

تعیین فراوانی پلی مورفیسم های ژن فوکوزیل ترانسفراز ۳ در اهداکنندگان ایرانی

مهشید ناصری راد^۱، احمد مردانی^۲، امیر علی نقی^۳، مجید شهابی^۴

چکیده

سابقه و هدف

ژن *FUT3*، بیان آنتی ژن های گروه خونی لوئیس از جمله Le^a و Le^b را تنظیم می کند. افرادی که آنتی ژن های گروه خونی لوئیس را نمی سازند، هاپلوتا پ های با پلی مورفیسم های تک نوکلئوتیدی غیر فعال کننده آنزیم دارند که فراوانی آن ها در بین نژادهای مختلف متفاوت است. در مطالعه حاضر، فراوانی این پلی مورفیسم ها در اهداکنندگان ایرانی مورد بررسی قرار گرفت.

مواد و روش ها

در این مطالعه مقطعی - توصیفی، ۱۰۰ نفر از اهداکنندگان مراجعه کننده به پایگاه انتقال خون تهران در سال ۱۳۹۶ مورد بررسی قرار گرفتند. از PCR و DNA sequencing برای تعیین پلی مورفیسم های تک نوکلئوتیدی ژن لوئیس استفاده شد. هاپلوتا پ ها نیز توسط نرم افزار SNP Analyzer مشخص شدند.

یافته ها

در مجموع ۱۵ پلی مورفیسم شناسایی شد که از این تعداد ۱۰ مورد مرتبط با موتاسیون های missense بودند. فراوانی مهم ترین پلی مورفیسم های شناسایی شده عبارتند از: $59T>G$ ۳۷٪، $314C>T$ ۳۹٪، $202T>C$ ۸٪، $47G>C$ ۹٪ و $508G>A$ ۶۶٪. هم چنین ۱۳ هاپلوتا پ نیز شناسایی شد که فراوانی مهم ترین هاپلوتا پ ها عبارتند از: Le ۱۷/۵٪، $Le^{47,202,314}$ ۴/۳٪، Le^{59} ۴/۱٪ و $Le^{59,508}$ ۳/۴٪.

نتیجه گیری

بر اساس این پژوهش، پلی مورفیسم های $202T>C$ ، $59T>G$ و $508G>A$ می توانند به عنوان SNP های اصلی برای شناسایی آلل های لوئیس منفی در تعیین ژنوتیپ گروه های خونی لوئیس و مطالعه های مرتبط با بیماری ها مفید واقع شوند.

کلمات کلیدی: پلی مورفیسم های تک نوکلئوتیدی، هاپلوتا پ ها، آلل ها

تاریخ دریافت: ۹۸/۷/۱۶

تاریخ پذیرش: ۹۹/۴/۴

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد هماتولوژی و بانک خون - مرکز تحقیقات انتقال خون - مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون - تهران - ایران

۲- PhD انگل شناسی - مرکز تحقیقات انتقال خون - مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون - تهران - ایران

۳- دکترای علوم آزمایشگاهی - مرکز تحقیقات انتقال خون - مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون - تهران - ایران

۴- مؤلف مسئول: PhD فرآورده های بیولوژیک - استادیار مرکز تحقیقات انتقال خون - مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون - تهران - ایران - صندوق پستی: ۱۴۶۶۵-۱۱۵۷

مقدمه

تاکنون ۳۶ سیستم گروه خونی که بیش از ۳۰۰ آنتی ژن را در خود جای داده اند، روی سطح گلبول های قرمز شناسایی شده است (۱، ۲). بعضی از این آنتی ژن ها نقش های بیولوژیک داشته و بعضی در ارتباط با بیماری ها هستند (۳). در این میان سیستم گروه خونی - بافتی لوئیس از دو آنتی ژن عمده Le^a و Le^b تشکیل شده که شاخص های آن ها الیگوساکاریدهایی هستند که در اتصال با گلیکوپروتئین ها یا گلیکولیپیدها قرار دارند (۴-۷). آنتی ژن های این سیستم نخستین بار روی گلبول های قرمز (مورانت - سال ۱۹۴۶) و بعدها در پلاسما، بزاق و دیگر ترشحات یافت شدند (۸، ۹). در واقع، برخلاف سایر گروه های خونی، ساخت آنتی ژن های لوئیس در بافت های اریتروئیدی رخ نمی دهد، بلکه این آنتی ژن ها به صورت ثانویه توسط غشای اریتروسیت ها جذب می گردند (۱۰). آنتی ژن های این گروه خونی از نظر بیوشیمیایی با آنتی ژن های سیستم ABH در ارتباط بوده و از همان پیش سازها منشا گرفته اند (۵). بیان آنتی ژن های لوئیس به دو فوکوزیل ترانسفراز مختلف که محصولات دو جایگاه ژنی مجزا ($FUT2$ و $FUT3$) روی کروموزوم ۱۹ هستند، نیاز دارد (۱۰). ژن $FUT2$ ، آنزیم آلفا ۲ فوکوزیل ترانسفراز و ژن $FUT3$ ، آنزیم آلفا ۳ و ۴ فوکوزیل ترانسفراز را کد می کند. این آنزیم ها در روده کوچک، کبد، کلیه و پانکراس فعال بوده و آنتی ژن های گلیکولیپیدی Le^a و Le^b را با اضافه کردن قند فوکوز به پیش سازهای اولیگوساکاریدی، می سازند. Le^a و Le^b مستقیماً توسط آنزیم $FUT3$ ساخته می شوند اما برای ساخت Le^b ، نیاز است که ابتدا آنزیم $FUT2$ پیش ساز H تیپ ۱ را ساخته باشد (۱۱). افراد لوئیس منفی آنتی ژن های لوئیس را نمی سازند و در نتیجه گلبول های قرمز این افراد با فنوتیپ $Le(a-b-)$ مشخص می شوند (۴). فنوتیپ $Le(a-b-)$ در نتیجه حضور آلل های مختلف ژن le که ترانسفرازهای فاقد عملکرد کد می کنند، به وجود می آید. در این حالت صرف نظر از این که فرد سکر تور باشد یا نباشد، آنتی ژن های Le^a و Le^b بیان نمی شوند. واریانتهای خاموش ژن $Lewis(le)$ یک سری پلی مورفیسم های تک نوکلئوتیدی (SNPs) را در خود جای

داده اند که بسیاری از آن ها باعث غیرفعال شدن آنزیم می شوند. بیش از ۳۷ آلل نول FUT3 گزارش شده است که عمدتاً دارای حداقل دو موتاسیون هستند. بسیاری از آلل ها توزیع جغرافیایی و نژادی خاصی را نشان می دهند. شایع ترین واریانتهای پلوتایی مربوط به $le^{59/508}$ است که در آسیایی ها (۲۴ درصد) و آفریقایی ها (۱۹ درصد) شناسایی شده است. در حالی که $le^{202/314}$ (۱۷ درصد) و $le^{59/1067}$ (۴ درصد) عمدتاً در جمعیت های اروپایی دیده می شود (۵). شیوع بالاتر آسم برونشیل و دیابت ملیتوس غیر وابسته به انسولین در افرادی با گروه خونی $Le(a-b-)$ مطرح شده است. از طرفی این فنوتیپ با شیوع بالاتر بیماری های قلبی در ارتباط است. تا آن جا که مطالعه ها نشان می دهند، چهار موتاسیون $202T>C$ ، $314C>T$ ، $508G>A$ و $1067T>A$ به طور مشخص با افزایش خطر بیماری های قلبی ارتباط دارند (۱۲). با توجه به ارتباط ژن لوئیس با برخی حالات پاتولوژیک و همین طور نقشی که در مطالعه های جمعیت شناسی دارد، برای اولین بار در ایران تعیین پلی مورفیسم های ژن لوئیس با استفاده از روش های مولکولی PCR و DNA sequencing صورت گرفت. هدف از این مطالعه، شناسایی پلی مورفیسم های ژن لوئیس، واریانتهای پلوتایی و تعیین فراوانی آن ها در جمعیت ایرانی و مقایسه آن با سایر جمعیت ها بود.

مواد و روش ها

این مطالعه از نوع مقطعی - توصیفی بود و از روش نمونه گیری غیر احتمالی آسان استفاده شد. برای بیان نتایج از روش های آماری توصیفی استفاده گردید.

اهدا کنندگان:

پنج میلی لیتر خون EDTA دار از ۱۰۰ اهداکننده مراجعه کننده به پایگاه انتقال خون تهران در سال ۱۳۹۶ جمع آوری شد. از تمام شرکت کنندگان در این پژوهش رضایت نامه کتبی اخذ شد.

روش مولکولی:

استخراج DNA : DNA ژنومی از خون کامل

نمونه از جمله SNP های هر نمونه و وضعیت توارث آن (هموزیگوت و یا هتروزیگوت بودن) در فایل اکسل ثبت گردید. سپس SNP های یافت شده در نمونه ها با SNP های از قبل شناسایی شده ی ژن *FUT3* که در پایگاه داده NCBI موجود می باشد، مقایسه شد تا در صورت وجود SNP جدید، اقدامات بعدی انجام گیرد. از آن جا که در بین SNP های موجود در نمونه ها مورد جدیدی یافت نشد، از نرم افزار SNPAnalyzer 2.0 برای بررسی هاپلوتایپ ها و شیوع هاپلوتایپی استفاده گردید.

یافته ها

نتایج تعیین توالی کلیه نمونه ها با استفاده از این دو نرم افزار به دقت مورد بررسی قرار گرفت. در مورد هر نمونه وضعیت حضور یا عدم حضور SNP در توالی ژنی و همین طور هموزیگوت یا هتروزیگوت بودن آن ثبت گردید.

جدول ۱: پلی مورفیسم های شناسایی شده و فراوانی آن ها در نمونه های اهداکنندگان

SNPs	تغییر عملکردی	فراوانی
202T>C	Missense	٪۳۹
314C>T	Missense	٪۳۷
59T>G	Missense	٪۲۰
508G>A	Missense	٪۹
47G>C	Missense	٪۸
858A>G	Synonymous	٪۴
290G>T	Missense	٪۱
522G>A	Synonymous	٪۱
321C>T	Synonymous	٪۱
258C>T	Synonymous	٪۱
374C>T	Missense	٪۱
272G>A	Missense	٪۱
974C>T	Missense	٪۱
1067T>A	Missense	٪۲
612A>G	Synonymous	٪۱

اهداکنندگان با استفاده از کیت ستونی استخراج شد (کره، GeneAll® Exgene™ Blood SV min). به منظور ارزیابی کیفیت DNA و آگاهی از میزان خلوص آن، از دستگاه نانودراپ استفاده شد.

روش PCR:

توالی کد کننده آنزیم *FUT3*، بخشی از اگزون ۳ این ژن می باشد که از ۱۰۸۶ جفت باز تشکیل شده است (۴). تکثیر بخش کد کننده آنزیم *FUT3* با استفاده از آغازگر پیشرو [5'- AAT GAC CCT CAC TCC TCT CTC C-3'] و آغازگر پیرو [5'-CCCAGGCAGATGAGGTTCCC-3'] صورت گرفت. برای انجام این روش از غلظت ۵۰-۱۰۰ نانوگرم DNA، آغازگرهای مذکور، Master Mix PCR 2x (یکتا تجهیز آزما- ایران) در حجم نهایی ۵۰ میکرولیتر استفاده شد. به جهت حصول به محصول اختصاصی، واکنش های PCR به صورت Touchdown و به شرح زیر انجام شد: یک چرخه در ۹۵ درجه سانتی گراد به مدت ۵ دقیقه، ۱۰ چرخه (در ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه، در ۶۶ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه، در ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۴۵ ثانیه)، ۱۰ چرخه (در ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۱۰ ثانیه، در ۶۲ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه، در ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۴۵ ثانیه)، ۱۲ چرخه (در ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۱۰ ثانیه، در ۵۹ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه، در ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۴۵ ثانیه) و ۱ چرخه در ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۵ دقیقه. محصول حاصل از تکثیر PCR با استفاده از ژل آگارز ۱/۵٪ مورد بررسی قرار گرفت.

تعیین توالی:

محصول PCR برای تعیین توالی به شرکت ژن فن آوران (ژن فن آوران، تهران، ایران) ارسال گردید. سپس توالی های ارسال شده از سوی این شرکت با نرم افزارهای Chromas 2.6.6 و DNA Baser 5.15.0 مورد بررسی قرار گرفتند.

بررسی هاپلوتایپی:

پس از بررسی توالی نمونه ها، اطلاعات مرتبط با هر

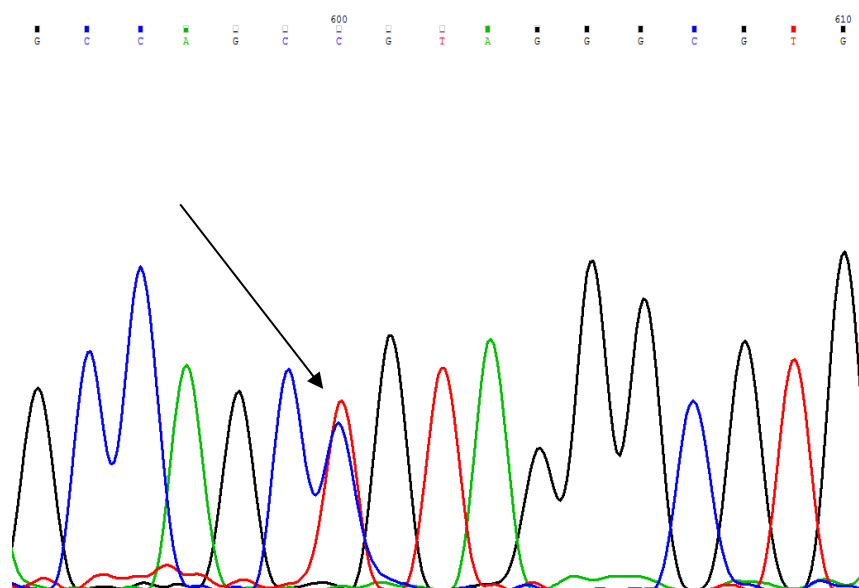
جدول ۲: هاپلوتاایپ های شناسایی شده توسط نرم افزار SNP Analyzer

هاپلوتاایپ	آلل	سکانس	فرکانس
19-1-h1	Le(wild type)	GTTCGGCCGACT	۰/۶۶۳
19-1-h2	le ^{202,314}	GTCCGGTCGACT	۰/۱۷۶
19-1-h3	le ^{47,202,314}	CTCCGGTCGACT	۰/۰۴۳
19-1-h4	le ⁵⁹	GGTCGGCCGACT	۰/۰۴۱
19-1-h5	le ^{59,508}	GGTCGGCCAACT	۰/۰۳۵
19-1-h6	le ^{59,508,858}	GGTCGGCCAGCT	۰/۰۰۷
19-1-h7	le ^{202,314,858}	GTCCGGTCGGCT	۰/۰۰۵
19-1-h8	le ^{59,202}	GGCCGGCCGACT	۰/۰۰۵
19-1-h9	le ²⁹⁰	GTTCGTCCGACT	۰/۰۰۵
19-1-h10	le ^{59,258,1067}	GGTTGGCCGACA	۰/۰۰۵
19-1-h11	le ^{59,272,974}	GGTCAGCCGATT	۰/۰۰۵
19-1-h12	le ^{202,314,374}	GTCCGGTTGACT	۰/۰۰۵
19-1-h13	le ^{59,202,1067}	GGCCGGCCGACA	۰/۰۰۴

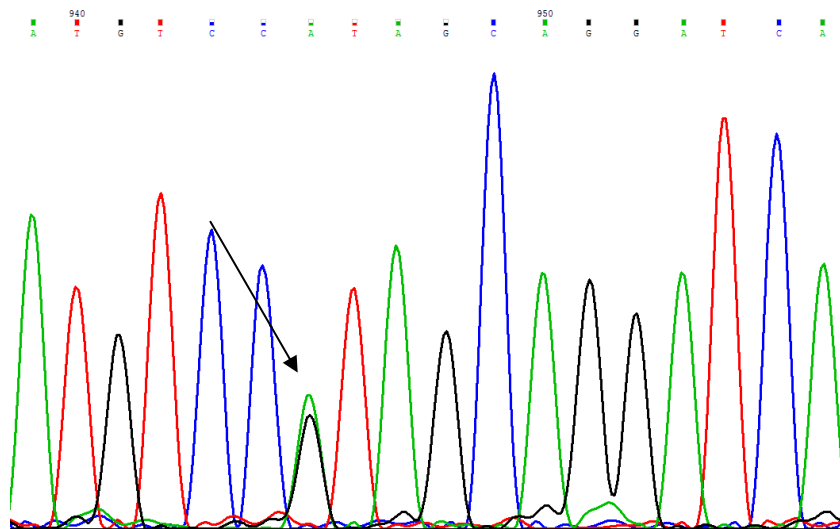
شناسایی نشد. پلی مورفیسم های شناسایی شده در بین نمونه ها و تاثیری که روی توالی آمینواسیدی پروتئین کد شده می گذارند در جدول ثبت شده است (جدول ۱) (شکل های ۱ و ۲).

از مجموع ۱۵ مورد پلی مورفیسم شناسایی شده، ۵ مورد مرتبط با موتاسیون های هم معنی بوده و تغییری در توالی آمینواسیدی آنزیم حاصل ایجاد نمی کنند. از میان این موارد، SNP های 522G>A و 321C>T و 612A>G هر یک تنها در یک نمونه و به صورت منفرد و با توارث هتروزیگوت حضور داشتند. از آن جا که این SNP ها روی فعالیت آنزیم تاثیری نداشته و به صورت منفرد و در عدم حضور موتاسیون های بی معنی (non sense) ظاهر شده اند، در بررسی های هاپلوتاایپی بعدی نادیده گرفته شدند. اما موتاسیون های 858A>G و 258C>T با وجود این که در توالی آمینواسیدی آنزیم حاصل تاثیری ندارند، ولی به دلیل این که در نمونه هایی ظاهر شده بودند که دارای موتاسیون های بد معنی (missense) بودند، در بررسی های هاپلوتاایپی بعدی لحاظ شدند. نرم افزار SNP Analyzer برای جمعیت مورد مطالعه، ۱۳ نوع هاپلوتاایپ مختلف را تخمین زدند (جدول ۲).

به طور کلی در این بررسی ها، در مجموع هر ۱۰۰ نمونه، ۱۵ SNP شناسایی گردید. با استفاده از پایگاه داده NCBI، مشخص شد که همه موارد شناسایی شده، در مطالعه های قبلی که در مورد ژن FUT3 در سراسر جهان انجام شده، گزارش گردیده است و از این رو پلی مورفیسم جدیدی



شکل ۱: کروماتوگرام مربوط پلی مورفیسم 202T>C که به صورت هتروزیگوس می باشد و با پیکان نمایش داده شده است.



شکل ۲: کروماتوگرام مربوط پلی مورفیسم $508G>A$ که به صورت هتروزیگوس می باشد و با پیکان نمایش داده شده است.

سوئدی مورد توجه قرار گرفت (۱۵). پنج پلی مورفیسم شایعی که در بیشتر جمعیت ها دیده شده عبارتند از: $202T>C$ ، $314C>T$ ، $59T>G$ ، $508G>A$ و $1067T>A$ (۱۶)، (۹، ۱۱، ۱۲). در مطالعه حاضر که برای نخستین بار در ایران به منظور بررسی پلی مورفیسم های ژن $FUT3$ روی ۱۰۰ اهداکننده مراجعه کننده به پایگاه انتقال خون تهران با استفاده از روش های مولکولی PCR و DNA sequencing انجام گرفت، ۱۵ پلی مورفیسم شناسایی شدند. از بین این موتاسیون ها ۵ مورد مرتبط با جهش های هم معنی و بقیه موارد، مرتبط با جهش های بدمعنی بودند. این جهش های هم معنی عبارتند از: $258C>T$ ، $612A>G$ ، $858A>G$ ، $321C>T$ و $522G>A$. شایع ترین پلی مورفیسم ها به ترتیب عبارتند از: $202T>C$ (۳۹٪)، $314C>T$ (۳۷٪)، $59T>G$ (۲۰٪)، $1067T>A$ (۲٪) و $474G>C$ (۸٪)، $508G>A$ (۹٪)، $59T>G$ (۲٪) و $1067T>A$ (۲٪). هم چنین ۱۳ نوع هاپلوتایپ مختلف در جمعیت مورد مطالعه تخمین زده شد. در این میان ۵ هاپلوتایپ بیشترین فراوانی را داشتند که عبارتند از: Le (۶۶/۲٪)، $Le^{59,508}$ (۳/۴٪)، Le^{59} (۴/۱٪)، $Le^{47,202,314}$ (۴/۳٪) و $Le^{202,314}$ (۴/۳٪). مطالعه ای که توسط سوجیما و همکاران در سال ۲۰۰۸ بر روی سه جمعیت قفقازی (۱۰۰ نفر)، غنایی (۱۰۶ نفر) و مغولی (۵۰ نفر) با روش Direct sequencing انجام شد، نشان داد که پلی مورفیسم های $202T>C$ ، $59T>G$

در گام بعدی هاپلوتایپ های هر نمونه بررسی شده و وضعیت هتروزیگوت یا هموزیگوت بودن افراد تعیین گردید. با انجام این بررسی ها مشخص شد که ۴۸٪ افراد به صورت Le/Le ، ۳۴٪ به صورت Le/le و ۱۸٪ نیز le/le هستند.

بحث

در این مطالعه فراوانی آلل های ژن $FUT3$ در گروهی از اهداکنندگان خون در تهران بررسی شد که در مجموع ۱۵ پلی مورفیسم و ۱۳ هاپلوتایپ شناسایی شد. تمامی این پلی مورفیسم ها قبلاً گزارش شده بودند و شایع ترین آن ها پلی مورفیسم $202T>C$ بود. شروع مطالعه های مولکولی مرتبط با موتاسیون های ژن لوئیس به سال های ۱۹۹۳ و ۱۹۹۴ بر می گردد. در ابتدا موتاسیون $1067T>A$ در میان اندونزیایی ها و موتاسیون های $1067T>A$ و $508G>A$ در میان ژاپنی ها شناسایی گردید (۹، ۱۳). سپس این موتاسیون ها در مطالعه هایی که روی جمعیتی سوئدی انجام گرفت نیز شناسایی شد. در این مطالعه ها علاوه بر موتاسیون های مذکور، موتاسیون های $202T>C$ و $314C>T$ نیز برای اولین بار معرفی شدند. به علاوه نشان داده شد که آلل لوئیس منفی $Le^{202,314}$ در افرادی با فنوتیپ $Le(a-b-)$ حضور دارد (۱۴). موتاسیون بدمعنی $59T>G$ نیز از جمله موتاسیون هایی بود که در جمعیت های اندونزیایی، ژاپنی و

پلی مورفیسم ها و آلل های ژن FUT3 در جمعیت های مختلف متفاوت بوده اما می توان گفت که تعدادی از آن ها در همه جمعیت ها البته با فراوانی متفاوت وجود داشته که نشان دهنده به وجود آمدن آن ها قبل از جدا شدن جمعیت های مختلف انسانی می باشد. اهمیت گروه خونی لوئیس علاوه بر نقش آن در طب انتقال خون، تاثیر در استعداد ابتلا به بیماری های عفونی و غیر عفونی می باشد که می تواند زمینه مطالعه های فراوانی در جمعیت ایرانی باشد (۲۰-۱۷).

نتیجه گیری

شناسایی پلی مورفیسم های ایجادکننده گروه های خونی با روش مولکولی می تواند در شرایطی که روش های سرولوژیک محدودیت دارند، راهگشا باشد. به علاوه با توجه به ارتباط واریانت های مختلف این گروه ها با بیماری های مختلف، تعیین آلل ها و هاپلوتایپ ها در جمعیت ایرانی می تواند مطالعه ها روی بیماری های مختلف را تسهیل کند. ضمناً نتایج این پژوهش در مطالعه های جمعیت شناسی نیز کاربرد خواهد داشت.

تشکر و قدردانی

این تحقیق موضوع پایان نامه کارشناسی ارشد رشته خون شناسی و علوم انتقال خون با کد اخلاق IR.tmi.rec.1396.033 می باشد که هزینه آن توسط مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون تأمین شده است.

داشتند (۴). از طرفی بررسی های هاپلوتایپی نشان داد که هاپلوتایپ های Le^{59,508}، Le^{59,1067} و Le^{202,314} در هر سه جمعیت حضور دارند اما در مطالعه ما از بین هاپلوتایپ های مذکور، هاپلوتایپ Le^{59,1067} حضور نداشت. آلل Le^{47,202,314} نیز که در جمعیت قفقازی با شیوع کم و در حد ۲/۵٪ دیده شده بود، در جمعیت ما با فراوانی ۴/۳٪ قابل رؤیت بود. فراوانی آلل عملکردی لوئیس در جمعیت های مغولی، قفقازی و غنایی به ترتیب معادل ۶۱٪، ۷۰/۵٪ و ۴۴/۳٪ اما در جمعیت مورد مطالعه ما ۶۶/۲٪ بود. فراوانی آلل Le^{59,508} نیز در سه جمعیت مغولی، غنایی و قفقازی به ترتیب ۲۴٪، ۱/۵٪ و ۱۸/۹٪ و در جمعیت ما ۳/۴٪ بود.

در مطالعه مشابهی که توسط متزولد و همکاران در سال ۲۰۰۹ انجام گرفت، نمونه خون ۱۰۰ نفر از اهداکنندگان در اتریش با روش DNA sequencing مورد بررسی قرار گرفته و تنوع ژنتیکی و فراوانی آللی فوکوزیل ترانسفرازهای ۱، ۲ و ۳ در جمعیت مورد مطالعه تعیین شد (۱۶). در این مطالعه فراوانی آلل Le تقریباً مشابه با مطالعه ما و در حدود ۶۵٪ بود. فراوانی آلل های شایع دیگر به ترتیب Le^{202,314} (۲۱٪)، Le^{59,1067} (۶٪)، Le^{59,508} (۲٪) و Le⁵⁹ (۱٪) و Le^{47,202,314} (۱٪) بود. در مطالعه ما برخلاف این مطالعه، آلل Le^{59,1067} شناسایی نشد و فراوانی آلل های مذکور نیز اندکی تفاوت داشت.

به طور کلی آن چه از مطالعه حاضر و مقایسه آن با سایر مطالعه ها برمی آید، نشان دهنده این است که فراوانی

References:

- 1- Raud L, Férec C, Fichou Y. From genetic variability to phenotypic expression of blood group systems. *Transfus Clin Biol* 2017; 24(4): 472-5.
- 2- Daniels G. Human Blood Groups. USA: John Wiley & Sons; 2013. p. 57-63.
- 3- Shanthi B, Babu K. Analysis of ABO group discrepancies in a tertiary care centre south india. *J Evol Med Dent Sci* 2017; 6(79): 5615-8.
- 4- Soejima M, Munkhtulga L, Iwamoto S, Koda Y. Genetic variation of FUT3 in Ghanaians, Caucasians, and Mongolians. *Transfusion* 2009; 49(5): 959-66.
- 5- Corvelo TC, de Loiola Rdo S, Aguiar DC, de Matos Gde C, et al. The Lewis histo-blood group system: molecular analysis of the 59T> G, 508G> A, and 1067T> A polymorphisms in an Amazonian population. *PLoS One* 2013; 8(7): e69908.
- 6- Vestergaard EM, Hein HO, Meyer H, Grunnet N, Jørgensen J, Wolf H, et al. Reference values and biological variation for tumor marker CA 19-9 in serum for different Lewis and secretor genotypes and evaluation of secretor and Lewis genotyping in a Caucasian population. *Clin Chem* 1999; 45(1): 54-61.
- 7- Yazawa S, Nishihara S, Iwasaki H, Asao T, Nagamachi Y, Matta KL, et al. Genetic and enzymatic evidence for Lewis enzyme expression in Lewis-negative cancer patients. *Cancer Res* 1995; 55(7): 1473-8.

- 8- Grubb R, Morgan W. The "Lewis" blood group characters of erythrocytes and body-fluids. *Br J Exp Pathol* 1949; 30(3): 198-208
- 9- Nishihara S, Narimatsu H, Iwasaki H, Yazawa S, Akamatsu S, Ando T, *et al.* Molecular genetic analysis of the human Lewis histo-blood group system. *J Biol Chem* 1994; 269(46): 29271-8
- 10- Soejima, M. and Y. Koda, Molecular mechanisms of Lewis antigen expression. *Leg Med (Tokyo)* 2005; 7(4): 266-9.
- 11- Previato M, Borim MP, Liberatore RD Jr, Pires AC, Dias MA, Brandão de Mattos CC, *et al.*, Lewis histo-blood group system phenotyping and genotyping reveal divergence in the association of Le (a- b-) phenotype and type 1 diabetes. *Vox Sang* 2015; 108(3): 281-6.
- 12- Grahn A, Elmgren A, Aberg L, Svensson L, Jansson PA, Lönnroth P, *et al.* Determination of Lewis FUT3 gene mutations by PCR using sequence-specific primers enables efficient genotyping of clinical samples. *Hum Mutat* 2001; 18(4): 358-9.
- 13- Mollicone R, Reguigne I, Kelly RJ, Fletcher A, Watt J, Chatfield S, *et al.* Molecular basis for Lewis alpha (1, 3/1, 4)-fucosyltransferase gene deficiency (FUT3) found in Lewis-negative Indonesian pedigrees. *J Biol Chem* 1994; 269(33): 20987-94.
- 14- Elmgren A, Börjeson C, Svensson L, Rydberg L, Larson G. DNA sequencing and screening for point mutations in the human Lewis (FUT3) gene enables molecular genotyping of the human Lewis blood group system. *Vox Sang* 1996; 70(2): 97-103.
- 15- Elmgren A, Mollicone R, Costache M, Börjeson C, Oriol R, Harrington J, *et al.* Significance of individual point mutations, T202C and C314T, in the human Lewis (FUT3) gene for expression of Lewis antigens by the human α (1, 3/1, 4)-fucosyltransferase, Fuc-TIII. *J Biol Chem* 1997; 272(35): 21994-8
- 16- Matzhold EM, Helmberg W, Wagner T, Drexler C, Ulrich S, Winkler A, *et al.* Identification of 14 new alleles at the fucosyltransferase 1, 2, and 3 loci in Styrian blood donors, Austria. *Transfusion* 2009; 49(10): 2097-2108.
- 17- Brandão de Mattos CC, de Mattos LC. Histo-blood group carbohydrates as facilitators for infection by *Helicobacter pylori*. *Infect Genet Evol.* 2017;53:167-174.
- 18- Pérez-Ortín R, Vila-Vicent S, Carmona-Vicente N, Santiso-Bellón C, Rodríguez-Díaz J, Buesa J. Histo-Blood Group Antigens in Children with Symptomatic Rotavirus Infection. *Viruses* 2019; 11(4): 339.
- 19- Stowell CP, Stowell SR. Biologic roles of the ABH and Lewis histo-blood group antigens Part I: infection and immunity. *Vox Sang* 2019; 114(5): 426-42.
- 20- Stowell SR, Stowell CP. Biologic roles of the ABH and Lewis histo-blood group antigens part II: thrombosis, cardiovascular disease and metabolism. *Vox Sang* 2019; 114(6): 535-52.

Original Article

Determination of fucosyltransferase 3 gene polymorphisms frequency in Iranian blood donors

Naseri Rad M.¹, Mardani A.¹, Naghi A.A.¹, Shahabi M.¹

¹Blood Transfusion Research Center, High Institute for Research and Education in Transfusion Medicine, Tehran, Iran

Abstract

Background and Objectives

The FUT3 gene regulates the expression of Lewis blood group antigens mainly L^{ea} and L^{eb}. The Lewis negative phenotype, is the result of an inactivated FUT3 enzyme that lacks glycosidase activity. Several single nucleotide polymorphisms (SNPs) may cause enzyme inactivation with different racial distribution. This study aimed to determine the frequency of these SNPs in Iranian blood donors.

Materials and Methods

In this cross sectional descriptive study, one hundred blood donors from Tehran Blood Transfusion Center were analyzed. Genomic DNA was extracted and the coding sequence of FUT3 gene was amplified with specific primers. PCR products were directly sequenced. Haplotypes were inferred by SNP Analyzer software.

Results

A total of 15 SNPs including 10 nonsense SNPs were recognized. The frequency of most common SNPs was detected as 39%(202T>C), 37%(314C>T), 20%(59T>G), 9%(508G>A), and 8%(47G>C). Haplotype analysis revealed 13 haplotypes. The frequency of major haplotypes was detected as 66.2%(Le), 17.5%(le^{202,314}), 4.3 %(le^{47,202,314}), 4.1 %(le⁵⁹), and 3.4%(le^{59,508}).

Conclusions

Our findings indicate that 202T > C, 59T > G and 508G > A are useful as major SNPs for detection of Lewis-negative alleles in genotyping of Lewis blood groups; they can also play an effective role in large-scale studies associated with diseases in our population.

Key words: SNPs, Haplotypes, Alleles

Received: 8 Oct 2019

Accepted: 24 Jun 2020

Correspondence: Shahabi M., PhD of Biological Science. Assistant professor of Blood Transfusion Research Center, High Institute for Research and Education in Transfusion Medicine.
P.O.Box: 14665-1157, Tehran, Iran. Tel: (+9821) 88601558; Fax: (+9821) 88601542
E-mail: majshahabi@yahoo.com