

توالی یابی ژنوم به شناسایی صدها تفاوت در نوع خون کمک می کند

Genome sequencing helps identify hundreds of blood type differences

مترجم: وحیده حسن زاده

پست الکترونیکی: hassanzadeh@khayam.ut.ac.ir

همه در دوران تحصیل انواع گروههای خونی، B، A، O و AB را همراه با زیر نوع های مثبت و منفی آن بر اساس حضور یا غیاب آنتی ژن رزوس (ار هاش)^۱ می آموزند. اما امروزه مشخص شده است که صدها آنتی ژن گروه خونی در سطح سلول های قرمز خون وجود دارند که می توانند پاسخ های ایمنی را تحریک کنند، مسئله ای که از جور بودن بنیادی نوع گروههای خونی در انتقال خون فراتر می رود. به گفته سازمان غذا و داروی ایالات متحده آمریکا^۲، هر سال ۱۶ مرگ - و واکنش های جانبی بسیار دیگر - به دلیل ناچور بودن آنتی ژن ها در سطح سلول های قرمز خون افراد دریافت کننده خون رخ می دهد که به تفاوت های بین گروه های خونی B، A و O بی ارتباط است. تا کنون، هیچ آزمایشی برای بررسی تعداد زیاد آنتی ژن های سلول های قرمز خون عامل این عوارض جانبی وجود ندارد.

امروزه، در حالی که توالی یابی کل ژنوم^۳ مقرون به صرفه تر شده و در مراقب های بهداشتی عادی می شود، پژوهشگران در بیمارستان بریگام و زنان^۴، مدرسه عالی پزشکی هاروارد و مرکز خون نیویورک می گویند بهره گیری از داده های ژنومی می تواند امکان شناسایی دهنده های نادر و گیرنده هایی را فراهم کند که در معرض خطر این واکنش های جانبی هستند.

پژوهشگران الگوریتمی را برای کمک به مشخص کردن این تفاوت های ظریف در گروههای خونی افراد ایجاد کرده اند و آن را در برابر داده های MedSeq -نخستین کارآزمایی تصادفی توالی یابی کل ژنوم در میان افراد بالغ سالم- محک زدند. نتایج که در مجله *The Lancet Hematology* گزارش شدند، تایید کردند که این الگوریتم با دقت بیش از نود و نه درصد این زیر گروههای خونی گسترده تر را شناسایی می کند.

نویسنده اول، ویلیام لین^۵، مدیر Clinical Laboratory Informatics و معاون مدیر Tissue Typing Laboratory در بخش آسیب شناسی بیمارستان بریگام و زنان می گوید "عوارض انتقال خون در بیمارانی که دائماً به انتقال خون نیاز دارند رایج است اما با تکنولوژی کنونی مشخص کردن نوع خون برای همه آنتی ژن ها مقرون به صرفه نیست. اما الگوریتمی که ما ایجاد کرده ایم می تواند برای مشخص کردن نوع خون هر کسی برای همه گروه های خونی مطرح، با هزینه پایین به کمک توالی یابی به کار برده شود."

افرادی که بیشتر در معرض خطر عوارض ناشی از بروز پاسخ های ایمنی نا مطلوب به آنتی ژن های خارجی در سطح سلول های خون قرار دارند بیماران نیازمند به انتقال خون های منظم مانند مبتلایان به بیماری های کبدی و کلیوی و برخی سرطان های خونی هستند.

نویسنده همیار اول، کونی وستوف^۶ از مرکز خون نیویورک در یک نشر مطبوعاتی می گوید "این رویکرد این امکان بالقوه را دارد تا به یکی از نخستین استفاده های عادی بالینی ژنومیکس در مراقبت های پزشکی بیماران نیازمند به انتقال خون تبدیل شود. این

¹ Rhesus (Rh)

² Food and Drug Administration (FDA)

³ Whole Genome Sequencing (WGS)

⁴ Brigham and Women's Hospital (BWH)

⁵ William Lane

⁶ Connie M. Westhoff

رویکرد می تواند از عوارض جدی و حتی کشنده انتقال خون پیش گیری کند؛ زیرا یکبار که بیماران حساس شدند آن ها مادام العمر، در صورتی که انتقال خون اضطراری نیاز باشد، در معرض خطر واکنش های خون کافی⁷ انتقال خون قرار دارند.

در حال حاضر، بیش از 300 آنتی ژن سلول قرمز خونی و 33 آنتی ژن پلاکت فرا تر از روش های آزمایش کنونی برای جور بودن ABO و Rh شناسایی شده اند. لین برای ایجاد یک روش جهت شناسایی دقیق تر نوع خون افراد، با دانشمندان دخیل در پروژه MedSeq و متخصصان ژنتیک در مرکز خون نیویورک همکاری می کند. معلوم شد این الگوریتم، به نام الگوریتم تیپ بندی نوع خون (Blood Typer)، در شناسایی نوع خون افراد از ژنوم شرکت کنندگان MedSeq بیش از 99% دقیق است.

برای گرین، این نوع پژوهش بخوبی سهم داده های MeSeq را در پژوهش های آینده نمایان می سازد. گرین یک نویسنده ارشد در این مطالعه و مدیر برنامه تحقیقاتی از ژنوم تا مردم ((Research Program The Genome to People (G2P) خاطر نشان کرد که "همچنان که توالی یابی کل ژنوم بخش عادی از مراقبت های پزشکی می شود، این گزارش یک مورد استفاده پیش بینی نشده از توالی یابی کل ژنوم را نشان می دهد. توالی یابی ژنوم امروزه می تواند گیرنده های خون بالقوه ای را که به نوع های خونی نادر نیاز دارند و افرادی که می توانند آن ها را بدون هیچ خطری فراهم کنند، شناسایی کند".

⁷ Hemolytic