

علوم زیستی ورزشی - زمستان ۱۴۰۰
دوره ۱۳، شماره ۴، ص: ۴۰۵ - ۳۹۹
نوع مقاله: علمی - پژوهشی
تاریخ دریافت: ۱۴۰۰ / ۱۱ / ۲۷
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰ / ۰۲ / ۱۳

شناسایی واریانت‌های جدید در ژن‌های مرتبط با قدرت عضلانی در یک وزنه‌بردار نخبه با استفاده از روش توالی‌یابی کل اگزو: یک گزارش موردی

بهمن ابراهیمی ترکمانی^۱ - معرف سیاه کوهیان*^۲ - علی خازنی^۳ - سجاد
انوشیروانی^۴ - لطفعلی بلبلی^۵ - فاطمه اسدی^۶

۱. دانشجوی دکتری، گرایش فیزیولوژی ورزشی قلب و عروق و تنفس، گروه تربیت بدنی و علوم ورزشی، دانشگاه
محقق اردبیلی، اردبیل، ایران ۲. استاد، گروه تربیت بدنی و علوم ورزشی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران
۳. استادیار، گروه تربیت بدنی و علوم ورزشی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران ۴. استادیار، گروه تربیت بدنی
و علوم ورزشی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران ۵. دانشیار، گروه تربیت بدنی و علوم ورزشی، دانشگاه
محقق اردبیلی، اردبیل، ایران ۶. دکتری، گروه ژنتیک، دانشگاه آزاد علوم و تحقیقات فارس، شیراز، ایران

چکیده

فاکتورهای ژنتیکی نقش مهمی در عملکرد ورزشی و فنوتیپ‌های مرتبط با آن مانند قدرت، توان و ظرفیت هوازی دارند. توالی‌یابی کل اگزوم پتانسیل زیادی برای شناسایی واریانت‌های مولکول دئوکسی‌ریبونوکلئیک اسید (DNA) مرتبط با عملکرد جسمانی دارد. با وجود این در تحقیقات ژنتیک ورزشی هنوز از این تکنیک جدید استفاده نشده است. بنابراین هدف از تحقیق حاضر گزارش واریانت‌های جدید در ژن‌های درگیر در قدرت عضلانی در یکی از قهرمانان وزنه‌برداری جهان با استفاده از روش توالی‌یابی کل اگزوم بود. پس از اخذ رضایت‌نامه کتبی از یکی از ورزشکاران عضو تیم ملی وزنه‌برداری مردان، ۵ سی‌سی خون دریافت شد و پس از استخراج DNA از نمونه خون، با استفاده از روش توالی‌یابی کل اگزوم بررسی شد. نتایج توالی‌یابی کل اگزوم جهش‌های بدمعنی (G>A 230845977 و G>A 148206473) را در ژن گیرنده بتا-۲ آنژیوتانسین (AGT) و همچنین جهش‌های (A>G 148206440 و C>G 148206473) را در ژن گیرنده بتا-۲ آدرنرژیک (ADRB2) نشان داد. نتایج تجزیه و تحلیل توالی‌یابی کل اگزوم واریانت‌های جدیدی را در ژن‌های مرتبط با قدرت و توان در این ورزشکار نشان داد. تحقیقات بیشتر با حجم نمونه زیاد به منظور بررسی ارتباط این واریانت‌ها با عملکرد ورزشکاران قدرتی مورد نیاز است.

واژه‌های کلیدی

ژن AGT، فعالیت جسمانی، قدرت عضلانی، وزنه‌بردار، هیپرتروفی عضلانی.

مقدمه

عملکرد ورزشی ویژگی پیچیده‌ای است که تحت تأثیر عوامل ژنتیکی و محیطی قرار دارد. در دو دهه گذشته، شواهد قانع‌کننده‌ای در خصوص ارتباط بین برخی ژن‌ها با عملکرد ورزشی به دست آمده است (۱، ۲). مطالعات گسترده در سراسر جهانی نشان می‌دهد عناصر ژنتیکی تأثیر زیادی بر اجزای عملکرد ورزشی همچون استقامت، قدرت، توان، انعطاف‌پذیری، هماهنگی عصبی عضلانی، ویژگی‌های روان‌شناختی و سایر ویژگی‌های مهم در ورزش دارند (۳). تحقیقات نشان می‌دهد برخی از ژن‌های تنظیم‌کننده سیستم رنین آنژیوتانسین با قدرت عضلانی ارتباط معناداری دارند. سیستم رنین آنژیوتانسین (RAS) یکی از سیستم‌های هورمونی است که وظیفه کنترل حجم خون، عملکرد سیستم گردش خون و فشار خون را بر عهده دارد. سیستم رنین آنژیوتانسین همچنین با تنظیم پرفیوژن موضعی، که می‌تواند فعالیت متابولیکی را تعدیل کند، عملکرد عضلات اسکلتی را کنترل می‌کند. تأثیرگذارترین عامل در سیستم رنین آنژیوتانسین، آنژیوتانسین II است که منقبض‌کننده قوی عروق و محرک آلدوسترون است که فشار خون، تعادل مایعات و الکترولیت‌ها را کنترل می‌کند. آنژیوتانسین II علاوه بر تنظیم فشار خون، ممکن است بر عملکرد عضلات اسکلتی هم تأثیر بگذارد (۴). پژوهش‌های صورت‌گرفته نشان می‌دهد برخی از ژن‌هایی که در کنترل فشار خون نقش دارند، در عملکرد عضلات اسکلتی هم نقش دارند. در این زمینه ژینوسین^۳ و همکاران (۲۰۱۶) تأثیر ژنوتیپ‌های مختلف ژن ACE در عملکرد ورزشکاران قدرتی و توانی را گزارش کردند (۵). زاربسکا^۴ و همکاران (۲۰۱۳) گزارش کردند ژنوتیپ CC در پلی‌مورفیسم M235T ژن AGT در ورزشکاران قدرتی لهستان بیش از حد بیان می‌شود که نشان‌دهنده ارتباط مثبت واریانت M235T با عملکرد ورزشکاران قدرتی است (۶). همچنین کلی^۵ و همکاران (۲۰۱۷) گزارش کردند در افراد سالم واریانت‌های ژن ADRB2 ممکن است عامل ژنتیکی مهمی در میزان قدرت عضلانی باشد (۷). از طرف دیگر، با وجود وراثت‌پذیری نسبتاً بالای عملکردهای مرتبط با قدرت و توان عضلانی، تاکنون ۷۰ پلی‌مورفیسم ژنی در ارتباط با عملکرد ورزشکاران قدرتی شناسایی شده است و جست‌وجوی واریانت‌های ژنتیکی که زمینه‌ساز موفقیت در انواع خاصی از رشته‌های ورزشی‌اند، کار چالش‌برانگیزی است (۸). در

-
1. perfusion
 2. Potent vasoconstrictor
 3. Gineviciene
 4. Zarebska
 5. Kelley

دهه اخیر با ظهور تکنولوژی توالی‌یابی نسل جدید (NGS)، توالی‌یابی ژن‌ها و شناسایی واریانتهای وارد عرصه جدیدی شده است. فناوری توالی‌یابی کل اگزوم (WES) امکان شناسایی انواع جهش در ژنهایی را که قبلاً با فعالیت ورزشی در ارتباط بودند، فراهم کرده است، اما در حیطه علوم ورزشی استفاده از این روش به‌منظور شناسایی واریانتهای جدید در ژنهای مرتبط با فعالیت ورزشی هنوز گزارش نشده است. بنابراین هدف از تحقیق حاضر گزارش واریانتهای جدید در ژنهای ADRB2 و AGT در ژنوم از قهرمانان وزنه‌برداری جهان با استفاده از روش توالی‌یابی کل اگزوم است.

روش تحقیق

تحقیق حاضر در کمیته اخلاق دانشگاه علوم پزشکی اردبیل (IR.ARUMS.REC.1398.548) تأیید شد. پس از اخذ رضایت‌نامه کتبی از یک وزنه‌بردار مرد نخبه ۳۲ ساله (وزن ۱۶۰/۳ کیلوگرم، قد ۱۹۰/۱ سانتی‌متر) که در تمام رده‌های سنی عضو تیم ملی وزنه‌برداری بوده، همچنین موفق به کسب ۶ مدال طلا و ۲ مدال نقره در رده‌های سنی مختلف در گروه وزنی ۱۰۵+ در مسابقات جهانی و آسیایی شده است، مقدار ۵ میلی‌لیتر نمونه خونی به‌منظور توالی‌یابی کل اگزوم گرفته شد.

پس از کسب رضایت‌نامه کتبی، ۵ میلی‌لیتر خون از نمونه مورد بررسی گرفته شد و در لوله آزمایش حاوی EDTA ریخته شد. ابتدا DNA ژنومی از خون آزمودنی با استفاده از کیت GeNET Bio مطابق با دستورالعمل استخراج شد. برای بررسی ژن‌ها، توالی‌یابی نسل جدید (NGS) به کار گرفته شد. نواحی کدینگ و نواحی اینترون/ اگزون کل ژن‌ها با استفاده از کیت SureSelect V4 kit (Agilent, Santa Clara, CA) کیچر شدند، سپس کتابخانه‌های کیچر شده با سیستم Illumina Hiseq4000 (Illumina) EDTA ریخته شد. ابتدا DNA ژنومی از خون آزمودنی با استفاده از کیت GeNET Bio مطابق با دستورالعمل استخراج شد. برای بررسی ژن‌ها، توالی‌یابی نسل جدید (NGS) به کار گرفته شد. نواحی کدینگ و نواحی اینترون/ اگزون کل ژن‌ها با استفاده از کیت SureSelect V4 kit (Agilent, Santa Clara, CA) کیچر شدند، سپس کتابخانه‌های کیچر شده با سیستم Illumina Hiseq4000 (Illumina) Inc., San Diego, CA, USA فراهم شده توسط انستیتو ژنوم پکن توالی‌یابی شد. سپس اطلاعات خام حاصل از توالی‌یابی، با مرجع ژنوم انسان (GRCh37/hg19) با کاربرد BWA-0.7.15 همتراز شدند. سپس از ابزار Picard (<https://github.com/broadinstitute/picard>) به‌منظور حذف خوانش‌های مضاعف استفاده شد. پس از آن فراخوانی واریانتهای با کیت آنالیز ژنوم GTAK انجام گرفت که در آن با نرم‌افزارهای

1. Next-Generation Sequencing.
2. Whole Exome Sequencing.
3. Next Generation Sequencing
4. Beijing Genomics Institute
5. Genome Analysis Tool Kit

خاص اطلاعات طبقه‌بندی و فهرست‌سازی شد. پس از طبقه‌بندی، فرایند یافتن واریانت اصلی برای هر دو نوع مضاعف‌شدگی/حذف‌شدگی (Indel) و واریانت‌های تک‌نوکلئوتیدی (SNV) با نرم‌افزارهای مربوطه انجام گرفت. سپس نرم‌افزار ANNOVAR (<http://annovar.openbioinformatics.org>) برای تفسیر مناسب واریانت‌ها به کار برده شد.

سپس واریانت‌هایی با فراوانی آلی بیشتر از ۱٪ مطابق با پایگاه‌های داده‌های نوکلئوتید مانند dbSNP (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/snp/>) و هزاره ژنوم (<https://www.internationalgenome.org/>) به‌عنوان پلی‌مورفیسم جداسازی (فیلتر) شدند.

جدول ۱. واریانت‌های جدید شناسایی شده در ژن‌های AGT و ADRB2 در نمونه مورد بررسی با استفاده از WES

gene	rs number	Protein change	Genomic change		ExAC_Frequencies	SIFT	Mutation taster	MAF
AGT	rs699	p.N160 S	Chr1:g. 230845794A >G	Exonic	0.5484	T	P	0.45 337
AGT	rs4762	p.T381 M	Chr1:g. 230845977G >A	Exonic	0.123	D	P	0.12 336
ADR B2	rs10427 13	p.G16 R	Chr5:g.14820 6440G>A	Exonic	0.4204	T	P	0.38 441
ADR B2	rs10427 14	p.E27 Q	Chr5:g.14820 6473G>C	Exonic	0.6834	T	P	0.39 280

بحث و نتیجه‌گیری

نتایج حاصل از توالی‌یابی کل اگزوم نشان‌دهنده وجود جهش‌های بدمعنی (230845794A>G و 230845977G>A) در ژن AGT بود. AGT از اجزای مهم سیستم رنین است. AGT یک گلیکوپروتئین کروی است که توسط ژن AGT کدگذاری می‌شود و در کروموزوم 1q42 قرار دارد. از آنجا که به‌نظر می‌رسد غلظت آنژیوتانسینوزن محدودیتی در میزان تولید آنژیوتانسین I و II پلازما ایجاد می‌کند، بنابراین غلظت آنژیوتانسینوزن داخل بدن ممکن است برای فعال‌سازی سیستم رنین آنژیوتانسین از اهمیت زیادی برخوردار باشد (۹). گومز گالکو آو همکاران (۲۰۰۹) ژنوتیپ و فراوانی آلل AGT Met235Thr را

1. insertion/deletion
2. Gomez-Gallego

در گروهی از ورزشکاران نخبه استقامتی، قدرتی و افراد غیرورزشکار قفقاز مقایسه و گزارش کردند ورزشکاران قدرتی رده جهانی درصد زیادی از ژنوتیپ Thr/Thr نسبت به ورزشکاران استقامتی و افراد غیرورزشکار داشتند (۱۰). در تحقیق دیگری آلوز^۱ و همکاران (۲۰۰۹) ارتباط معناداری بین پلی‌مورفیسم Met235Thr با افزایش شاخص توده بطن چپ در جوانان سالم پس از چهار ماه تمرین ورزشی گزارش کردند. آنها همچنین گزارش کردند شاخص توده بطن چپ افراد با ژنوتیپ Thr/Thr به‌طور معناداری از ژنوتیپ‌های Met/Met و Met/Thr بزرگ‌تر است (۱۱). بنابراین به‌نظر می‌رسد که آلل Thr235 پلی‌مورفیسم AGT Met235Thr می‌تواند عملکرد ورزشکاران قدرتی را تحت تأثیر قرار دهد که این مسئله به‌دلیل فعالیت بیشتر آنژیوتانسین II است که به‌عنوان یک عامل رشد در عضلات اسکلتی عمل می‌کند (۴).

از دیگر نتایج تحقیق حاضر وجود جهش‌های بدمعنی (148206440G>A و 148206473G>C) در ژن ADRB2 این وزنه‌بردار نخبه بود. گیرنده بتا-۲ آدرنژیک یا ADRB2 یکی دیگر از ژنهای است که به‌دلیل ارتباط آن با قدرت عضلانی بیشتر مورد توجه محققان علوم ورزشی قرار گرفته است (۱۲). گیرنده بتا-۲ آدرنژیک علاوه بر کنترل فشار خون در تنظیم سیستم قلبی-عروقی، ریوی، غدد درون‌ریز و سیستم عصبی مرکزی نیز نقش دارد و در بسیاری از سلول‌های بدن انسان بیان می‌شود (۴). تحقیقات گوناگون ارتباط بین برخی از پلی‌مورفیسم‌های این ژن را با قدرت عضلانی ورزشکاران نشان داده‌اند (۴، ۱۳). در این زمینه ساوچوک^۲ و همکاران (۲۰۱۳) نشان دادند آلل Gly16 و واریانت Glu27 پلی‌مورفیسم Gln27Glu در ورزشکاران قدرتی/توانی لهستان نسبت به افراد غیرورزشکار بیشتر بیان می‌شود (۱۳). مهم‌ترین محدودیت تحقیق حاضر تعداد کم نمونه است که در ابتدا قصد داشتیم تحقیق را با تعداد بیشتری از ورزشکاران نخبه قدرتی انجام دهیم، ولی با توجه به اپیدمی کرونا در کشور و محدودیت‌های ناشی از آن و همچنین عدم همکاری ورزشکاران نخبه در این شرایط، در نهایت یک نفر از ورزشکاران تیم ملی وزنه‌برداری حاضر به همکاری شد که نتایج آن به‌صورت گزارش موردی تهیه شد. از این‌رو برای بررسی ارتباط بین این واریانت‌ها با عملکرد ورزشی تحقیقات جدید با تعداد زیادی از ورزشکاران نخبه قدرتی مورد نیاز است تا ارتباط این واریانت‌ها با عملکرد ورزشکاران مشخص شود. واریانت‌های شناسایی شده ممکن است در موفقیت ورزشکاران نخبه تأثیرگذار باشد، از این‌رو در این زمینه به تحقیقات جدید روی ورزشکاران نخبه نیاز است.

-
1. Alves
 2. Sawczuk

قدردانی

بدین وسیله از همکاری ورزشکار محترم و همچنین تمامی کسانی که در انجام این پژوهش ما را یاری کردند، تقدیر و تشکر می‌شود.

منابع و مآخذ

- 1 Puthuchery Z, Skipworth JR, Rawal J, Loosemore M, Van Someren K, Montgomery HE. Genetic influences in sport and physical performance. *Sports medicine*. 2011;41(10):845-59
- 2 Ma F, Yang Y, Li X, Zhou F, Gao C, Li M, et al. The association of sport performance with ACE and ACTN3 genetic polymorphisms: a systematic review and meta-analysis. *PLoS one*. 2013;8(1):e54685
- 3 Tanisawa K, Wang G, Seto J, Verdouka I, Twycross-Lewis R, Karanikolou A, et al. Sport and exercise genomics: the FIMS 2019 consensus statement update. *British journal of sports medicine*. 2020;54(16):969-75
- 4 Maciejewska-Skrendo A, Ciężczyk P, Chycki J, Sawczuk M, Smółka W. Genetic markers associated with power athlete status. *Journal of human kinetics*. 2019;68(1):17-36
- 5 Gineviciene V, Jakaitiene A, Aksenov M, Aksenova A, Astratenkova ADI, Egorova E, et al. Association analysis of ACE, ACTN3 and PPARGC1A gene polymorphisms in two cohorts of European strength and power athletes. *Biology of sport*. 2016;33(3):199
- 6 Zarebska A, Sawczyn S, Kaczmarczyk M, Ficek K, Maciejewska-Karłowska A, Sawczuk M, et al. Association of rs699 (M235T) polymorphism in the AGT gene with power but not endurance athlete status. *The Journal of Strength & Conditioning Research*. 2013;27(10):2898-903
- 7 Kelley KF, Johnson BD, Snyder EM. Beta-2 adrenergic receptor genotype influences power output in healthy subjects. *Journal of strength and conditioning research*. 2017;31(8):2053
- 8 Boulygina EA, Borisov OV, Valeeva EV, Semenova EA, Kostryukova ES, Kulemin NA, et al. Whole genome sequencing of elite athletes. *Biology of Sport*. 2020;37(3):295
- 9 Corvol P, Jeunemaitre X. Molecular genetics of human hypertension: role of angiotensinogen. *Endocrine reviews*. 1997;18(5):662-77
- 10 Gomez-Gallego F, Santiago C, González-Freire M, Yvert T, Muniesa CA, Serratos L, et al. The C allele of the AGT Met235Thr polymorphism is associated with power sports performance. *Applied Physiology, Nutrition, and Metabolism*. 2009;34(6):1108-11
- 11 Alves GB, Oliveira EM, Alves CR, Rached HR, Mota GF, Pereira AC, et al. Influence of angiotensinogen and angiotensin-converting enzyme polymorphisms on cardiac hypertrophy and improvement on maximal aerobic capacity caused by exercise training. *European Journal of Preventive Cardiology*. 2009; 16(4):92-487.

- 12 Wolfarth B, Rankinen T, Mühlbauer S, Scherr J, Boulay MR, Pérusse L, et al. Association between a β 2-adrenergic receptor polymorphism and elite endurance performance. *Metabolism*. 2007;56(12):1649-51
- 13 Sawczuk M, Maciejewska-Karłowska A, Cieszyk P, Skotarczak B, Ficek K. Association of the ADRB2 Gly16Arg and Glu27Gln polymorphisms with athlete status. *Journal of sports sciences*. 2013;31(14):1535-44

Identification of New Variants in Genes Related To Muscle Strength in an Elite Weightlifter Using Whole Exome Sequencing: A Case Report

Bahman Ebrahimi-Torkamani¹, Merefat Siahkoughian^{*2*} - Ali Khazani³ - Sajad Anoshirvani⁴ - Lotfali Bolboli⁵ - Fatemeh Asadi⁶
1. PhD Student, Field of Exercise Physiology in Cardiovascular and Respiration, Department of Physical Education and Sport Sciences, Mohaghegh Ardabili University, Ardabil, Iran 2. Prof, Field of Exercise Physiology, Department of Physical Education & Sport Science, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran 3. Associate Prof, Field of Exercise Physiology, Department of Physical Education & Sport Science, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran 4. Associate Prof, Field of Exercise Physiology, Department of Physical Education & Sport Science, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran 5. Associate Prof, Field of Exercise Physiology, Department of Physical Education & Sport Science, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran 6. PhD, Department of Molecular Genetics, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Fars, Iran
(Received: 2021/02/15; Accepted: 2020/05/03)

Abstract

Genetic factors play an important role in athletic performance and its related phenotypes such as strength, power and aerobic capacity. Whole Exome Sequencing (WES) has great potential to explore all possible deoxyribonucleotide (DNA) variants associated with physical performance. However, this new technique has not been used in sports genetics research. Therefore the aim of this case study was to report new variants in genes involved in skeletal muscles strength in an elite weightlifter using WES. After obtaining an informed consent participated in this study from a 32-year-old man, who is a member of the Iranian national weightlifting team, 5 cc of blood was taken and then DNA was extracted. DNA samples were analyzed using the WES method. WES analysis of this elite weightlifter revealed missense mutations (230845794A>G and 230845977G>A) in AGT and (148206440G>A and 148206473G>C) in ADRB2 genes. Results of WES analysis revealed missense mutations in Power/Strength related genes in this elite athlete. However more studies

* Corresponding Author: E-mail: Iba.ayden@yahoo.com ;Tel: +984531505000

with larger sample sizes are needed to reveal the relationship between these variants and performance of strength athletes.

Key words

Physical activity, Muscle strength, Weightlifter, Muscular Hypertrophy, AGT gene.