

**ИЗСЛЕДВАНЕ НА ПОЛИМОРФИЗМА НА НЕКЛАСИЧЕСКИТЕ HLA КЛАС Ib ГЕНИ
(HLA-E, -F, -G, -H, MICA И MICB) ПРИ ЗДРАВИ ИНДИВИДИ ОТ БЪЛГАРСКАТА ПОПУЛАЦИЯ**

Бушра Ал Хадра¹, Цветелин Луканов^{1,2}, Илина Тодорова², Лидия Цицелкова², Антоанета
Недялкова², Елисавета Наумова^{1,2}, Милена Иванова^{1,2}

¹*Катедра по клинична имунология, Медицински Факултет, Медицински университет, София*

²*Клиника по клинична имунология с банка за стволови клетки, УМБАЛ „Александровска”,
София*

Цел: HLA алелния полиморфизъм е изследван в редица популации по света, като данните за неklasическите HLA клас I (E, -F, -G, H) и клас I свързаните MICA и MICB гени са по-ограничени в сравнение с класическите HLA. Целта на настоящото проучване е за пръв път да бъдат определени алелните и хаплотипни честоти на неklasическите HLA клас Ib гени при здрави индивиди от българската популация чрез използване на нова технология секвениране от следващо поколение (NGS).

Материал и методи: В проучването са включени 63 здрави индивида от българската популация с известни HLA клас I и II генотипи. Генотипизирането на неklasическите HLA клас Ib гени се извърши посредством нова технология NGS секвениране - AlloSeq Tx 17 (CareDx).

Резултати: Очаквано най-голяма степен на полиморфизъм се наблюдава при MIC гените – 16 MICA алела, сред които с най-висока честота е MICA*008:01 и 13 MICB алела, сред които най-често срещан е MICB*002:01. Сред неklasическите клас I гени се наблюдават пет основни алелни групи: HLA-E*01, -F*01, -G*01, -H*01 и -H*02. Най-полиморфен се оказва HLA-H локуса с установени 11 алела, като с най-висока честота е H*01:01:01 алела. Установена е статистически значима, глобална неравновесна скаченост между HLA-A и неklasическите HLA-E, -F, -G и H локуси, както и между HLA-B локуса и клас I свързаните MICA и MICB. Извършен е хаплотипен анализ между неklasическите HLA клас Ib гени и класическите HLA клас I. Определени са разгърнати хаплотипи.

Заклучение: Настоящото пилотно проучване разкрива HLA-E, -F, -G, -H, MICA и MICB алелния полиморфизъм, неравновесната скаченост и хаплотипен полиморфизъм в българската популация. Тези данни ще доведат до по-добро характеризиране на клиничното значение на тези гени и определяне ролята им като трансплантационни антигени.

Благодарности: Проектът е частично финансиран по проект H23/7, договор KP-06-H23/4 към Фонд научни изследвания (ФНИ).