



# هاپلوتایپ‌های هموفیلی A در جنوب غربی ایران

بیژن کیخایی دهدزی<sup>1</sup> ID، علی خدادادی<sup>1</sup>، ارتا فرهادی کیا<sup>1</sup>، فائزه عباسی<sup>1</sup>، سعید بیطرف<sup>1</sup>، رویا صالحی کهیش<sup>1\*</sup> ID

<sup>1</sup> مرکز تحقیقات تالاسمی و هموگلوبینوپاتی، پژوهشکده سلامت، دانشگاه علوم پزشکی جندی شاپور اهواز، اهواز، ایران  
<sup>2</sup> گروه پزشکی عمومی، دانشکده پزشکی، دانشگاه ازبیر اکونومی، ازبیر، ترکیه

## چکیده

**زمینه:** هموفیلی A در ایران، به دلیل تعداد قابل توجه و عوارض ناشی از آن، مورد توجه قرار داشته و در منطقه جنوب غربی ایران، چالش مهم مراقبت‌های بهداشتی است. عوامل متعددی در شیوع و بروز هموفیلی A در جنوب غرب ایران نقش دارند که عبارتند از: استعداد ژنتیکی، ازدواج‌های فامیلی و دسترسی محدود به خدمات جامع مراقبت‌های بهداشتی. هدف از انجام این مطالعه، بررسی هاپلوتایپ‌های شایع هموفیلی A در این منطقه از کشورمان است.

**مواد و روش‌ها:** داده‌های پرونده پزشکی بیماران مبتلا به هموفیلی A در بازه زمانی ۱۴ ساله از ۱۴۰۲-۱۳۸۸ در پرسشنامه‌ای شامل: سن، جنسیت، فرم یا شدت بیماری، بیشترین محل خونریزی، میزان بقا و علت مرگ، محل سکونت، گروه خونی، قومیت، نسبت خانوادگی و نوع جهش وارد شد. شدت بیماری بر اساس نتایج میزان فاکتور ۸ بیماران، و نوع جهش بر اساس آزمایش مولکولی و تعیین توالی (تعیین موتاسیون با روش مستقیم یا مطالعه پیوستگی ژنی از جمله VNTR) به دست آمد.

**یافته‌ها:** از ۴۰ بیمار وارد شده به این تحقیق، ۳ بیمار مؤنث (۷/۵ درصد) و ۳۷ نفر (۹۲/۵ درصد) مذکر بودند. از نظر فرم بیماری، بیشترین میزان را فرم شدید بود. از نظر محل خونریزی در ۳۹ بیمار، بیشترین محل خونریزی در مفاصل و تنها در یک مورد در دستگاه گوارش رؤیت شد. از نظر موتاسیون و وارونگی ژن‌ها، تنوع جهش زیاد دیده شد، بیشترین گزارش، وارونگی اینترون ۲۲ بود.

**نتیجه‌گیری:** شناسایی جهش‌های ژنتیکی بیماری هموفیلی، به مراقبت‌های بالینی کمک می‌کند. علاوه بر آن، آزمایش ژنتیک برای شناسایی ناقلین و تشخیص قبل از تولد، اندیکاسیون دارد.

**پیام کلیدی:** در این مطالعه فرم شدید هموفیلی، به ویژه در میان مردان و قومیت عرب شایع بوده، بیشترین جهش وارونگی ۲۲؛ و از نظر محل خونریزی، مفاصل و در یک مورد خونریزی گوارشی گزارش شد. شناسایی جهش‌های ژنتیکی بیماری هموفیلی، به مراقبت‌های بالینی کمک می‌کند.

## واژگان کلیدی:

هموفیلی A  
هاپلوتایپ  
جنوب غربی  
ایران

## \*نویسنده مسئول:

رویا صالحی کهیش  
royaarta@yahoo.com

## کد اخلاق:

IR.AJUMS.MEDICINE.RE1402.083

دریافت: ۱۴۰۳/۰۷/۲۴  
پذیرش: ۱۴۰۳/۱۰/۱۲





دانشگاه علوم پزشکی  
و خدمات بهداشتی و درمانی بوشهر



مرکز تحقیقات  
طب گرمسیری و عفونی خلیج فارس



CrossMarck

Original Research

# Hemophilia A Haplotypes in Southwestern Iran

Bijan Keikhaei Dehdezi <sup>1</sup>, Ali Khodadadi <sup>1</sup>, Arta Farhadi Kia <sup>2</sup>, Faezeh Abbasi <sup>1</sup>, Saeed Bitraf <sup>1</sup>,  
Roya Salehi Kahyesh <sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> Thalassemia & Hemoglobinopathy Research center, Health Research Institute, Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran.

<sup>2</sup> Department of General Medicine, School of Medicine, Izmir University of Economics, Izmir, Türkiye

## Abstract

**Background:** Hemophilia A has received attention in Iran due to its significant patient population and number of complications and comprises a major healthcare challenge in the southwestern region. Several factors contribute to the prevalence and incidence of hemophilia A in southwestern Iran, including genetic predisposition, consanguineous marriages, and limited access to comprehensive healthcare services. This study aimed to investigate the common haplotypes of hemophilia A in this region of our country.

**Materials and Methods:** Medical record data of patients with hemophilia A over 14 years from 2009 to 2023 were entered into a questionnaire, including age, gender, form or severity of the disease, the most common bleeding site, survival rate, cause of death, place of residence, blood type, ethnicity, family relationship, and mutation type. The severity of the disease was determined based on the results of the patient's factor VIII levels, and the mutation type was determined based on molecular testing and sequencing (mutation determination by direct method or gene linkage study, including VNTR).

**Results:** Of the 40 patients in this study, three were female (7.5%), and 37 were male (92.5%). The most common disease form was severe. In 39 patients, the most common bleeding site was in the joints, and only one case had bleeding in the gastrointestinal tract. A high mutation diversity was observed in gene mutations and inversions; the most reported case was intron-22 gene inversion.

**Conclusion:** Identifying genetic mutations in hemophilia disease helps promote the clinical care available for these patients. Genetic testing is also indicated for carrier identification and prenatal diagnosis.

## Keywords:

Hemophilia A  
haplotype  
southwestern  
Iran.

## \*Corresponding author:

Roya Salehi Kahyesh  
royaarta@yahoo.com

## Ethical code:

IR.AJUMS.MEDICINE.RE 1402 083

Received: 2024/10/15  
Accepted: 2025/01/01



## مقدمه

هموفیلی A (Haemophilia A) یا نقص کلاسیک فاکتور ۸، به دلیل اختلالات ژنتیکی در فرایند تولید فاکتور انعقادی هشت در بدن ایجاد شده و باعث افزایش دفعات و شدت خونریزی می‌شود (۱). این بیماری، در اکثر موارد، با وراثت وابسته به X مغلوب، به ارث می‌رسد و عمدتاً مردان را مبتلا می‌کند (۲). علاوه بر این، مواردی نیز وجود دارد که این بیماری، ناشی از بروز جهش‌های خودبه‌خودی است و علیرغم این که این اختلال، از والدین به فرزندان منتقل می‌شود، اما حدود یک سوم موارد یافت شده سابقه خانوادگی قبلی نداشته و به علت یک جهش جدید و تغییر در ژن، ایجاد می‌شود (۳).

افراد مبتلا به هموفیلی A ممکن است خونریزی طولانی مدت، خارجی و داخلی، حتی در اثر صدمات جزئی را تجربه کنند. این بیماران در معرض خطر خونریزی مفصلی، هماتوم‌های بافت نرم، کبودی‌ها، خونریزی داخل صفاقی، خونریزی داخل جمجمه‌ای، به ویژه خونریزی در مفاصل یا عضلات که منجر به عوارض طولانی مدت مانند آسیب مفاصل و اختلال در تحرک می‌شود، همچنین سبب خونریزی‌های پس از عمل و گاهی تهدید کننده زندگی می‌شوند. ابتلا به هموفیلی A، همچنین ممکن است سبب خونریزی داخلی شود (۴).

ژن فاکتور ۸، پروتئین‌های انعقادی ۸ را ایجاد نموده که در روند لخته شدن خون و جلوگیری از خونریزی اهمیت دارد، محل اصلی این پروتئین‌ها کبد بوده و به فرم غیرفعال به جریان خون وارد می‌شود و برای فعال شدن به پروتئین دیگری بنام وان ویلبراند متصل شده و در زمان آسیب عروقی، فاکتور ۸ از وان ویلبراند جدا شده و فعال می‌گردد و با اتصال به فاکتور ۱۰ انعقادی در پروسه آبشاری لخته شدن خون شرکت می‌کند (۵). جهش‌های متعددی وجود دارد که به دلیل تفاوت در تغییرات ژن فاکتور VIII (و پروتئین حاصل) می‌تواند باعث هموفیلی A شود. افراد مبتلا به هموفیلی اغلب سطحی از فاکتورهای انعقادی فعال دارند. هموفیلی A به سه فرم: خفیف، متوسط و شدید وجود دارد که در بیش از نیمی از موارد، به فرم شدید دیده می‌شود، معیار این دسته‌بندی بر اساس سطح فاکتور انعقادی در خون می‌باشد: اگر سطح فاکتور زیر ۱۰ درصد باشد؛ فرم شدید بیماری، سطح فاکتور بین ۱-۴ درصد؛ متوسط و بین ۵-۲۵ درصد فرم خفیف هموفیلی A

محسوب می‌شود. در افراد، به ویژه آن‌هایی که هموفیلی متوسط یا خفیف دارند، هر نوع ضربه می‌تواند اولین خونریزی قابل توجه را ایجاد کند. هموفیلی به طور قابل ملاحظه‌ای خطر خونریزی طولانی مدت ناشی از صدمات معمولی را افزایش می‌دهد و در موارد شدید، خونریزی می‌تواند خود به خود و بدون علت ظاهری رخ دهد. دوره‌های خونریزی می‌تواند در هر جایی از بدن ظاهر شود (۵). یکی از مشکلات درمانی در این بیماران، ایجاد آنتی‌بادی‌های بازدارنده علیه فاکتور ۸ به دلیل انفوزیون‌های مکرر است. این مشکل زمانی ایجاد می‌شود که بدن فاکتور ۸ تزریق شده به عنوان درمان را، عامل خارجی تشخیص می‌دهد، زیرا بدن قادر به تولید این فاکتور نیست. در این افراد، می‌توان فاکتور VII فعال، که پروتئینی در مسیر بیرونی آشکار انعقادی است، به عنوان درمان خونریزی در افراد مبتلا به هموفیلی و آنتی‌بادی علیه فاکتور جایگزینی VIII بکار برد (۴ و ۵).

هموفیلی A در ایران، به دلیل تعداد قابل توجه موارد گزارش شده و نیز عوارض ناشی از آن، مورد توجه قرار دارد. در منطقه جنوب غربی ایران، هموفیلی A، چالش مهم مراقبت‌های بهداشتی بوده و محققان و متخصصان پزشکی را بر آن داشته تا شیوع، بروز، تظاهرات بالینی و گزینه‌های درمانی موجود را مطالعه کنند. عوامل متعددی در شیوع و بروز هموفیلی A در جنوب غرب ایران نقش دارند که عبارتند از: استعداد ژنتیکی، ازدواج‌های فامیلی و دسترسی محدود به خدمات جامع مراقبت‌های بهداشتی. علاوه بر چالش‌های مراقبت‌های بهداشتی، هموفیلی A همچنین پیامدهای اقتصادی و اجتماعی برای بیماران و خانواده‌های آن‌ها دارد. هزینه بالای درمان جایگزینی فاکتور، به عنوان تنها درمان اصلی هموفیلی A، می‌تواند فشار مالی قابل توجهی را برای خانواده‌های آن‌ها ایجاد نموده و تأثیر قابل توجهی در کیفیت زندگی بیمار باقی بگذارد. هدف از انجام این تحقیق، شناسایی هایپلوتایپ‌های هموفیلی A در جنوب غربی کشورمان، به منظور غربالگری و راهکارهای پیشگیرانه می‌باشد.

## مواد و روش‌ها

در مطالعه گذشته‌نگر توصیفی-مقطعی حاضر، پرونده پزشکی کلیه بیماران مبتلا به هموفیلی A در بازه زمانی ۱۴ ساله از ۱۳۸۸-۱۴۰۲ به تعداد ۴۰ نفر، مورد ارزیابی قرار

وارونگی اینترون ۲۲ و اینترون ۱، شایع‌ترین جهش‌ها در هموفیلی شدید A، بوده هر نتیجه منفی برای Inv1 از طریق Multiplex PCR مورد آزمایش قرار گرفت. در بیمارانی که هر دو Inv22 و Inv1 منفی بود، تجزیه و تحلیل توالی تمام مناطق کدکننده و مرزهای آگزون-اینترون ژن F8 (مناطق کد کننده ژن FVIII)، مرزهای اینترون/ آگزون، با کمک Multiplex PCR (MPCR) با ۱۲ آغازگر و با برنامه: دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه، ۳۰ سیکل PCR، دمای اتصال (Annealing) هر آغازگر به مدت ۳۰ ثانیه (دمای اتصال برای آغازگر GP-1 و GP-12: ۵۰°C، GP-2 و GP-3: ۵۸°C، GP-4 و GP-8 و GP-9 و GP-5: ۵۵°C، GP-6 و GP-7: ۵۳°C، GP-10 و GP-11: ۴۹°C دنا تورا سیون در ۹۴ درجه سانتی‌گراد برای ۴۰ ثانیه، و extension در ۷۲ درجه سانتی‌گراد برای ۴۰ ثانیه extension نهایی در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه بود، در دستگاه ترموسایکلر تکثیر شد. داده‌های مطالعه با کمک نرم‌افزار SPSS ویرایش ۲۰ و برای فراوانی نسبی از مجذور کای تحلیل گردید.

در طول مطالعه، اطلاعات بیماران محرمانه باقی ماند. اعضای تیم تحقیقاتی از جزئیات بیانیه هلسینکی درباره اصول اخلاقی در تحقیقات پزشکی آگاه بودند و به شدت متعهد به پیروی از آن‌ها در این مطالعه تحقیقاتی بودند. کمیته اخلاق دانشگاه علوم پزشکی جندی شاپور اهواز این مطالعه را با کد اخلاق: ۰۸۳. ۱۴۰۲. IR.AJUMS.MEDICINE.REC تأیید کرد.

### یافته‌ها

از ۴۰ بیمار وارد شده به این تحقیق، ۳ بیمار مؤنث (۷/۵ درصد) و ۳۷ نفر (۹۲/۵ درصد) مذکر بودند. از نظر نسبت خانوادگی: دو بیمار برادر و ۲ بیمار خواهر و برادر بودند. کمترین میزان سن بیماران ۳ سال و بیشترین سن ۴۶ سال بود. از نظر فرم بیماری، بیشترین میزان را فرم شدید به خود اختصاص داد. از نظر گروه خونی، بیشترین گروه خونی مبتلایان به ترتیب: O+، B+ و A+ بود. گروه خونی AB- در هیچ بیماری دیده نشد. بیشترین شهر استان خوزستان از نظر ابتلا به هموفیلی، اهواز بود. دو بیمار مذکر

گرفت. داده‌های این تحقیق در پرسشنامه‌ای شامل: سن، جنسیت، فرم یا شدت هموفیلی A، بیشترین محل خونریزی، میزان بقا و علت مرگ، محل سکونت، گروه خونی، قومیت، وجود نسبت خواهر/ برادری، تعداد دفعات خونریزی و نوع جهش وارد شد. شدت بیماری بر اساس نتایج آزمایشگاهی میزان فاکتور ۸ بیماران، و نوع جهش با کمک آزمایش مولکولی و تعیین توالی (تعیین موتاسیون با روش مستقیم یا مطالعه پیوستگی ژنی از جمله VNTR) به دست آمد. همه بیماران ابتدا برای وارونگی اینترون ۲۲ (Inv22)<sup>۱</sup> با تکنیک PCR-RFLP غربالگری شدند. سه ناحیه پلی‌مورفیسم درون ژنی برای آنالیز پیوستگی DNA انتخاب و توالی‌های هدف با کمک پلی‌مورفیسم HindIII در اینترون ۱۹، پلی‌مورفیسم BclI در اینترون ۱۸ و پلی‌مورفیسم AlwNI در اینترون ۷ مورد بررسی قرار گرفت. برای انجام آزمایش، ۵ سی‌سی خون در لوله‌های فاکون دربیچ‌دار استریل حاوی EDTA تهیه و سپس استخراج DNA توسط کیت Sambio gDNA انجام شد. برای انجام روش مولکولی از Master Mix شرکت سیناژن استفاده شد با افزودن ۵۰ نانوگرم DNA نمونه بیمار، با شرایط واکنش شامل یک سیکل ۹۵°C به مدت ۵ دقیقه، ۳۵ سیکل ۹۵°C به مدت ۳۰ ثانیه، دمای اتصال (Annealing) هر آغازگر به مدت ۳۰ ثانیه (دمای اتصال برای آغازگر BclI ۵۶°C، HindIII، ۶۴°C و برای AlwNI ۵۰°C). ۷۲°C به مدت ۳۰ ثانیه یک سیکل نهایی ۷۲°C به مدت ۵ دقیقه. واکنش‌ها در دستگاه ترموسایکلر Techgene صورت گرفت. جهت کنترل کیفیت محصولات PCR، الکتروفورز ۵ میکرولیتر از محصول PCR بر روی ژل آگارز ۱/۵ درصد که با اتیدیوم برآمید ۵/۵ میکروگرم/ میکرولیتر رنگ‌آمیزی شده بررسی گردید. جهت بررسی پلی‌مورفیسم، محصولات PCR به طور جداگانه تحت اثر آنزیم‌های اندونوکلاز BclI، HindIII و AlwNI قرار گرفت. ۵ میکرولیتر از محصول PCR برای هر واکنش آنزیمی مورد استفاده قرار گرفت. مقدار آنزیم محدودالتر و بافر آن طبق دستورالعمل هر آنزیم استفاده شد. نمونه‌ها به مدت ۱۶-۱۲ ساعت در بن ماری ۳۷°C قرار داده شد. در نهایت نتایج حاصل از تأثیر آنزیم‌ها، بر روی ژل آکرلر امید ۱۵ درصد بررسی گردید.

<sup>1</sup> Inversion 22

به تعداد ۲۶ بیمار (۶۵ درصد) و ۱۴ نفر فارس (۳۵ درصد) گزارش شد.

از نظر موتاسیون و وارونگی ژن‌ها، ۲۸ جهش متنوع دیده شد که بیشترین موتاسیون مشاهده شده Inversion 22 بود. جدول زیر، انواع جهش‌ها را نشان می‌دهد:

مبتلا به فرم شدید بیماری، یک بیمار در اثر نارسایی شدید کبد و دیگری در اثر عوارض کاردیووسکولار، فوت شدند. از نظر محل خونریزی، بیشترین محل خونریزی در مفاصل بود در ۳۹ بیمار و تنها در یک مورد در دستگاه گوارش رؤیت شد. از نظر قومیت، بیشترین میزان هموفیلی A در قومیت عرب

جدول ۱. فراوانی جهش‌های هموفیلی A در بیماران استان خوزستان			
درصد	تعداد	موقعیت	نوع جهش
۵	۲	Exon۲۳	c.6443 A>G (p.N2148S) Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۱۴	Cd 1708 CGC>THC (Arg>Cys) Hemizygote
۱۰	۴	Exon۲۲	c.6274-8 A>G Hemizygote
۲۵	۹	Intron۲۲	Inversion 22 Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۲۴	Cd 2230 CAC>CCC (His>Pro) Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۱۴	Cd 1459 Ins A AAA^AaAA AAT Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۱۴	Cd 1213 Del A AAA^aTTCAG Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۲۲	IVS21-8 A>G Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۲۲	c.6274-8 A>G Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۱۴	Cd 981 InsA GGA^AAaAAAT Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۱۴	c.4819 G>T (p.E1607X) Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۲۳	c.6545 G>A (p.R2182H) Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۳	Cd 114 CCT>CTT (Pro>Leu) Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۷	c.801 C>A (p.C367X) Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۱۴	Cd 1212 Ins A AAA^aAAAATTC Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۱۳	c.2013 C>G (p.F671L) Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۱۲	c.1834 C>T (p.R612C) Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۱۲	c. 1804 C>T (p. R602X) Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۱۶	c.5399 G>A
۲/۵	۱	Exon۱۹	c.6115+4 A>G Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۱۴	c.4822-4823 InsA (p.K1608>Kfs) Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۳	c.341 C>T (p.P114L) Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۲۵	c.6876-6877 p.Phe2294Ser
۲/۵	۱	Exon۱۳	c.2013 C>G (p.F671L) Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۳	c.341 C>T (p.P114L) Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۱۸	c.5954 G>A (p.R1985Q) Hemizygote
۲/۵	۱	Intron۲۲	Inversion-1 Hemizygote
۲/۵	۱	Exon۴	Cd146 Del A GAT^Aaagtc Hemizygote

## بحث

ژن‌ها، ۲۸ جهش متنوع دیده شد که بیشترین موتاسیون مشاهده شده Inversion 22 بود. این اختلال، مطابق با مطالعات محققان (۲)، در جنس مذکر بیشتر دیده شد. در این تحقیق، از نظر شدت بیماری، در ۷۰ درصد موارد، بیماران فرم شدید هموفیلی A بودند که با مشاهدات سلیمی و همکاران مشابه بود (۶).

با بررسی ۱۴ ساله بیماران هموفیلی A، ۴۰ پرونده تکمیل مبتلایان مورد ارزیابی قرار گرفت، که شامل ۳ بیمار مؤنث (۷/۵ درصد) و ۳۷ نفر (۹۲/۵ درصد) مذکر، کمترین میزان سن بیماران ۳ سال و بیشترین سن ۴۶ سال بود. از نظر فرم بیماری، بیشترین میزان را فرم شدید بود. اهواز از نظر ابتلا به هموفیلی، بیشترین میزان شیوع را داشت. از نظر موتاسیون و وارونگی

از نظر گروه خونی، بیشترین گروه خونی مشاهده شده به ترتیب: O+, B+ و A+ بود. گروه خونی AB- در هیچ بیماری دیده نشد.

هزاندونک (Hazendonk) و همکاران و نیز فرانچینی (Franchini) و همکاران، در مطالعه‌ای که در سال ۲۰۲۱ انجام دادند به نقش گروه‌های خونی در فرم شدید هموفیلی A پرداختند و بیان نمودند گروه خونی O+ بیشترین میزان را در ابتلا به این بیماری دارد (۷ و ۸). بر اساس مطالعه محققان، مبتلایان به هموفیلی A، که گروه خونی A دارند سطح مهارکنندگی فاکتور ۸ بیشتری دارند و این باور وجود دارد که گروه خونی ABO بر میزان فاکتور ۸ در بیماران مبتلا به هموفیلی A، مؤثر است (۹). در افرادی که گروه خونی غیر O دارند عمدتاً سطح بالاتری از فاکتور ۸ را بیان نموده که می‌تواند خطر عوارض ترومبوتیک، نظیر سکتة را در این افراد بالاتر ببرد (۱۰ و ۱۱)، خونریزی داخلی از معضلات مهم ابتلا به هموفیلی محسوب می‌شود که می‌تواند در اثر آسیب و یا خودبخودی ایجاد شود (۴). در مطالعه حاضر، بیشترین محل خونریزی از مفاصل بود که مشابه نتایج مارتینز (Martenez) و همکاران که بر روی ۳۶ مرد کلمبیایی مبتلا بود (۱۲).

ژن فاکتور XIII در مجاورت ناحیه تلموری بازوی بلند کروموزوم X، قرار دارد و ژنی بسیار بزرگ با ۱۸۶ کیلوباز و متشکل از ۲۵ اینترون و ۲۶ اگزون است (۱۳). بیش از ۱۳۰۰ تغییر در این ژن شناسایی شده است. برخی از این جهش‌ها واحدهای سازنده DNA (جفت باز) را در ژن تغییر می‌دهند، در حالی که برخی دیگر چندین جفت باز را حذف یا وارد می‌کنند. شایع‌ترین جهش در افراد مبتلا به هموفیلی شدید A، بازآرایی مواد ژنتیکی به نام وارونگی است. این وارونگی بخش بزرگی از ژن F8 را شامل می‌شود. برخی جهش‌ها، مانند وارونگی بزرگ، تقریباً به طور کامل فعالیت فاکتور انعقادی ۸ را از بین می‌برد و منجر به هموفیلی شدید می‌شود. سایر جهش‌ها فعالیت پروتئین را کاهش می‌دهند اما از بین نمی‌برند و در نتیجه هموفیلی خفیف یا متوسط ایجاد می‌شود. در نوع شدید، شایع‌ترین نقص ژنی وارونگی اینترون ۲۲ است که مسئول ۴۰-۵۰ درصد موارد است. با این حال، با در نظر گرفتن همه فنوتیپ‌ها، جهش‌های نقطه‌ای در حدود ۴۷ درصد یافت می‌شوند.

سایر گونه‌های ژن F8، مانند وارونگی اینترون ۱ (Inv) و حذف‌های بزرگ، کمتر دیده می‌شوند (۱۴). از نظر تنوع موتاسیون، در این مطالعه، ۲۸ جهش دیده شد، وارونگی اینترون ۲۲ و ۱، حذف‌های بزرگ و کوچک از مهم‌ترین عوامل ایجاد هموزیگوزیستی و هتروزیگوزیستی بوده که سبب واریانت‌های اشتباه (۴۵ درصد)، واریانت‌های بی‌معنی (۸ درصد)، وارونگی‌ها (۲۹ درصد)، حذف‌های کوچک (۶ درصد)، تکراری‌ها (۳ درصد)، اضافه شدن (۲ درصد) و حذف‌های بزرگ (۷ درصد) می‌باشند. در این تحقیق، موارد مشاهده شده، بصورت همی‌زیگوت و هتروزیگوت بوده لذا وارونگی‌ها بدلیل جهش‌های نوپدید ایجاد نشده است. قابل ذکر است در مبتلایان مؤنث که هموزیگوت، هتروزیگوت مرکب یا همی‌زیگوت هستند به عنوان همی‌زیگوت موزایسم هم در نظر گرفته می‌شوند و چون آلل طبیعی ندارند، به عنوان فرد بیمار در نظر گرفته شده و بایستی درمان شوند. همچنین این افراد را باید در دسته افراد با ریسک بالا در نظر گرفت و به طور مداوم، مورد ارزیابی قرار داد و تأکید شود که حتماً با فرد سالم ازدواج کنند، علاوه براین می‌بایست آزمایش پیش از تولد برای جنین وی، از نظر ابتلا به هموفیلی صورت گیرد. پایگاه داده انجمن اروپایی هموفیلی و اختلالات وابسته (EAHAD) بیش از ۳۰۰۰ تغییر ژنتیکی عامل را در ژن F8 ثبت کرده است. که عمدتاً حذف ژنی در شدت بیماری نقش مهمی دارد (۱۵).

در این مطالعه، از ۴۰ بیمار مورد بررسی ۲ بیمار مذکر که هر دو به فرم شدید هموفیلی مبتلا بودند، یکی به دلیل نارسایی شدید کبد و دیگری در اثر عوارض کاردیوواسکولار، فوت شدند. مرگ و میر ناشی از بیماری ایسکمیک قلبی در بیماران هموفیلی در مقایسه با جمعیت عمومی مردان کمتر است. میزان کم فاکتورهای انعقاد در بیماران هموفیلی، ممکن است اثر محافظتی بر تشکیل ترومبوز داشته باشد که باعث تسریع انفارکتوس می‌شود. هنوز مشخص نیست که آیا کمبود فاکتور انعقادی VIII یا IX اثر محافظتی بر پیشرفت آترواسکلروز دارد یا خیر. با وجود محافظت نسبی در برابر حوادث قلبی عروقی، بروز بیماری ایسکمیک قلبی عروقی در بیماران هموفیلی در حال افزایش است، زیرا امید به زندگی این بیماران در حال حاضر به جمعیت

### نتیجه‌گیری

شناسایی جهش‌های ژنتیکی بیماری هموفیلی، به مراقبت‌های بالینی کمک می‌کند. با توجه به مشکلات فراوانی که این بیماران با آن مواجه هستند و نبود درمان قطعی برای این بیماری، آزمایش ژنتیک برای شناسایی ناقلین و تشخیص قبل از تولد، اندیکاسیون دارد. این مطالعه تحت حمایت مالی هیچ سازمان یا مؤسسه‌ای نمی‌باشد.

### سپاس و قدردانی

نویسندگان این مقاله از آزمایشگاه تشخیص طبی بیمارستان بقایی ۲ که در ارائه داده‌های این تحقیق همکاری نموده‌اند، کمال تقدیر و سپاسگزاری دارند.

### تضاد منافع

هیچ‌گونه تعارض منافع توسط نویسندگان بیان نشده است.

عمومی نزدیک شده است (۱۶). امروزه، تلاش و کوشش دست اندرکاران بهداشت و سلامت، به منظور دستیابی به زندگی مطلوب برای بیماران مبتلا به هموفیلی با تحقیقات بسیار، سعی در کسب الگوی مرگ و میر این بیماران دارند تا ضمن بهینه‌سازی کیفیت زندگی، به بقا مبتلایان نیز کمک نمایند. شناسایی بیشترین عواملی که سبب مرگ این بیماران می‌شود از اولویت‌های مهم محسوب می‌گردد.

مطالعاتی نظیر این تحقیق، با تجزیه و تحلیل جهش‌های ژن F8 علاوه بر پیش‌بینی شدت بیماری، اصل مهم در انتخاب درمان مناسب و مشاوره ژنتیکی بهینه و کاهش اثرات زیانبار اختلالات خونریزی دهنده می‌باشد. نتیجه این بررسی و مطالعات متعدد، نشان از تنوع و اختلافات ژنتیکی مرتبط با گوناگونی اقوام و نژادهای مختلف در سرتاسر ایران می‌باشد. از محدودیت‌های این تحقیق، تکمیل نبودن اطلاعات همه بیماران بود که به این مطالعه وارد نشدند.

### References:

- Bovenschen N, Herz J, Grimbergen JM & et al. Elevated plasma factor VIII in a mouse model of low-density lipoprotein receptor-related protein deficiency. *Blood* 2003; 101(10): 3933-9. [10.1182/blood-2002-07-2081](https://doi.org/10.1182/blood-2002-07-2081).
- Iorio A, Stonebraker JS, Chambost H & et al. Establishing the Prevalence and Prevalence at Birth of Hemophilia in Males: A Meta-analytic Approach Using National Registries. *Ann Intern Med* 2019; 171(8): 540-6. [10.7326/M19-1208](https://doi.org/10.7326/M19-1208).
- Morange PE, Tregouet DA, Frere C & et al. Biological and genetic factors influencing plasma factor VIII levels in a healthy family population: results from the Stanislas cohort. *Br J Haematol*. 2005; 128(1): 91-9. [10.1111/j.1365-2141.2004.05275.x](https://doi.org/10.1111/j.1365-2141.2004.05275.x).
- Schambeck CM, Hinney K, Haubitz I & et al. Familial clustering of high factor VIII levels in patients with venous thromboembolism. *Arterioscler Thromb Vasc Biol* 2001; 21(2): 289-92. [10.1161/01.atv.21.2.289](https://doi.org/10.1161/01.atv.21.2.289).
- Shen BW, Spiegel PC, Chang CH & et al. The tertiary structure and domain organization of coagulation factor VIII. *Blood* 2008; 111(3): 1240-7. [10.1182/blood-2007-08-109918](https://doi.org/10.1182/blood-2007-08-109918).
- Salimi R, Zolfaghari B, Isfahani H & et al. Frequency of primary clinical manifestations of bleeding diseases in patients referred to Besat Hospital in Hamadan in 2020-2021. *Sci J Iran Blood Transfus Organ* 2022; 19(2): 122-130. <http://bloodjournal.ir/article-1-1437-en.html>
- Hazendonk HC, Lock J, Mathôt RA & et al. Perioperative treatment of hemophilia A patients: blood group O patients are at risk of bleeding complications. *J Thromb Haemost* 2016 Mar;14(3):468-78. [10.1111/jth.13242](https://doi.org/10.1111/jth.13242).
- Franchini M, Coppola A, Santoro C & et al. ABO Blood Group and Inhibitor Risk in Severe Hemophilia A Patients: A Study from the Italian Association of Hemophilia Centers. *Semin Thromb Hemost* 2021; 47(1): 84-89. [10.1055/s-0040-1718870](https://doi.org/10.1055/s-0040-1718870).
- Ray D, Kumar N, Hans C & et al. Impact of ABO blood group antigens on residual factor VIII levels and risk of inhibitor development in hemophilia A. *Blood res* 2023; 58(1): 61-70. <https://doi.org/10.5045/br.2023.2022197>
- Wu O, Bayoumi N, Vickers MA & et al. ABO(H) blood groups and vascular disease: a systematic review and meta-analysis. *J Thromb Haemost* 2008; 6(1): 62-9. [10.1111/j.1538-7836.2007.02818.x](https://doi.org/10.1111/j.1538-7836.2007.02818.x).
- Lenting PJ, Christophe OD, Denis CV. Von Willebrand factor biosynthesis, secretion, and clearance:

- connecting the far ends. *Blood* 2015; 125(13): 2019-28. <https://doi.org/10.1182/blood-2014-06-528406>
12. Martinez-Sanchez LM, Cardona-Velez J, Ramirez-Pulgarin S & et al. Clinical and epidemiological profile of patients with hemophilia in Liga de Hemofilicos de Antioquia (Colombia). *Revista Medica de Risaralda* 2017; 23(1): 34-7. [https://www.researchgate.net/publication/317472496\\_Clinical\\_and\\_epidemiological\\_profile\\_of\\_patients\\_with\\_hemophilia\\_in\\_Liga\\_de\\_Hemofilicos\\_de\\_Antioquia\\_Colombia](https://www.researchgate.net/publication/317472496_Clinical_and_epidemiological_profile_of_patients_with_hemophilia_in_Liga_de_Hemofilicos_de_Antioquia_Colombia)
13. Sona PS, Lingam CM. Hemophilia-An overview. *IJPSRR* 2010; 5(1): 18-26. [https://www.researchgate.net/publication/287435101\\_Hemophilia\\_-\\_An\\_overview](https://www.researchgate.net/publication/287435101_Hemophilia_-_An_overview)
14. Bicocchi MP, Pasino M, Lanza T & et al. Analysis of 18 novel mutations in the factor VIII gene. *Br J Haematol* 2003; 122(5): 810-7. [10.1046/j.1365-2141.2003.04494.x](https://doi.org/10.1046/j.1365-2141.2003.04494.x)
15. Azimifar SB, Seyedna SY, Zeinali S. Allele frequencies of three factor VIII gene polymorphisms in Iranian populations and their application in hemophilia A carrier detection. *Am J Hematol* 2006; 81(5): 335-9. [10.1002/ajh.20596](https://doi.org/10.1002/ajh.20596)
16. Tuinenburg A, Mauser-Bunschoten EP, Verhaar MC & et al. Cardiovascular disease in patients with hemophilia. *J Thromb Haemost* 2009; 7(2): 247-54. [10.1111/j.1538-7836.2008.03201.x](https://doi.org/10.1111/j.1538-7836.2008.03201.x)