

# بررسی پیوستگی ۷ جایگاه ژنی برای ناشنوایی غیر سندرومی آتوزومی مغلوب در خانواده‌های ایرانی

رامک بدر<sup>۱</sup>، بهاره شجاع صفار<sup>۲</sup>، نیلوفر بزاز زادگان<sup>۳</sup>، خدیجه جالوند<sup>۴</sup>، \*کیمیا کهریزی<sup>۲</sup>، حسین نجم آبادی<sup>۵</sup>

## چکیده

**هدف:** نقص شنوایی فراوان‌ترین بیماری حسی - عصبی می‌باشد که به دو فرم سندرومی و غیر سندرومی مشاهده می‌شود. هدف این مطالعه، بررسی پیوستگی ۷ جایگاه ژنی مسئول در ناشنوایی غیر سندرومی آتوزومی مغلوب در خانواده‌های ایرانی می‌باشد.

**روش بررسی:** در این مطالعه توصیفی، ۴۱ خانواده دارای حداقل ۲ فرد مبتلا به ناشنوایی غیر سندرومی آتوزومی مغلوب که جهش در جایگاه‌های ژنی DFNB21, DFNB23, DFNB29 و DFNB4, DFNB6, DFNB7/11, DFNB8/10, DFNB9, DFNB12, DFNB16, DFNB18 و DFNB31, DFNB36, DFNB37, DFNB28, DFNB30, DFNB22 با ژنهای مشخص در آنها بررسی شد. نقشه یابی هوموزیگوسیتی در مورد این خانواده‌ها با استفاده از مارکرهای چند شکل (STR) انجام شد.

**یافته‌ها:** ۳ خانواده در ۳ جایگاه ژنی DFNB30, DFNB28, DFNB31 به طور مشخص پیوستگی نشان دادند.

**نتیجه‌گیری:** در این تحقیق تقریباً ۷٪ از علل ناشنوایی غیر سندرومی آتوزومی مغلوب در بین جمعیت ایران مشخص شد.

**کلید واژه‌ها:** ناشنوایی غیر سندرومی / وراثت اتوزومی مغلوب / آنالیز پیوستگی / ایران

- ۱- کارشناس ارشد ژنتیک، دانشگاه علوم بهزیستی و توانبخشی
- ۲- کارشناس ارشد زیست شناسی سلولی و ملکولی، دانشگاه علوم بهزیستی و توانبخشی
- ۳- کارشناس ژنتیک
- ۴- متخصص اطفال، دانشیار دانشگاه علوم بهزیستی و توانبخشی
- ۵- دکترای ژنتیک ملکولی، استاد دانشگاه علوم بهزیستی و توانبخشی

تاریخ دریافت مقاله: ۸۷/۷/۱۵

تاریخ پذیرش مقاله: ۸۸/۵/۲۰

\*آدرس نویسنده مسئول:

تهران، اوین، بلوار دانشجو، بن بست کودکان، دانشگاه علوم بهزیستی و توانبخشی، گروه ژنتیک

تلفن: ۲۲۱۸۰۱۳۸

E-mail:kkahrizi@uswr.ac.ir