

## Нарушение мужской фертильности и ген *TEX11*

Научный руководитель – Машкина Елена Владимировна

*Яровая Екатерина Васильевна*

*Аспирант*

Южный федеральный университет, Академия биологии и биотехнологии им. Дмитрия Иосифовича Ивановского, Кафедра генетики, Ростов-на-Дону, Россия

*E-mail: ekyarovaya@sfedu.ru*

Бесплодие является глобальной проблемой человечества. Оно касается около 15% ведущих активную сексуальную жизнь, не предохраняющихся от зачатия супружеских пар, что составляет 48,5 млн пар во всем мире [1]. Мужское бесплодие - гетерогенное заболевание, которое может возникнуть из-за нарушений в процессе сперматогенеза. По оценкам ВОЗ, проблема бесплодия касается около 180 миллионов человек в мире, а на мужское бесплодие приходится 40–50% от всех случаев и его все чаще связывают с вариантами генов, специфически экспрессирующихся в яичках [4]. Одним из таких генов является *TEX11*. Кодированный белок участвует в инициации и контроле конъюгации хромосом в мейозе, важен для осуществления кроссинговера и нормального расхождения хромосом в редукционном делении мейоза. Частота мутаций гена *TEX11* при первичном бесплодии у мужчин составляет около 1%, а нарушение регуляции *TEX11* связано с апоптозом сперматоцитов, нарушениями созревания и азооспермией. Это послужило причиной для выбора полиморфизма в этом гене как возможной причины нарушений репродуктивной функции у мужчин. Таким образом, цель настоящего исследования состоит в том, чтобы оценить ассоциацию полиморфизма гена *TEX11* с нарушением репродуктивной функции у мужчин.

В работе был исследован полиморфизм rs143246552 гена *TEX11*, так как данные относительно его вклада в развитие мужского бесплодия являются противоречивыми [2, 3]. Все исследуемые образцы спермы были разделены на 4 группы по результатам спермограммы: тератозооспермия (32 образца), астенотератозооспермия (28 образцов), олигоастенотератозооспермия (31) и нормозооспермия (27 проб). Выделение ДНК проводилось сорбентным методом. Исследуемый SNP анализировали методом аллель-специфичной ПЦР с дальнейшей детекцией в 2% агарозном геле.

В результате исследования не был обнаружен мутантный вариант rs143246552 гена *TEX11*. Во всех исследуемых группах частота генотипов *TT*, *TC* и *CC* составила 100%, 0% и 0% соответственно. Схожий результат получен в ходе работ наших коллег [2]. Таким образом, SNP rs143246552 не ассоциирован с риском развития нарушений репродуктивной функции мужчин.

### Источники и литература

- 1) Agarwal A. et al. A unique view on male infertility around the globe //Reproductive biology and endocrinology. – 2015. – Т. 13. – №. 1. – С. 1-9.
- 2) Behvarz M. et al. Association of CATSPER1, SPATA16 and TEX11 genes polymorphism with idiopathic azoospermia and oligospermia risk in Iranian population //BMC Medical Genomics. – 2022. – Т. 15. – №. 1. – С. 1-7.
- 3) Nakamura S. et al. Next-generation sequencing for patients with non-obstructive azoospermia: implications for significant roles of monogenic/oligogenic mutations //Andrology. – 2017. – Т. 5. – №. 4. – С. 824-831.

- 4) Pandruvada S. et al. Lack of trusted diagnostic tools for undetermined male infertility  
//Journal of Assisted Reproduction and Genetics. – 2021. – Т. 38. – С. 265-276.