

Frequency and heterozygosity of 10 STR markers linked to the HLA-gene-cluster for bone marrow transplants

^{1,2}Paanti Fouladi-²Zohreh Sharifi-²Soudeh Kianfar-²Marziyeh Mojbafan-²Faezeh Rahiminejad-²Atefeh Joudaki -² Mohammad Sadegh Fallah - ²Seyed Mehdi Shafaat-^{2,3}Sirous Zeinali

1-Islamic Azad University of Damghan

2-Kawsar Human Genetics Research Center

3-Biotechnology Reseach Center,Pasteur Institute of Iran

Paanti76fouladi@gmail.com

Abstract

HLA cluster genes are inherited like haplotype groups, so in most of the cases the best donor/donors in a family are siblings. Usually selection of the appropriate donor is done by HLA typing. So in this project, we used STR markers of the HLA cluster genes to identify polymorphism in each site. First of all we selected 10 STR markers from different websites. Then we tried to set up a Multiplex PCR reaction to amplify different STR markers in a single reaction. The next step was differentiation of PCR products by capillary electrophoresis. Finally by drawing haplotype analysis and check each STR we were able to define different alleles and their heterozygosity. In our study of 100 individuals person or 200 alleles heterozygosity showed as TS273 72%,TS246 68%, 1S281 35%, 1S292 57% , 3S320 78%,3S321 52%,2S328 69%< 2S344 39%,CS383 88%,CS404 32% which in over 80% of STRs 2 alleles form were observed in more than 50% sites .In order, Telomer site with 70%,Class III 65%,Centromer 65%,Class II 54% and Class I with 46% showed heterozygosity. Therefore using linked STR markers to the HLA cluster genes, is a rapid and appropriate method for bone marrow transplantation.

Key words: transplant, STR, HLA, haplotype

بررسی فراوانی و هتروزیگوسیتی ۱۰ نشانگر STR متصل به خوشه ژنی HLA جهت پیوند

مغز استخوان

^{۱،۲} پانته فولادی - آزهره شریفی - سوده کیانفر - مرضیه موج بافان - فائزه رحیمی نژاد - عاطفه جودکی - محمد صادق فلاح - آسید

مهدی شفاعت - سیروس زینلی

۱- دانشگاه آزاد اسلامی واحد دامغان

۲- مرکز تحقیقات ژنتیک انسانی کوثر

۳- انستیتو پاستور ایران، مرکز تحقیقات بیوتکنولوژی

Paanti76fouladi@gmail.com

چکیده:

بهترین افراد جهت پیوند به شخص نیازمند، برادر و خواهر یک فرد مبتلاء هستند، چرا که جایگاه HLA به شکل یک مجموعه (هاپلوتیپ) از هر والد به ارث می رسد. در اکثر موارد شناسایی تطابق HLA به صورت جزئی و یا کامل از طریق انجام HLA Typing والدین، خواهر یا برادر صورت می گیرد. به همین دلیل ما در این تحقیق با بررسی فراوانی توالی تکراری کوتاه STR (Short Tandem Repeat) قرار گرفته در سرتاسر کمپلکس HLA، پلی مورف بودن هر محل را مشخص کردیم. در این زمینه ابتدا STR ۱۰ متصل به خوشه ژنی HLA به کمک نرم افزارهای مربوطه شناسایی و سپس Multiplex PCR را برای STRهای هدف بهینه سازی نمودیم. پس از آن جداسازی محصولات PCR با استفاده از روش الکتروفورز موئی انجام شد. نهایتاً با رسم هاپلوتیپ افراد و بررسی تک تک محلها توانستیم فرم های آلی و هتروزیگوسیتی هر محل را بیابیم. با بررسی ۱۰۰ نمونه یا ۲۰۰ آلل، محل TS273 ۷۲٪، TS246 ۶۸٪، 1S281 ۳۵٪، 1S292 ۵۷٪، 3S320 ۷۸٪، 3S321 ۵۲٪، 2S328 ۶۹٪، 2S344 ۳۹٪، CS383 ۸۸٪، CS404 ۳۲٪ هتروزیگوسیتی را نشان دادند که در ۸۰٪ محلها بالای ۵۰٪ دو فرم آلی مشاهده شده است. بترتیب، محل تلومر ۷۰٪، کلاس ۳ ۶۵٪، سانترومر ۶۰٪، کلاس ۲ ۵۴٪ و کلاس ۱ با ۴۶٪ هتروزیگوسیتی را نشان دادند. بنابراین استفاده از پیوستگی ژنی با استفاده از STR های متصل به خوشه ژنی HLA، روش تشخیصی سریع و مناسبی برای پیوند مغز استخوان به شمار می آید.

کلمات کلیدی: پیوند، STR، HLA، هاپلوتیپ