

Original Article

Investigating the distribution of HLA-DRB1 allelic groups in Iranian ethnic groups

Yari F.¹, Zaman Vaziri M.¹, Bagheri N.¹, Teimourpour A.¹, Sabbaghi F.¹,
Mortezapour Barfi F.¹

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

Abstract

Background and Objectives

This study looked at the frequency of HLA alleles and their genetic diversity in specific Iranian ethnic groups. This is important for the successful transplantation of hematopoietic stem cells.

Materials and Methods

In this descriptive study, HLA-DRB1 alleles were determined in low resolution level for donors using the PCR-SSP method. By using the HLA lab data and the stem cell donors' information in Iranian Blood Transfusion Organization, the ethnic and HLA information from the Gilak (n = 510, 24.70%), Lur (n = 465, 22.53%), Kurd (n = 719, 34.84%), and Arab (n = 370, 17.93%) ethnicities were collected and analyzed. The relationship between alleles and ethnicity was examined, and a statistically significant relationship (p < 0.05) between the frequency of alleles in the studied ethnic groups was evaluated using the chi-square test.

Results

The low frequency allelic groups related to HLA-DRB1 were HLA-DRB1*09 (0.6%), HLA-DRB1*12 (0.8%), and HLA-DRB1*08 (1.6%). Allelic groups with higher frequency included HLA-DRB1*11 (22.7%), HLA-DRB1*03 (11.8%), HLA-DRB1*15 (11.7%), and HLA-DRB1*04 (11.1%). Among the allelic groups of HLA-DRB1, the frequency of 9 HLA-DRB1 allelic groups showed significant differences in the studied populations.

Conclusions

The frequency of several allelic groups showed significant differences among Iranian ethnicities. Identifying similarities and differences in the frequency of HLA alleles among Iranian ethnicities can help not only expand the pool of donors in registries but also assist in planning for providing of hematopoietic stem cell donors for patients from different Iranian ethnic groups.

Key words: HLA-DRB1, Ethnicity, Iran

Received: 13 May 2024

Accepted: 27 May 2024

Correspondence: Yari F., PhD of Immunology. Professor of Blood Transfusion Research Center, High Institute for Research and Education in Transfusion Medicine.
P.O.Box: 14665-1157, Tehran, Iran. Tel: (+9821) 82052237; Fax: (+9821) 88601555
E-mail: f.yari@ibto.ir

توزیع گروه‌های آللی HLA-DRB1 در اقوام ایرانی

فاطمه یاری^۱، مریم زمان وزیری^۲، نادیا باقری^۳، امیر تیمورپور^۴، فاطمه صباغی^۵، فرزانه مرتضی پور برقی^۶

چکیده

سابقه و هدف

انجام پیوند سلول‌های بنیادی خونساز در بیماران هماتولوژیک نیاز به سازگاری دهنده و گیرنده برای آنتی‌ژن‌های سازگاری نسجی یا HLA دارد. این مطالعه جهت بررسی فراوانی آلل‌های HLA و تنوع ژنتیکی آن‌ها در برخی اقوام ایرانی صورت گرفت تا در بانک HLA ذخیره شده و جهت جستجوی اهداکننده مناسب در پیوند مغز استخوان، مورد استفاده قرار گیرد.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه توصیفی، با استفاده از روش PCR-SSP، آلل‌های HLA-DRB1 مربوط به اهداکنندگان، در وضوح پایین تعیین گردید. با استفاده از داده‌های آزمایشگاهی HLA و نرم‌افزار مرکز سپاس مربوط به اطلاعات اهداکنندگان سلول‌های بنیادی خونساز سازمان انتقال خون، اطلاعات قومیتی و HLA از افراد دارای قومیت‌های گیلک، (n=۵۱۰، ۲۴/۷۰ درصد)، لر (n=۴۶۵، ۲۲/۵۳ درصد)، کرد (n=۷۱۹، ۳۴/۸۴ درصد) و عرب (n=۳۷۰، ۱۷/۹۳ درصد) جمع‌آوری و تجزیه و تحلیل شد. با روش کای دو، رابطه معناداری بین فراوانی آلل‌ها در قومیت‌ها ارزیابی شد (p<۰/۰۵).

یافته‌ها

در گروه‌های آللی لکوس ژنی HLA-DRB1، HLA-DRB1*09 (۰/۶ درصد) و HLA-DRB1*12 (۰/۸ درصد) و HLA-DRB1*08 (۱/۶ درصد) دارای فراوانی پایین بودند. گروه‌های آللی با فراوانی بالا عبارت بودند از HLA-DRB1*11 (۲۲/۷ درصد)، HLA-DRB1*03 (۱۱/۸ درصد)، HLA-DRB1*15 (۱۱/۷ درصد) و HLA-DRB1*04 (۱۱/۱ درصد). از بین این گروه‌های آللی، فراوانی ۹ گروه آللی HLA-DRB1، در اقوام مورد مطالعه، تفاوت معنادار نشان دادند.

نتیجه‌گیری

فراوانی تعدادی از آلل‌ها در بین اقوام ایرانی تفاوت معنادار داشتند. شناسایی شباهت‌ها و تفاوت‌ها در فراوانی آلل‌های HLA بین اقوام ایرانی می‌تواند علاوه بر گسترش بانک اهداکنندگان، در راستای برنامه‌ریزی تأمین اهداکنندگان سلول‌های بنیادی خونساز برای بیماران از اقوام مختلف ایرانی کمک‌کننده باشد.

کلمات کلیدی: HLA-DRB1، قومیت، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۲/۲۴

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۳/۰۷

۱- نویسنده مسئول: PhD ایمونولوژی - استاد مرکز تحقیقات انتقال خون - مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون - تهران - ایران - صندوق پستی: ۱۱۵۷-۱۴۶۶۵

۲- کارشناس ارشد ایمونولوژی - مرکز تحقیقات انتقال خون - مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون - تهران - ایران

۳- دانشجوی دکترای هماتولوژی - مرکز تحقیقات انتقال خون - مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون - تهران - ایران

۴- PhD آمار زیستی - استادیار مرکز تحقیقات انتقال خون - مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون - تهران - ایران

۵- کارشناس ارشد هماتولوژی - مرکز تحقیقات انتقال خون - مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون - تهران - ایران

۶- کارشناس ارشد میکروبیولوژی - مرکز تحقیقات انتقال خون - مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون - تهران - ایران

مقدمه

آنتی‌ژن‌های سازگاری نسجی (MHC Major histocompatibility complex)، پروتئین‌های سطح سلولی هستند که در سیستم ایمنی آدپتیو نقش ضروری ایفا می‌کنند. وراثت MHC از اصول اثبات شده ژنتیک مندلی تبعیت می‌کند. هر فرد دو رونوشت متفاوت از کروموزوم ۶ داشته و دو هاپلوتیپ HLA دارد که هر کدام از آن‌ها را از یکی از والدین دریافت کرده است. محصولات ژنی بیان شده فنوتیپ فرد را تشکیل می‌دهند که با تعیین آنتی‌ژن‌ها یا آلل‌های HLA قابل تعیین است. از آن جایی که ژن‌های HLA به صورت اتوزمال و هم بارز بیان می‌شوند، فنوتیپ، نشانگر بیان تلفیقی هر دو هاپلوتیپ است. با وجود این برای تعریف هاپلوتیپ‌ها، فنوتیپ والدین و احتمالاً سایر اعضای خانواده باید مشخص شود تا بتوان تعیین کرد کدام آلل‌ها با یکدیگر به ارث می‌رسند (۱). آلل‌های جدید HLA همواره در حال کشف و شناسایی هستند، به طوری که تاکنون بیش از ۳۸۰۰۰ آلل HLA شناسایی شده‌اند (۲). اکنون با تعیین توالی DNA و سایر روش‌های مولکولی برای تعیین HLA، با ضریب اطمینان بالاتری می‌توان به هموزیگوت بودن فرد پی برد. با وجود این تعیین هموزیگوت بودن، تنها از طریق مطالعه‌های خانوادگی یا به کارگیری روش‌هایی که امکان تعیین وضعیت هموزیگوت را می‌دهند (یعنی تعیین یک هاپلوتیپ منفرد)، قابل اثبات است. روش‌های شناسایی آنتی‌ژن‌ها و آلل‌های HLA در دو گروه قرار می‌گیرند: روش‌های مولکولی (بر پایه DNA) و روش‌های سرولوژیک (بر پایه آنتی‌بادی). در گذشته سنجش مبتنی بر سلول نیز استفاده می‌شد. تعیین آلل HLA بر پایه استفاده از DNA دارای چندین مزیت در مقایسه با روش‌های سرولوژیک است شامل حساسیت و اختصاصیت بالا و دیگر این که، نیازی به بیان آنتی‌ژن در سطح سلول یا بقای سلول‌های مورد ارزیابی نیست. گرچه روش‌های سرولوژیک می‌تواند تعداد محدودی از ویژگی‌های HLA را تشخیص بدهد، روش‌های بر پایه DNA با وضوح بالا قابلیت شناسایی تمامی آلل‌های شناخته شده را دارند (۱). پیوند سلول‌های بنیادی خونساز (HSCT) به طور فزاینده‌ای به عنوان درمان رایج اختلالات حاد خونی

استفاده می‌شود. در دهه گذشته تقاضا برای پیوند سلول‌های بنیادی خونساز (HSCT) به عنوان یک گزینه درمانی مؤثر برای بسیاری از بدخیمی‌ها، افزایش یافته است. به منظور جلوگیری از بیماری واکنش بافت پیوندی علیه میزبان (GVHD) و تسهیل بازسازی سیستم ایمنی بدن، سازگاری مولکول‌های HLA در لوکوس‌های متعدد لازم می‌باشد و میزان شباهت و سازگاری نزدیک مولکول‌های HLA دهنده و گیرنده دارای تأثیر مستقیم بر پیامد پیوند می‌باشد. در حالی که خواهر یا برادر سازگار از لحاظ HLA، ارجح‌ترین دهنده جهت پیوند می‌باشد، با توجه به شانس تشابه ژنتیکی فرزندان در یک خانواده و با توجه به کوچک شدن خانواده‌ها در بسیاری جوامع، بیش از ۷۰ درصد بیماران نیازمند پیوند سلول‌های بنیادی خونساز نمی‌توانند اهداکننده‌ای با HLA سازگار را در بین افراد خانواده خود یافته و نیازمند دریافت پیوند از اهداکننده داوطلب غیر خویشاوند سازگار که در مرکز پذیره‌نویسی سلول‌های بنیادی ثبت نام کرده است، می‌باشند. سبب و تنوع ژنتیکی یک رجیستری، تعیین‌کننده نسبت بیمارانی است که در آن قادر به یافتن اهداکننده مناسب سازگار هستند (۳). وفور برخی بیماری‌ها با وجود بعضی از آنتی‌ژن‌های HLA ارتباط دارند لذا تعیین این آنتی‌ژن‌ها در بررسی بیماری‌ها حائز اهمیت هستند (۱). از طرف دیگر، داشتن اطلاعاتی در مورد آلل‌های HLA و وفور هاپلوتایپی در قومیت‌های مختلف برای بررسی ژنتیکی و ارتباط بین جمعیت‌ها مفید است (۴-۷). پلی‌مورفیسم بالای HLA بعضاً به عنوان ابزار ارزشمندی برای مطالعه‌های انسان‌شناسی محسوب می‌شود (۸، ۹). در این مطالعه، با انجام روش PCR (استفاده از آغازگرهای ویژه توالی)، تعیین آلل‌های HLA در ۴ قومیت مورد مطالعه انجام شده و مقایسه گروه‌های آلی HLA-DRB1 از نظر فراوانی در قومیت‌های ذکر شده صورت گرفت. داده‌های مربوط به گروه‌های آلی در لوکوس ژنی HLA-A سابق بر این گزارش شد (۱۰).

مواد و روش‌ها

در یک مطالعه توصیفی استخراج DNA با به کارگیری

انتظار تحت فرض استقلال (فرضیه صفر) گزارش شد. مقادیر قدر مطلق باقی مانده استاندارد شده بالاتر از ۲ نشان دهنده اختلاف معنادار در سطح ۰/۰۵ بین مقادیر مشاهده شده با مقادیر مورد انتظار تحت فرض استقلال (فرض صفر) می باشد. لازم به توضیح است که علامت های منفی معرف پایین تر و علامت های مثبت معرف بالاتر بودن مقدار مشاهده شده از مقدار مورد انتظار است. در این مطالعه کلیه تجزیه و تحلیل آماری با نرم افزار R انجام شد.

یافته ها

توزیع جنسی و سنی اهداکنندگان از ۴ قومیت ایرانی در جدول قابل مشاهده است (جدول ۱). عمده داوطلبین اهدا مرد بوده و در محدوده سنی ۴۰-۳۱ سال قرار داشتند. بیشترین فراوانی آلیلی در جمعیت کلی مورد مطالعه عبارت بود از: HLA-DRB1*11، ۲۲/۷ درصد و HLA-DRB1*03، ۱۱/۸ درصد، برای HLA-DRB1*15، ۱۱/۷ درصد و برای HLA-DRB1*04، ۱۱/۱ درصد. کمترین فراوانی در گروه های آلیسی HLA-DRB1*08، HLA-DRB1*12 و HLA-DRB1*09، به ترتیب فراوانی ۱/۶، ۰/۸ و ۰/۶ مشاهده شد (جدول ۲).

جدول ۱: توزیع جنسی (a) و سنی (b) اهداکنندگان از ۴ قومیت ایرانی مشاهده می شود. (a) قومیت*جنسیت

جمع	جنسیت		عرب	کرد	گیلک	لر	جمع
	زن	مرد					
۳۷۰	۴	۳۶۶					قومیت
۷۱۹	۹۱	۶۲۸					
۵۱۰	۵۶	۴۵۴					
۴۶۵	۱۸	۴۴۷					
۲۰۶۴	۱۶۹	۱۸۹۵					

بید مغناطیسی و کیت استخراج DNA (MagCore Automated Nucleic Acid Extractor، سوئیس) از باقی کورت با استفاده از ابزار اتوماتیک استخراج انجام شد. استخراج مغناطیسی روشی ساده، اتوماتیک و بسیار کارآمد برای جداسازی مولکول های بیولوژیکی است که در آن، ذرات مغناطیسی با هسته سیلیکون با لایه هایی از مواد پارامغناطیس استفاده می شوند.

روش SSP، روشی مهم در تعیین HLA است که در آن از جفت آغازگرهای اختصاصی ویژه توالی استفاده می شود. این روش به صورت multiplex و انجام چندین واکنش PCR با به کارگیری کنترل داخلی (معمولاً ژن هورمون رشد) صورت گرفت که در آن هر واکنش برای یک آلل خاص یا گروهی از آلل ها اختصاصی بود. پس از الکتروفورز روی ژل آگارز، آلل های تکثیر شده با تابش UV مستقیماً قابل مشاهده شدند. از آن جایی که آغازگرهای SSP، توالی های هدف اختصاصی دارند، محصول تکثیر نشان دهنده وجود آلل یا آلل هایی است که آن توالی را واجد هستند (۱). برای هر نمونه یک کیت استفاده شد و هر کیت تعیین HLA-ABDR واجد ۹۶ میکروتیوب بود که در هر میکروتیوب، آغازگرهای ویژه توالی مربوط به HLA و همچنین آغازگرهای کنترل داخلی وجود داشتند. در این مطالعه، کیت های HLA-typing از شرکت های Olerup (کشور سوئد) به عنوان کیت اصلی و Innotrains (کشور آلمان) به عنوان کیت دوم جهت رفع موارد ابهام، استفاده شد. هر کیت ABDR، دارای ۹۶ واکنش PCR بود. ۲۴ واکنش جهت تعیین HLA-A، ۴۸ واکنش جهت تعیین HLA-B و ۲۴ واکنش جهت تعیین HLA-DRB1 استفاده شد. از دستگاه PCR thermal cycler شرکت بیومترا کشور آلمان در این مطالعه استفاده شد.

تحلیل آماری:

به منظور ارزیابی ارتباط بین قومیت و فراوانی آلل در جمعیت مورد مطالعه، از آزمون مجذور کای و در صورت نیاز از آزمون دقیق فیشر استفاده شد. باقیمانده های استاندارد شده به منظور تشخیص افزایش یا کاهش معنادار در فراوانی مشاهده شده آلل در مقایسه با فراوانی مورد

(b) توزیع سنی اهداکنندگان

میزان (۰/۹۸ درصد) را نشان داد (جدول ۳).

جدول ۲: فراوانی آلل‌های HLA-DRB1 در جمعیت کلی مورد مطالعه

HLA-DRB1*	فراوانی	درصد
۰۱	۲۴۰	۵/۸
۰۳	۴۸۷	۱۱/۸
۰۴	۴۶۰	۱۱/۱
۰۷	۳۸۱	۹/۲
۰۸	۶۴	۱/۶
۰۹	۲۵	۰/۰۶
۱۰	۱۶۵	۴/۰
۱۱	۹۳۷	۲۲/۷
۱۲	۳۵	۰/۸
۱۳	۳۷۲	۹/۰
۱۴	۲۲۶	۵/۵
۱۵	۴۸۵	۱۱/۷
۱۶	۲۵۱	۶/۱
جمع	۴۱۲۸	۱۰۰/۰

رده سنی	فراوانی	فراوانی (درصد)	جمع (درصد)
۲۰-۲۵	۹۷	۴/۷۰	۴/۷۰
۲۶-۳۰	۲۸۱	۱۳/۶۱	۱۸/۳۱
۳۱-۳۵	۵۳۲	۲۵/۷۸	۴۴/۰۹
۳۶-۴۰	۵۱۲	۲۴/۸۱	۶۸/۹۰
۴۱-۴۵	۳۲۵	۱۵/۷۵	۸۴/۶۴
۴۶-۵۰	۲۲۲	۱۰/۷۶	۹۵/۴۰
>۵۱	۹۵	۴/۶۰	۱۰۰/۰۰
جمع	۲۰۶۴		

در بین قومیت‌های مختلف مورد مطالعه، تفاوت فراوانی آلل‌های HLA-DRB1، معنادار بود (جدول ۳). به عنوان مثال، HLA-DRB1*11، که بیشترین فراوانی را در جمعیت کلی دارد، بیشترین تفاوت را در بین اقوام نشان می‌دهد. بیشترین فراوانی این آلل در جمعیت لر (۳۰/۲۲ درصد) و کمترین آن در نژاد گیلک (۱۳/۶۳ درصد) مشاهده شد. در مورد HLA-DRB1*09 که کمترین فراوانی را در جمعیت کلی مورد مطالعه داشت، این فراوانی در نژاد لر کمترین میزان (۰/۱۱ درصد) و در نژاد گیلک بیشترین

فراوانی گروه‌های آللی HLA-DRB1 در جمعیت کلی مورد مطالعه از قومیت‌های ایران: گیلک (n= ۵۱۰)، لر (n= ۴۶۵)، کرد (n= ۷۱۹) و عرب (n= ۳۷۰)

جدول ۳: نتایج مقایسه توزیع فراوانی گروه‌های آللی در لکوس ژنی HLA-DRB1 در ۴ قومیت لر، گیلک، عرب و کرد

نام	قومیت	آلل	N (درصد)	مقادیر باقی مانده استاندارد شده	Chi-square (df)	p-value
HLA-DRB1*01	لر	بله	۴۲ (۴/۵۲)	-۱/۸۴	۱۵/۸۹ (۳)	۰/۰۰۱
		خیر	۸۸۸ (۹۵/۴۸)	۱/۸۴۹۲		
	گیلک	بله	۸۲ (۸/۰۴)	۳/۶		
		خیر	۹۳۸ (۹۱/۹۶)	-۳/۶		
	عرب	بله	۳۱ (۴/۱۹)	-۲/۰۲		
		خیر	۷۰۹ (۹۵/۸۱)	۲/۰۲		
کرد	بله	۸۵ (۵/۹۱)	-۰/۰۲			
	خیر	۱۳۹۵ (۹۴/۰۹)	-۰/۰۲			
HLA-DRB1*03	لر	بله	۹۷ (۱۰/۴۳)	-۱/۴۷	۴۵/۵۳ (۳)	<۰/۰۰۱
		خیر	۸۳۳ (۸۹/۵۷)	۱/۴۷		

				بله	گیلیک	
			۳/۹۵	(۸/۳۳) ۸۵	خیر	
			۶/۲۵	(۱۸/۵۱) ۱۳۷	بله	عرب
			-۶/۲۵	(۸۱/۴۹) ۶۰۳	خیر	
			-۰/۱۷	(۱۱/۶۸) ۱۶۸	بله	کرد
			۰/۱۷	(۸۸/۳۲) ۱۲۷۰	خیر	
			-۳/۱۵	(۸/۲۸) ۷۷	بله	لر
			۳/۱۵	(۹۱/۷۲) ۸۵۳	خیر	
			۳/۲۵	(۱۳/۹۲) ۱۴۲	بله	گیلیک
			-۳/۲۵	(۸۶/۰۸) ۸۷۸	خیر	
			۲/۲۶	(۱۳/۸۱) ۱۰۰	بله	عرب
			-۲/۲۶	(۸۶/۴۹) ۶۴۰	خیر	
			-۲/۰۰	(۹/۸۱) ۱۴۱	بله	کرد
			۲/۰۰a	(۹۰/۱۹) ۱۲۹۷	خیر	
			-۲/۴۲	(۷/۲) ۶۷	بله	لر
			۲/۴۲	(۹۲/۸) ۸۶۳	خیر	
			-۱/۱۴	(۸/۳۳) ۸۵	بله	گیلیک
			۱/۱۴	(۹۱/۶۷) ۹۳۵	خیر	
			۶/۲۷	(۱۵/۲۷) ۱۱۳	بله	عرب
			-۶/۲۷	(۸۴/۷۳) ۶۲۷	خیر	
			-۱/۸۹	(۸/۰۷) ۱۱۶	بله	کرد
			۱/۸۹	(۹۱/۹۳) ۱۳۲۲	خیر	لر
			-۰/۱۳	(۱/۵۱) ۱۴	بله	لر
			۰/۱۳	(۹۸/۴۹) ۹۱۶	خیر	
			-۱/۷	(۰/۹۸) ۱۰	بله	گیلیک
			۱/۷	(۹۹/۰۲) ۱۰۱۰	خیر	
			-۰/۴۸	(۱/۳۵) ۱۰	بله	عرب
			۰/۴۸	(۹۸/۶۵) ۷۳۰	خیر	
			۲/۰۴	(۲/۰۹) ۳۰	بله	کرد
			-۲/۰۴	(۹۷/۹۱) ۱۴۰۸	خیر	
			-۲/۲۲	(۰/۱۱) ۱	بله	لر
			۲/۲۲	(۹۹/۸۹) ۹۲۹	خیر	
			۱/۷۸	(۰/۹۸) ۱۰	بله	گیلیک
			-۱/۷۸	(۹۹/۰۲) ۱۰۱۰	خیر	
			-۱/۳	(۰/۲۷) ۲	بله	عرب
			۱/۳	(۹۹/۷۳) ۷۳۸	خیر	
			۱/۳۹	(۰/۸۳) ۱۲	بله	کرد
			-۱/۳۹	(۹۹/۱۷) ۱۴۲۶	خیر	

۰/۰۰۵	(۳) ۱۲/۹۸	-۰/۹۸	۳۲ (۳/۴۴)	بله	HLA-DRB1*10
		۰/۹۸	۱۹۸ (۹۶/۵۶)	خیر	
		۳/۵۴	۶۰ (۵/۸۸)	بله	
		-۳/۵۴	۹۶۰ (۹۴/۱۲)	خیر	
		-۱/۵۷	۲۲ (۲/۹۷)	بله	
		۱/۵۷	۷۱۸ (۹۷/۰۳)	خیر	
<۰/۰۰۱	(۳) ۹۳/۱۳	-۱/۰۸	۵۱ (۳/۵۵)	بله	HLA-DRB1*11
		۱/۰۸	۱۳۸۷ (۹۶/۴۵)	خیر	
		۶/۲۲	۲۸۱ (۳۰/۲۲)	بله	
		-۶/۲۲	۶۴۹ (۶۹/۷۸)	خیر	
		-۷/۹۷	۱۳۹ (۱۳/۶۳)	بله	
		۷/۹۷	۸۸۱ (۸۶/۳۷)	خیر	
۰/۳۷۴	(۳) ۳/۱۲	-۲/۶۱	۱۴۱ (۱۹/۰۵)	بله	HLA-DRB1*12
		۲/۶۱	۵۹۹ (۸۰/۹۵)	خیر	
		۳/۸۷	۳۷۶ (۲۶/۱۵)	بله	
		-۳/۸۷	۱۰۶۲ (۷۳/۸۵)	خیر	
		-۱/۴۴	۵ (۰/۴۹)	بله	
		۱/۴۴	۱۰۱۵ (۹۹/۵۱)	خیر	
۰/۳۴۴	(۳) ۳/۳۲۷	۱/۲۱	۹ (۱/۲۲)	بله	HLA-DRB1*13
		-۱/۲۱	۷۳۱ (۹۸/۷۸)	خیر	
		۰/۶۴	۱۴ (۰/۹۷)	بله	
		-۰/۶۴	۱۴۲۴ (۹۹/۰۳)	خیر	
		۰/۴۲	۸۷ (۹/۳۵)	بله	
		-۰/۴۲	۸۴۳ (۹۰/۶۵)	خیر	
<۰/۰۰۱	(۳) ۱۶/۶۹۹	۰/۷۷	۹۸ (۹/۶۱)	بله	HLA-DRB1*14
		-۰/۷۷	۹۲۲ (۹۰/۳۹)	خیر	
		-۱/۸	۵۴ (۷/۳)	بله	
		۱/۸	۶۸۶ (۹۲/۷)	خیر	
		۰/۳۴	۵۳ (۵/۷)	بله	
		-۰/۳۴	۱۱۷۷ (۹۴/۳)	خیر	
۰/۳۷۴	(۳) ۳/۱۲	۳/۵۱	۷۸ (۷/۶۵)	بله	HLA-DRB1*14
		-۳/۵۱	۹۴۲ (۹۲/۳۵)	خیر	
		-۲/۷۷	۲۵ (۳/۳۸)	بله	
		۲/۷۷	۷۱۵ (۹۶/۶۲)	خیر	

کرد	بله	۷۰ (۴/۸۷)	-۱/۲۵	۱/۲۵	۱۳۶۸ (۹۵/۱۳)
	خیر				
لر	بله	۱۰۱ (۱۰/۸۶)	-۰/۹۶	۰/۹۶	۸۲۹ (۸۹/۱۴)
	خیر				
گیلک	بله	۱۲۸ (۱۲/۵۵)	۰/۹۱	۰/۹۱	۱۸۹۲ (۸۷/۴۵)
	خیر				
عرب	بله	۸۲ (۱۱/۰۸)	-۰/۶۲	۰/۶۲	۶۵۸ (۸۸/۹۲)
	خیر				
کرد	بله	۱۷۴ (۱۲/۱)	۰/۵۱	۰/۵۱	۱۲۶۴ (۸۷/۹)
	خیر				
لر	بله	۷۱ (۷/۶۳)	۲/۲۵	-۲/۲۵	۸۵۹ (۹۲/۳۷)
	خیر				
گیلک	بله	۹۸ (۹/۶۱)	۵/۴۳	-۵/۴۳	۹۲۲ (۹۰/۳۹)
	خیر				
عرب	بله	۱۴ (۱/۸۹)	-۵/۲۶	۵/۲۶	۷۲۶ (۹۸/۱۱)
	خیر				
کرد	بله	۶۸ (۴/۷۳)	-۲/۶۶	۲/۶۶	۱۳۷۰ (۹۵/۲۷)
	خیر				
* Fisher exact test					

تفسیر نتایج جدول ۳:

به منظور تفسیر نتایج آنالیز، ابتدا باید به مقدار احتمال گزارش شده در جدول اشاره کرد، در این مورد $p < 0/05$ نشان‌دهنده وجود رابطه معنادار بین دو متغیر است. اگر رابطه معناداری مشاهده بشود، ابتدا به همراه مقدار احتمال ذکر می‌شود که رابطه معناداری بین آلل و نژاد وجود دارد سپس می‌توان مشخص نمود که فراوانی آلل در کدام نژاد بالاتر یا در کدام نژاد پایین‌تر است. برای این منظور به ستون مقادیر باقی‌مانده استاندارد شده (standardized Residuals) توجه می‌شود. با توجه به این ستون قدر مطلق مقادیر این ستون را در نظر گرفته و مقادیری که بالاتر از ۲ باشند، معرف این است که مقدار فراوانی مشاهده شده با مقدار فراوانی مورد انتظار تحت فرض صفر، تفاوت معناداری دارد. فرض صفر، استقلال متغیر نژاد و HLA و فرض مقابل وجود وابستگی بین متغیر نژاد و HLA می‌باشد. در مورد مقادیر قدر مطلق باقی‌مانده استاندارد شده، به علامت مثبت و منفی اعداد بالاتر از ۲ توجه

می‌نماییم. مقادیر مثبت، معرف این است که فراوانی مشاهده شده به صورت معناداری بالاتر از فراوانی مورد انتظار تحت فرض صفر (استقلال) است و برای مقادیر منفی نشان می‌دهد که فراوانی مشاهده شده به صورت معناداری پایین‌تر از مقدار مورد انتظار تحت فرض صفر است.

بحث

در این مطالعه در ۴ قومیت لر، گیلک، کرد و عرب ایران اقدام به بررسی پلی‌مورفیسم لکوس ژنی HLA-DRB1 گردید. فراوانی گروه‌های آللی در این جمعیت‌ها مشخص شده و با یکدیگر مقایسه شد. نتیجه نشان‌دهنده آن بود که در قومیت‌های مورد مطالعه، آلل‌های با فراوانی پایین عبارت بودند از HLA-DRB1*09 (۰/۶ درصد) و HLA-DRB1*12 (۰/۸ درصد) و HLA-DRB1*08 (۱/۶ درصد). گروه‌های آللی با فراوانی بیشتر عبارت بودند از HLA-DRB1*11 (۲۲/۷ درصد)، HLA-DRB1*03 (۱۱/۸ درصد) و HLA-DRB1*15 (۱۱/۷ درصد) و HLA-

این مطالعه هم‌خوانی دارد (۱۲). در حالی که یافته‌های خزایی و همکاران در سال ۲۰۰۷ در خصوص فراوانی HLA-DR11 (۴۳/۶۶ درصد) و HLA-DR4 (۳۰/۹۹ درصد) در قوم بلوچ، با درصد فراوانی آلی در جمعیت کل مطالعه ما، در خصوص DRB1*11 (۲۲/۷ درصد) و DRB1*04 (۱۱/۱ درصد) تفاوت فاحشی نشان می‌دهد که می‌تواند مربوط به روش تعیین HLA توسط این محققین باشد (۱۳). آن‌ها از روش سرولوژیک استفاده کرده و این مطالعه از روش PCR استفاده نموده است. دکتر نیک‌بین و همکاران در مطالعه‌ای که در استان یزد انجام دادند، فراوانی آل‌های شایع HLA-DRB1 را به شرح زیر اعلام نمودند: HLA-DRB1*11 با فراوانی ۲۴/۴ درصد و HLA-DRB1*15، ۱۳/۳ درصد که با نتایج جمعیت کل مورد مطالعه ما هم‌خوانی نشان می‌دهد (۱۴). با این حال فراوانی برخی آل‌های دیگر متفاوت است. به عنوان مثال، برای HLA-DRB1*04، این فراوانی در جمعیت کل مطالعه ما ۱۱/۱ درصد و نیک بین ۷/۲۲ درصد است که می‌تواند مربوط به اختلاف قومیتی باشد.

آنتی‌ژن‌های HLA به عنوان نشانگرهای رابطه ژنتیکی در میان جمعیت‌ها و ابزار مولکولی مفید برای انسان‌شناسان در نظر گرفته می‌شوند. دکتر فرجادیان با تجزیه و تحلیل مولکولی پلی‌مورفیسم ژن HLA کلاس II در ۸۱۶ نمونه DNA از ۱۱ قوم ایرانی، علاوه بر بررسی رابطه ژنتیکی ایرانیان و اقوام آسیایی و اروپایی، این رابطه ژنتیکی را در میان زیر جمعیت‌های ایرانی نیز بررسی و ارتباط نزدیک آنان را نشان داد (۹). تفاوت مطالعه فرجادیان و این مطالعه از چند جنبه می‌باشد. در مطالعه فرجادیان، تعداد نمونه از ۱۱ قومیت در محدوده ۱۰۰-۵۰ نمونه در هر قومیت قرار داشته و وضوح مطالعه، در سطح آللیک و فیلد دوم می‌باشد در حالی که در این مطالعه، از قومیت‌های گیلک، لر، کرد و عرب در محدوده ۳۷۰-۷۱۹ نمونه استفاده کرده و از نظر میزان وضوح، فیلد اول یا وضوح پایین است. به علاوه، در مطالعه فرجادیان به بررسی پلی‌مورفیسم آل‌های مربوط به HLA کلاس II شامل DRB1 و DQ پرداخته شده در حالی که این مطالعه HLA کلاس I و HLA کلاس II (DRB1) را به صورت

DRB1*04 (۱۱/۱ درصد). از بین گروه‌های آلی مختلف، فراوانی ۹ گروه آلی HLA-DRB1، در اقوام لر، گیلک، عرب و کرد، تفاوت معنادار نشان دادند ($p < 0.05$). در صورت وجود رابطه معنادار بین آل و نژاد می‌توان مشخص نمود که فراوانی آل در کدام نژاد بالاتر یا در کدام نژاد پایین‌تر است. برای این منظور، مطابق توضیحات ارائه شده در انتهای جدول ۳ به ستون مقادیر باقی‌مانده استاندارد شده توجه می‌شود.

در برخی مطالعه‌های قبلی در خصوص جمعیت ایران گزارش‌هایی مبنی بر فراوان‌ترین گروه آلی در مورد لکوس ژنی DRB1 (DRB1*11) وجود دارد، که با مطالعه حاضر هم‌خوانی کامل دارد مانند مطالعه یاری و همکاران که بر روی ۴۶۶ فرد سالم ایرانی در سال ۲۰۰۸ اعلام شد (۱۱). آن‌ها فراوانی DRB1*11 را ۲۰٪ گزارش نمودند که با نتیجه این مطالعه در جمعیت کل (۲۲/۷٪) هم‌خوانی خوبی نشان می‌دهد. همین‌طور این هم‌خوانی برای آل‌های شایع دیگر HLA-DRB1 نیز وجود دارد.

فراوانی آلی برای DRB1*03، DRB1*13، DRB1*15، DRB1*04 و DRB1*07 در مطالعه یاری به ترتیب عبارت بود از: ۱۱/۴٪، ۱۱/۴٪، ۱۰/۷٪، ۱۰٪، ۸/۳٪ و این مقادیر در مطالعه حاضر به ترتیب ۱۱/۷٪، ۹٪، ۱۱/۸٪، ۱۱/۱٪ و ۹/۲٪ به دست آمد.

گزارش در خصوص DRB1*11 در مطالعه‌های دیگری در خصوص جمعیت‌های دیگر ایران وجود دارد. دکتر شایگان در سال ۲۰۱۱ به بررسی فراوانی آلی در لکوس‌های ژنی HLA-A، -B، -DRB1 در ۲۴۴ فرد با قومیت فارس پرداخت. فراوانی آلی گزارش شده توسط ایشان با یافته‌های ما در جمعیت کل مورد مطالعه و در گروه‌های آلی با فراوانی بیشتر، توافق دارد (۵). همین‌طور، یافته‌های دکتر فرجادیان و همکاران در ۷۲ نفر از جمعیت فارس از نقطه نظر آل‌های DRB1*11 و DRB1*15 با یافته‌های ما در جمعیت کل مورد مطالعه هم‌خوانی دارد (۸).

عابدینی و همکاران در یک مطالعه متاآنالیز، فراوانی DRB1*11 و DRB1*15 را در مطالعه‌های مربوط به ایران، به ترتیب ۲۴ درصد و ۱۳ درصد اعلام نمودند که با نتایج

تحقیقات و فناوری وزارت بهداشت، درمان و آموزش پزشکی با شماره قرارداد ۷۰۰/۱۷۵۵ می‌باشد.

ملاحظات اخلاقی

این مطالعه، با کد اخلاق IR.TMI.REC.1397.026 اخذ شده در مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون می‌باشد.

عدم تعارض منافع

هیچ‌گونه تعارض منافع در مطالعه حاضر وجود ندارد.

نقش نویسندگان

دکتر فاطمه یاری: طراحی مطالعه، نگارش و ویرایش مقاله، نظارت بر انجام آزمایش‌ها
دکتر امیر تیمورپور: انجام تجزیه و تحلیل آماری
نادیا باقری: تفسیر آزمایش‌ها و جمع‌آوری داده‌ها
مریم زمان وزیری، فاطمه صباغی و فرزانه مرتضی‌پور برفی: انجام و تفسیر آزمایش‌ها

تشکر و قدردانی

از سازمان انتقال خون ایران و مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون ایران جهت امکان‌پذیری تصویب و انجام این مطالعه تشکر می‌گردد.

هم‌زمان بررسی نموده است. مقایسه نتایج در مورد اقوام بررسی شده (مشترک) در دو مطالعه غالباً نشان‌دهنده همخوانی نتایج می‌باشد به عنوان مثال هر دو مطالعه نشان‌دهنده بالا بودن فراوانی DRB1*07 در قومیت عرب و همین‌طور بالا بودن فراوانی DRB1*11 در دو قومیت کرد و لر می‌باشند. از طرفی، ژن‌های HLA با بیماری‌ها از جمله بیماری‌های عفونی در ارتباط می‌باشند. در این رابطه برخی از آلل‌های HLA مستعدکننده و برخی باعث مقاومت در رابطه با بیماری خاص می‌شوند که با این مطالعه مرتبط نبوده اما زمینه تحقیقات دیگر قرار گرفته است (۱۶، ۱۵).

نتیجه‌گیری

شناسایی فراوانی آلل‌های HLA در قومیت‌های مختلف، می‌تواند شباهت‌ها و تفاوت‌ها در گروه‌های آلی را در آن قومیت‌ها مشخص نماید. این شناسایی می‌تواند در پیش‌بینی و طراحی یک برنامه بهتر برای توسعه مراکز اهدای سلول‌های بنیادی در استان‌های مختلف کشور مؤثر باشد. در آینده، این اطلاعات اساسی بی‌شک منجر به کاربردهای بالینی جدید در مباحث پیوند، ایجاد واکسن و بیماری‌های عفونی خواهد شد.

حمایت مالی

این مقاله، نتیجه یک طرح پژوهشی مصوب معاونت

References:

- Eisenbrey AB, Kopko PM. The HLA System. In: Technical Manual. 20th ed. USA: AABB; 2020. p. 479-99.
- HLA Alleles Numbers; March 2024. Available from: <https://hla.alleles.org/nomenclature/stats.html>.
- Shaiegan M, Zolfaghari Anaraki S. Unrelated stem cell donor registries in the world and Iran. Sci J Iran Blood Transfus Organ 2014; 11(2): 164-76. [Article in Farsi]
- Farjadian S, Naruse T, Kawata K, Ghaderi A, Bahram S, Inoko H. Molecular analysis of HLA allele frequencies and haplotypes in Baloch of Iran compared with related populations of Pakistan. Tissue Antigens 2004; 64(5): 581-7.
- Shaiegan M, Yari F, Abolghasemi H, Bagheri N, Paridar M, Heidari A, et al. Allele Frequencies of HLA-A, B and DRB1 among People of Fars Ethnicity Living in Tehran. IJBC 2011; 4: 55-9.
- Arab M, Pourpak Z, Mohammadian S, Zare A, Shakiba Y, Shokouhi Shoormasti R, et al. The Frequency of Human Leukocyte Antigen Class I and II Alleles and the Relationship Between Haplotypes in Gilaks Population of Iran. Immunoregulation 2019; 2: 57-66.
- Ghafouri-Fard S, Mahmud Hussen B, Pashmforoush S, Taghi Akbari M, Arsang-Jang S, Nazer N, et al. HLA alleles and haplotype frequencies in Iranian population. Hum Antibodies 2022; 30(2): 79-96.
- Farjadian S, Moqadam FA, Ghaderi A. HLA class II gene polymorphism in Parsees and Zoroastrians of Iran. Int J Immunogenet 2006; 33(3): 185-91.
- Farjadian S, Ota M, Inoko H, Ghaderi A. The genetic relationship among Iranian ethnic groups: an anthropological view based on HLA class II gene polymorphism. Mol Biol Rep 2009; 36(7): 1943-950.
- Yari F, Bagheri B, Teimurpour A, Zaman-Vaziri M, Sabaghi F, Mortezapour Barfi F. Frequency of rare HLA-A allelic groups in Gilak, Lur, Kurdish and Arab ethnic groups of Iran. Sci J Iran Blood Transfus Organ 2022; 19 (3): 191-9. [Article in Farsi]
- Yari F, Sobhani M, Sabaghi F, Zaman - Vaziri M,

- Bagheri N, Talebian A. Frequencies of HLA-DRB1 in Iranian normal population and in patients with Acute Lymphoblastic Leukemia. Arch Med Res 2008; 39(2): 205-8.
- 12- Abedini F, Rahmanian N, Heidari Z, Feizi A, Sherkat R, Rezaei M. Diversity of HLA class I and class II alleles in Iran populations: Systematic review and Meta-Analysis. Transpl Immunol 2021; 69: 101472.
- 13- Khazaei HA, Rezaei N, Aghamohammadi A, Amirzargar AA. Human Leukocyte Antigen Profile of Two Ethnic Groups in Southeast of Iran. Iran J Allergy Asthma Immunol 2007; 6(4): 223-46.
- 14- Nikbin B, Nicknam MH, Hadinedoushan H, Ansaripour B, Moradi B, Yekaninejad M, et al. Human Leukocyte Antigen (HLA) Class I and II Polymorphism in Iranian Healthy Population from Yazd Province. Iran J Allergy Asthma Immunol 2017; 16(1): 1-13.
- 15- Mashayekhi P, Omrani MD, Yassin Z, Dehghanifard A, Ashouri L, Aghabozorg Afjeh SS, Shabanzadeh Z. Influence of HLA-A, -B, -DR Polymorphisms on the Severity of COVID-19: A Case-Control Study in the Iranian Population. Arch Iran Med 2023; 26(5): 261-6.
- 16- Eimanzadeh M, Mohebbali M, Zarrabi M, Rahimi Foroushani A, Kazemi M, Hajjaran H *et al.* The Association of Human Leucocyte Antigen (HLA) Class I and II Genes with Cutaneous and Visceral Leishmaniasis in Iranian Patients: A Preliminary Case-Control Study. Iran J Parasitol 2023; 18: 155-64.