتباط پلی‌مورفیسم‌های Gly972Arg و Ala512Pro در ژن *IRS1* با بیماری دیابت نوع ۲ در استان سیستان و بلوچستان. مجله دانشگاه علوم پزشکی جیرفت، پاییز و زمستان ۱۳۹۷؛ ۵ (۲)۲: ۵۶- ۶۶.

[Downloaded from journal.jmu.ac.ir on 2026-11-15]

مقدمه

بیماری دیابت، یک بیماری مزمن ناتوان‌کننده و تهدید جدی برای سلامتی افراد محسوب می‌شود که ۶٪ از مرگ‌ومیرهای در سطح جهان را باعث می‌شود. در عصر حاضر و با صنعتی شدن کشورها بیماری دیابت به شکل همه‌گیر و بی‌سابقه‌ای در سراسر جهان در حال افزایش است که نشان‌دهنده‌ی تأثیر بالای شیوه زندگی بر این بیماری است (۱). در حال حاضر بیش از ۱۷۰ میلیون نفر در سراسر جهان به دیابت نوع ۲ مبتلا می‌باشند و احتمال می‌رود که تا سال ۲۰۳۰ شمار مبتلایان به مرز ۳۶۶ میلیون نفر برسد (۲، ۳). مطالعات انجام شده نشان می‌دهد تعداد فراد مبتلا در ایران ۳ تا ۴ میلیون برآورد شده است. شیوع این بیماری در کل جمعیت ایران ۲ تا ۳ درصد و در افراد بالای ۳۰ سال ۷/۳٪ می‌باشد (۴). شناسایی عوامل پدیدآورنده بیماری دیابت نوع ۲ دشوار است زیرا عوامل محیطی و ژنتیکی متعدد و تأثیر متقابل بین آنها در بروز بیماری؛ مؤثر می‌باشد. مطالعات همبستگی نشان دادند که برخی از ژن‌ها با بیماری دیابت نوع ۲ ارتباط دارند ولی با توجه به جمعیت مورد مطالعه، نوع ژن‌های درگیر در بیماری، می‌تواند متفاوت باشد. یکی از ژن‌های کاندید که در طی این سال‌ها ارتباط آن با بیماری دیابت نوع ۲ مورد بررسی قرار گرفته است ژن *IRS1*[1] می‌باشد (۳). این ژن در بافت‌های هدف انسولین، مثل ماهیچه‌های اسکلتی، کبد، بافت چربی و پانکراس بیان می‌شود. پروتئین Irs1 به‌عنوان یک مولکول آغازین و لنگرگاهی بین گیرنده انسولین و پروتئین‌های پایین‌دستی، نقش واسطه‌نگر را بازی می‌کند. بنابراین تغییر ساختار ژن و به‌دنبال آن پروتئین *Irs1*، می‌تواند نقص‌های وسیعی در مسیر پیام‌رسان انسولین ایجاد کند (۵-۷). این نقص‌ها در پانکراس و بافت هدف انسولین می‌تواند به‌ترتیب، باعث کاهش ترشح و مقاومت به انسولین شود. از جمله تغییراتی که می‌تواند با بیماری دیابت نوع ۲ ارتباط داشته باشد، پلی‌مورفیسم‌های Ala512Pro و Gly972Arg است که باعث جایگزینی پرولین (Pro) به‌جای آلانین (Ala) و اسید آمینه آرژنین (Arg) به‌جای گلیسین (Gly) در کدون‌های ۵۱۲ و ۹۷۲ پروتئین *Irs1* می‌شود (۸). با توجه به موقعیت پلی‌مورفیسم‌ها، محصول پروتئینی می‌تواند از لحاظ عملکرد دچار تغییر شود. چندین مطالعه گسترده ژنومی نشان دادند که پلی‌مورفیسم‌های این ژن با بیماری دیابت نوع ۲ ارتباط دارد (۵، ۹).

متعاقباً مطالعات دیگری بر روی جمعیت‌های هند و سرخ‌پوستان آمریکا انجام شد که در آن یکی از پلی‌مورفیسم‌های این ژن (Gly972Arg) با بیماری دیابت نوع ۲ ارتباط داشت (۱۰، ۱۱) اما در جمعیت‌های کشور فنلاند و آمریکایی‌های مکزیکی‌تبار، این ارتباط مشاهده نشد (۱۲، ۱۳). تفاوت‌های نژادی بین جمعیت‌های مختلف که بیش‌تر زمینه ژنتیکی دارند؛ از جمله دلایل مستعد بودن افراد به دیابت نوع ۲ می‌باشد. در جمعیت‌های آسیایی نیز نتایج متناقضی از ارتباط پلی‌مورفیسم‌های این ژن با دیابت نوع ۲ به‌دست آمده است که برای بررسی این موضوع، این مطالعه در جمعیت ایران انجام گرفت.

هدف مطالعه حاضر بررسی ارتباط پلی‌مورفیسم Ala512Pro و Gly972Arg در ژن IRS1 در جمعیت استان سیستان و بلوچستان است.

[1] Insulin Receptor

[Downloaded from journal.jmu.ac.ir on 2026-11-15]

روش کار

جمعیت مورد مطالعه

این مطالعه بر روی ۱۰۰ بیمار مبتلا به دیابت نوع ۲ و ۱۰۰ فرد سالم به‌عنوان کنترل انجام شد. افراد دیابتی از مراجعه‌کنندگان به کلینیک دیابت بیمارستان علی‌اصغر (ع) زاهدان و بیمارستان امیرالمومنین (ع) زابل و گروه کنترل از افراد سالم که معیارهای ابتلاء به دیابت و سابقه فامیلی این بیماری را در اقوام درجه اول و دوم نداشتند، به‌صورت تصادفی انتخاب شدند. ابتلاء به دیابت با معیارهای سازمان بهداشت جهانی (WHO)[2] به صورت قند خون ناشتا (FBS)[3] بالاتر از 126mg/dL یا قند دو ساعته پس از مصرف گلوکز (DGTT)[4] بیش‌تر از 200 mg/dL و با مصرف داروی ضددیابت به تشخیص پزشک تعریف شد. نمونه‌گیری پس از ارایه آگاهی لازم و کسب رضایت‌نامه کتبی از افراد، انجام گرفت.

نمونه‌گیری خون و تعیین ژنوتیپ

از هر یک از افراد مورد مطالعه به میزان ۵ میلی‌لیتر خون محیطی در لوله‌های حاوی EDTA گرفته شد. سپس DNA با استفاده از روش ترکیب فنل-کلروفرم با پروتیناز K مطابق پروتکل زیر، استخراج شد. ابتدا ۴۰۰ میکرولیتر از خون افراد با یک میلی‌لیتر بافر سرد تجزیه گلبول قرمز (ساکاروز ۳۲٪ مولار، Tris-Hcl ۱۰ میلی‌مولار (pH,7.5)، MgCl2 ۵ میلی‌مولار و ۱٪ Triton-X100) مخلوط و به مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۴°C قرار داده شد. نمونه‌های مخلوط شده با بافر لیزکننده به‌مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۴°C با دور ۱۳۰۰۰ در دقیقه سانتریفوژ شد. پس از خاتمه سانتریفوژ محلول رویی دور ریخته شد و به لخته باقی‌مانده مجدداً ۱ میلی‌لیتر بافر سرد تجزیه گلبول اضافه و با دور ۳۰۰۰ دور در دقیقه سانتریفوژ شد. سپس ۱ میلی‌لیتر بافر تجزیه گلبول سفید (NaCl/EDTA) به همراه ۳۰ میکرولیتر SDS ۱۰٪ و ۲۵ میکرولیتر پروتینئاز K اضافه و به‌مدت یک شب در دمای ۳۷°C گرماگذاری گردید (SDS[5]به حل شدن لیپیدها و پروتیئیناز K به شکستن پروتئین‌ها و هیستون‌ها کمک می‌کند). سپس مقدار ۵۰۰ میکرولیتر فنل اشباع شده به هر لوله اضافه و به‌مدت ۱۰ دقیقه با دور ۱۳۰۰۰ در دقیقه در دمای ۴°C سانتریفوژ شد. در این مرحله محلول رویی به تیوب جدید منتقل و به همان میزان کلرفرم/ ایزوآمیل الکل اضافه و به آرامی مخلوط و مجدداً با دور ۱۰۰۰۰ در دقیقه به مدت ۵ دقیقه سانتریفوژ گردید. سپس فاز دوم که حاوی DNA است، به تیوب جدید منتقل و به نسبت یک‌ونیم برابر حجم آن، ایزوپروپانول سرد اضافه و به‌مدت ۱ ساعت در دمای ۲۰°C- قرار داده شد.

تیوب‌ها به مدت ۱۵ دقیقه با دور ۱۳۰۰۰ در دقیقه سانتریفوژ و محلول رویی تخلیه و رسوب حاصله با ۵۰۰ میکرولیتر الکل ۷۰٪ سرد، شستشو داده شد. پس از خشک شدن الکل، DNA رسوب داده شده با ۱۰۰ میکرولیتر بافر TE حل و تا انجام مراحل بعدی در دمای ۲۰°C- نگهداری شد.

انجام RFLP-PCR

قسمتی از ژن *IRS1* که حاوی پلی‌مورفیسم Ala512Pro و Gly972Arg بود با تکنیک PCR و پرایمرهای جدول ۱ تکثیر گردید. از روش RFLP-PCR برای تعیین تفاوت آللی و ژنوتیپی بین دو گروه بیمار و شاهد استفاده شد. واکنش PCR با استفاده از دستگاه

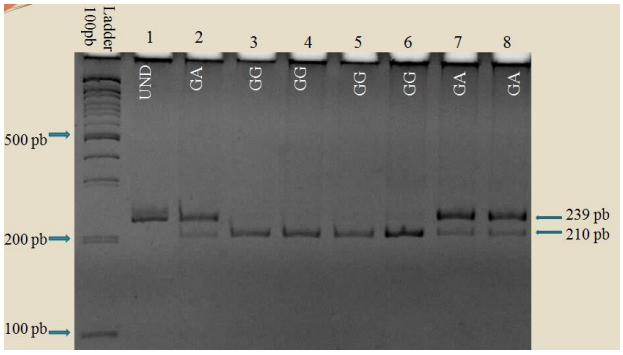
[2] World Health Organization (WHO)
[3] Fasting Blood Sugar (FBS)
[4] Diabet Glucose Tolerance Test (DGTT)
[5] Sodium Dodecyl Sulfate (SDS)

[Downloaded from journal.jmu.ac.ir on 2026-11-15]

ترموسایکلر اپندورف انجام گردید. برای انجام فرآیند PCR آنزیم Master Mix RED ×۲ ازشرکت پیشگام خریداری گردید. در این واکنش، ۲ میکرولیتر از DNA الگو ۱۲/۵ میکرولیتر از آنزیم Master Mix RED ×۲ و یک میکرولیتر از پرایمرهای Forward و Reverse (۲۰پیکومول در میکرولیتر) با یکدیگر مخلوط وحجم نهایی آن با آب مقطر دو بار تقطیر به ۲۵ میکرولیتر رسانده شد. برنامه اجرایی سیکل‌های PCR واجد مراحل زیر بود: واسرشتگی اولیه در ۹۵°C به‌مدت ۵ دقیقه و سپس ۳۵ سیکل شامل: واسرشتگی ثانویه در ۹۵°C به‌مدت ۵۰ ثانیه، اتصال پرایمرها به DNA الگو در دمای ۶۱°C به‌مدت ۴۰ ثانیه، طویل شدن رشته الگو در دمای ۷۲°C به‌مدت ۵۰ ثانیه و طویل شدن نهایی در دمای ۷۲°C به‌مدت ۷ دقیقه بود. پس از انجام واکنش، ۵ میکرولیتر از محصول PCR در ژل آگارز ۲٪ به مدت ۴۰ دقیقه تحت تأثیر ولتاژ ۷۵ الکتروفورز شد. قطعات تکثیر شده با استفاده از نشانگر ۱۰۰ جفت باز، ارزیابی شد (شکل ۱).

جدول ۱- توالی پرایمرهای مورد استفاده در این مطالعه

نام پرایمر	توالی پرایمر('3 ⟵ '5)	اندازه پرایمر (جفت باز)
Gly972-F	TTT GGG AGT GAT AGT CTG GCT AC	۲۳۹
Gly972-R	CGG GTA GGC CTG CAA ATG CTA	
Ala512-F	CTC TTC CCA CGG CGA TCT AGT	۴۵۳
Ala512-R	GGC AGG CAT CAT CTC TGT GT	



شکل ۱- بررسی پلی‌مورفیسم Gly972Arg به روش هضم آنزیمی با استفاده از آنزیم *SmaI* و ژل پلی‌آکریل آمید ۱۲
نمونه‌های ۳، ۴، ۵، ۶ دارای ژنوتیپ GG و فاقد پلی‌مورفیسم موردنظر و نمونه‌های ۲، ۷، ۸ دارای ژنوتیپ GA و دارای پلی‌مورفیسم می‌باشند

نتایج

هضم آنزیمی محصولات حاصل از PCR

ابتدا از سایت Cutter NEB و Web Cutter آنزیم‌های محدودکننده مناسب *SmaI* برای توالی پلی‌مورفیسم Gly972Arg و آنزیم *Dra III* برای پلی‌مورفیسم Ala512Pro انتخاب شد. آنزیم‌ها از شرکت Fermentase با واسطه شرکت پیشگام تهیه شد. برای انجام هضم آنزیمی ابتدا ۵ میکروگرم از محصول PCR توسط آنزیم *SmaI* برای Gly972Arg طبق دستورالعمل پیوست شرکت دردمای ۳۰°C به مدت ۱۶ ساعت هضم شد. برای پلی‌مورفیسم Ala512Pro نیز ۵ میکرولیتر از محصول PCR با آنزیم *Dra III* (Fast Digest) در دمای ۳۷°C به‌مدت ۱۵ دقیقه هضم گردید. سپس محصول PCR هضم شده از نمونه‌های بیمار و شاهد در ژل پلی‌آکریلامید ۱۵٪ بارگذاری شد (شکل ۱).

[Downloaded from journal.jmu.ac.ir on 2026-11-15]

تجزیه و تحلیل آماری

فراوانی آلل‌ها با شمارش محاسبه نسبت آنها، تعیین شد. با آزمون کای ۲، قرارگیری جامعه در تعادل هاردی- واینبرگ تأیید شد. توزیع ژنوتیپ و آلل‌های مختلف در دو گروه بیمار و شاهد مقایسه شد. در این مطالعه پس از جمع‌آوری ۱۰۰ نمونه از خون محیطی افراد بیمار دیابتی و ۱۰۰ نمونه از افراد غیردیابتی به‌عنوان گروه کنترل پیوستگی دو پلی‌مورفیسم با بیماری، مورد بررسی ژنوتیپی قرار گرفتند. نمونه‌های گروه کنترل از نظر جنسیت، سن و نژاد با گروه بیمار مطابقت داشتند. تعداد بیماران مرد و زن به ترتیب ۴۰ و ۶۰ نفر و گروه کنترل شامل ۴۵ نفر مرد و ۵۵ نفر زن بودند. هیچ‌کدام از افراد گروه کنترل، سابقه قندخون بالا نداشته و افراد انتخاب شده در این دو گروه دارای میانگین و رده سنی یکسان بودند.

ابتدا دو قطعه از ژن *IRS1* که حاوی محل‌های برش آنزیمی *DraIII* (CACNNN GTG) برای پلی‌مورفیسم Ala512Pro و آنزیم *SmaI* (CCC GGG) برای پلی‌مورفیسم Gly972Arg با پرایمرهای جدول ۱ به روش PCR تکثیر شد. بعد از هضم با آنزیم *SmaI*، قطعه ۲۳۹ جفت باز دارای دو مکان اثر به‌ترتیب ۲۱۰ و ۲۹ جفت باز بود. در صورت وجود پلی‌مورفیسم Gly972Arg و جایگزینی نوکلئوتید A به‌جای G ژنوتیپ‌های نوع وحشی GG با قطعات ۲۱۰ و ۲۹ جفت باز و ژنوتیپ دارای پلی‌مورفیسم GA با قطعات ۲۳۹، ۲۱۰ و ۲۹ جفت باز مشاهده شد (شکل ۱). برای پلی مورفیسم Ala512Pro تنها ژنوتیپ مشاهده شده، نوع وحشی GG بود. همراهی و ارتباط پلی‌مورفیسم Gly972Arg با بیماری دیابت نوع ۲ مورد بررسی قرار گرفت. نتایج آن در جدول ۲ آمده است.

جدول ۲- فراوانی (درصد) ژنوتیپی، آللی و نتایج بررسی تعادل هاردی- واینبرگ در دو جمعیت بیمار و کنترل برای پلی‌مورفیسم Gly972Arg.

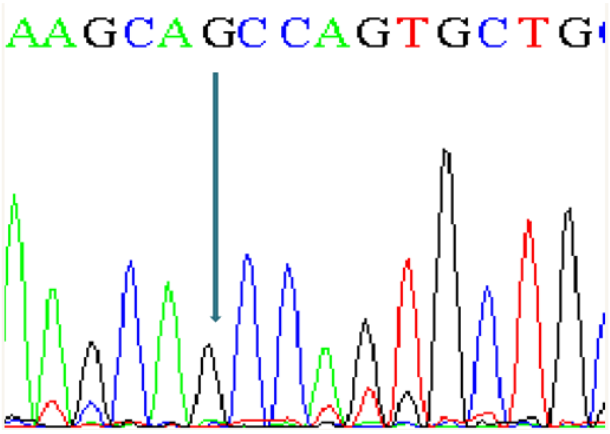
ly972Arg SNP							
Allele Frequency %		H-W equilibrium		H-W equilibrium			Number Subject
A	G	p	df	AA	GA	GG	
۹	۹۱	۰/۶۱	۲	۰	۱۸	۸۲	بیمار: ۱۰۰
۷/۵	۹۲/۵	۰/۷۲	۲	۰	۱۵	۸۵	کنترل: ۱۰۰

ارزش P-valueها بالاتر از ۰/۰۵ است و این نشان‌دهنده این است که جمعیت مورد مطالعه در تعادل هاردی- واینبرگ قرار دارد

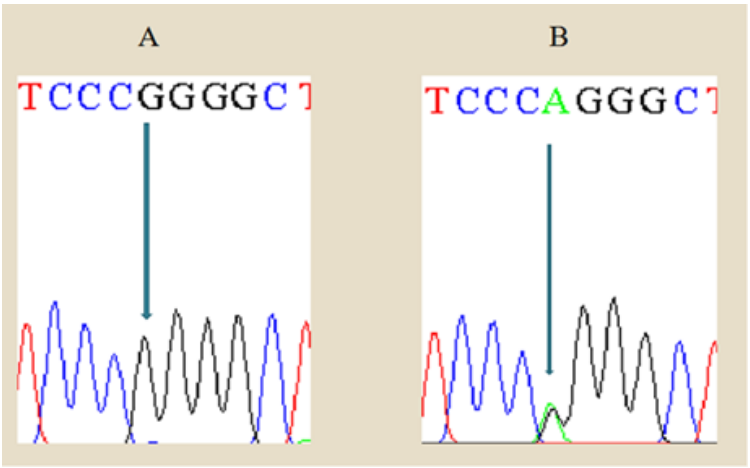
فراوانی ژنوتیپ‌های مختلف این ژن در تعادل هاردی- واینبرگ قرار داشت. توزیع آللی و ژنوتیپی پلی‌مورفیسم Gly972Arg در دو گروه بیمار و کنترل در جدول ۲ بیان شده است. فراوانی آلل G به‌ترتیب ۹۱٪ و ۹۲/۵٪ و فراوانی آلل A به ترتیب ۹٪ و ۷/۵٪ در دو گروه بیمار و کنترل بود. هیچ ارتباطی بین فراوانی ژنوتیپ‌ها و آلل‌های G و A با بیماری دیابت نوع ۲ در جمعیت مورد مطالعه، دیده نشد. در توزیع ژنوتیپی برای افراد سالم، ۱۵ نفر هتروزیگوت GA و ۸۵ نفر هموزیگوت GG و برای افراد بیمار ۱۸ نفر هتروزیگوت GA و ۸۲ نفر هموزیگوت GG بودند. انجام آزمایش کای ۲ مستقل در فاصله اطمینان ۹۵٪ نشان داد که ژنوتیپ هتروزیگوت برای ژن *IRS1* (Gly972Arg) ارتباط معناداری با ابتلاء به بیماری نوع ۲ ندارد (P= ۰/۶۱). نتایج هم‌ترازی[6] نمونه‌های تعیین توالی شده با توالی اصلی و تطابق نتایج هضم آنزیمی با ژنوتیپ نمونه‌های تعیین توالی شده، صحت توالی تکثیری و ژنوتیپ قطعات هضم آنزیمی شده را نشان داد (اشکال ۲ و ۳).

[6] Alignment

[Downloaded from journal.jmu.ac.ir on 2026-11-15]



شکل ۲- تنها آلل و واریانت شناسایی شده از ژن *IRS1* در جایگاه پلی‌مورفیسم Ala512Pro در نمونه‌های موردمطالعه. حالت هموزیگوت G/G



شکل ۳- واریانت‌های شناسایی‌شده ژن *IRS1* در جایگاه پلی‌مورفیسم Gly972Arg در نمونه‌های موردمطالعه
حالت (A): هموزیگوت G/G. (B): هتروزیگوت G/A . مطابق با نتایج هضم آنزیمی

بحث

با وجود مطالعات ژنتیکی وسیع انجام شده، نتایج روشنی در مورد ژن‌ها و پلی‌مورفیسم‌های مرتبط با بیماری دیابت نوع ۲ به‌دست نیامده است. همانند بسیاری از ژن‌های کاندید، مطالعات ژنتیکی بسیاری بر روی ژن *IRS1* صورت گرفته و ارتباط آلل‌های خطر A و C به‌ترتیب از دو پلی‌مورفیسم Gly972Arg و Ala512Pro با بیماری دیابت نوع ۲ اثبات شده است. گارسیابورگت[7] و همکاران در سال ۲۰۱۰ در مطالعه‌ای بر روی جمعیت مکزیک، اختلاف معنادار آلل A را در بیماران با دیابت نوع ۲ نشان دادند (۱۴). کومار[8] و همکاران نیز در سال ۲۰۱۲ نقش آلل A را در بروز دیابت نوع ۲ در جمعیت هند، مؤثر دانستند (۱۵). الماین‌د[9] و همکاران در سال ۱۹۹۳ نشان دادند که مجموع حاملان آلل A و C در جمعیت بیمار جمعیت دانمارک، اختلاف معناداری دارد و فراوانی مجموع این دو آلل در گروه بیمار و کنترل، به‌ترتیب ۱۹ و ۷ درصد

[7] Garcia Burguet

[8] Kumar
[9] Almind

[Downloaded from journal.jmu.ac.ir on 2026-11-15]

گزارش شد (۱۶). همچنین در مطالعه‌ای بر روی جمعیت ترکیه به‌وسیله ارکانُگلو سور[10] و همکاران در سال ۲۰۰۵، مشاهده کردند که دو آلل A و C ارتباط معناداری با بیماری دیابت نوع ۲ نداشت (۱۷). در این مطالعه نیز ارتباط معناداری بین آلل‌های A و C از ژن *IRS1* با بیماری دیابت نوع ۲ در جمعیت سیستان و بلوچستان مشاهده نشد و فراوانی آلل خطر A در دو گروه ۱۰۰ نفری بیمار و کنترل به ترتیب، ۹ و ۷/۵ درصد و فراوانی ژنوتیپ GA ۱۸ و ۱۵ درصد مشاهده شد. ژنوتیپ خطر AA در هیچ‌کدام از گروه‌های مورد مطالعه، یافت نشد. در بررسی ارتباط پلی‌مورفیسم Ala512Pro با بیماری دیابت نوع ۲ در این جمعیت، هیچ آلل خطر C در دو گروه بیمار و کنترل یافت نشد و آلل GG تنها ژنوتیپ موجود در جمعیت مورد مطالعه بود. همانند بسیاری از مطالعات انجام شده بر روی ارتباط پلی‌مورفیسم با بیماری، نتایج متفاوتی به‌دست آمد (۱۸- ۲۰) که با یافته‌های این مطالعه از جنبه‌های مختلف، قابل بحث است. با توجه به چندعاملی و هتروژنی بودن بیماری دیابت نوع ۲، نتایج متفاوت به‌دست آمده برای ژن *IRS1* را می‌توان به تفاوت در فراوانی پلی‌مورفیسم‌های این ژن در جمعیت‌های مختلف و تفاوت‌های ژنتیکی و محیطی نسبت داد. بررسی حاضر، فراوانی ژنوتیپ GA را در دو گروه بیمار و کنترل به‌ترتیب ۱۸ و ۱۵ درصد نشان داد که در مقایسه با میانگین جهانی این پلی‌مورفیسم (گروه بیمار و کنترل به‌ترتیب ۱۲ و ۶ درصد) با فراوانی تقریباً دو برابری همراه بود. این یافته‌ها اثر متقابل بین ژن *IRS1* و دیگر عوامل ژنتیکی و محیطی را نشان می‌دهد که به بروز دیابت نوع ۲ کمک می‌کند (۲۱). برای آگاهی از اثرات تقابلی بر ژن *IRS1* انسانی، نیاز به شناخت ساختار هاپلوتایپی نواحی ژن *IRS1* و تعیین سیستماتیک واریانت‌های شایع این ژن در نمونه‌های بزرگی از بیماران دیابتی است. با توجه به همه‌ی موارد ذکر شده و کاهش ۳۰ درصدی جذب گلوکز در افراد کنترل با آلل A در مقایسه با افراد فاقد این آلل (۲۲)، می‌توان نتیجه گرفت که عدم ارتباط این آلل با بیماری دیابت نوع ۲ در بررسی حاضر، ممکن است در اثر عدم وجود عامل ژنتیکی تأثیرگذار باشد. در حالی که امکان فراهم آمدن عوامل مکمل محیطی و ژنتیکی برای تقویت اثر جزیی این پلی‌مورفیسم وجود دارد. از طرفی عدم مشاهده شکل هموزیگوت (AA) پلی‌مورفیسم Gly972Arg در این مطالعه، می‌تواند دلیل دیگری بر عدم این ارتباط باشد. بنابراین نتایج آلل A و عدم مشاهده آلل C در این مطالعه، نشان می‌دهد که زمینه ژنتیکی و محیطی برای مبتلاء شدن به بیماری‌های هتروژنی همچون دیابت نوع ۲، در نژادها و جمعیت‌های مختلف متفاوت است که می‌تواند بیانگر این مطلب باشد که این دو پلی‌مورفیسم همانند سایر یافته‌های گزارش شده، لزوماً یک پلی‌مورفیسم ضروری و تأثیرگذار برای بروز بیماری دیابت نوع ۲ در همه جمعیت‌ها محسوب نمی‌شود. همچنان که آلل خطر در جمعیت سرخ‌پوستان آمریکا که بیش از ۵۰٪ از جمعیت آنها به دیابت مبتلا می‌باشند، یافت نشده است (۶). مشاهده اشکال هموزیگوت و هتروزیگوت آلل خطر A در افراد غیردیابتی، این نظریه را که یک مسیر فرعی ممکن است نقص در این ژن را جبران کند، تقویت می‌کند (۲۳). از این جهت با توجه به مطالعات پیوستگی ژن‌ها، حتی این احتمال وجود دارد که ارتباط معنادار پلی‌مورفیسم Gly972Arg با بیماری دیابت نوع ۲ در بعضی از مطالعات گذشته، بیش از آن که نتیجه خود این پلی‌مورفیسم باشد، نتیجه واریانت‌های ژنتیکی و اثرگذار نزدیک به آن بوده است. علاوه بر موارد گفته شده در این‌گونه مطالعات، تعداد و نحوه انتخاب افراد موردمطالعه نیز بر یافته‌ها مؤثرند. انجام این‌گونه مطالعات در سطح وسیعی از نمونه‌ها که شرایط سنی موردنظر را دارا هستند، نتایج مطمئن‌تری به همراه داشته و به ارزش مطالعه می‌افزاید. یناکوریس[11] و همکاران در سال ۲۰۱۲ در انگلستان نشان دادند که

[10] Orkunoglu Suer

[11] Yiannakouris

[Downloaded from journal.jmu.ac.ir on 2026-11-15]

پلی‌مورفیسم‌های ژن *IRS1* در سنین بالا، خطر اختلال در تحمل گلوکز را بالا می‌برند (۲۴). بنابراین در این‌گونه مطالعات با انتخاب نمونه‌هایی با رده سنی بالا، ممکن است نتایج مطمئن‌تری به‌دست آید. همچنین در مطالعات انجام شده به صورت متاآنالیز بر روی تعداد زیادی از افراد در بیش‌تر موارد، ارتباط پلی‌مورفیسم‌های این ژن با دیابت نوع ۲ زمانی از لحاظ آماری معنادار بوده است (۲۵) که بتواند احتمال ارتباط پلی‌مورفیسم‌ها به‌ویژه پلی‌مورفیسم‌های غیرشایع را با بیماری‌هایی همچون دیابت نوع ۲ بالا برد. با توجه به این که در این بررسی، پلی‌مورفیسم Ala512Pro در هیچ‌کدام از افراد مورد مطالعه یافت نشد، می‌توان گفت که این پلی‌مورفیسم کمیاب و یا احتمالاً غایب، هیچ نقشی در بروز دیابت نوع ۲ در این جمعیت ندارد و توزیع و تأثیرگذاری بسیار متفاوت این پلی‌مورفیسم در جوامع مختلف مشاهده شد. پلی‌مورفیسم Ala512Pro در جمعیت فنلاند، ترکیه، هند و بعضی دیگر از جمعیت‌ها هم؛ غایب یا کمیاب بوده است (۷، ۱۶، ۱۷، ۲۶). مقایسه فراوانی پلی‌مورفیسم Gly972Arg در جمعیت سیستان و بلوچستان با سایر جمعیت‌های مورد مطالعه، نشان داد که فراوانی این پلی‌مورفیسم مشابه با جمعیت ایتالیا و نسبت به جمعیت ژاپن، هند، دانمارک، مکزیکی‌های آمریکایی‌تبار و دیگر جمعیت‌های مورد مطالعه فراوانی بیش‌تری را داشته است (۶).

نتیجه‌گیری

با توجه به‌دقت روش RFLP- PCR و آزمایشات تکمیلی انجام شده در این مطالعه از جمله تعیین توالی محصول PCR، پیشنهاد می‌شود نتایج حاصل؛ شامل فراوانی بالاتر از سطح جهانی پلی‌مورفیسم Gly972Arg و عدم وجود پلی‌مورفیسم Ala512Pro در نمونه‌های مورد مطالعه، دلیل بر توزیع متفاوت پلی‌مورفیسم‌ها در جمعیت‌های مختلف جهانی است.

تعارض منافع

سهم تمامی نویسندگان در این مطالعه یکسان است و هیچ‌گونه تضاد منافعی وجود ندارد.

تشکر و قدردانی

این مطالعه قسمتی از پایان‌نامه کارشناسی ارشد در دانشگاه زابل با کد اخلاق IR-UOZ-92. 11 می‌باشد. در ضمن از بیماران مبتلا به دیابت نوع ۲ و افراد سالمی که در این مطالعه همکاری داشتند و همچنین از پرسنل مرکز دیابت بیمارستان علی‌اصغر (ع) زاهدان و بیمارستان امیرالمومنین (ع) زابل که زحمت نمونه‌گیری را بر عهده داشتند، قدردانی می‌شود.

References

1. Stevens PR, Macfadyen WA. Familial incidence of juvenile diabets mellitus, progressive optic atrophy, and neurogenic deafness. The British journal of ophthalmology. 1972 Jun;56(6):496.
2. Ioannidis A, Ikonomi E, Dimou NL, Douma L, Bagos PG. Polymorphisms of the insulin receptor and the insulin receptor substrates genes in polycystic ovary syndrome: a Mendelian randomization meta-analysis. Molecular genetics and metabolism. 2010 Feb 28;99(2):174-83.
3. Johansen A, Jensen DP, Bergholdt R, Mortensen HB, Pociot F, Nerup J, et al Danish Society of Childhood Diabetes. IRS1, KCNJ11, PPARγ2 and HNF-1α: do amino acid polymorphisms in these candidate genes support a shared aetiology between type 1 and type 2 diabetes? Diabetes, Obesity and Metabolism. 2006 Jan;8(1):75-82.
4. Ahmadi A, Hasanzadeh J, Ghaem H, Khosravi S, Reisi R. The survey of family history of diabetes in patients with type 2 diabetes in Chaharmahal va Bakhteyari province, Iran, 2008. Journal of Shahrekord

[Downloaded from journal.jmu.ac.ir on 2026-11-15]

Uuniversity of Medical Sciences. 2009; 11(2):1-7.

5. Federici M, Hribal ML, Ranalli M, Marselli L, Porzio O, Lauro D, et al. The common Arg972 polymorphism in insulin receptor substrate-1 causes apoptosis of human pancreatic islets. The FASEB Journal. 2001 Jan;15(1):22-4.
6. Bezerra RM, Chadid TT, Altemani CM, Sales TS, Menezes R, Soares MC, et al. Lack of Arg972 polymorphism in the IRS1 gene in Parakana Brazilian Indians. Human biology. 2004;76(1):147-51.
7. Yamada K, Yuan X, Ishiyama S, Shoji S, Kohno S, Koyama KI, et al. Codon 972 polymorphism of the insulin receptor substrate-1 gene in impaired glucose tolerance and late-onset NIDDM. Diabetes Care. 1998 May 1;21(5):753-6.
8. Hribal ML, Federici M, Porzio O, Lauro D, Borboni P, Accili D, et al. The Gly→ Arg972 amino acid polymorphism in insulin receptor substrate-1 affects glucose metabolism in skeletal muscle cells. The Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism. 2000 May 1;85(5):2004-13.
9. Marini MA, Frontoni S, Mineo D, Bracaglia D, Cardellini M, De Nicolais P, et al. The Arg972 variant in insulin receptor substrate-1 is associated with an atherogenic profile in offspring of type 2 diabetic patients. The Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism. 2003 Jul 1;88(7):3368-71.
10. Kumar R, Sharan N. Analysis of codon 972 (Gly→ Arg) polymorphism in *IRS-1* gene in type 2 diabetic population. Journal of Medical Biochemistry. 2012 Jul 1;31(3):234-8.
11. Kovacs P, Hanson RL, Lee YH, Yang X, Kobes S, Permana PA, et al. The role of insulin receptor substrate-1 gene (*IRS1*) in type 2 diabetes in Pima Indians. Diabetes. 2003 Dec 1;52(12):3005-9.
12. Celi FS, Negri C, Tanner K, Raben N, De Pablo F, Rovira A, et al. Molecular scanning for mutations in the insulin receptor substrate-1 (*IRS-1*) gene in Mexican Americans with Type 2 diabetes mellitus. Diabetes/metabolism research and reviews. 2000 Sep;16(5):370-7.
13. Laakso M, Malkki M, Kekäläinen P, Kuusisto J, Deeb SS. Insulin receptor substrate-1 variants in non-insulin-dependent diabetes. The Journal of clinical investigation. 1994 Sep 1;94(3):1141-6
14. Burguete-Garcia AI, Cruz-Lopez M, Madrid-Marina V, Lopez-Ridaura R, Hernández-Ávila M, Cortina B, et al. Association of Gly972Arg polymorphism of IRS1 gene with type 2 diabetes mellitus in lean participants of a national health survey in Mexico: a candidate gene study. Metabolism. 2010 Jan 1;59(1):38-45.
15. Kumar N, Sharma G, Kaur G, Tandon N, Bhatnagar S, Mehra N. Major histocompatibility complex class I chain related gene-A microsatellite polymorphism shows secondary association with type 1 diabetes and celiac disease in North Indians. Tissue antigens. 2012 Oct;80(4):356-62.
16. Almind K, Bjorbaek C, Vestergaard H, Hansen T, Echwald S, Pedersen O. Aminoacid polymorphisms of insulin receptor substrate-1 in non-insulin-dependent diabetes mellitus. The Lancet. 1993 Oct 2;342(8875):828-32.
17. Suer FE, Mergen H, Bolu E, Ozata M. Molecular scanning for mutations in the insulin receptor substrate-1 (*IRS-1*) gene in Turkish with type 2 diabetes mellitus. Endocrine journal. 2005;52(5):593-8.
18. Alharbi KK, Khan IA, Abotalib Z, Al-Hakeem MM. Insulin receptor substrate-1 (*IRS-1*) Gly927Arg: correlation with gestational diabetes mellitus in Saudi women. BioMed research international. 2014;2014:146495.
19. Alharbi KK, Khan IA, Munshi A, Alharbi FK, Al-Sheikh Y, Alnbaheen MS. Association of the genetic variants of insulin receptor substrate 1 (*IRS-1*) with type 2 diabetes mellitus in a Saudi population. Endocrine. 2014 Nov 1;47(2):472-7.
20. Angiolillo DJ, Bernardo E, Zanoni M, Vivas D, Capranzano P, Malerba G, et al. Impact of insulin receptor substrate-1 genotypes on platelet reactivity and cardiovascular outcomes in patients with type 2 diabetes mellitus and coronary artery disease. Journal

[Downloaded from journal.jmu.ac.ir on 2026-11-15]

of the American College of Cardiology. 2011 Jun 28;58(1):30-9.

21. Almind K, Frederiksen SK, Ahlgren MG, Urhammer S, Hansen T, Clausen JO, et al. Common amino acid substitutions in insulin receptor substrate-4 are not associated with Type II diabetes mellitus or insulin resistance. Diabetologia. 1998 Jul 1;41(8):969-74.
22. Kahn CR, Vicent D, Doria A. Genetics of non-insulin-dependent (type-II) diabetes mellitus. Annual review of medicine. 1996 Feb;47(1):509-31.
23. Ferreira IA, Akkerman JWN. Chapter 2 IRS1and Vascular Complications in Diabetes Mellitus. Vitamins and Hormones. 2005;70:25-66.
24. Yiannakouris N, Cooper JA, Shah S, Drenos F, Ireland HA, Stephens JW, et al. *IRS1* gene variants, dysglycaemic metabolic changes and type-2 diabetes risk. Nutrition, Metabolism and Cardiovascular Diseases. 2012 Dec 1;22(12):1024-30.
25. Jellema A, Zeegers MP, Feskens EJ, Dagnelie PC, Mensink RP. Gly972Arg variant in the insulin receptor substrate-1 gene and association with Type 2 diabetes: a meta-analysis of 27 studies. Diabetologia. 2003 Jul 1;46(7):990-5.
26. Koch M, Rett K, Volk A, Maerker E, Haist K, Deninger M, et al. Amino acid polymorphism Gly 972 Arg in *IRS-1* is not associated to lower clamp-derived insulin sensitivity in young healthy first degree relatives of patients with type 2 diabetes. Experimental and clinical endocrinology & diabetes. 1999;107(05):318-22.

[Downloaded from journal.jmu.ac.ir on 2026-11-15]

Investigating the Association of Gly972Arg and Ala512Pro Polymorphism of IRS1 gene with Type 2 Diabetes in Sistan and Baluchistan Province

Ali Islami (MSc)[1], Ahmad Rashki (PhD)[2*], Seyyed Kazem Sabagh (PhD)[3], Zahra Rashki Ghaleno (PhD)[4]

[1]*MSc Student in Genetics, Department of Biology, Faculty of Science, Zabol University, Zabol, Iran*
[2]*Associate Professor, Department of Pathobiology, Faculty of Veterinary Medicine, Zabol University, Zabol, Iran*
[3]*Associate Professor, Department of Biology, Faculty of Science, Yazd University, Yazd, Iran*
[4]*Assistant Professor of Microbiology, School of Medicine, Zabol University of Medical Sciences*

Information

Article Type:

Original Article

Article History:

Received: 12 Oct. 2018
Accepted: 12 Jan. 2019

Keywords:

Type 2 Diabetes
SNP
IRS1 Gene

Corresponding Author:

Ahmad Rashki

Email: ah_rashki@usal.es
Tel: +98-915-1970877
Fax: +98- 54-31232250

Address: Department of Pathobiology, Faculty of Veterinary Medicine, Zabol University, Zabol, Iran

Abstract

Introduction: Type 2 diabetes is the most common type of diabetes and accounts for 90% of all diagnosed cases of diabetes. The *IRS1* gene (insulin receptor -1) acts as a mediator between insulin receptors and a complex network of messenger molecules in the muscle, liver and adipose tissue, and therefore may be an appropriate candidate for diabetes type 2. The aim of this study was to identify the association between known *IRS1* polymorphism (Gly972Arg and Ala512Pro) in a sample of type 2 diabetic patients compared with healthy subject.

Methods: In this case-control study, a total of 100 patients with type 2 diabetes and 100 healthy individuals were enrolled to study. DNA extraction was performed using phenol-chloroform-protinase K combination method. Determination of genotype of individuals was done by RFLP-PCR methods. The statistical analysis of the results was done using Chi-square test.

Results: The results showed that the frequency of GG, GA and AA genotypes for polymorphism (Gly972Arg) rs1801278 was 82, 18 and 0 in patients and 85, 15 and 0 in healthy subjects. The results of statistical analysis showed that there was no significant difference between allelic and genotype frequency of Gly972Arg in patient with healthy controls. (P= 0.61). Also, Ala512Pro polymorphism was not found in Sistan and Baluchistan population.

Conclusion: The statistical analysis of the results showed that the alleles of these two polymorphisms from the *IRS1* gene in the Sistan and Baluchistan population of Iran were not associated with the risk of type 2 diseases.

►Please cite this article as follows:

Islami A, Rashki A, Sabagh K, Rashki Ghaleno Z. Investigating the Association of Gly972Arg and Ala512Pro polymorphism of *IRS1* gene with type 2 diabetes in Sistan and Baluchistan Province. Journal of Jiroft University of Medical Sciences. 2018; 1 (3): 56-66.

[Downloaded from journal.jmu.ac.ir on 2026-11-15]