

# 〔招請原著論文〕日本人の4桁レベルの HLAハプロタイプ分布

中島文明, 中村淳子, 横田敏和

神奈川県赤十字血液センター, 検査部

## 要約

日本人のHLAハプロタイプをHLA-A, -C, -B, -DRB1, -DRB345, -DQA1, -DQB1, -DPB1の8座位におけるHLA遺伝子型4桁レベルで分析した。特にクラスI領域において血清学的タイピングで判別不可能な対立遺伝子, 例えばA\*0201やA\*0206などが, それぞれ他ローカスとどのような関連を保持しているかを具体的な数値で示すことが目的である。そして比較的低頻度な対立遺伝子が構成するハプロタイプを示す方法を工夫してみた。クラスI領域ではA2, A26, B13, B44, B61, B62, B39および血清学的タイピング困難なCローカスにおいて特徴的な関連が認められた。クラスII領域ではDR-DQ間の非常に高い相関が確認され, DP座でもある程度の関連が認められた。

キーワード: HLAクラスI, ハプロタイプ, 低頻度, RD値

## はじめに

HLA型は人種による頻度の偏りが特徴であるが, さらに, MHC領域の全般あるいは一部でそれぞれの遺伝子座のつながり(ハプロタイプ)が, 個々の遺伝子座の頻度から得られる理論値をはるかに越えた頻度で存在する連鎖不平衡の状態であり, これも人種ごとに特徴的な偏りが保存されている。日本人においてもこれまでに国内のHLAワークショップや国際ワークショップで何度か集計データが公開され, 人類遺伝学, 移植医療あるいは疾患感受性検索の基礎データとして役立ってきた。しかしながら, クラスIを含むHLA全領域を遺伝子型で集計・分析した成果は多くない。

我々はHLA遺伝子型4桁レベルでA, C, B, DRB1, DRB345, DQA1, DQB1, DPB1の8座位における日本人のHLAハプロタイプを分析することを目的として, 骨髄移植家系のHLAタイピング・デ

ータを蓄積してきた。都市部在住者の家系調査データを母集団とするため, 日本人の平均的なHLA型が得られることが期待される。そして, クラスI遺伝子型がどのようなハプロタイプを構成しているかが興味深いところである。

ハプロタイプ頻度を得るには, 今西らが開発した優れた推定方法があるが, 多座位低頻度ハプロタイプでの誤差拡大は避けられないことは今西自身も述べている(1, 2)。したがって, 低頻度なハプロタイプにも確実性を持たせたく, あくまでも家系調査から得られるハプロタイプにこだわり集計および分析を試みた。

## 材料と方法

1996年4月から2001年3月まで159家系561人を調査した。検査方法は蛍光2重染色によるLCT法で

代表者連絡先 〒245-8585神奈川県横浜市戸塚区波沢町291-3  
神奈川県赤十字血液センター検査部  
中島 文明

電話 045-871-1111 内線363  
ファックス 045-871-1553  
E-mail nakajima@jrccs-kanagawa.org

血清学的タイピングを行った後、残りの細胞からPK処理～フェノール・クロロフォルム処理～エタノール沈殿によりゲノムDNAを抽出し、これを100ng/μl程度に調製した後、表1に示した各方法でHLA遺伝子型を検出した。自家調製試薬としてA, C座はPCR-SSOP法(3, 4, 5), A, C, B座はPCR-SSP法(6, 7, 8), DRB1, DRB345, DQB1, DPB1はPCR-SSCP法(9), DQA1, DQB1, DPB1はPCR-RFLP法(10, 11)を用いた。市販品ではDQA1を除く全領域をInnogenetics社のLine Probe Assay法, A, C, B, DRB1を湧永製薬のPCR-MPH法を用いた。各座位で数種類の方法を用いているが、全ての検体について全ての方法を用いている訳ではなく、抗原型の情報をもとに適宜組み合わせで行った。それぞれの詳細についてここでは省略する。

次に、タイピング結果から1家系ずつハプロタイプを組み立て、血縁間での重複を排除した。これにより得られたハプロタイプはクラスI領域で523例、クラスII領域で516例(DPB1のみ484例)である。集計に際しては、各座位で完全に得られるハプロタイプの例数に合わせた。すなわち、DPB1を除くクラスI, クラスII領域にまたがる場合は516例、DPB1を含むクラスI, クラスII領域にまたがる場合は477例となる。また、1個体で片方のハプロタイプしか確定できなかった例が1割程度存在したが、未確定となった片方のハプロタイプは、全体の頻度に依存するものと見なし母集団の総数にカウントせずに処理した。

表2には得られたハプロタイプを各遺伝子座ごとに集計して、その頻度を示した。アليل名の次の数値が、今回の遺伝子頻度(%)で、その右に第11回日本HLAワークショップ共同報告から引用した遺伝子頻度(%)を並べ、それぞれが比較できるようにした(12)。この時のクラスI領域は抗原型から算出された遺伝子頻度であるため、たとえば、HLA-A2は細分化されたA\*0201, A\*0206, A\*0207, A\*0210の合計と考えていただきたい。また、C, DRB345, DQA1のようにデータのないところはハイフンで示した。

表3には集計したハプロタイプの組み合わせや計算結果の内容を一覧にまとめた。最初に2座位のハプロタイプ頻度をクラスI領域全ての組み合わせで示し、クラスII領域では最も多型性に富むDRB1を基準に示した。さらに、クラスIとクラスIIを代表してBとDRB1の組み合わせを示した。これらは全ての対立遺伝子の組み合わせを2次元の表で表しており、各カラムの数値は上から順に、ハプロタイプ頻度(haplotype frequencies, HF値)×10<sup>4</sup>, 連鎖不平衡値(linkage disequilibrium, LD値)×10<sup>4</sup>, 相対連鎖不平衡値(relative linkage disequilibrium, RD値)×10<sup>2</sup>, X<sup>2</sup>値(chi-square values)となっている。表中でX<sup>2</sup>値10.84以上(0.1%有意)で正の相関を示す部分は四角で囲った。(表4～表11)

3座位では、クラスIのA-C-B, クラスIIのDRB1-DQB1-DPB1, そして臓器移植や造血細胞移植時のドナー検索に用いられるA-B-DRB1の3種類

表1 HLA遺伝子型タイピング方法

	HLA-Class I			HLA-Class II				
	A	C	B	DRB1	DRB345	DQB1	DPB1	DQA1
自家調製	PCR-SSOP			PCR-SSCP		PCR-RFLP		
	PCR-SSP							
市販キット	Line Probe Assay [Innogenetics]							
	PCR-MPH [Wakunaga]							

表2 HLA遺伝子頻度(%)

**HLA-A ( n=523 )**

A*0101	0.57	0.62
A*0201	10.71	23.67
A*0206	8.99	↑
A*0207	2.87	↑
A*0210	0.76	↑
A*0301	0.57	0.59
A*1101	10.71	9.27
A*2402	36.52	37.79
A*2601	11.28	10.94
A*2603	1.91	↑
A*3001	0.38	0.21
A*3101	6.88	8.86
A*3303	7.84	7.48

**HLA-C ( n=523 )**

Cw*0102	16.63	-
Cw*0302	0.19	-
Cw*0303	13.19	-
Cw*0304	13.77	-
Cw*0401	4.40	-
Cw*0501	0.38	-
Cw*0602	1.34	-
Cw*0702	10.33	-
Cw*0704	1.34	-
Cw*0801	9.75	-
Cw*0803	1.34	-
Cw*1202	11.09	-
Cw*1402	4.78	-
Cw*1403	7.07	-
Cw*1502	4.40	-

**HLA-B ( n=523 )**

B*0702	3.63	5.56
B*1301	1.91	1.48
B*1302	0.57	↑
B*1501	9.37	7.06
B*1507	0.38	↑
B*1511	0.96	0.80
B*1518	1.72	0.99
B*27	0.38	0.41
B*3501	8.80	7.22
B*3701	0.76	0.70
B*3901	4.02	4.20
B*3902	0.38	↑
B*3904	0.19	↑
B*4001	5.35	5.72
B*4002	8.41	12.75
B*4003	0.38	↑
B*4006	4.78	↑
B*4402	0.38	7.43
B*4403	6.69	↑
B*4601	3.44	4.18
B*4801	5.54	2.43
B*5101	6.88	9.81
B*5102	0.19	0.16
B*5201	10.90	11.31
B*5401	7.07	8.27
B*5502	2.87	2.63
B*5504	0.38	↑
B*5601	0.38	0.78
B*5603	0.57	0.12
B*5801	0.19	0.58
B*5901	1.72	1.93
B*6701	0.76	1.17

**HLA-DRB1 ( n=516 )**

DRB1*0101	3.88	5.81
DRB1*0401	1.36	0.62
DRB1*0403	3.88	2.08
DRB1*0405	13.18	13.26
DRB1*0406	3.49	3.03
DRB1*0407	0.39	0.70
DRB1*0410	2.13	1.79
DRB1*07	0.78	0.25
DRB1*0802	3.49	4.18
DRB1*0803	6.40	8.29
DRB1*0901	13.76	14.08
DRB1*1001	0.58	0.70
DRB1*1101	3.68	2.59
DRB1*1201	2.52	3.65
DRB1*1202	2.13	1.75
DRB1*1301	0.39	0.59
DRB1*1302	5.62	6.83
DRB1*1307	0.19	0.04
DRB1*1401	4.26	3.37
DRB1*1403	0.78	1.91
DRB1*1405	3.10	2.22
DRB1*1406	2.13	1.71
DRB1*1407	0.39	0.12
DRB1*1412	0.19	-
DRB1*1501	11.63	7.11
DRB1*1502	8.91	10.13
DRB1*1602	0.78	1.04

**HLA-DRB345 ( n=516 )**

DRB3*0101	3.88	-
DRB3*0202	13.57	-
DRB3*0301	7.95	-
DRB4*01	37.60	-
DRB4*0102	1.36	-
DRB5*0101	11.63	-
DRB5*0102	8.91	-
DRB5*02	0.78	-
(Blank)	14.34	-

**HLA-DQA1 ( n=516 )**

DQA1*01	17.25	-
DQA1*0102	12.60	-
DQA1*0103	15.89	-
DQA1*0201	0.78	-
DQA1*03	41.28	-
DQA1*0401	1.74	-
DQA1*05	8.33	-
DQA1*0601	2.13	-

**HLA-DQB1 ( n=516 )**

DQB1*02	0.78	0.37
DQB1*0301	12.02	11.61
DQB1*0302	10.08	9.32
DQB1*0303	14.53	14.86
DQB1*0401	12.98	13.03
DQB1*0402	3.88	3.98
DQB1*0501	4.46	6.53
DQB1*0502	3.29	2.50
DQB1*0503	5.43	4.05
DQB1*0601	14.92	18.11
DQB1*0602	11.63	6.22
DQB1*0603	0.39	0.79
DQB1*0604	5.43	6.88
DQB1*0609	0.19	-

**HLA-DPB1 ( n=484 )**

DPB1*0201	26.45	21.02
DPB1*0202	3.51	3.66
DPB1*0301	5.17	3.68
DPB1*0401	3.93	3.80
DPB1*0402	5.79	10.40
DPB1*0501	40.70	39.14
DPB1*0601	1.86	0.62
DPB1*0901	7.23	9.12
DPB1*1301	1.65	2.16
DPB1*1401	2.07	1.54
DPB1*1701	0.83	0.23
DPB1*1901	0.62	0.39
DPB1*4701	0.21	0.15

右の斜体の数値は第 11 回日本 HLA ワークショップ共同報告書から引用：↑ は上の数値に含まれる、- はデータが無いことを表す

を示した。4座位では、最も強い関連があるDR座とDQ座(13)をDRB1-DRB345-DQA1-DQB1で示した。6座位は血清学的に抗原分子が検出可能なA-C-B-DRB1-DRB345-DQB1を示した。最後は今回調べた8座位全てで示した。3座位以上の場合でハプロタイプ頻度0.5%以上はハプロタイプ頻度降順でソートし、ハプロタイプ頻度0.5%未満はRD値降順でソートし左からアレル名, HF値, LD値, RD値の順で示した。(表12~表17)  
 これら各数値の計算方法は今西らの方法に従い次のように算出した。

$$LD = HF(ABC...X) - a \times b \times c... \times x$$

遺伝子座A,B,CからXまで

$a = A(gf), b = B(gf), c = C(gf)... , x = X(gf)$   
 gf = 遺伝子頻度

$$RD = LD / |D_{max}|$$

$|D_{max}| = D_{max}$ の絶対値

$$D_{max} = \text{Min}\{a, b, c, \dots, x\} - a \times b \times c \dots \times x \quad (LD \geq 0)$$

$$D_{max} = \text{Max}\{0, a+b+c\dots+x - (XL-1)\} - a \times b \times c \dots \times x \quad (LD < 0)$$

$\text{Min}\{ \} = \{ \}$ 内の要素の最小値

$\text{Max}\{ \} = \{ \}$ 内の要素の最大値

XL = 遺伝子座AからXまでの座位数

$$X^2 = 2NLD^2 / a(1-a)b(1-b)$$

**表3 ハプロタイプ集計の一覧**

HF: haplotype frequencies, LD: linkage disequilibrium, RD: relative linkage disequilibrium, X<sup>2</sup> values: chi-square values

Table No.	Pages	No. of loci	Link of haplotypes	No. of haplotypes	Indication	Calculation
4	1	2 Locus	A-C	523	All data	HF × 10 <sup>4</sup> LD × 10 <sup>4</sup> RD × 10 <sup>2</sup> X <sup>2</sup> values
5	3		A-B			
6	3		C-B			
7	4		B-DRB1	516		
8	1		DRB345-DRB1			
9	1		DQA1-DRB1			
10	2		DQB1-DRB1			
11	2			DPB1-DRB1		
12	1	3 Locus	A-C-B	523	Sorting HF ≥ 0.5% HF < 0.5% and sorting RD ≥ 0.05	HF (%) LD (%) RD
13	1		A-B-DRB1	516	Sorting HF ≥ 0.5% HF < 0.5% and sorting RD ≥ 0.1	
14	1		DRB1-DQB1-DPB1	477	Sorting HF ≥ 0.5% HF < 0.5% and sorting RD ≥ 0.1	
15	1	4 Locus	DRB1-DRB345 -DQA1-DQB1	516	Sorting HF ≥ 0.5% HF < 0.5% and sorting RD ≥ 0.05	
16	1	6 Locus	A-C-B-DRB1 -DRB345-DQB1		Sorting HF ≥ 0.5% HF < 0.5% and sorting RD ≥ 0.5	
17	1	8 Locus	(All loci)	477	Sorting HF ≥ 0.5% HF < 0.5% and sorting RD ≥ 0.5	

表4 A-C 2座位のハプロタイプ頻度、連鎖不平衡値、相対連鎖不平衡値、X<sup>2</sup>値 (n=523)

Allele	Cw *0102	Cw *1402	Cw *1403	Cw *0302	Cw *0303	Cw *0304	Cw *1502	Cw *0401	Cw *0602	Cw *0702	Cw *0704	Cw *0501	Cw *0801	Cw *0803	Cw *1202
A*0101	0 -10 -100 1.2	0 -3 -100 0.3	0 -4 -100 0.5	0 0 -1 0.0	0 -8 -100 0.9	0 -8 -100 1.0	0 -3 -100 0.3	0 -3 -100 0.3	57 57 100 444.8	0 -6 -100 0.7	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -6 -100 0.7	0 -1 -100 0.1	0 -6 -100 0.8
A*0201	191 13 1 0.1	38 -13 -25 0.4	0 -76 -100 9.5	0 -2 -100 0.2	268 126 14 15.3	153 6 1 0.0	134 87 22 19.6	19 -28 -59 2.0	0 -14 -100 1.7	96 -15 -14 0.3	38 24 20 4.7	0 -4 -100 0.5	96 -9 -8 0.1	0 -14 -100 1.7	38 -81 -68 7.2
A*0206	38 -111 -74 11.4	19 -24 -55 1.6	19 -44 -70 3.8	0 -2 -100 0.2	96 -23 -19 0.6	172 48 6 2.5	38 -1 -3 0.0	0 -40 -100 4.8	0 -12 -100 1.4	287 194 24 52.0	0 -12 -100 1.4	0 -3 -100 0.4	191 104 13 15.6	19 7 6 0.5	19 -81 -81 8.4
A*0207	249 201 84 109.2	0 -14 -100 1.6	0 -20 -100 2.4	0 -1 -100 0.1	19 -19 -49 1.1	19 -20 -52 1.3	0 -13 -100 1.4	0 -13 -100 1.4	0 -4 -100 0.4	0 -30 -100 3.6	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 -28 -100 3.3	0 -4 -100 0.4	0 -32 -100 3.9
A*0210	0 -13 -100 1.6	0 -4 -100 0.4	0 -5 -100 0.6	0 0 -1 0.0	0 -10 -100 1.2	0 -11 -100 1.3	0 -3 -100 0.4	0 -3 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 -8 -100 0.9	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	57 50 72 39.0	0 -1 -100 0.1	19 11 16 1.6
A*0301	0 -10 -100 1.2	0 -3 -100 0.3	0 -4 -100 0.5	0 0 -1 0.0	0 -8 -100 0.9	19 11 23 1.9	0 -3 -100 0.3	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1	0 -6 -100 0.7	0 -1 -100 0.1	38 38 100 696.0	0 -6 -100 0.7	0 -1 -100 0.1	0 -6 -100 0.8
A*1101	344 166 19 21.8	38 -13 -25 0.4	0 -76 -100 9.5	0 -2 -100 0.2	134 -7 -74 0.1	38 -109 -59 11.0	19 -28 -59 2.0	210 163 42 69.3	19 5 4 0.2	115 4 0 0.0	0 -14 -100 1.7	0 -4 -100 0.5	134 29 3 1.1	0 -14 -100 1.7	19 -100 -84 11.0
A*2402	727 119 11 4.6	191 17 5 0.3	19 -239 -93 39.3	0 -7 -100 1.2	306 -176 -37 12.2	478 -25 -5 0.2	96 -65 -40 4.5	134 -27 -17 0.8	0 -49 -100 8.2	344 -33 -9 0.5	57 8 10 0.2	0 -14 -100 2.3	287 -69 -19 2.5	96 47 55 7.5	918 513 73 120.3
A*2601	38 -149 -80 16.8	19 -35 -65 2.8	19 -61 -76 5.9	0 -2 -100 0.3	249 100 10 9.1	287 132 14 15.2	57 8 2 0.1	19 -30 -61 2.3	19 4 3 0.1	134 17 2 0.3	38 23 19 4.2	0 -4 -100 0.5	191 81 9 7.8	0 -15 -100 1.8	57 -68 -54 4.9
A*2603	0 -32 -100 4.1	0 -9 -100 1.0	0 -14 -100 1.6	0 0 -2 0.0	115 89 54 39.0	38 12 7 0.7	0 -8 -100 0.9	0 -8 -100 0.9	0 -3 -100 0.3	0 -20 -100 2.3	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1	0 -19 -100 2.2	19 17 13 11.6	19 -2 -10 0.0
A*3001	0 -6 -100 0.8	0 -2 -100 0.2	0 -3 -100 0.3	0 0 0 0.0	0 -5 -100 0.6	0 -5 -100 0.6	0 -2 -100 0.2	0 -2 -100 0.2	38 38 100 296.0	0 -4 -100 0.5	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 -4 -100 0.5
A*3101	57 -57 -50 3.8	172 139 31 69.5	0 -49 -100 5.9	0 -1 -100 0.1	115 24 4 0.8	115 20 3 0.5	96 65 16 16.6	57 27 7 2.8	0 -9 -100 1.0	57 -14 -19 0.3	0 -9 -100 1.0	0 -3 -100 0.3	0 -67 -100 8.4	0 -9 -100 1.0	19 -57 -75 5.4
A*3303	19 -111 -85 12.9	0 -37 -100 4.5	650 595 91 778.7	19 18 100 23.6	19 -84 -82 9.0	57 -51 -47 3.1	0 -34 -100 4.1	0 -34 -100 4.1	0 -10 -100 1.2	0 -81 -100 10.2	0 -10 -100 1.2	0 -3 -100 0.3	19 -57 -75 5.4	0 -10 -100 1.2	0 -87 -100 11.1

表5-1 A-B 2座位のハプロタイプ頻度、連鎖不平衡値、相対連鎖不平衡値、X<sup>2</sup>値 (n=523)

[1/3]

Allele	B*4402	B*4403	B*5101	B*5102	B*5201	B*3501	B*1501	B*1507	B*1511	B*1518	B*4601
A*0101	0 0 -1 0.0	0 -4 -100 0.4	0 -4 -100 0.4	0 0 -1 0.0	0 -6 -100 0.7	0 -5 -100 0.6	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.2
A*0201	0 -4 -100 0.5	0 -72 -100 9.0	134 60 10 6.2	0 -2 -100 0.2	38 -78 -67 6.9	96 1 0 0.0	76 38 12 4.4	0 -4 -100 0.5	76 66 78 50.7	57 39 25 9.8	19 -18 -48 1.0
A*0206	0 -3 -100 0.4	19 -41 -68 3.4	19 -43 -69 3.6	0 -2 -100 0.2	19 -79 -80 8.2	134 55 7 4.8	76 44 13 7.0	0 -3 -100 0.4	0 -9 -100 1.0	19 4 2 0.1	19 -12 -38 0.5
A*0207	0 -1 -100 0.1	0 -19 -100 2.2	0 -20 -100 2.3	0 -1 -100 0.1	0 -31 -100 3.8	19 -6 -24 0.2	0 -10 -100 1.2	0 -1 -100 0.1	0 -3 -100 0.3	0 -5 -100 0.5	249 239 86 643.7
A*0210	0 0 -1 0.0	0 -5 -100 0.6	0 -5 -100 0.6	0 0 -1 0.0	19 11 16 1.7	0 -7 -100 0.8	0 -3 -100 0.3	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -3 -100 0.3
A*0301	38 38 100 696.0	0 -4 -100 0.4	0 -4 -100 0.4	0 0 -1 0.0	0 -6 -100 0.7	0 -5 -100 0.6	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.2
A*1101	0 -4 -100 0.5	0 -72 -100 9.0	38 -35 -48 2.1	0 -2 -100 0.2	19 -98 -84 10.7	115 21 3 0.6	268 229 71 163.6	0 -4 -100 0.5	0 -10 -100 1.2	0 -18 -100 2.2	19 -18 -48 1.0
A*2402	0 -14 -100 2.3	19 -225 -92 36.7	249 -3 -1 0.0	0 -7 -100 1.2	899 501 72 116.5	191 -130 -40 9.5	153 20 9 0.5	19 5 21 0.3	19 -16 -45 1.2	57 -5 -9 0.1	19 -107 -85 15.4
A*2601	0 -4 -100 0.5	19 -56 -75 5.3	19 -59 -75 5.6	0 -2 -100 0.3	57 -66 -53 4.6	191 92 12 11.0	134 93 29 25.7	0 -4 -100 0.5	0 -11 -100 1.3	38 19 12 2.2	19 -20 -51 1.2
A*2603	0 -1 -100 0.1	0 -13 -100 1.5	0 -13 -100 1.5	0 0 -2 0.0	19 -2 -8 0.0	38 21 12 3.2	76 70 38 77.0	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.2	0 -3 -100 0.4	0 -7 -100 0.7
A*3001	0 0 0 0.0	0 -3 -100 0.3	0 -3 -100 0.3	0 0 0 0.0	0 -4 -100 0.5	0 -3 -100 0.4	0 -1 -100 0.2	0 0 0 0.0	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1
A*3101	0 -3 -100 0.3	0 -46 -100 5.5	210 163 25 67.6	19 18 100 27.1	19 -56 -75 5.3	57 -3 -5 0.0	134 109 32 55.2	0 -3 -100 0.3	0 -7 -100 0.7	0 -12 -100 1.4	0 -24 -100 2.8
A*3303	0 -3 -100 0.3	612 559 91 725.5	19 -35 -65 2.7	0 -1 -100 0.2	0 -85 -100 10.9	38 -31 -45 1.7	19 -9 -33 0.4	19 16 46 9.9	0 -7 -100 0.9	0 -13 -100 1.6	0 -27 -100 3.2

表 5-2

[2/3]

Allele	B*5401	B*5502	B*5504	B*5601	B*5603	B*5801	B*5901	B*3701	B*3901	B*3902	B*3904
A*0101	0 -4 -100 0.5	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	57 57 100 783.0	0 -2 -100 0.3	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0
A*0201	153 77 12 9.9	19 -12 -38 0.5	0 -4 -100 0.5	0 -4 -100 0.5	0 -6 -100 0.7	0 -2 -100 0.2	0 -18 -100 2.2	0 -8 -100 1.0	57 14 4 0.6	19 15 44 6.5	0 -2 -100 0.2
A*0206	19 -44 -70 3.8	0 -26 -100 3.0	0 -3 -100 0.4	0 -3 -100 0.4	0 -5 -100 0.6	0 -2 -100 0.2	0 -15 -100 1.8	0 -7 -100 0.8	229 193 53 124.1	19 16 45 8.3	0 -2 -100 0.2
A*0207	0 -20 -100 2.4	0 -8 -100 0.9	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 -5 -100 0.5	0 -2 -100 0.2	0 -12 -100 1.3	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1
A*0210	0 -5 -100 0.6	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -3 -100 0.3	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0
A*0301	0 -4 -100 0.5	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.3	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0
A*1101	153 77 12 9.9	57 27 10 2.8	38 34 100 33.5	0 -4 -100 0.5	57 51 100 50.3	0 -2 -100 0.2	0 -18 -100 2.2	0 -8 -100 1.0	19 -24 -56 1.6	0 -4 -100 0.5	0 -2 -100 0.2
A*2402	344 86 19 5.1	153 48 26 3.8	0 -14 -100 2.3	0 -14 -100 2.3	0 -21 -100 3.5	0 -7 -100 1.2	153 90 82 21.7	0 -28 -100 4.6	19 -128 -87 19.0	0 -14 -100 2.3	19 12 100 3.5
A*2601	0 -80 -100 10.1	19 -13 -41 0.7	0 -4 -100 0.5	19 15 44 6.0	0 -6 -100 0.8	0 -2 -100 0.3	0 -19 -100 2.3	19 10 15 1.5	57 12 3 0.4	0 -4 -100 0.5	0 -2 -100 0.3
A*2603	0 -14 -100 1.6	0 -5 -100 0.6	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 -2 0.0	0 -3 -100 0.4	0 -1 -100 0.2	0 -8 -100 0.9	0 -1 -100 0.1	0 0 -2 0.0
A*3001	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 0 0 0.0	0 0 -1 0.0	0 0 0 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.2	0 0 0 0.0	0 0 0 0.0
A*3101	19 -30 -61 2.2	19 -1 -3 0.0	0 -3 -100 0.3	19 16 46 11.6	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	19 7 5 0.5	0 -5 -100 0.6	19 -9 -31 0.3	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1
A*3303	19 -36 -66 2.9	19 -3 -15 0.1	0 -3 -100 0.3	0 -3 -100 0.3	0 -4 -100 0.5	19 18 100 23.6	0 -13 -100 1.6	0 -6 -100 0.7	0 -31 -100 3.7	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.2

表 5-3

[3/3]

Allele	B*6701	B*27	B*0702	B*4801	B*4001	B*4002	B*4003	B*4006	B*1301	B*1302
A*0101	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.2	0 -3 -100 0.4	0 -3 -100 0.3	0 -5 -100 0.6	0 0 -1 0.0	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0
A*0201	0 -8 -100 1.0	0 -4 -100 0.5	0 -39 -100 4.7	96 36 7 2.7	96 38 8 3.2	19 -71 -79 7.1	0 -4 -100 0.5	38 -13 -25 0.4	76 56 33 18.3	0 -6 -100 0.7
A*0206	0 -7 -100 0.8	19 16 45 8.3	19 -14 -41 0.7	115 65 13 10.3	38 -10 -21 0.2	57 -18 -24 0.6	0 -3 -100 0.4	76 34 8 3.2	0 -17 -100 2.0	0 -5 -100 0.6
A*0207	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 -10 -100 1.2	0 -16 -100 1.8	0 -15 -100 1.7	19 -5 -21 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -14 -100 1.6	0 -5 -100 0.6	0 -2 -100 0.2
A*0210	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -3 -100 0.3	0 -4 -100 0.5	0 -4 -100 0.5	0 -6 -100 0.7	0 0 -1 0.0	57 54 74 87.3	0 -1 -100 0.2	0 0 -1 0.0
A*0301	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.2	0 -3 -100 0.4	0 -3 -100 0.3	19 14 27 4.9	0 0 -1 0.0	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0
A*1101	76 68 100 67.2	0 -4 -100 0.5	0 -39 -100 4.7	96 36 7 2.7	0 -57 -100 7.1	57 -33 -36 1.5	0 -4 -100 0.5	38 -13 -25 0.4	0 -20 -100 2.4	19 13 25 3.2
A*2402	0 -28 -100 4.6	19 5 21 0.3	287 154 67 30.6	210 8 2 0.1	287 91 27 7.4	363 56 10 1.8	19 5 21 0.3	96 -79 -45 6.2	57 -12 -18 0.4	0 -21 -100 3.5
A*2601	0 -9 -100 1.0	0 -4 -100 0.5	57 16 5 0.8	19 -43 -69 3.8	57 -3 -5 0.0	210 115 15 18.1	19 15 44 6.0	172 118 28 32.1	0 -22 -100 2.6	0 -6 -100 0.8
A*2603	0 -1 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 -7 -100 0.8	19 9 5 0.8	0 -10 -100 1.2	38 22 13 3.6	0 -1 -100 0.1	0 -9 -100 1.0	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1
A*3001	0 0 -1 0.0	0 0 0 0.0	0 -1 -100 0.2	0 -2 -100 0.2	0 -2 -100 0.2	0 -3 -100 0.4	0 0 0 0.0	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	38 38 100 696.0
A*3101	0 -5 -100 0.6	0 -3 -100 0.3	0 -25 -100 2.9	0 -38 -100 4.5	57 21 4 1.4	38 -20 -34 0.8	0 -3 -100 0.3	0 -33 -100 3.9	57 44 25 17.0	0 -4 -100 0.4
A*3303	0 -6 -100 0.7	0 -3 -100 0.3	0 -28 -100 3.4	0 -43 -100 5.2	0 -42 -100 5.0	19 -47 -71 4.1	0 -3 -100 0.3	0 -37 -100 4.5	0 -15 -100 1.7	0 -4 -100 0.5



表6-1 B-C 2座位のハプロタイプ頻度、連鎖不平衡値、相対連鎖不平衡値、X<sup>2</sup>値 (n=523)

[1/3]

Allele	B*4402	B*4403	B*5101	B*5102	B*5201	B*3501	B*1501	B*1507	B*1511	B*1518	B*4601
Cw*0102	0 -6 -100 0.8	0 -111 -100 15.0	19 -95 -83 10.7	0 -3 -100 0.4	0 -181 -100 25.5	0 -146 -100 20.1	76 16 5 0.6	0 -6 -100 0.8	0 -16 -100 2.0	0 -29 -100 3.7	344 287 100 186.8
Cw*0302	0 0 0 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 -2 -100 0.2	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 0 -1 0.0	0 0 -2 0.0	0 -1 -100 0.1
Cw*0303	0 -5 -100 0.6	0 -88 -100 11.4	0 -91 -100 11.8	0 -3 -100 0.3	0 -144 -100 19.4	631 515 67 301.9	382 334 106 291.9	19 14 42 4.7	96 83 100 66.4	0 -23 -100 2.8	0 -45 -100 5.7
Cw*0304	0 -5 -100 0.6	0 -92 -100 12.0	76 -18 -19 0.5	0 -3 -100 0.3	0 -150 -100 20.4	38 -83 -68 7.5	57 7 2 0.1	0 -5 -100 0.6	0 -13 -100 1.6	19 -5 -19 0.1	0 -47 -100 6.0
Cw*0401	0 -2 -100 0.2	0 -29 -100 3.5	0 -30 -100 3.6	0 -1 -100 0.1	0 -48 -100 5.9	76 38 9 4.4	325 309 89 678.9	0 -2 -100 0.2	0 -4 -100 0.5	0 -8 -100 0.8	0 -15 -100 1.7
Cw*0501	38 38 100 1046.0	0 -3 -100 0.3	0 -3 -100 0.3	0 0 0 0.0	0 -4 -100 0.5	0 -3 -100 0.4	0 -1 -100 0.2	0 0 0 0.0	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1
Cw*0602	0 -1 -100 0.1	0 -9 -100 1.0	0 -9 -100 1.0	0 0 -1 0.0	0 -15 -100 1.7	0 -12 -100 1.4	0 -5 -100 0.5	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.2	0 -5 -100 0.5
Cw*0702	0 -4 -100 0.5	0 -69 -100 8.6	0 -71 -100 8.9	0 -2 -100 0.2	0 -113 -100 14.7	0 -91 -100 11.6	19 -18 -49 1.1	0 -4 -100 0.5	0 -10 -100 1.2	0 -18 -100 2.1	0 -36 -100 4.3
Cw*0704	0 -1 -100 0.1	0 -9 -100 1.0	0 -9 -100 1.0	0 0 -1 0.0	0 -15 -100 1.7	0 -12 -100 1.4	0 -5 -100 0.5	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	134 132 100 810.4	0 -5 -100 0.5
Cw*0801	0 -4 -100 0.4	0 -65 -100 8.1	0 -67 -100 8.4	0 -2 -100 0.2	19 -87 -82 9.3	96 10 1 0.1	38 3 1 0.0	0 -4 -100 0.4	0 -9 -100 1.1	19 2 2 0.0	0 -34 -100 4.0
Cw*0803	0 -1 -100 0.1	0 -9 -100 1.0	0 -9 -100 1.0	0 0 -1 0.0	0 -15 -100 1.7	0 -12 -100 1.4	0 -5 -100 0.5	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.2	0 -5 -100 0.5
Cw*1202	0 -4 -100 0.5	0 -74 -100 9.4	0 -76 -100 9.6	0 -2 -100 0.2	1071 950 98 985.7	19 -78 -80 8.1	0 -40 -100 4.9	0 -4 -100 0.5	0 -11 -100 1.3	0 -19 -100 2.3	0 -38 -100 4.7
Cw*1402	0 -2 -100 0.2	0 -32 -100 3.8	478 445 100 710.3	0 -1 -100 0.1	0 -52 -100 6.4	0 -42 -100 5.1	0 -17 -100 2.0	0 -2 -100 0.2	0 -5 -100 0.5	0 -8 -100 0.9	0 -16 -100 1.9
Cw*1403	0 -3 -100 0.3	669 622 100 985.4	0 -49 -100 5.9	0 -1 -100 0.2	0 -77 -100 9.7	19 -43 -69 3.7	0 -26 -100 3.0	19 16 46 11.3	0 -7 -100 0.8	0 -12 -100 1.4	0 -24 -100 2.8
Cw*1502	0 -2 -100 0.2	0 -29 -100 3.5	115 84 21 27.7	19 18 100 43.6	0 -48 -100 5.9	0 -39 -100 4.6	38 22 6 3.5	0 -2 -100 0.2	0 -4 -100 0.5	0 -8 -100 0.8	0 -15 -100 1.7

表 6-2

[2/3]

Allele	B*5401	B*5502	B*5504	B*5601	B*5603	B*5801	B*5901	B*3701	B*3901	B*3902	B*3904
Cw*0102	669 552 94 349.0	268 220 92 131.0	0 -6 -100 0.8	0 -6 -100 0.8	57 48 100 30.2	0 -3 -100 0.4	172 143 100 91.8	0 -13 -100 1.6	0 -67 -100 8.7	0 -6 -100 0.8	0 -3 -100 0.4
Cw*0302	0 -1 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 0 0 0.0	0 0 -1 0.0	19 19 100 1046.0	0 0 -2 0.0	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 0 0 0.0
Cw*0303	0 -93 -100 12.1	19 -19 -49 1.1	38 33 100 26.4	0 -5 -100 0.6	0 -8 -100 0.9	0 -3 -100 0.3	0 -23 -100 2.8	0 -10 -100 1.2	0 -53 -100 6.7	0 -5 -100 0.6	0 -3 -100 0.3
Cw*0304	19 -78 -80 8.2	0 -39 -100 4.9	0 -5 -100 0.6	0 -5 -100 0.6	0 -8 -100 1.0	0 -3 -100 0.3	0 -24 -100 2.9	0 -11 -100 1.3	0 -55 -100 7.0	0 -5 -100 0.6	0 -3 -100 0.3
Cw*0401	0 -31 -100 3.7	0 -13 -100 1.4	0 -2 -100 0.2	19 17 48 19.9	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1	0 -8 -100 0.8	0 -3 -100 0.4	0 -18 -100 2.0	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1
Cw*0501	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 0 0 0.0	0 0 -1 0.0	0 0 0 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.2	0 0 0 0.0	0 0 0 0.0
Cw*0602	0 -9 -100 1.1	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.2	76 75 100 594.3	0 -5 -100 0.6	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0
Cw*0702	0 -73 -100 9.2	0 -30 -100 3.6	0 -4 -100 0.5	19 15 44 6.8	0 -6 -100 0.7	0 -2 -100 0.2	0 -18 -100 2.1	0 -8 -100 0.9	402 360 100 380.0	38 34 100 34.9	19 17 100 17.4
Cw*0704	0 -9 -100 1.1	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 -5 -100 0.6	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0
Cw*0801	0 -69 -100 8.6	0 -28 -100 3.3	0 -4 -100 0.4	0 -4 -100 0.4	0 -6 -100 0.7	0 -2 -100 0.2	0 -17 -100 2.0	0 -7 -100 0.9	0 -39 -100 4.7	0 -4 -100 0.4	0 -2 -100 0.2
Cw*0803	19 10 8 1.1	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 -5 -100 0.6	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0
Cw*1202	0 -78 -100 9.9	0 -32 -100 3.9	0 -4 -100 0.5	0 -4 -100 0.5	0 -6 -100 0.8	0 -2 -100 0.2	0 -19 -100 2.3	0 -8 -100 1.0	0 -45 -100 5.5	0 -4 -100 0.5	0 -2 -100 0.2
Cw*1402	0 -34 -100 4.0	0 -14 -100 1.6	0 -2 -100 0.2	0 -2 -100 0.2	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1	0 -8 -100 0.9	0 -4 -100 0.4	0 -19 -100 2.2	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1
Cw*1403	0 -50 -100 6.1	0 -20 -100 2.4	0 -3 -100 0.3	0 -3 -100 0.3	0 -4 -100 0.5	0 -1 -100 0.2	0 -12 -100 1.4	0 -5 -100 0.6	0 -28 -100 3.3	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.2
Cw*1502	0 -31 -100 3.7	0 -13 -100 1.4	0 -2 -100 0.2	0 -2 -100 0.2	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1	0 -8 -100 0.8	0 -3 -100 0.4	0 -18 -100 2.0	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1

表 6-3

[3/3]

Allele	B*6701	B*27	B*0702	B*4801	B*4001	B*4002	B*4003	B*4006	B*1301	B*1302
Cw*0102	0 -13 -100 1.6	19 13 40 3.2	0 -60 -100 7.9	0 -92 -100 12.3	0 -89 -100 11.8	19 -121 -86 14.3	0 -6 -100 0.8	19 -60 -76 6.0	0 -32 -100 4.1	0 -10 -100 1.2
Cw*0302	0 0 -1 0.0	0 0 0 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.2	0 0 0 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -2 0.0	0 0 -1 0.0
Cw*0303	0 -10 -100 1.2	0 -5 -100 0.6	0 -48 -100 6.0	38 -35 -48 2.1	0 -71 -100 9.0	96 -15 -14 0.3	0 -5 -100 0.6	0 -63 -100 8.0	0 -25 -100 3.1	0 -8 -100 0.9
Cw*0304	0 -11 -100 1.3	0 -5 -100 0.6	0 -50 -100 6.3	19 -57 -75 5.5	287 213 46 79.0	631 515 71 303.5	19 14 42 4.4	38 -28 -42 1.5	172 146 88 99.8	0 -8 -100 1.0
Cw*0401	0 -3 -100 0.4	0 -2 -100 0.2	0 -16 -100 1.8	0 -24 -100 2.8	19 -4 -19 0.1	0 -37 -100 4.4	0 -2 -100 0.2	0 -21 -100 2.4	0 -8 -100 0.9	0 -3 -100 0.3
Cw*0501	0 0 -1 0.0	0 0 0 0.0	0 -1 -100 0.2	0 -2 -100 0.2	0 -2 -100 0.2	0 -3 -100 0.4	0 0 0 0.0	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0
Cw*0602	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -5 -100 0.5	0 -7 -100 0.8	0 -7 -100 0.8	0 -11 -100 1.3	0 -1 -100 0.1	0 -6 -100 0.7	0 -3 -100 0.3	57 57 100 444.8
Cw*0702	76 69 100 70.0	0 -4 -100 0.5	363 326 100 342.5	0 -57 -100 7.1	57 2 0 0.0	19 -68 -78 6.7	0 -4 -100 0.5	0 -49 -100 6.0	19 -1 -3 0.0	0 -6 -100 0.7
Cw*0704	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -5 -100 0.5	0 -7 -100 0.8	0 -7 -100 0.8	0 -11 -100 1.3	0 -1 -100 0.1	0 -6 -100 0.7	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1
Cw*0801	0 -7 -100 0.9	0 -4 -100 0.4	0 -35 -100 4.3	363 309 62 217.0	38 -14 -27 0.5	19 -63 -77 6.1	19 15 45 7.4	363 317 73 261.9	0 -19 -100 2.2	0 -6 -100 0.7
Cw*0803	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -5 -100 0.5	115 107 85 174.1	0 -7 -100 0.8	0 -11 -100 1.3	0 -1 -100 0.1	0 -6 -100 0.7	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1
Cw*1202	0 -8 -100 1.0	0 -4 -100 0.5	0 -40 -100 4.9	0 -61 -100 7.7	19 -40 -68 3.4	0 -93 -100 12.0	0 -4 -100 0.5	0 -53 -100 6.5	0 -21 -100 2.5	0 -6 -100 0.8
Cw*1402	0 -4 -100 0.4	0 -2 -100 0.2	0 -17 -100 2.0	0 -27 -100 3.1	0 -26 -100 3.0	0 -40 -100 4.8	0 -2 -100 0.2	0 -23 -100 2.6	0 -9 -100 1.0	0 -3 -100 0.3
Cw*1403	0 -5 -100 0.6	0 -3 -100 0.3	0 -26 -100 3.0	0 -39 -100 4.7	0 -38 -100 4.5	0 -60 -100 7.3	0 -3 -100 0.3	0 -34 -100 4.0	0 -14 -100 1.6	0 -4 -100 0.5
Cw*1502	0 -3 -100 0.4	19 17 48 19.9	0 -16 -100 1.8	19 -5 -22 0.1	115 91 22 40.8	57 20 5 1.3	0 -2 -100 0.2	57 36 9 7.2	0 -8 -100 0.9	0 -3 -100 0.3

表7-1 B-DRB1 2座位のハプロタイプ頻度、連鎖不平衡値、相対連鎖不平衡値、X<sup>2</sup>値 (n=516)

[1/4]

Allele	DRB1 *0101	DRB1 *1001	DRB1 *1501	DRB1 *1502	DRB1 *1602	DRB1 *0401	DRB1 *0403	DRB1 *0405	DRB1 *0406	DRB1 *0407	DRB1 *0410	DRB1 *0701	DRB1 *0901
B*4402	0 -2 100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -5 -100 0.5	0 -3 -100 0.4	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.2	0 -5 -100 0.6	0 -1 -100 0.1	0 0 -100 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -5 -100 0.6
B*4403	0 -26 -100 3.0	0 -4 -100 0.4	39 -40 -51 2.6	0 -60 -100 7.3	0 -5 -100 0.6	0 -9 -100 1.0	0 -26 -100 3.0	19 -70 -78 7.0	0 -24 -100 2.7	0 -3 -100 0.3	0 -14 -100 1.6	0 -5 -100 0.6	19 -74 -79 7.5
B*5101	0 -26 -100 3.0	0 -4 -100 0.4	97 18 3 0.5	0 -60 -100 7.3	19 14 20 4.2	0 -9 -100 1.0	19 -7 -26 0.2	116 27 5 1.0	0 -24 -100 2.7	0 -3 -100 0.3	19 5 2 0.2	0 -5 -100 0.6	58 -35 -38 1.7
B*5102	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.3	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	19 17 100 13.2	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 0 -2 0.0	0 0 -1 0.0	0 -3 -100 0.3
B*5201	0 -41 -100 5.0	0 -6 -100 0.7	78 -46 -37 2.3	833 738 93 727.5	0 -8 -100 1.0	0 -14 -100 1.7	0 -41 -100 5.0	19 -121 -86 13.9	0 -37 -100 4.5	0 -4 -100 0.5	0 -23 -100 2.7	0 -8 -100 1.0	39 -108 -74 10.6
B*3501	0 -34 -100 4.0	0 -5 -100 0.6	174 73 9 6.7	0 -78 -100 9.7	0 -7 -100 0.8	0 -12 -100 1.4	116 82 23 23.7	116 1 0 0.0	19 -11 -36 0.5	0 -3 -100 0.4	78 59 30 21.6	0 -7 -100 0.8	97 -23 -19 0.6
B*1501	0 -36 -100 4.3	0 -5 -100 0.6	155 47 6 2.6	0 -83 -100 10.4	19 12 17 2.4	19 7 5 0.4	58 22 6 1.6	19 -103 -84 11.4	233 200 63 145.5	0 -4 -100 0.4	39 19 10 2.1	0 -7 -100 0.8	58 -70 -55 5.0
B*1507	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -5 -100 0.5	0 -3 -100 0.4	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	39 37 100 99.6	0 -5 -100 0.6	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -5 -100 0.6
B*1511	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	19 8 9 0.7	0 -9 -100 1.0	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -4 -100 0.4	0 -13 -100 1.5	0 -3 -100 0.4	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	58 45 54 18.2
B*1518	0 -7 -100 0.7	0 -1 -100 0.1	0 -20 -100 2.4	0 -16 -100 1.8	0 -1 -100 0.1	58 56 42 140.0	0 -7 -100 0.7	0 -23 -100 2.8	19 13 8 3.2	0 -1 -100 0.1	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	19 -5 -19 0.1
B*4601	0 -14 -100 1.5	0 -2 -100 0.2	0 -41 -100 4.9	0 -31 -100 3.7	0 -3 -100 0.3	19 15 11 4.9	0 -14 -100 1.5	0 -46 -100 5.7	19 7 2 0.5	0 -1 -100 0.1	0 -7 -100 0.8	0 -3 -100 0.3	58 10 3 0.3
B*5401	19 -8 -30 0.3	0 -4 -100 0.5	58 -25 -30 1.0	19 -45 -70 3.8	0 -6 -100 0.6	0 -10 -100 1.1	0 -28 -100 3.2	446 351 56 167.2	0 -25 -100 2.9	0 -3 -100 0.3	0 -15 -100 1.7	19 14 19 3.9	39 -60 -61 4.7
B*5502	0 -11 -100 1.2	0 -2 -100 0.2	39 5 2 0.1	0 -26 -100 3.0	0 -2 -100 0.2	0 -4 -100 0.4	0 -11 -100 1.2	155 117 46 43.5	0 -10 -100 1.1	0 -1 -100 0.1	0 -6 -100 0.7	0 -2 -100 0.2	19 -21 -52 1.3
B*5504	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -5 -100 0.5	0 -3 -100 0.4	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.2	0 -5 -100 0.6	0 -1 -100 0.1	0 0 -100 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	39 33 100 25.2
B*5601	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -5 -100 0.5	0 -3 -100 0.4	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.2	0 -5 -100 0.6	0 -1 -100 0.1	0 0 -100 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	19 14 42 4.4
B*5603	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -7 -100 0.8	0 -5 -100 0.6	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.2	0 -8 -100 0.9	0 -2 -100 0.2	0 0 -100 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -8 -100 1.0

表 7-2

[ 2 / 4 ]

Allele	DRB1 *0802	DRB1 *0803	DRB1 *1101	DRB1 *1201	DRB1 *1202	DRB1 *1301	DRB1 *1302	DRB1 *1307	DRB1 *1401	DRB1 *1403	DRB1 *1405	DRB1 *1406	DRB1 *1407	DRB1 *1412
B*4402	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.3	0 -1 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	39 39 100 1032.0	0 -2 -100 0.2	0 0 0 0.0	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 0 0 0.0
B*4403	19 -4 -18 0.1	19 -24 -55 1.6	0 -25 -100 2.9	0 -17 -100 1.9	19 5 2 0.2	0 -3 -100 0.3	465 427 82 561.0	0 -1 -100 0.1	58 29 7 3.4	0 -5 -100 0.6	19 -2 -8 0.0	0 -14 -100 1.6	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1
B*5101	39 15 5 1.1	19 -24 -55 1.6	78 53 15 12.7	39 22 9 3.1	0 -14 -100 1.6	0 -3 -100 0.3	39 1 0 0.0	0 -1 -100 0.1	58 29 7 3.4	58 53 73 59.3	19 -2 -8 0.0	0 -14 -100 1.6	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1
B*5102	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 -3 0.1	0 0 -2 0.0	0 0 0 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -2 0.0	0 0 0 0.0	0 0 0 0.0
B*5201	0 -37 -100 4.5	39 -29 -43 1.6	0 -39 -100 4.7	19 -7 -28 0.2	0 -23 -100 2.7	0 -4 -100 0.5	19 -41 -68 3.4	0 -2 -100 0.2	19 -26 -57 1.8	0 -8 -100 1.0	0 -33 -100 3.9	0 -23 -100 2.7	0 -4 -100 0.5	0 -2 -100 0.2
B*3501	19 -11 -36 0.5	39 -17 -31 0.6	39 7 2 0.2	58 36 16 6.9	0 -19 -100 2.1	0 -3 -100 0.4	0 -49 -100 5.9	0 -2 -100 0.2	58 21 5 1.4	0 -7 -100 0.8	39 12 4 0.6	19 1 0 0.0	0 -3 -100 0.4	0 -2 -100 0.2
B*1501	19 -13 -40 0.6	39 -21 -35 0.9	39 5 1 0.1	0 -23 -100 2.7	0 -20 -100 2.3	0 -4 -100 0.4	0 -52 -100 6.3	0 -2 -100 0.2	19 -20 -51 1.2	19 12 17 2.4	58 29 10 3.5	136 116 60 78.7	0 -4 -100 0.4	0 -2 -100 0.2
B*1507	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.3	0 -1 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 -2 -100 0.2	0 0 0 0.0	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 0 0 0.0
B*1511	0 -3 -100 0.4	0 -6 -100 0.7	0 -4 -100 0.4	0 -2 -100 0.3	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -5 -100 0.6	0 -4 -1 0.0	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	19 16 17 9.6	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.0	0 0 -1 0.0
B*1518	0 -6 -100 0.7	19 8 5 0.7	0 -6 -100 0.7	0 -4 -100 0.5	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 -10 -100 1.1	19 19 100 112.9	19 12 7 2.1	0 -1 -100 0.1	19 14 8 3.9	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 0 -2 0.0
B*4601	19 7 2 0.5	233 210 64 226.4	0 -13 -100 1.4	0 -9 -100 1.0	0 -7 -100 0.8	0 -1 -100 0.1	0 -20 -100 2.2	0 -1 -100 0.1	0 -15 -100 1.7	0 -3 -100 0.3	0 -11 -100 1.2	0 -7 -100 0.8	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1
B*5401	0 -25 -100 2.9	78 32 5 2.6	0 -26 -100 3.0	0 -18 -100 2.1	19 4 2 0.1	0 -3 -100 0.3	0 -40 -100 4.7	0 -1 -100 0.2	0 -31 -100 3.6	0 -6 -100 0.6	19 -3 -13 0.0	0 -15 -100 1.7	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.2
B*5502	19 9 3 0.9	19 1 0 0.0	19 9 3 0.8	0 -7 -100 0.8	0 -6 -100 0.7	0 -1 -100 0.1	0 -16 -100 1.8	0 -1 -100 0.1	19 7 3 0.4	0 -2 -100 0.2	0 -9 -100 1.0	0 -6 -100 0.7	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1
B*5504	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.3	0 -1 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 -2 -100 0.2	0 0 0 0.0	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 0 0 0.0
B*5601	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.3	19 18 48 24.3	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 -2 -100 0.2	0 0 0 0.0	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 0 0 0.0
B*5603	0 -2 -100 0.2	19 16 29 7.3	0 -2 -100 0.2	19 18 32 23.3	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -3 -100 0.4	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.3	0 0 -1 0.0	19 18 31 18.4	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0

表 7-3

[ 3/4 ]

Allele	DRB1 *0101	DRB1 *1001	DRB1 *1501	DRB1 *1502	DRB1 *1602	DRB1 *0401	DRB1 *0403	DRB1 *0405	DRB1 *0406	DRB1 *0407	DRB1 *0410	DRB1 *0701	DRB1 *0901
B*5801	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.3	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 0 -2 0.0	0 0 -1 0.0	0 -3 -100 0.3
B*5901	0 -7 -100 0.7	0 -1 -100 0.1	0 -20 -100 2.4	0 -16 -100 1.8	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.3	0 -7 -100 0.7	136 113 74 66.8	0 -6 -100 0.7	0 -1 -100 0.1	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 -24 -100 2.9
B*3701	0 -3 -100 0.3	58 58 100 772.5	0 -9 -100 1.1	0 -7 -100 0.8	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -3 -100 0.3	0 -10 -100 1.2	0 -3 -100 0.3	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	19 9 13 0.9
B*3901	0 -16 -100 1.8	0 -2 -100 0.3	174 127 35 41.6	0 -36 -100 4.3	0 -3 -100 0.3	0 -6 -100 0.6	39 23 6 3.7	0 -54 -100 6.6	19 5 2 0.2	0 -2 -100 0.2	19 11 5 1.5	0 -3 -100 0.3	0 -56 -100 7.0
B*3902	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -5 -100 0.5	0 -3 -100 0.4	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.2	0 -5 -100 0.6	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	39 33 100 25.2
B*3904	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.3	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0	19 19 100 49.7	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 0 -2 0.0	0 0 -1 0.0	0 -3 -100 0.3
B*6701	0 -3 -100 0.3	0 0 -1 0.0	39 30 43 11.6	0 -7 -100 0.8	39 38 50 254.0	0 -1 -100 0.1	0 -3 -100 0.3	0 -10 -100 1.2	0 -3 -100 0.3	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 -11 -100 1.3
B*27	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -5 -100 0.5	0 -3 -100 0.4	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	19 18 48 22.9	19 14 42 4.8	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -5 -100 0.6
B*0702	349 335 95 874.2	0 -2 -100 0.2	0 -43 -100 5.2	0 -33 -100 3.9	0 -3 -100 0.3	0 -5 -100 0.5	19 5 1 0.2	0 -49 -100 6.0	0 -13 -100 1.4	0 -1 -100 0.2	0 -8 -100 0.9	0 -3 -100 0.3	0 -51 -100 6.3
B*4801	0 -22 -100 2.5	0 -3 -100 0.4	155 90 18 15.2	19 -31 -61 2.3	0 -4 -100 0.5	0 -8 -100 0.8	0 -22 -100 2.5	58 -16 -22 0.4	19 37 100 67.4	0 -12 -100 1.3	0 -4 -100 0.5	0 20 4 0.6	97 20 4 0.6
B*4001	19 -2 -8 0.0	0 -3 -100 0.3	58 -5 -8 0.0	0 -48 -100 5.8	0 -4 -100 0.5	0 -7 -100 0.8	0 -21 -100 2.4	78 6 1 0.1	0 -19 -100 2.1	0 -2 -100 0.2	0 12 -100 1.3	0 -4 -100 0.5	136 61 13 6.3
B*4002	0 -32 -100 3.8	0 -5 -100 0.5	58 -39 -40 2.0	0 -74 -100 9.2	0 -6 -100 0.7	39 27 22 7.6	39 6 2 0.2	19 -90 -82 9.7	19 -10 -33 0.4	0 -3 -100 0.4	58 40 21 10.6	0 -6 -100 0.7	291 176 24 35.3
B*4003	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.0	0 -5 -100 0.5	0 -3 -100 0.4	0 -1 -100 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.2	0 -5 -100 0.6	0 -1 -100 0.1	0 0 -100 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	19 14 42 4.4
B*4006	0 -18 -100 2.0	0 -3 -100 0.3	19 -35 -64 2.7	0 -41 -100 4.9	0 -4 -100 0.4	0 -6 -100 0.7	0 -18 -100 2.0	97 36 9 2.6	0 -16 -100 1.8	0 -2 -100 0.2	0 -10 -100 1.1	0 -4 -100 0.4	252 188 47 69.3
B*1301	0 -8 -100 0.8	0 -1 -100 0.1	0 -23 -100 2.7	19 2 1 0.0	0 -2 -100 0.2	0 -3 -100 0.3	19 12 6 2.1	0 -26 -100 3.1	0 -7 -100 0.7	0 -1 -100 0.1	0 -4 -100 0.4	0 -2 -100 0.2	0 -27 -100 3.3
B*1302	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -7 -100 0.8	0 -5 -100 0.6	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.2	0 -8 -100 0.9	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	58 58 100 772.5	0 -8 -100 1.0

表 7-4

[ 4 / 4 ]

Allele	DRB1 *0802	DRB1 *0803	DRB1 *1101	DRB1 *1201	DRB1 *1202	DRB1 *1301	DRB1 *1302	DRB1 *1307	DRB1 *1401	DRB1 *1403	DRB1 *1405	DRB1 *1406	DRB1 *1407	DRB1 *1412
B*5801	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 -3 0.1	0 0 -2 0.0	0 0 0 0.0	19 18 100 33.7	0 0 0 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -2 0.0	0 0 0 0.0	0 0 0 0.0
B*5901	0 -6 -100 0.7	0 -11 -100 1.3	19 13 8 2.9	0 -4 -100 0.5	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	19 10 6 1.0	0 0 -2 0.0	0 -7 -100 0.8	0 -1 -100 0.1	0 -5 -100 0.6	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 0 -2 0.0
B*3701	0 -3 -100 0.3	0 -5 -100 0.6	0 -3 -100 0.3	0 -2 -100 0.2	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -4 -100 0.5	0 0 -1 0.0	0 -3 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.3	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0
B*3901	39 25 7 4.7	58 32 8 4.6	19 4 1 0.1	19 9 4 0.9	0 -9 -100 1.0	0 -2 -100 0.2	0 -23 -100 2.6	0 -1 -100 0.1	19 2 1 0.0	0 -3 -100 0.3	0 -13 -100 1.4	0 -9 -100 1.0	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1
B*3902	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.3	0 -1 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 -2 -100 0.2	0 0 0 0.0	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 0 0 0.0
B*3904	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 -3 0.1	0 0 -2 0.0	0 0 0 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -2 0.0	0 0 0 0.0	0 0 0 0.0
B*6701	0 -3 -100 0.3	0 -5 -100 0.6	0 -3 -100 0.3	0 -2 -100 0.2	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -4 -100 0.5	0 0 -1 0.0	0 -3 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.3	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0
B*27	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.3	0 -1 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 -2 -100 0.2	0 0 0 0.0	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 0 0 0.0
B*0702	0 -13 -100 1.4	0 -24 -100 2.7	0 -14 -100 1.5	0 -9 -100 1.0	0 -8 -100 0.9	0 -1 -100 0.2	0 -21 -100 2.3	0 -1 -100 0.1	0 -16 -100 1.8	0 -3 -100 0.3	0 -11 -100 1.3	0 -8 -100 0.9	0 -1 -100 0.2	0 -1 -100 0.1
B*4801	19 0 0 0.0	0 -36 -100 4.2	78 57 16 17.7	0 -14 -100 1.6	0 -12 -100 1.3	0 -2 -100 0.2	0 -32 -100 3.7	0 -1 -100 0.1	19 -5 -19 0.1	0 -4 -100 0.5	19 2 1 0.0	0 -12 -100 1.3	39 37 100 67.4	0 -1 -100 0.1
B*4001	19 0 0 0.0	19 -15 -44 0.8	58 38 11 8.3	58 44 19 16.2	19 8 4 0.6	0 -2 -100 0.2	0 -30 -100 3.5	0 -1 -100 0.1	39 16 4 1.2	0 -4 -100 0.5	19 3 1 0.0	19 8 4 0.6	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1
B*4002	136 107 33 45.6	0 -53 -100 6.4	0 -31 -100 3.6	19 -2 -8 0.0	0 -18 -100 2.0	0 -3 -100 0.4	0 -47 -100 5.6	0 -2 -100 0.2	78 42 11 5.8	0 -6 -100 0.7	58 32 11 4.7	19 2 1 0.0	0 -3 -100 0.4	0 -2 -100 0.2
B*4003	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.3	0 -1 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 -2 -100 0.2	0 0 0 0.0	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	19 19 49 44.1	0 0 0 0.0	0 0 0 0.0
B*4006	0 -16 -100 1.8	39 9 2 0.3	0 -17 -100 1.9	19 8 3 0.6	0 -10 -100 1.1	0 -2 -100 0.2	0 -26 -100 3.0	0 -1 -100 0.1	19 0 0 0.0	0 -4 -100 0.4	0 -14 -100 1.6	0 -10 -100 1.1	0 -2 -100 0.2	19 18 100 41.1
B*1301	0 -7 -100 0.7	0 -12 -100 1.4	0 -7 -100 0.8	0 -5 -100 0.5	155 151 80 592.7	0 -1 -100 0.1	0 -11 -100 1.2	0 0 -2 0.0	0 -8 -100 0.9	0 -2 -100 0.2	0 -6 -100 0.7	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 0 -2 0.0
B*1302	0 -2 -100 0.2	0 -4 -100 0.4	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -3 -100 0.4	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.3	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0

表8 DRB345-DRB1

2座位のハプロタイプ頻度、連鎖不平衡値、相対連鎖不平衡値、 $\chi^2$  値 (n=516)

Allele	DRB1 *0101	DRB1 *1001	DRB1 *1501	DRB1 *1502	DRB1 *1602	DRB1 *0401	DRB1 *0403	DRB1 *0405	DRB1 *0406	DRB1 *0407	DRB1 *0410	DRB1 *0701	DRB1 *0901	
DRB3*0101	0 -15 -100 1.7	0 -2 -100 0.2	0 -45 -100 5.5	0 -35 -100 4.1	0 -3 -100 0.3	0 -5 -100 0.6	0 -15 -100 1.7	0 -51 -100 6.3	0 -14 -100 1.5	0 -2 -100 0.2	0 -8 -100 0.9	0 -3 -100 0.3	0 -53 -100 6.6	
DRB3*0202	0 -53 -100 6.5	0 -8 -100 0.9	0 -158 -100 21.3	0 -121 -100 15.9	0 -11 -100 1.3	0 -18 -100 2.2	0 -53 -100 6.5	0 -179 -100 24.6	0 -47 -100 5.9	0 -5 -100 0.6	0 -29 -100 3.5	0 -11 -100 1.3	0 -187 -100 25.8	
DRB3*0301	0 -31 -100 3.6	0 -5 -100 0.5	0 -92 -100 11.7	0 -71 -100 8.7	0 -6 -100 0.7	0 -11 -100 1.2	0 -31 -100 3.6	0 -105 -100 13.5	0 -28 -100 3.2	0 -3 -100 0.3	0 -17 -100 1.9	0 -6 -100 0.7	0 -109 -100 14.2	
DRB4*01	0 -146 -100 25.1	0 -22 -100 3.6	0 -437 -100 81.8	0 -335 -100 60.9	0 -29 -100 4.9	0 -51 -100 8.6	388 242 100 69.1	1318 822 100 260.0	349 218 100 61.9	39 24 100 6.7	213 133 100 37.3	78 48 100 13.4	1376 859 100 273.3	
DRB4*0102	0 -5 -100 0.6	0 -1 -100 0.1	0 -16 -100 1.9	0 -12 -100 1.4	0 -1 -100 0.1	136 134 100 1032.0	0 -5 -100 0.6	0 -18 -100 2.2	0 -5 -100 0.5	0 -1 -100 0.1	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1	0 -19 -100 2.3	
DRB5*0101	0 -45 -100 5.5	0 -7 -100 0.8	1163 1028 100 1032.0	0 -104 -100 13.3	0 -9 -100 1.1	0 -16 -100 1.9	0 -45 -100 5.5	0 -153 -100 20.6	0 -41 -100 4.9	0 -5 -100 0.5	0 -25 -100 3.0	0 -9 -100 1.1	0 -160 -100 21.7	
DRB5*0102	0 -35 -100 4.1	0 -5 -100 0.6	0 -104 -100 13.3	891 812 100 1032.0	0 -7 -100 0.8	0 -12 -100 1.4	0 -35 -100 4.1	0 -117 -100 15.3	0 -31 -100 3.7	0 -3 -100 0.4	0 -19 -100 2.2	0 -7 -100 0.8	0 -123 -100 16.1	
DRB5*02	0 -3 -100 0.3	0 0 -100 0.0	0 -9 -100 1.1	0 -7 -100 0.8	78 77 100 1032.0	0 -1 -100 0.1	0 -3 -100 0.3	0 -10 -100 1.2	0 -3 -100 0.3	0 0 -100 0.0	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 -11 -100 1.3	
(Blank)	388 332 100 248.6	58 50 100 36.0	0 -167 -100 22.7	0 -128 -100 16.9	0 -11 -100 1.3	0 -19 -100 2.4	0 -56 -100 7.0	0 -189 -100 26.2	0 -50 -100 6.2	0 -6 -100 0.7	0 -31 -100 3.8	0 -11 -100 1.3	0 -197 -100 27.6	
Allele	DRB1 *0802	DRB1 *0803	DRB1 *1101	DRB1 *1201	DRB1 *1202	DRB1 *1301	DRB1 *1302	DRB1 *1307	DRB1 *1401	DRB1 *1403	DRB1 *1405	DRB1 *1406	DRB1 *1407	DRB1 *1412
DRB3*0101	0 -14 -100 1.5	0 -25 -100 2.8	0 -14 -100 1.6	252 242 100 661.5	0 -8 -100 0.9	39 37 100 99.6	0 -22 -100 2.5	0 -1 -100 0.1	0 -17 -100 1.9	78 75 100 200.0	0 -12 -100 1.3	0 -8 -100 0.9	0 -2 -100 0.2	19 19 100 49.7
DRB3*0202	0 -47 -100 5.9	0 -87 -100 11.1	368 318 100 251.4	0 -34 -100 4.2	0 -29 -100 3.5	0 -5 -100 0.6	19 17 100 9.6	407 349 95 262.8	0 -11 -100 1.3	310 268 100 210.4	213 184 100 143.2	39 34 100 25.6	0 -3 -100 0.3	
DRB3*0301	0 -28 -100 3.2	0 -51 -100 6.1	0 -29 -100 3.4	0 -20 -100 2.3	213 196 100 260.4	0 -3 -100 0.3	562 517 100 712.0	0 -2 -100 0.2	19 -14 -43 0.7	0 -6 -100 0.7	0 -25 -100 2.9	0 -17 -100 1.9	0 -3 -100 0.3	0 -2 -100 0.2
DRB4*01	0 -131 -100 22.5	0 -240 -100 42.5	0 -138 -100 23.8	0 -95 -100 16.1	0 -80 -100 13.5	0 -15 -100 2.4	0 -211 -100 37.0	0 -7 -100 1.2	0 -160 -100 27.7	0 -29 -100 4.9	0 -117 -100 19.9	0 -80 -100 13.5	0 -15 -100 2.4	0 -7 -100 1.2
DRB4*0102	0 -5 -100 0.5	0 -9 -100 1.0	0 -5 -100 0.5	0 -3 -100 0.4	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1	0 -8 -100 0.8	0 0 -100 0.0	0 -6 -100 0.6	0 -1 -100 0.1	0 -4 -100 0.5	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1	0 0 -100 0.0
DRB5*0101	0 -41 -100 4.9	0 -74 -100 9.3	0 -43 -100 5.2	0 -29 -100 3.5	0 -25 -100 3.0	0 -5 -100 0.5	0 -65 -100 8.1	0 -2 -100 0.3	0 -50 -100 6.0	0 -9 -100 1.1	0 -36 -100 4.3	0 -25 -100 3.0	0 -5 -100 0.5	0 -2 -100 0.3
DRB5*0102	0 -31 -100 3.7	0 -57 -100 6.9	0 -33 -100 3.9	0 -22 -100 2.6	0 -19 -100 2.2	0 -3 -100 0.4	0 -50 -100 6.0	0 -2 -100 0.2	0 -38 -100 4.5	0 -7 -100 0.8	0 -28 -100 3.2	0 -19 -100 2.2	0 -3 -100 0.4	0 -2 -100 0.2
DRB5*02	0 -3 -100 0.3	0 -5 -100 0.6	0 -3 -100 0.3	0 -2 -100 0.2	0 -2 -100 0.2	0 -4 -100 0.0	0 -4 -100 0.5	0 0 -100 0.0	0 -3 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.3	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.0	0 0 -100 0.0
(Blank)	349 299 100 222.8	640 548 100 421.2	0 -53 -100 6.6	0 -36 -100 4.5	0 -31 -100 3.8	0 -6 -100 0.7	0 -81 -100 10.3	0 -3 -100 0.3	0 -61 -100 7.7	0 -11 -100 1.3	0 -44 -100 5.5	0 -31 -100 3.8	0 -6 -100 0.7	0 -3 -100 0.3



表9 DQA1-DRB1

2座位のハプロタイプ頻度、連鎖不平衡値、相対連鎖不平衡値、X<sup>2</sup>値 (n=516)

Allele	DRB1 *0101	DRB1 *1001	DRB1 *1501	DRB1 *1502	DRB1 *1602	DRB1 *0401	DRB1 *0403	DRB1 *0405	DRB1 *0406	DRB1 *0407	DRB1 *0410	DRB1 *0701	DRB1 *0901
DQA1*01	388 321 100 199.6	58 48 100 29.0	465 265 27 49.2	0 -154 -100 21.1	39 25 40 6.1	0 -23 -100 3.0	0 -67 -100 8.7	0 -227 -100 32.6	0 -60 -100 7.8	0 -7 -100 0.8	0 -37 -100 4.7	0 -13 -100 1.7	0 -237 -100 34.3
DQA1*0102	0 -49 -100 6.0	0 -7 -100 0.9	659 512 50 239.5	0 -112 -100 14.6	39 29 43 10.2	0 -17 -100 2.0	0 -49 -100 6.0	0 -166 -100 22.6	0 -44 -100 5.4	0 -5 -100 0.6	0 -27 -100 3.2	0 -10 -100 1.2	0 -173 -100 23.7
DQA1*0103	0 -62 -100 7.9	0 -9 -100 1.1	19 -165 -90 20.6	891 750 100 534.6	0 -12 -100 1.5	0 -22 -100 2.7	0 -62 -100 7.9	0 -209 -100 29.6	0 -55 -100 7.0	0 -6 -100 0.8	0 -34 -100 4.2	0 -12 -100 1.5	0 -219 -100 31.1
DQA1*0201	0 -3 -100 0.3	0 0 -1 0.0	0 -9 -100 1.1	0 -7 -100 0.8	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -3 -100 0.3	0 -10 -100 1.2	0 -3 -100 0.3	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.2	78 77 100 1032.0	0 -11 -100 1.3
DQA1*03	0 -160 -100 29.3	0 -24 -100 4.2	0 -480 -100 95.5	0 -368 -100 71.0	0 -32 -100 5.7	136 80 100 20.2	388 228 100 59.2	1318 774 100 222.8	349 205 100 53.1	39 23 100 5.7	213 125 100 32.0	0 -32 -100 5.7	1376 808 100 234.2
DQA1*0401	0 -7 -100 0.7	0 -1 -100 0.1	0 -20 -100 2.4	0 -16 -100 1.8	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.3	0 -7 -100 0.7	0 -23 -100 2.8	0 -6 -100 0.7	0 -1 -100 0.1	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 -24 -100 2.9
DQA1*05	0 -32 -100 3.8	0 -5 -100 0.5	19 -78 -80 7.9	0 -74 -100 9.2	0 -6 -100 0.7	0 -11 -100 1.3	0 -32 -100 3.8	0 -110 -100 14.2	0 -29 -100 3.4	0 -3 -100 0.4	0 -18 -100 2.0	0 -6 -100 0.7	0 -115 -100 15.0
DQA1*0601	0 -8 -100 0.9	0 -1 -100 0.1	0 -25 -100 3.0	0 -19 -100 2.2	0 -2 -100 0.2	0 -3 -100 0.3	0 -8 -100 0.9	0 -28 -100 3.4	0 -7 -100 0.8	0 -1 -100 0.1	0 -5 -100 0.5	0 -2 -100 0.2	0 -29 -100 3.6

  

Allele	DRB1 *0802	DRB1 *0803	DRB1 *1101	DRB1 *1201	DRB1 *1202	DRB1 *1301	DRB1 *1302	DRB1 *1307	DRB1 *1401	DRB1 *1403	DRB1 *1405	DRB1 *1406	DRB1 *1407	DRB1 *1412
DQA1*01	0 -60 -100 7.8	0 -110 -100 14.7	0 -64 -100 8.2	0 -43 -100 5.6	0 -37 -100 4.7	0 -7 -100 0.8	0 -97 -100 12.8	0 -3 -100 0.4	426 353 100 220.5	0 -13 -100 1.7	310 257 100 158.4	0 -37 -100 4.7	39 32 100 19.3	0 -3 -100 0.4
DQA1*0102	0 -44 -100 5.4	0 -81 -100 10.2	0 -46 -100 5.7	0 -32 -100 3.8	0 -27 -100 3.2	0 -5 -100 0.6	562 491 100 426.4	0 -2 -100 0.3	0 -54 -100 6.6	0 -10 -100 1.2	0 -39 -100 4.8	0 -27 -100 3.2	0 -5 -100 0.6	0 -2 -100 0.3
DQA1*0103	0 -55 -100 7.0	640 538 100 373.2	0 -59 -100 7.5	0 -40 -100 5.0	0 -34 -100 4.2	39 33 100 21.3	0 -89 -100 11.6	0 -3 -100 0.4	0 -68 -100 8.7	0 -12 -100 1.5	0 -49 -100 6.2	0 -34 -100 4.2	0 -6 -100 0.8	0 -3 -100 0.4
DQA1*0201	0 -3 -100 0.3	0 -5 -100 0.6	0 -3 -100 0.3	0 -2 -100 0.2	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -4 -100 0.5	0 0 -1 0.0	0 -3 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.3	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.2	0 0 -1 0.0
DQA1*03	174 30 15 1.2	0 -264 -100 49.6	0 -152 -100 27.7	136 32 21 1.7	0 -88 -100 15.8	0 -16 -100 2.8	0 -232 -100 43.2	0 -8 -100 1.4	0 -176 -100 32.3	0 -32 -100 5.7	0 -128 -100 23.2	0 -88 -100 15.8	0 -16 -100 2.8	0 -8 -100 1.4
DQA1*0401	174 168 100 506.8	0 -11 -100 1.3	0 -6 -100 0.7	0 -4 -100 0.5	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 -10 -100 1.1	0 0 -2 0.0	0 -7 -100 0.8	0 -1 -100 0.1	0 -5 -100 0.6	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 0 -2 0.0
DQA1*05	0 -29 -100 3.4	0 -53 -100 6.4	368 338 100 434.0	116 95 41 49.9	0 -18 -100 2.0	0 -3 -100 0.4	0 -47 -100 5.6	19 18 100 22.0	0 -36 -100 4.2	78 71 100 88.7	0 -26 -100 3.0	213 195 100 247.3	0 -3 -100 0.4	19 18 100 22.0
DQA1*0601	0 -7 -100 0.8	0 -14 -100 1.5	0 -8 -100 0.9	0 -5 -100 0.6	213 209 100 1032.0	0 -1 -100 0.1	0 -12 -100 1.3	0 0 -2 0.0	0 -9 -100 1.0	0 -2 -100 0.2	0 -7 -100 0.7	0 -5 -100 0.5	0 -1 -100 0.1	0 0 -2 0.0

表10-1 DQB1-DRB1

2座位のハプロタイプ頻度、連鎖不平衡値、相対連鎖不平衡値、X<sup>2</sup>値 (n=516)

[1/2]

Allele	DRB1 *0101	DRB1 *1001	DRB1 *1501	DRB1 *1502	DRB1 *1602	DRB1 *0401	DRB1 *0403	DRB1 *0405	DRB1 *0406	DRB1 *0407	DRB1 *0410	DRB1 *0701	DRB1 *0901
DQB1*02	0 -3 -100 0.3	0 0 -1 0.0	0 -9 -100 1.1	0 -7 -100 0.8	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -3 -100 0.3	0 -10 -100 1.2	0 -3 -100 0.3	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.2	78 77 100 1032.0	0 -11 -100 1.3
DQB1*0301	0 -47 -100 5.7	0 -7 -100 0.8	19 -120 -86 13.8	0 -107 -100 13.8	0 -9 -100 1.1	136 119 100 103.9	19 -27 -58 1.9	0 -158 -100 21.4	0 -42 -100 5.1	0 -5 -100 0.5	0 -26 -100 3.1	0 -9 -100 1.1	19 -146 -88 17.5
DQB1*0302	0 -39 -100 4.7	0 -6 -100 0.7	0 -117 -100 15.2	0 -90 -100 11.3	0 -8 -100 0.9	0 -14 -100 1.6	368 329 94 331.2	0 -133 -100 17.6	349 314 100 332.8	39 35 100 35.8	0 -21 -100 2.5	0 -8 -100 0.9	19 -119 -86 13.7
DQB1*0303	0 -56 -100 7.1	0 -8 -100 1.0	0 -169 -100 23.1	0 -130 -100 17.2	0 -11 -100 1.4	0 -20 -100 2.4	0 -56 -100 7.1	0 -192 -100 26.6	0 -51 -100 6.3	0 -6 -100 0.7	0 -31 -100 3.8	0 -11 -100 1.4	1337 1137 97 905.4
DQB1*0401	0 -50 -100 6.2	0 -8 -100 0.9	0 -151 -100 20.3	0 -116 -100 15.1	0 -10 -100 1.2	0 -18 -100 2.1	0 -50 -100 6.2	1298 1127 100 1014.6	0 -45 -100 5.6	0 -5 -100 0.6	0 -28 -100 3.4	0 -10 -100 1.2	0 -179 -100 24.6
DQB1*0402	0 -15 -100 1.7	0 -2 -100 0.2	0 -45 -100 5.5	0 -35 -100 4.1	0 -3 -100 0.3	0 -5 -100 0.6	0 -15 -100 1.7	19 -32 -62 2.4	0 -14 -100 1.5	0 -2 -100 0.2	213 205 100 557.5	0 -3 -100 0.3	0 -53 -100 6.6
DQB1*0501	388 370 100 892.0	58 56 100 129.4	0 -52 -100 6.3	0 -40 -100 4.7	0 -3 -100 0.4	0 -6 -100 0.7	0 -17 -100 1.9	0 -59 -100 7.3	0 -16 -100 1.7	0 -2 -100 0.2	0 -10 -100 1.0	0 -3 -100 0.4	0 -61 -100 7.7
DQB1*0502	0 -13 -100 1.4	0 -2 -100 0.2	0 -38 -100 4.6	0 -29 -100 3.4	78 75 100 236.7	0 -4 -100 0.5	0 -13 -100 1.4	0 -43 -100 5.3	0 -11 -100 1.3	0 -1 -100 0.1	0 -7 -100 0.8	0 -3 -100 0.3	0 -45 -100 5.6
DQB1*0503	0 -21 -100 2.4	0 -3 -100 0.3	0 -63 -100 7.8	0 -48 -100 5.8	0 -4 -100 0.5	0 -7 -100 0.8	0 -21 -100 2.4	0 -72 -100 9.0	0 -19 -100 2.1	0 -2 -100 0.2	0 -12 -100 1.3	0 -4 -100 0.5	0 -75 -100 9.4
DQB1*0601	0 -58 -100 7.3	0 -9 -100 1.1	0 -174 -100 23.8	891 758 100 575.9	0 -12 -100 1.4	0 -20 -100 2.5	0 -58 -100 7.3	0 -197 -100 27.5	0 -52 -100 6.5	0 -6 -100 0.7	0 -32 -100 3.9	0 -12 -100 1.4	0 -205 -100 28.9
DQB1*0602	0 -45 -100 5.5	0 -7 -100 0.8	1143 1008 98 993.4	0 -104 -100 13.3	0 -9 -100 1.1	0 -16 -100 1.9	0 -45 -100 5.5	0 -153 -100 20.6	0 -41 -100 4.9	0 -5 -100 0.5	0 -25 -100 3.0	0 -9 -100 1.1	0 -160 -100 21.7
DQB1*0603	0 -2 -100 0.2	0 0 -100 0.0	0 -5 -100 0.5	0 -3 -100 0.4	0 0 -100 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.2	0 -5 -100 0.6	0 -1 -100 0.1	0 0 -100 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -100 0.0	0 -5 -100 0.6
DQB1*0604	0 -21 -100 2.4	0 -3 -100 0.3	0 -63 -100 7.8	0 -48 -100 5.8	0 -4 -100 0.5	0 -7 -100 0.8	0 -21 -100 2.4	0 -72 -100 9.0	0 -19 -100 2.1	0 -2 -100 0.2	0 -12 -100 1.3	0 -4 -100 0.5	0 -75 -100 9.4
DQB1*0609	0 -1 -100 0.1	0 0 -100 0.0	0 -2 -100 0.3	0 -2 -100 0.2	0 0 -100 0.0	0 0 -100 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1	0 0 -100 0.0	0 0 -2 0.0	0 0 -100 0.0	0 -3 -100 0.3

表10-2

DQB1-DRB1 [ 2/2 ]

Allele	DRB1 *0802	DRB1 *0803	DRB1 *1101	DRB1 *1201	DRB1 *1202	DRB1 *1301	DRB1 *1302	DRB1 *1307	DRB1 *1401	DRB1 *1403	DRB1 *1405	DRB1 *1406	DRB1 *1407	DRB1 *1412
DQB1*02	0 -3 -100 0.3	0 -5 -100 0.6	0 -3 -100 0.3	0 -2 -100 0.2	0 -2 -100 0.2	0 0 -100 0.0	0 -4 -100 0.5	0 0 -100 0.0	0 -3 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.3	0 -2 -100 0.2	0 0 -100 0.0	0 0 -100 0.0
DQB1*0301	0 -42 -100 5.1	0 -77 -100 9.6	349 305 94 255.4	116 86 39 29.4	213 188 100 164.6	0 -5 -100 0.5	0 -68 -100 8.4	19 17 100 14.7	0 -51 -100 6.3	78 68 100 59.0	0 -37 -100 4.5	213 188 100 164.6	0 -5 -100 0.5	19 17 100 14.7
DQB1*0302	194 159 51 85.1	0 -64 -100 7.9	19 -18 -48 1.0	19 -6 -24 0.2	0 -21 -100 2.5	0 -4 -100 0.5	0 -57 -100 6.9	0 -2 -100 0.2	0 -43 -100 5.2	0 -8 -100 0.9	0 -31 -100 3.7	0 -21 -100 2.5	0 -4 -100 0.5	0 -2 -100 0.2
DQB1*0303	0 -51 -100 6.3	0 -93 -100 12.0	0 -54 -100 6.7	116 80 37 21.5	0 -31 -100 3.8	0 -6 -100 0.7	0 -82 -100 10.5	0 -3 -100 0.3	0 -62 -100 7.8	0 -11 -100 1.4	0 -45 -100 5.6	0 -31 -100 3.8	0 -6 -100 0.7	0 -3 -100 0.3
DQB1*0401	0 -45 -100 5.6	0 -83 -100 10.5	0 -48 -100 5.9	0 -33 -100 4.0	0 -28 -100 3.4	0 -5 -100 0.6	0 -73 -100 9.2	0 -3 -100 0.3	0 -55 -100 6.9	0 -10 -100 1.2	0 -40 -100 4.9	0 -28 -100 3.4	0 -5 -100 0.6	0 -3 -100 0.3
DQB1*0402	155 142 42 164.8	0 -25 -100 2.8	0 -14 -100 1.6	0 -10 -100 1.1	0 -8 -100 0.9	0 -2 -100 0.2	0 -22 -100 2.5	0 -1 -100 0.1	0 -17 -100 1.9	0 -3 -100 0.3	0 -12 -100 1.3	0 -8 -100 0.9	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1
DQB1*0501	0 -16 -100 1.7	0 -29 -100 3.3	0 -16 -100 1.8	0 -11 -100 1.2	0 -10 -100 1.0	0 -2 -100 0.2	0 -25 -100 2.9	0 -1 -100 0.1	0 -19 -100 2.1	0 -3 -100 0.4	0 -14 -100 1.5	0 -10 -100 1.0	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1
DQB1*0502	0 -11 -100 1.3	0 -21 -100 2.4	0 -12 -100 1.3	0 -8 -100 0.9	0 -7 -100 0.8	0 -1 -100 0.1	0 -19 -100 2.1	0 -1 -100 0.1	213 199 63 314.7	0 -3 -100 0.3	0 -10 -100 1.1	0 -7 -100 0.8	39 37 100 117.9	0 -1 -100 0.1
DQB1*0503	0 -19 -100 2.1	19 -15 -44 0.8	0 -20 -100 2.3	0 -14 -100 1.5	0 -12 -100 1.3	0 -2 -100 0.2	0 -30 -100 3.5	0 -1 -100 0.1	213 190 47 177.9	0 -4 -100 0.5	310 293 100 575.6	0 -12 -100 1.3	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1
DQB1*0601	0 -52 -100 6.5	601 505 93 346.8	0 -55 -100 6.9	0 -38 -100 4.7	0 -32 -100 3.9	0 -6 -100 0.7	0 -84 -100 10.8	0 -3 -100 0.4	0 -64 -100 8.1	0 -12 -100 1.4	0 -46 -100 5.8	0 -32 -100 3.9	0 -6 -100 0.7	0 -3 -100 0.4
DQB1*0602	0 -41 -100 4.9	19 -55 -74 5.1	0 -43 -100 5.2	0 -29 -100 3.5	0 -25 -100 3.0	0 -5 -100 0.5	0 -65 -100 8.1	0 -2 -100 0.3	0 -50 -100 6.0	0 -9 -100 1.1	0 -36 -100 4.3	0 -25 -100 3.0	0 -5 -100 0.5	0 -2 -100 0.3
DQB1*0603	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.3	0 -1 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	39 39 100 1032.0	0 -2 -100 0.2	0 0 0 0.0	0 -2 -100 0.0	0 -2 -100 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 0 0 0.0
DQB1*0604	0 -19 -100 2.1	0 -35 -100 4.0	0 -20 -100 2.3	0 -14 -100 1.5	0 -12 -100 1.3	0 -2 -100 0.2	543 512 100 994.4	0 -1 -100 0.1	0 -23 -100 2.6	0 -4 -100 0.5	0 -17 -100 1.9	0 -12 -100 1.3	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1
DQB1*0609	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 -3 0.1	0 0 -2 0.0	0 0 0 0.0	19 18 100 33.7	0 0 0 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -2 0.0	0 0 0 0.0	0 0 0 0.0

表11-1 DPB1-DRB1

2座位のハプロタイプ頻度、連鎖不平衡値、相対連鎖不平衡値、 $\chi^2$  値 (n=477)

[1/2]

Allele	DRB1 *0101	DRB1 *1001	DRB1 *1501	DRB1 *1502	DRB1 *1602	DRB1 *0401	DRB1 *0403	DRB1 *0405	DRB1 *0406	DRB1 *0407	DRB1 *0410	DRB1 *0701	DRB1 *0901
DPB1*0201	19 -83 -81 9.8	39 23 55 5.0	465 158 18 12.8	78 -158 -67 16.4	19 -1 -5 0.0	97 61 61 14.8	116 14 5 0.3	233 -116 -33 6.2	155 63 24 6.2	39 29 100 11.2	39 -18 -31 0.8	0 -21 -100 2.9	388 24 2 0.3
DPB1*0202	0 -14 -100 1.5	0 -2 -100 0.2	0 -41 -100 4.9	19 -12 -38 0.5	19 17 22 11.0	0 -5 -100 0.5	19 6 2 0.3	0 -46 -100 5.7	0 -12 -100 1.4	0 -1 -100 0.1	0 -7 -100 0.8	0 -3 -100 0.3	19 -29 -60 2.2
DPB1*0301	0 -20 -100 2.3	19 16 30 9.8	19 -41 -68 3.4	0 -46 -100 5.5	0 -4 -100 0.4	0 -7 -100 0.8	39 19 5 2.0	78 9 2 0.2	0 -18 -100 2.0	0 -2 -100 0.2	116 105 52 111.9	0 -4 -100 0.4	58 -13 -18 0.3
DPB1*0401	0 -15 -100 1.7	0 -2 -100 0.2	0 -46 -100 5.5	0 -35 -100 4.1	0 -3 -100 0.3	0 -5 -100 0.6	0 -15 -100 1.7	0 -52 -100 6.4	0 -14 -100 1.5	0 -2 -100 0.2	0 -8 -100 0.9	0 -3 -100 0.3	0 -54 -100 6.7
DPB1*0402	213 191 52 184.9	0 -3 -100 0.4	39 -29 -42 1.5	0 -52 -100 6.2	0 -4 -100 0.5	0 -8 -100 0.9	0 -22 -100 2.6	97 21 4 0.7	0 -20 -100 2.3	0 -2 -100 0.2	0 -12 -100 1.4	0 -4 -100 0.5	97 17 3 0.5
DPB1*0501	136 -22 -14 0.6	0 -24 -100 4.1	368 -105 -22 4.6	116 -247 -68 32.0	39 7 16 0.3	0 -55 -100 9.7	155 -3 -2 0.0	678 142 18 7.5	174 32 16 1.3	0 -16 -100 2.8	0 -87 -100 15.4	19 -12 -39 0.8	601 41 5 0.6
DPB1*0601	0 -7 -100 0.8	0 -1 -100 0.1	19 -2 -10 0.0	0 -17 -100 1.9	0 -1 -100 0.2	0 -3 -100 0.3	19 12 7 2.2	58 34 21 5.6	19 13 7 2.8	0 -1 -100 0.1	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.2	0 -26 -100 3.1
DPB1*0901	0 -28 -100 3.2	0 -4 -100 0.5	19 -65 -77 6.3	601 536 81 544.9	0 -6 -100 0.6	0 -10 -100 1.1	0 -28 -100 3.2	0 -95 -100 12.2	0 -25 -100 2.9	0 -3 -100 0.3	0 -15 -100 1.8	0 -6 -100 0.6	19 -80 -81 8.3
DPB1*1301	0 -6 -100 0.7	0 -1 -100 0.1	39 20 13 2.4	0 -15 -100 1.7	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.2	19 13 8 2.9	19 -2 -11 0.0	0 -6 -100 0.6	0 -1 -100 0.1	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	39 16 11 1.4
DPB1*1401	0 -8 -100 0.9	0 -1 -100 0.1	39 15 8 1.1	0 -18 -100 2.1	0 -2 -100 0.2	39 36 27 49.3	0 -8 -100 0.9	19 -8 -29 0.3	0 -7 -100 0.8	0 -1 -100 0.1	39 34 17 28.9	0 -2 -100 0.2	19 -9 -32 0.4
DPB1*1701	0 -3 -100 0.3	0 0 -1 0.1	0 -10 -100 1.1	19 12 16 2.2	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -3 -100 0.3	0 -11 -100 1.3	0 -3 -100 0.3	0 0 -1 0.0	0 -2 -100 0.2	58 57 75 541.2	0 -11 -100 1.4
DPB1*1901	0 -2 -100 0.3	0 0 -1 0.0	0 -7 -100 0.8	0 -6 -100 0.6	0 0 -1 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -2 -100 0.3	58 50 93 36.6	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.1	0 -9 -100 1.0
DPB1*4701	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	19 17 93 14.0	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.1	0 0 0 0.0	0 0 -2 0.0	0 0 -1 0.0	0 -3 -100 0.3

表11-2

[2/2]

Allele	DRB1 *0802	DRB1 *0803	DRB1 *1101	DRB1 *1201	DRB1 *1202	DRB1 *1301	DRB1 *1302	DRB1 *1307	DRB1 *1401	DRB1 *1403	DRB1 *1405	DRB1 *1406	DRB1 *1407	DRB1 *1412
DPB1*0201	136 43 17 3.0	155 -14 -8 0.2	78 -20 -20 0.6	58 -8 -13 0.2	78 21 13 1.1	0 -10 -100 1.4	116 -32 -22 1.0	0 -5 -100 0.7	19 -93 -83 11.3	0 -21 -100 2.9	39 -43 -53 3.3	58 2 1 0.0	0 -10 -100 1.4	0 -5 -100 0.7
DPB1*0202	0 -12 -100 1.4	116 94 29 44.8	39 26 8 5.7	0 -9 -100 1.0	0 -7 -100 0.8	0 -1 -100 0.1	0 -20 -100 2.2	0 -1 -100 0.1	78 63 19 29.2	0 -3 -100 0.3	19 8 3 0.7	0 -7 -100 0.8	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1
DPB1*0301	19 1 0 0.0	19 -14 -41 0.7	19 0 0 0.0	19 6 3 0.3	0 -11 -100 1.2	0 -2 -100 0.2	39 10 2 0.4	0 -1 -100 0.1	0 -22 -100 2.5	0 -4 -100 0.4	19 3 1 0.1	19 8 4 0.7	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1
DPB1*0401	0 -14 -100 1.5	0 -25 -100 2.9	19 5 1 0.2	0 -10 -100 1.1	0 -8 -100 0.9	0 -2 -100 0.2	329 307 83 487.4	0 -1 -100 0.1	0 -17 -100 1.9	0 -3 -100 0.3	0 -12 -100 1.3	0 -8 -100 0.9	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1
DPB1*0402	19 -1 -4 0.0	19 -18 -48 1.0	0 -21 -100 2.4	19 5 2 0.2	0 -12 -100 1.4	0 -2 -100 0.2	0 -33 -100 3.8	0 -1 -100 0.1	0 -25 -100 2.8	0 -4 -100 0.5	19 1 0 0.0	0 -12 -100 1.4	19 17 47 14.4	0 -1 -100 0.1
DPB1*0501	136 -6 -4 0.1	252 -8 -3 0.1	174 25 11 0.7	97 -6 -6 0.1	97 10 8 0.2	39 23 100 5.9	58 -171 -75 23.5	0 -8 -100 1.4	233 59 23 3.6	39 7 16 0.3	194 68 37 6.5	136 49 39 4.9	0 -16 -100 2.8	19 11 100 2.9
DPB1*0601	19 13 7 2.8	0 -12 -100 1.3	0 -7 -100 0.7	0 -5 -100 0.5	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 -10 -100 1.2	0 0 -2 0.0	39 31 17 13.2	0 -1 -100 0.2	0 -6 -100 0.6	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 0 -2 0.0
DPB1*0901	0 -25 -100 2.9	0 -46 -100 5.5	0 -27 -100 3.1	0 -18 -100 2.1	19 4 2 0.1	0 -3 -100 0.3	0 -41 -100 4.8	0 -1 -100 0.2	19 -11 -37 0.5	0 -6 -100 0.6	0 -22 -100 2.6	0 -15 -100 1.8	0 -3 -100 0.3	0 -1 -100 0.2
DPB1*1301	0 -6 -100 0.6	0 -11 -100 1.2	0 -6 -100 0.7	0 -4 -100 0.4	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	19 10 6 1.2	0 0 -2 0.0	0 -7 -100 0.8	0 -1 -100 0.1	19 14 9 4.3	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 0 -2 0.0
DPB1*1401	0 -7 -100 0.8	19 6 3 0.3	19 12 6 2.0	0 -5 -100 0.6	0 -4 -100 0.5	0 -1 -100 0.1	0 -12 -100 1.3	0 0 -2 0.0	0 -9 -100 1.0	0 -2 -100 0.2	0 -6 -100 0.7	0 -4 -100 0.5	0 -1 -100 0.1	0 0 -2 0.0
DPB1*1701	0 -3 -100 0.3	0 -5 -100 0.6	0 -3 -100 0.3	0 -2 -100 0.2	0 -2 -100 0.2	0 0 -1 0.0	0 -5 -100 0.5	0 0 -1 0.0	0 -4 -100 0.4	0 -1 -100 0.1	0 -3 -100 0.3	0 -2 -100 0.2	0 0 -100 0.2	0 0 -1 0.0
DPB1*1901	0 -2 -100 0.2	0 -4 -100 0.4	0 -2 -100 0.2	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -3 -100 0.4	0 0 -1 0.0	0 -3 -100 0.3	0 0 -1 0.1	0 -2 -100 0.2	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 0 -1 0.0
DPB1*4701	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 -1 -100 0.1	0 0 -2 0.0	0 0 0 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -100 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -1 0.0	0 -1 -100 0.1	0 0 -2 0.0	0 0 0 0.0	0 0 0 0.0

表12 A-C-B 3座位のハプロタイプ頻度、連鎖不平衡値、相対連鎖不平衡値 (n=523)

Sorting HF $\geq 0.5\%$						HF $< 0.5\%$ and sorting RD $\geq 0.05$					
A	C	B	HF	LD	RD	A	C	B	HF	LD	RD
A*2402	Cw*1202	B*5201	8.795	8.354	0.799	A*0301	Cw*0501	B*4402	0.382	0.382	1.000
A*3303	Cw*1403	B*4403	6.119	6.081	0.914	A*3001	Cw*0602	B*1302	0.382	0.382	1.000
A*2402	Cw*0102	B*5401	3.250	2.821	0.424	A*1101	Cw*0303	B*5504	0.382	0.377	1.000
A*2402	Cw*0702	B*0702	2.868	2.731	0.781	A*3101	Cw*1502	B*5102	0.191	0.191	1.000
A*0207	Cw*0102	B*4601	2.486	2.469	0.866	A*3303	Cw*0302	B*5801	0.191	0.191	1.000
A*0206	Cw*0702	B*3901	2.294	2.257	0.567	A*2402	Cw*0702	B*3904	0.191	0.184	1.000
A*2402	Cw*0304	B*4002	2.294	1.871	0.234	A*0206	Cw*1502	B*27	0.191	0.190	0.498
A*1101	Cw*0401	B*1501	2.103	2.059	0.473	A*3101	Cw*0401	B*5601	0.191	0.190	0.498
A*2402	Cw*1402	B*5101	1.912	1.792	0.385	A*3303	Cw*1403	B*1507	0.191	0.189	0.497
A*2601	Cw*0304	B*4002	1.912	1.781	0.215	A*0206	Cw*0702	B*3902	0.191	0.188	0.495
A*2601	Cw*0303	B*3501	1.721	1.590	0.184	A*0201	Cw*0702	B*3902	0.191	0.187	0.494
A*3101	Cw*1402	B*5101	1.721	1.698	0.357	A*2601	Cw*0702	B*5601	0.191	0.187	0.494
A*1101	Cw*0102	B*5401	1.530	1.404	0.202	A*2601	Cw*0304	B*4003	0.191	0.185	0.492
A*2402	Cw*0102	B*5502	1.530	1.355	0.503	A*2402	Cw*0801	B*4003	0.191	0.178	0.482
A*2402	Cw*0102	B*5901	1.530	1.425	0.882	A*2402	Cw*0303	B*1507	0.191	0.173	0.475
A*2402	Cw*0303	B*3501	1.530	1.106	0.132	A*2402	Cw*0102	B*27	0.191	0.168	0.468
A*2402	Cw*0304	B*4001	1.530	1.260	0.248	A*1101	Cw*0602	B*1302	0.191	0.190	0.332
A*2601	Cw*0801	B*4006	1.530	1.477	0.312	A*0301	Cw*0304	B*4002	0.191	0.185	0.326
A*0201	Cw*0102	B*5401	1.338	1.212	0.174	A*0201	Cw*0704	B*1518	0.382	0.380	0.284
A*2402	Cw*0801	B*4801	1.338	1.141	0.213	A*2601	Cw*0704	B*1518	0.382	0.380	0.284
A*1101	Cw*0303	B*3501	0.956	0.832	0.096	A*2601	Cw*0602	B*3701	0.191	0.190	0.249
A*1101	Cw*0801	B*4801	0.956	0.898	0.164	A*0210	Cw*1202	B*5201	0.191	0.182	0.241
A*2402	Cw*0401	B*1501	0.956	0.806	0.190	A*3101	Cw*0304	B*1301	0.382	0.364	0.192
A*3101	Cw*0303	B*1501	0.956	0.871	0.128	A*2603	Cw*0303	B*3501	0.382	0.360	0.191
A*0201	Cw*0303	B*1511	0.765	0.751	0.797	A*2603	Cw*0304	B*4002	0.382	0.360	0.191
A*0201	Cw*0303	B*3501	0.765	0.641	0.074	A*2402	Cw*0303	B*1511	0.191	0.145	0.160
A*0201	Cw*0304	B*1301	0.765	0.737	0.391	A*2603	Cw*0803	B*4801	0.191	0.190	0.142
A*0201	Cw*1502	B*5101	0.765	0.732	0.168	A*0206	Cw*0803	B*4801	0.191	0.185	0.139
A*0206	Cw*0801	B*4006	0.765	0.723	0.153	A*2402	Cw*0803	B*5401	0.191	0.157	0.120
A*0206	Cw*0801	B*4801	0.765	0.716	0.130	A*0201	Cw*0801	B*1518	0.191	0.173	0.102
A*1101	Cw*0702	B*6701	0.765	0.756	1.000	A*3101	Cw*0102	B*5901	0.191	0.172	0.101
A*2402	Cw*0303	B*4002	0.765	0.359	0.045	A*0206	Cw*0304	B*1518	0.191	0.170	0.100
A*2402	Cw*0803	B*4801	0.765	0.738	0.563	A*3101	Cw*0702	B*1301	0.191	0.178	0.094
A*2601	Cw*0303	B*1501	0.765	0.625	0.068	A*2603	Cw*1202	B*5201	0.191	0.168	0.089
A*2603	Cw*0303	B*1501	0.765	0.741	0.392	A*3101	Cw*1502	B*4001	0.382	0.366	0.084
A*0101	Cw*0602	B*3701	0.574	0.574	1.000	A*0201	Cw*1502	B*4006	0.382	0.360	0.082
A*0201	Cw*0303	B*1501	0.574	0.441	0.048	A*3101	Cw*0401	B*3501	0.382	0.356	0.081
A*0201	Cw*0304	B*4001	0.574	0.495	0.094	A*3101	Cw*1502	B*1501	0.382	0.354	0.081
A*0201	Cw*0702	B*3901	0.574	0.529	0.133	A*0201	Cw*1402	B*5101	0.382	0.347	0.073
A*0201	Cw*0801	B*4801	0.574	0.516	0.094	A*1101	Cw*1402	B*5101	0.382	0.347	0.073
A*0206	Cw*0303	B*3501	0.574	0.469	0.054	A*2402	Cw*1502	B*4001	0.382	0.296	0.069
A*0210	Cw*0801	B*4006	0.574	0.570	0.749	A*2402	Cw*1502	B*5101	0.382	0.272	0.063
A*1101	Cw*0102	B*1501	0.574	0.407	0.044	A*0206	Cw*0304	B*4001	0.382	0.316	0.060
A*1101	Cw*0102	B*5502	0.574	0.523	0.185	A*2601	Cw*0304	B*4001	0.382	0.299	0.057
A*1101	Cw*0102	B*5603	0.574	0.563	1.000	A*3303	Cw*0303	B*5502	0.191	0.162	0.057
A*2402	Cw*0304	B*1301	0.574	0.477	0.263	A*0201	Cw*0303	B*4801	0.382	0.304	0.056
A*2402	Cw*0704	B*1518	0.574	0.565	0.425	A*0207	Cw*0303	B*3501	0.191	0.158	0.056
A*2402	Cw*0801	B*4006	0.574	0.403	0.088	A*0207	Cw*0304	B*4002	0.191	0.158	0.056
A*2601	Cw*0702	B*0702	0.574	0.531	0.148	A*3101	Cw*0102	B*5502	0.191	0.158	0.056
A*2601	Cw*0702	B*3901	0.574	0.527	0.133	A*0201	Cw*0102	B*5502	0.191	0.140	0.050
A*2601	Cw*1202	B*5201	0.574	0.437	0.041						

表13 A-B-DRB1 3座位のハプロタイプ頻度、連鎖不平衡値、相対連鎖不平衡値 (n=516)

Sorting HF ≥ 0.5%						HF < 0.5% and sorting RD ≥ 0.1					
A	B	DRB1	HF	LD	RD	A	B	DRB1	HF	LD	RD
A*2402	B*5201	DRB1*1502	7.364	7.018	0.819	A*0301	B*4402	DRB1*1301	0.388	0.388	1.000
A*2402	B*5201	DRB1*1502	7.364	7.018	0.819	A*3001	B*1302	DRB1*0701	0.388	0.388	1.000
A*3303	B*4403	DRB1*1302	4.070	4.039	0.723	A*0206	B*4801	DRB1*0407	0.388	0.386	1.000
A*2402	B*0702	DRB1*0101	2.713	2.661	0.733	A*1101	B*5504	DRB1*0901	0.388	0.382	1.000
A*2402	B*5401	DRB1*0405	2.132	1.787	0.262	A*0201	B*1518	DRB1*1307	0.194	0.193	1.000
A*0207	B*4601	DRB1*0803	1.744	1.738	0.599	A*3303	B*5801	DRB1*1302	0.194	0.193	1.000
A*1101	B*1501	DRB1*0406	1.744	1.710	0.495	A*3101	B*5102	DRB1*0405	0.194	0.192	1.000
A*2402	B*4002	DRB1*0901	1.357	0.939	0.119	A*2402	B*3904	DRB1*0403	0.194	0.191	1.000
A*0206	B*3901	DRB1*1501	1.163	1.120	0.278	A*2402	B*4006	DRB1*1412	0.194	0.191	1.000
A*1101	B*5401	DRB1*0405	1.163	1.062	0.150	A*0101	B*3701	DRB1*1001	0.388	0.388	0.667
A*2402	B*5901	DRB1*0405	1.163	1.079	0.650	A*1101	B*6701	DRB1*1602	0.388	0.387	0.500
A*2601	B*4006	DRB1*0901	1.163	1.092	0.238	A*2601	B*4003	DRB1*1406	0.194	0.193	0.499
A*1101	B*3501	DRB1*0405	0.969	0.846	0.098	A*3303	B*1507	DRB1*0403	0.194	0.193	0.498
A*2402	B*4001	DRB1*0901	0.969	0.697	0.135	A*2601	B*5601	DRB1*1101	0.194	0.192	0.498
A*2601	B*4002	DRB1*0901	0.969	0.842	0.103	A*0210	B*4006	DRB1*0405	0.388	0.383	0.497
A*1101	B*4801	DRB1*0901	0.775	0.693	0.125	A*2601	B*4801	DRB1*1407	0.194	0.191	0.497
A*2402	B*4006	DRB1*0901	0.775	0.542	0.123	A*3101	B*5601	DRB1*0901	0.194	0.190	0.495
A*2402	B*5502	DRB1*0405	0.775	0.636	0.230	A*1101	B*6701	DRB1*1501	0.388	0.378	0.494
A*2601	B*4002	DRB1*0802	0.775	0.743	0.215	A*0206	B*27	DRB1*0405	0.194	0.189	0.494
A*0201	B*1301	DRB1*1202	0.581	0.577	0.298	A*0206	B*3902	DRB1*0901	0.194	0.189	0.494
A*0201	B*1511	DRB1*0901	0.581	0.567	0.594	A*0201	B*3902	DRB1*0901	0.194	0.188	0.493
A*0201	B*4801	DRB1*1501	0.581	0.512	0.092	A*2402	B*1507	DRB1*0403	0.194	0.188	0.493
A*0201	B*5101	DRB1*1501	0.581	0.497	0.074	A*2402	B*27	DRB1*0403	0.194	0.188	0.493
A*0201	B*5401	DRB1*0405	0.581	0.481	0.068	A*2402	B*4801	DRB1*1407	0.194	0.186	0.490
A*1101	B*5502	DRB1*0405	0.581	0.541	0.189	A*2402	B*4003	DRB1*0901	0.194	0.174	0.474
A*2402	B*4001	DRB1*1101	0.581	0.509	0.141	A*0101	B*3701	DRB1*0901	0.194	0.193	0.333
A*2402	B*4801	DRB1*1101	0.581	0.506	0.140	A*1101	B*1302	DRB1*0701	0.194	0.193	0.333
A*2402	B*4801	DRB1*1501	0.581	0.343	0.064	A*2601	B*3701	DRB1*1001	0.194	0.193	0.333
A*2601	B*0702	DRB1*0101	0.581	0.566	0.154	A*1101	B*5603	DRB1*1201	0.194	0.192	0.332
A*3101	B*1301	DRB1*1202	0.581	0.579	0.299	A*0301	B*4002	DRB1*0802	0.194	0.192	0.331
A*3101	B*5101	DRB1*0405	0.581	0.519	0.077	A*1101	B*5603	DRB1*1405	0.194	0.192	0.331
A*3303	B*4403	DRB1*1401	0.581	0.558	0.132	A*1101	B*5603	DRB1*0803	0.194	0.190	0.329
						A*2402	B*1518	DRB1*0401	0.388	0.379	0.281
						A*2402	B*4002	DRB1*0401	0.388	0.346	0.263
						A*0210	B*4006	DRB1*0803	0.194	0.191	0.248
						A*3101	B*5101	DRB1*1403	0.194	0.190	0.246
						A*0201	B*5101	DRB1*1602	0.194	0.188	0.245
						A*2601	B*5101	DRB1*1403	0.194	0.188	0.244
						A*3303	B*1501	DRB1*1403	0.194	0.188	0.244
						A*0210	B*5201	DRB1*1502	0.194	0.186	0.243
						A*2601	B*1501	DRB1*1602	0.194	0.186	0.242
						A*2402	B*5101	DRB1*1403	0.194	0.175	0.231
						A*2402	B*5401	DRB1*0701	0.194	0.174	0.230
						A*2603	B*1501	DRB1*1406	0.388	0.384	0.198
						A*0201	B*1511	DRB1*1405	0.194	0.191	0.197
						A*2402	B*1301	DRB1*1202	0.388	0.373	0.194
						A*2603	B*3501	DRB1*1501	0.388	0.368	0.192
						A*0201	B*1501	DRB1*0410	0.388	0.366	0.174
						A*2402	B*1511	DRB1*1501	0.194	0.153	0.165
						A*0207	B*4601	DRB1*0401	0.194	0.192	0.142
						A*0201	B*1518	DRB1*0401	0.194	0.191	0.141
						A*2603	B*1501	DRB1*0401	0.194	0.191	0.141
						A*2402	B*5101	DRB1*1201	0.388	0.325	0.132
						A*0207	B*4601	DRB1*0901	0.388	0.374	0.129
						A*0206	B*3901	DRB1*0802	0.388	0.375	0.108
						A*2601	B*1518	DRB1*1405	0.194	0.188	0.108
						A*0206	B*1518	DRB1*1401	0.194	0.187	0.108
						A*2601	B*1518	DRB1*0406	0.194	0.187	0.108
						A*3101	B*5101	DRB1*0802	0.388	0.371	0.107
						A*0201	B*1518	DRB1*0803	0.194	0.182	0.105
						A*3101	B*5901	DRB1*0405	0.194	0.178	0.103

表14 DRB1-DQB1-DPB1 3座位のハプロタイプ頻度、連鎖不平衡値、相対連鎖不平衡値  
(n=477)

Sorting HF $\geq 0.5\%$						HF $< 0.5\%$ and sorting RD $\geq 0.1$					
DRB1	DQB1	DPB1	HF	LD	RD	DRB1	DQB1	DPB1	HF	LD	RD
DRB1*0405	DQB1*0401	DPB1*0501	7.128	6.407	0.513	DRB1*1301	DQB1*0603	DPB1*0501	0.419	0.419	1.000
DRB1*1502	DQB1*0601	DPB1*0901	6.499	6.400	0.884	DRB1*0407	DQB1*0302	DPB1*0201	0.419	0.408	1.000
DRB1*0901	DQB1*0303	DPB1*0501	6.289	5.511	0.436	DRB1*1403	DQB1*0301	DPB1*0501	0.419	0.400	1.000
DRB1*1501	DQB1*0602	DPB1*0201	5.031	4.708	0.436	DRB1*1302	DQB1*0609	DPB1*0301	0.210	0.209	1.000
DRB1*0901	DQB1*0303	DPB1*0201	4.193	3.692	0.286	DRB1*1407	DQB1*0502	DPB1*0402	0.210	0.209	1.000
DRB1*1501	DQB1*0602	DPB1*0501	3.774	3.271	0.308	DRB1*1501	DQB1*0602	DPB1*4701	0.210	0.207	1.000
DRB1*1302	DQB1*0604	DPB1*0401	3.564	3.550	0.944	DRB1*1412	DQB1*0301	DPB1*0501	0.210	0.200	1.000
DRB1*0405	DQB1*0401	DPB1*0201	2.516	2.051	0.161	DRB1*1001	DQB1*0501	DPB1*0201	0.419	0.412	0.663
DRB1*0101	DQB1*0501	DPB1*0402	2.306	2.295	0.578	DRB1*1602	DQB1*0502	DPB1*0501	0.419	0.409	0.494
DRB1*0803	DQB1*0601	DPB1*0501	2.306	1.925	0.326	DRB1*1001	DQB1*0501	DPB1*0301	0.210	0.208	0.332
DRB1*1405	DQB1*0503	DPB1*0501	2.096	2.019	0.616	DRB1*0401	DQB1*0301	DPB1*1401	0.419	0.416	0.284
DRB1*0406	DQB1*0302	DPB1*0501	1.887	1.729	0.478	DRB1*1602	DQB1*0502	DPB1*0202	0.210	0.209	0.249
DRB1*1101	DQB1*0301	DPB1*0501	1.887	1.710	0.475	DRB1*0701	DQB1*02	DPB1*0501	0.210	0.207	0.247
DRB1*0403	DQB1*0302	DPB1*0501	1.677	1.511	0.396	DRB1*1602	DQB1*0502	DPB1*0201	0.210	0.203	0.244
DRB1*0406	DQB1*0302	DPB1*0201	1.677	1.576	0.429	DRB1*1501	DQB1*0602	DPB1*1301	0.419	0.399	0.241
DRB1*0803	DQB1*0601	DPB1*0201	1.677	1.432	0.237	DRB1*1502	DQB1*0601	DPB1*1701	0.210	0.198	0.240
DRB1*0101	DQB1*0501	DPB1*0501	1.468	1.393	0.356	DRB1*1401	DQB1*0503	DPB1*0601	0.419	0.415	0.220
DRB1*1401	DQB1*0503	DPB1*0501	1.468	1.371	0.335	DRB1*0410	DQB1*0402	DPB1*1401	0.419	0.418	0.199
DRB1*1406	DQB1*0301	DPB1*0501	1.468	1.359	0.618	DRB1*0410	DQB1*0402	DPB1*0201	0.419	0.397	0.192
DRB1*0403	DQB1*0302	DPB1*0201	1.258	1.151	0.297	DRB1*1501	DQB1*0602	DPB1*1401	0.419	0.393	0.190
DRB1*0410	DQB1*0402	DPB1*0301	1.258	1.253	0.599	DRB1*1201	DQB1*0303	DPB1*0201	0.419	0.341	0.169
DRB1*0802	DQB1*0302	DPB1*0501	1.258	1.109	0.325	DRB1*1201	DQB1*0301	DPB1*0501	0.419	0.321	0.161
DRB1*0803	DQB1*0601	DPB1*0202	1.258	1.224	0.347	DRB1*1405	DQB1*0503	DPB1*1301	0.210	0.206	0.123
DRB1*1302	DQB1*0604	DPB1*0201	1.258	1.164	0.202	DRB1*1302	DQB1*0604	DPB1*1301	0.210	0.204	0.122
DRB1*1502	DQB1*0601	DPB1*0501	1.258	0.712	0.084	DRB1*0403	DQB1*0302	DPB1*1301	0.210	0.203	0.121
DRB1*0401	DQB1*0301	DPB1*0201	1.048	1.004	0.705	DRB1*1101	DQB1*0301	DPB1*0202	0.419	0.404	0.114
DRB1*0405	DQB1*0401	DPB1*0402	1.048	0.944	0.164	DRB1*1405	DQB1*0503	DPB1*0201	0.419	0.370	0.112
DRB1*0802	DQB1*0402	DPB1*0201	1.048	1.011	0.287	DRB1*0901	DQB1*0301	DPB1*1301	0.210	0.184	0.111
DRB1*0901	DQB1*0303	DPB1*0402	1.048	0.936	0.163	DRB1*0802	DQB1*0402	DPB1*0601	0.210	0.207	0.110
DRB1*1202	DQB1*0301	DPB1*0501	1.048	0.950	0.475	DRB1*0405	DQB1*0401	DPB1*1301	0.210	0.180	0.109
DRB1*1401	DQB1*0502	DPB1*0501	1.048	0.995	0.322	DRB1*0406	DQB1*0302	DPB1*0601	0.210	0.202	0.108
DRB1*0405	DQB1*0401	DPB1*0301	0.839	0.746	0.145	DRB1*0901	DQB1*0303	DPB1*1301	0.210	0.178	0.108
DRB1*1202	DQB1*0301	DPB1*0201	0.839	0.775	0.381	DRB1*0403	DQB1*0301	DPB1*0601	0.210	0.201	0.107
DRB1*1401	DQB1*0502	DPB1*0202	0.839	0.834	0.266	DRB1*0403	DQB1*0302	DPB1*0301	0.419	0.398	0.100
DRB1*1502	DQB1*0601	DPB1*0201	0.839	0.487	0.056	DRB1*1501	DQB1*0602	DPB1*0601	0.210	0.186	0.100
DRB1*0405	DQB1*0401	DPB1*0601	0.629	0.595	0.321						
DRB1*0405	DQB1*0401	DPB1*1901	0.629	0.618	1.000						
DRB1*0701	DQB1*02	DPB1*1701	0.629	0.629	0.750						
DRB1*0901	DQB1*0303	DPB1*0301	0.629	0.529	0.103						
DRB1*1101	DQB1*0301	DPB1*0201	0.629	0.515	0.141						
DRB1*1201	DQB1*0303	DPB1*0501	0.629	0.507	0.257						
DRB1*1302	DQB1*0604	DPB1*0501	0.629	0.484	0.085						
DRB1*1406	DQB1*0301	DPB1*0201	0.629	0.559	0.250						



表15 DRB1-DRB345-DQA1-DQB1  
4座位のハプロタイプ頻度、連鎖不平衡値、相対連鎖不平衡値 (n=477)

<i>Sorting HF ≥ 0.5%</i>						
DRB1	DRB345	DQA1	DQB1	HF	LD	RD
DRB1*0901	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*03032	13.372	11.237	0.967
DRB1*0901	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0303	13.372	13.062	0.971
DRB1*0405	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0401	12.984	12.719	1.000
DRB1*1502	DRB5*0102	DQA1*0103	DQB1*0601	8.915	8.896	1.000
DRB1*1501	DRB5*0101	DQA1*0102	DQB1*0602	6.589	6.569	0.566
DRB1*0803	-	DQA1*0103	DQB1*0601	6.008	5.986	0.939
DRB1*1302	DRB3*0301	DQA1*0102	DQB1*0604	5.426	5.423	1.000
DRB1*1501	DRB5*0101	DQA1*01	DQB1*0602	4.651	4.624	0.399
DRB1*0101	-	DQA1*01	DQB1*0501	3.876	3.872	1.000
DRB1*0403	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0302	3.682	3.622	0.949
DRB1*0406	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0302	3.488	3.434	1.000
DRB1*1101	DRB3*0202	DQA1*05	DQB1*0301	3.488	3.483	0.947
DRB1*1405	DRB3*0202	DQA1*01	DQB1*0503	3.101	3.097	1.000
DRB1*0410	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0402	2.132	2.119	1.000
DRB1*1202	DRB3*0301	DQA1*0601	DQB1*0301	2.132	2.131	1.000
DRB1*1401	DRB3*0202	DQA1*01	DQB1*0503	2.132	2.126	0.499
DRB1*1406	DRB3*0202	DQA1*05	DQB1*0301	2.132	2.129	1.000
DRB1*1401	DRB3*0202	DQA1*01	DQB1*0502	1.938	1.935	0.588
DRB1*0802	-	DQA1*03	DQB1*0302	1.744	1.723	0.497
DRB1*0802	-	DQA1*0401	DQB1*0402	1.550	1.550	0.889
DRB1*0401	DRB4*0102	DQA1*03	DQB1*0301	1.357	1.356	1.000
DRB1*1201	DRB3*0101	DQA1*03	DQB1*0303	1.163	1.157	0.460
DRB1*1201	DRB3*0101	DQA1*05	DQB1*0301	1.163	1.162	0.461
DRB1*0701	DRB4*01	DQA1*0201	DQB1*02	0.775	0.775	1.000
DRB1*1403	DRB3*0101	DQA1*05	DQB1*0301	0.775	0.775	1.000
DRB1*1001	-	DQA1*01	DQB1*0501	0.581	0.581	1.000
<i>HF &lt; 0.5% and sorting RD ≥ 0.05</i>						
DRB1	DRB345	DQA1	DQB1	HF	LD	RD
DRB1*1301	DRB3*0101	DQA1*0103	DQB1*0603	0.388	0.388	1.000
DRB1*1407	DRB3*0202	DQA1*01	DQB1*0502	0.388	0.387	1.000
DRB1*0407	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0302	0.388	0.382	1.000
DRB1*1302	DRB3*0301	DQA1*0102	DQB1*0609	0.194	0.194	1.000
DRB1*1307	DRB3*0202	DQA1*05	DQB1*0301	0.194	0.194	1.000
DRB1*1412	DRB3*0101	DQA1*05	DQB1*0301	0.194	0.194	1.000
DRB1*1602	DRB5*02	DQA1*01	DQB1*0502	0.388	0.388	0.500
DRB1*1602	DRB5*02	DQA1*0102	DQB1*0502	0.388	0.388	0.500
DRB1*0802	-	DQA1*0401	DQB1*0302	0.194	0.193	0.111
DRB1*1201	DRB3*0101	DQA1*03	DQB1*0302	0.194	0.190	0.075
DRB1*1401	DRB3*0301	DQA1*01	DQB1*0502	0.194	0.192	0.058
DRB1*1101	DRB3*0202	DQA1*05	DQB1*0302	0.194	0.190	0.052

表16 6座位のハプロタイプ頻度、連鎖不平衡値、相対連鎖不平衡値 (n=516)

Sorting HF $\geq 0.5$								
A	C	B	DRB1	DRB345	DQB1	HF	LD	RD
A*2402	Cw*1202	B*5201	DRB1*1502	DRB5*0102	DQB1*0601	7.171	7.170	0.804
A*3303	Cw*1403	B*4403	DRB1*1302	DRB3*0301	DQB1*0604	4.070	4.070	0.750
A*2402	Cw*0702	B*0702	DRB1*0101	-	DQB1*0501	2.713	2.713	0.737
A*2402	Cw*0102	B*5401	DRB1*0405	DRB4*01	DQB1*0401	1.938	1.935	0.270
A*1101	Cw*0401	B*1501	DRB1*0406	DRB4*01	DQB1*0302	1.744	1.744	0.500
A*0207	Cw*0102	B*4601	DRB1*0803	-	DQB1*0601	1.550	1.550	0.533
A*0206	Cw*0702	B*3901	DRB1*1501	DRB5*0101	DQB1*0602	1.163	1.163	0.286
A*1101	Cw*0102	B*5401	DRB1*0405	DRB4*01	DQB1*0401	1.163	1.162	0.162
A*2601	Cw*0801	B*4006	DRB1*0901	DRB4*01	DQB1*0303	1.163	1.162	0.250
A*2402	Cw*0102	B*5901	DRB1*0405	DRB4*01	DQB1*0401	0.969	0.968	0.555
A*1101	Cw*0303	B*3501	DRB1*0405	DRB4*01	DQB1*0401	0.775	0.774	0.089
A*1101	Cw*0801	B*4801	DRB1*0901	DRB4*01	DQB1*0303	0.775	0.775	0.138
A*2402	Cw*0102	B*5502	DRB1*0405	DRB4*01	DQB1*0401	0.775	0.774	0.266
A*2402	Cw*0304	B*4002	DRB1*0901	DRB4*01	DQB1*0303	0.775	0.772	0.093
A*2601	Cw*0304	B*4002	DRB1*0901	DRB4*01	DQB1*0303	0.775	0.774	0.093
A*0201	Cw*0102	B*5401	DRB1*0405	DRB4*01	DQB1*0401	0.581	0.581	0.081
A*0201	Cw*0303	B*1511	DRB1*0901	DRB4*01	DQB1*0303	0.581	0.581	0.600
A*0201	Cw*0304	B*1301	DRB1*1202	DRB3*0301	DQB1*0301	0.581	0.581	0.300
A*1101	Cw*0102	B*5502	DRB1*0405	DRB4*01	DQB1*0401	0.581	0.581	0.200
A*2402	Cw*0304	B*4001	DRB1*1101	DRB3*0202	DQB1*0301	0.581	0.581	0.158
A*2402	Cw*0801	B*4006	DRB1*0901	DRB4*01	DQB1*0303	0.581	0.580	0.125
A*2601	Cw*0304	B*4002	DRB1*0802	-	DQB1*0302	0.581	0.581	0.167
A*2601	Cw*0702	B*0702	DRB1*0101	-	DQB1*0501	0.581	0.581	0.158
A*3101	Cw*1402	B*5101	DRB1*0405	DRB4*01	DQB1*0401	0.581	0.581	0.125
HF < 0.5% and sorting RD $\geq 0.5$								
A	C	B	DRB1	DRB345	DQB1	HF	LD	RD
A*0206	Cw*0801	B*4801	DRB1*0407	DRB4*01	DQB1*0302	0.388	0.388	1.000
A*0301	Cw*0501	B*4402	DRB1*1301	DRB3*0101	DQB1*0603	0.388	0.388	1.000
A*1101	Cw*0303	B*5504	DRB1*0901	DRB4*01	DQB1*0303	0.388	0.388	1.000
A*3001	Cw*0602	B*1302	DRB1*0701	DRB4*01	DQB1*02	0.388	0.388	1.000
A*0201	Cw*0801	B*1518	DRB1*1307	DRB3*0202	DQB1*0301	0.194	0.194	1.000
A*2402	Cw*0102	B*4006	DRB1*1412	DRB3*0101	DQB1*0301	0.194	0.194	1.000
A*2402	Cw*0702	B*3904	DRB1*0403	DRB4*01	DQB1*0302	0.194	0.194	1.000
A*3101	Cw*1502	B*5102	DRB1*0405	DRB4*01	DQB1*0401	0.194	0.194	1.000
A*3303	Cw*0302	B*5801	DRB1*1302	DRB3*0301	DQB1*0609	0.194	0.194	1.000
A*0101	Cw*0602	B*3701	DRB1*1001	-	DQB1*0501	0.388	0.388	0.667
A*0210	Cw*0801	B*4006	DRB1*0405	DRB4*01	DQB1*0401	0.388	0.388	0.500
A*1101	Cw*0702	B*6701	DRB1*1501	DRB5*0101	DQB1*0602	0.388	0.388	0.500
A*1101	Cw*0702	B*6701	DRB1*1602	DRB5*02	DQB1*0502	0.388	0.388	0.500
A*0201	Cw*0702	B*3902	DRB1*0901	DRB4*01	DQB1*0303	0.194	0.194	0.500
A*0206	Cw*0702	B*3902	DRB1*0901	DRB4*01	DQB1*0303	0.194	0.194	0.500
A*0206	Cw*1502	B*27	DRB1*0405	DRB4*01	DQB1*0401	0.194	0.194	0.500
A*2402	Cw*0102	B*27	DRB1*0403	DRB4*01	DQB1*0302	0.194	0.194	0.500
A*2402	Cw*0303	B*1507	DRB1*0403	DRB4*01	DQB1*0302	0.194	0.194	0.500
A*2402	Cw*0801	B*4003	DRB1*0901	DRB4*01	DQB1*0303	0.194	0.194	0.500
A*2402	Cw*0801	B*4801	DRB1*1407	DRB3*0202	DQB1*0502	0.194	0.194	0.500
A*2601	Cw*0304	B*4003	DRB1*1406	DRB3*0202	DQB1*0301	0.194	0.194	0.500
A*2601	Cw*0702	B*5601	DRB1*1101	DRB3*0202	DQB1*0301	0.194	0.194	0.500
A*2601	Cw*1502	B*4801	DRB1*1407	DRB3*0202	DQB1*0502	0.194	0.194	0.500
A*3101	Cw*0401	B*5601	DRB1*0901	DRB4*01	DQB1*0303	0.194	0.194	0.500
A*3303	Cw*1403	B*1507	DRB1*0403	DRB4*01	DQB1*0302	0.194	0.194	0.500

表17 8座位のハプロタイプ頻度、連鎖不平衡値、相対連鎖不平衡値 (n=477)

<i>Sorting HF ≥ 0.5%</i>										
A	C	B	DRB1	DRB345	DQA1	DQB1	DPB1	HF	LD	RD
A*2402	Cw*1202	B*5201	DRB1*1502	DRB5*0102	DQA1*0103	DQB1*0601	DPB1*0901	5.451	5.451	0.743
A*3303	Cw*1403	B*4403	DRB1*1302	DRB3*0301	DQA1*0102	DQB1*0604	DPB1*0401	2.935	2.935	0.778
A*2402	Cw*0702	B*0702	DRB1*0101	-	DQA1*01	DQB1*0501	DPB1*0402	1.677	1.677	0.444
A*2402	Cw*0102	B*5401	DRB1*0405	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0401	DPB1*0501	1.258	1.257	0.167
A*1101	Cw*0401	B*1501	DRB1*0406	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0302	DPB1*0201	1.048	1.048	0.278
A*2402	Cw*0702	B*0702	DRB1*0101	-	DQA1*01	DQB1*0501	DPB1*0501	1.048	1.048	0.278
A*2601	Cw*0801	B*4006	DRB1*0901	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0303	DPB1*0201	1.048	1.048	0.238
A*0207	Cw*0102	B*4601	DRB1*0803	-	DQA1*0103	DQB1*0601	DPB1*0202	0.839	0.839	0.267
A*1101	Cw*0303	B*3501	DRB1*0405	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0401	DPB1*0501	0.839	0.838	0.093
A*1101	Cw*0401	B*1501	DRB1*0406	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0302	DPB1*0501	0.839	0.839	0.222
A*2402	Cw*1202	B*5201	DRB1*1502	DRB5*0102	DQA1*0103	DQB1*0601	DPB1*0501	0.839	0.839	0.093
A*0201	Cw*0303	B*1511	DRB1*0901	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0303	DPB1*0501	0.629	0.629	0.750
A*0206	Cw*0702	B*3901	DRB1*1501	DRB5*0101	DQA1*0102	DQB1*0602	DPB1*0201	0.629	0.629	0.150
A*0207	Cw*0102	B*4601	DRB1*0803	-	DQA1*0103	DQB1*0601	DPB1*0501	0.629	0.629	0.200
A*1101	Cw*0102	B*5401	DRB1*0405	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0401	DPB1*0501	0.629	0.629	0.083
A*1101	Cw*0102	B*5502	DRB1*0405	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0401	DPB1*0501	0.629	0.629	0.214
A*2402	Cw*0102	B*5901	DRB1*0405	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0401	DPB1*0402	0.629	0.629	0.333
A*2402	Cw*0304	B*4002	DRB1*0901	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0303	DPB1*0501	0.629	0.628	0.081
A*2402	Cw*1202	B*5201	DRB1*1502	DRB5*0102	DQA1*0103	DQB1*0601	DPB1*0201	0.629	0.629	0.070
A*2601	Cw*0702	B*0702	DRB1*0101	-	DQA1*01	DQB1*0501	DPB1*0402	0.629	0.629	0.167
A*3303	Cw*1403	B*4403	DRB1*1302	DRB3*0301	DQA1*0102	DQB1*0604	DPB1*0201	0.629	0.629	0.107
<i>HF &lt; 0.5% and sorting RD ≥ 0.5</i>										
A	C	B	DRB1	DRB345	DQA1	DQB1	DPB1	HF	LD	RD
A*0206	Cw*0801	B*4801	DRB1*0407	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0302	DPB1*0201	0.419	0.419	1.000
A*0301	Cw*0501	B*4402	DRB1*1301	DRB3*0101	DQA1*0103	DQB1*0603	DPB1*0501	0.419	0.419	1.000
A*3001	Cw*0602	B*1302	DRB1*0701	DRB4*01	DQA1*0201	DQB1*02	DPB1*1701	0.419	0.419	1.000
A*1101	Cw*0303	B*5504	DRB1*0901	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0303	DPB1*0501	0.210	0.210	1.000
A*2402	Cw*0102	B*4006	DRB1*1412	DRB3*0101	DQA1*05	DQB1*0301	DPB1*0501	0.210	0.210	1.000
A*2402	Cw*0702	B*3904	DRB1*0403	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0302	DPB1*0501	0.210	0.210	1.000
A*2402	Cw*1202	B*5201	DRB1*1501	DRB5*0101	DQA1*0102	DQB1*0602	DPB1*4701	0.210	0.210	1.000
A*2601	Cw*1502	B*4801	DRB1*1407	DRB3*0202	DQA1*01	DQB1*0502	DPB1*0402	0.210	0.210	1.000
A*3101	Cw*1502	B*5102	DRB1*0405	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0401	DPB1*0501	0.210	0.210	1.000
A*3303	Cw*0302	B*5801	DRB1*1302	DRB3*0301	DQA1*0102	DQB1*0609	DPB1*0301	0.210	0.210	1.000
A*0101	Cw*0602	B*3701	DRB1*1001	-	DQA1*01	DQB1*0501	DPB1*0201	0.210	0.210	0.500
A*0101	Cw*0602	B*3701	DRB1*1001	-	DQA1*01	DQB1*0501	DPB1*0301	0.210	0.210	0.500
A*0201	Cw*0702	B*3902	DRB1*0901	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0303	DPB1*0201	0.210	0.210	0.500
A*0206	Cw*0702	B*3902	DRB1*0901	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0303	DPB1*1301	0.210	0.210	0.500
A*0206	Cw*1502	B*27	DRB1*0405	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0401	DPB1*0501	0.210	0.210	0.500
A*2402	Cw*0102	B*27	DRB1*0403	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0302	DPB1*0501	0.210	0.210	0.500
A*2402	Cw*0303	B*1507	DRB1*0403	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0302	DPB1*0501	0.210	0.210	0.500
A*2402	Cw*0801	B*4003	DRB1*0901	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0303	DPB1*0202	0.210	0.210	0.500
A*2402	Cw*1402	B*5101	DRB1*1403	DRB3*0101	DQA1*05	DQB1*0301	DPB1*0501	0.210	0.210	0.500
A*2601	Cw*0304	B*4003	DRB1*1406	DRB3*0202	DQA1*05	DQB1*0301	DPB1*0501	0.210	0.210	0.500
A*2601	Cw*0702	B*5601	DRB1*1101	DRB3*0202	DQA1*05	DQB1*0301	DPB1*0202	0.210	0.210	0.500
A*2601	Cw*1402	B*5101	DRB1*1403	DRB3*0101	DQA1*05	DQB1*0301	DPB1*0501	0.210	0.210	0.500
A*3101	Cw*0401	B*5601	DRB1*0901	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0303	DPB1*0301	0.210	0.210	0.500
A*3303	Cw*1403	B*1507	DRB1*0403	DRB4*01	DQA1*03	DQB1*0302	DPB1*0501	0.210	0.210	0.500

## 結果

まず、各対立遺伝子の頻度は第11回日本HLAワークショップのデータと比較して、ほぼ同様な数値を得た。ただしB\*5601と\*5603, DRB1\*1501と\*1502の頻度が逆転していた(表2)。

次に、クラスI遺伝子型がどのようなハプロタイプを構成しているかに注目すると、血清学的にそれぞれの対立遺伝子が検出困難なA2, A26, B13, B44, B61, B62, B39およびCローカスで特徴あるハプロタイプを確認できた。

A2はその対立遺伝子として検出されたA\*0201, 0206, 0207が血清学的に全く判別不可能であるが、A-C 2座位の相関でA\*0201がCw\*0303/1502, A\*0206がCw\*0702/0801, A\*0207がCw\*0102と、A-B 2座位の相関でA\*0201がB\*1511/1301, A\*0206がB\*3901/4801, A\*0207がB\*4601との高い相関を示した。A2の中でもA\*0210は血清学的な判別も容易で従来どおりCw\*0801, B\*4006との高い相関がみられた(表4, 表5)。

A26の対立遺伝子として検出されたA\*2601とA\*2603は血清学的な判別も可能であるが、A-C 2座位の相関でA\*2601がCw\*0304, A\*2603がCw\*0303/0803と、A-B 2座位の相関でA\*2601がB\*3501/1501/4002/4006, A\*2603がB\*1501との高い相関を示した。また、残念なことに今回はA\*2602が母集団に含まれておらずその相関について検証できなかった(表4, 表5)。

B13はA-B 2座位の相関でB\*1301がA\*0201/3101, B\*1302がA\*3001と、C-B 2座位の相関でB\*1301がCw\*0304, B\*1302がCw\*0602との高い相関を示した(表5-3, 表6-3)。

B44はA-B 2座位の相関でB\*4402がA\*0301, B\*4403がA\*3303と、C-B 2座位の相関でB\*4402がCw\*0501, B\*4403がCw\*1403との高い相関を示した(表5-1, 表6-1)。

B61はA-B 2座位の相関でB\*4002がA\*2601, B\*4006がA\*0210/A\*2601と、C-B 2座位の相関でB\*4002がCw\*0304, B\*4006がCw\*0801との高い相関を示した。B\*4003はA\*2601, Cw\*0801との相関がみられたが数値は高くない(表5-3, 表6-3)。

B62はB-DRB1 2座位の相関でB\*1501がDRB1\*0406/1406, B\*1507がDRB1\*0403と対照的な相関を示した(表7)。

B39もB-DRB1 2座位の相関でB\*3901がDRB1\*1501, B\*3902がDRB1\*0901, B\*3904がDRB1\*0403とそれぞれ特徴的な相関を示した(表7)。

また、正式なWHO抗原名の付いていないCローカスの各対立遺伝子では、Cw\*1202がB\*5201, Cw\*1402がB\*5101, Cw\*1403がB\*4403と非常に高い相関を示したことは従来から言われてきたとおりとなったが、Cw\*1502はB51 (B\*5101/5102), B40 (B\*4001/4002/4003/4006) およびB27との相関が確認できた(表6)。

一方、クラスII遺伝子型については、DR-DQ間の相関はやはり高く、稀な組み合わせが数例あるものの殆どが1対1の対応に納まる。そこで、DRB1, DRB345, DQA1, DQB1それぞれ2座位の相関(表8~表10)とDRB1-DRB345-DQA1-DQB1 4座位の相関(表15)を元に別に対応表(表18)を作成した。

これに反しDPB1は顕著な相関がみられないと推測していたが、DPB1-DRB1 2座位の相関でDRB1\*0101-DPB1\*0402, DRB1\*1502-DPB1\*0901, DRB1\*0410-DPB1\*0301, DRB1\*0701-DPB1\*1701, DRB1\*1302-DPB1\*0401, DRB1\*0803-DPB1\*0202などで比較的高い相関が確認できた(表11)。

## 考察

今回の分析では、3座位以上の多座位に於ける表現方法に工夫を置いた。ハプロタイプ頻度は各対立遺伝子の頻度に依存するため、低頻度な対立遺伝子を含むハプロタイプは切り捨てられる傾向にある。そこで、ハプロタイプ頻度0.5%未満についてはRD値の高い順番に並べ換えることによって低頻度部分での有意なハプロタイプを示すことが可能となった。ここですべてをRD値順で示すとハプロタイプ高頻度でありながら切り捨てられる場合も生じるため、2段階で示すことが最良の方法と考えた。

表18 DRB1-DRB345 × DQB1-DQA1 (■:RD $\geq$ 0.3)

DRB1	DQB1	DQB1*0501	DQB1*0502	DQB1*0503	DQB1*0602	DQB1*0604	DQB1*0502	DQB1*0604	DQB1*0609	DQB1*0601	DQB1*0603	DQB1*02	DQB1*0301	DQB1*0302	DQB1*0401	DQB1*0402	DQB1*0301	DRB1			
	DRB345	DQA1*01			DQA1*0102			DQA1*0103			DQA1*0201			DQA1*03			DQA1*0401		DQA1*05		DQA1*0601
DRB1*0101	(Blank)	■																DRB1*0101			
DRB1*1001																		DRB1*1001			
DRB1*0802														■				DRB1*0802			
DRB1*0803																			DRB1*0803		
DRB1*1501	DRB5*0101				■													DRB1*1501			
DRB1*1502	DRB5*0102									■								DRB1*1502			
DRB1*1602	DRB5*02		■															DRB1*1602			
DRB1*1301	DRB3*0101																	DRB1*1301			
DRB1*1201																		DRB1*1201			
DRB1*1403																		DRB1*1403			
DRB1*1412																		DRB1*1412			
DRB1*1101	DRB3*0202																	DRB1*1101			
DRB1*1307																		DRB1*1307			
DRB1*1406																		DRB1*1406			
DRB1*1401			■															DRB1*1401			
DRB1*1407				■														DRB1*1407			
DRB1*1405																		DRB1*1405			
DRB1*1202	DRB3*0301																	DRB1*1202			
DRB1*1302																		DRB1*1302			
DRB1*0401	DRB4*0102																	DRB1*0401			
DRB1*0405	DRB4*01																	DRB1*0405			
DRB1*0410																		DRB1*0410			
DRB1*0403																		DRB1*0403			
DRB1*0406																		DRB1*0406			
DRB1*0407																		DRB1*0407			
DRB1*0701																		DRB1*0701			
DRB1*0901																		DRB1*0901			

これは、低頻度なハプロタイプを埋没させない措置である。これまでに報告されている幾多の集計では多座位低頻度ハプロタイプでの誤差拡大の限界点としてハプロタイプ頻度0.5%程度で切り捨てられることが多かった。本方法は家計調査からハプロタイプを構築する手法をとっているため、1例であっても実際に存在するハプロタイプであり、座位数が多かろうと少なかろうと計算上生ずる誤差の影響は皆無である。そこにあるのは、その集団の中でその

ハプロタイプが有意であるかどうかという点のみである。

しかしながら、分析に用いた母集団の規模あるいはその性質に関して不十分な面も考えられる。規模の面では、検出された対立遺伝子の中に A\*0218(14), A\*2404(15), A\*2408(16), A\*2602(17), A\*2604(17), A\*2605(18), Cw\*0103(19), B\*1528(20), B\*5103など非常に稀であるものの血清学的にも検出可能な型が含まれて

いない。血清学的にも検出可能とは言い換えると、稀であるが血清学的手法をもとにこれまでに何例か報告されており、他に例を見ない全くユニークな対立遺伝子とは異なるということである。そして、これらが偶然1例含まれたとしても有意なデータとして提示できるかどうかは疑問である。それを可能にするには今回の数倍から数十倍規模の母集団を必要とするが、そこまで家計調査を行うことは非現実的であろう。したがって、このような稀な対立遺伝子に関しては正確なハプロタイプ頻度を犠牲にするとしても、それぞれ別個に家系調査を行うことが現実的な選択と考えられる。一方、質的な面では何らかの疾患を伴う家系を調査対象としている点にある。クラスI領域で得られた523例のハプロタイプのうち245例(46.8%)は患者が保有し、クラスII領域でも同様な数値である。このような数値を踏まえつつ、以下のような理由で日本人の平均的なHLA型が得られる母集団として位置づけた。

- ① 対立遺伝子単独の比較では第11回日本HLAワークショップのデータと大きな違いはない。
- ② 患者が保有するハプロタイプすべてが疾患特異的要素を含んでいる訳ではない。
- ③ ここにはさまざまな疾患(主に血液疾患)が含まれており、たとえある特定の疾患とあるハプロタイプに何らかの関連が存在しても数値として浮上してくる可能性は低い。
- ④ 患者が保有するハプロタイプを除くと母集団の規模が半減して低頻度部分での詳細なデータが削られる。

得られた遺伝子頻度では、第11回日本HLAワークショップのデータとの比較でB\*5601と5603の頻度が逆転していたが、双方の合計がほぼ同じであることから、血清学的タイピングの表記方法あるいは使用抗血清の問題でB56(B\*5601)の中にB22N(B\*5603)が含まれているためと考えられる(21)。また、DRB1\*1501と1502の頻度が逆転している理由は不明である。その他、アイヌ民族に3%の頻度で検出されるA\*68012(22)や韓国人に0.005%の頻度で検出されるB\*0705(23)は1例も検出されていない。

今回の分析における最大の目的は日本人のクラス

I対立遺伝子がどのようなハプロタイプを保存しているかにある。特に、A\*0201やA\*0206など血清学的に全く判別不可能な対立遺伝子他ローカスとどのように関連しているか数値で示すことができた。また、血清学的に判別可能なHLA型には特に触れていないが、これらに関しても従来から報告されてきたとおりの結果が数値として示されている。

一方、クラスII領域ではDR-DQ間の相関が非常に高いことは特筆すべきである。DRB1-DRB345-DQA1-DQB1 4座位のハプロタイプの516例中504例(97.7%)がRD値0.3以上であり、表18に示した組み合わせを基礎と考え、それ以外のケースは稀なハプロタイプとみなして差し支えないと考えられる。ちなみに、A-C-B 3座位でRD値0.3以上のハプロタイプは523例中242例(46.3%)、同じくA-B-DRB1 3座位は516例中140例(27.1%)であり、DR-DQ間の相関がいかに高いかが理解できる。DRB4やDQA1では2桁にとどまる対立遺伝子があるが、これは第2エクソンのみのタイピングであるためであり、4桁で解析可能であれば、高い相関を保ちつつさらに詳細に示すことのできたであろう。クラスI領域でも表18のような対応表の作成を試みたが低頻度部分のばらつきが大きく、その部分を除いて作成しても無意味と考え作表を断念した。その他、DPB1との関連もある程度確認できた。

これらのデータが、HLAを応用する各分野あるいはそのためのタイピング段階における基礎データとして役立てば幸いである。

## 参考文献

1. Imanishi T, Akaza T, Kimura A, et al.: *HLA 1991 vol. 1* (eds. Tsuji K, Aizawa M, Sasazuki T), Estimation of allele and haplotype frequencies for HLA and Complement loci. Oxford University Press, 1992; p.76-79.
2. 今西規, 徳永勝士, 赤座達也ら: 日本人集団におけるHLA遺伝子の対立遺伝子頻度とハプロタイプ頻度(第10回日本HLAワークショップ共同報告), *今日の移植* 4 Suppl.2: 147-185, 1991.
3. Kimura A, Sasazuki T: *HLA 1991 vol. 1* (eds. Tsuji K, Aizawa M, Sasazuki T), Eleventh International

- Histocompatibility Workshop reference protocol for HLA DNA-typing technique. Oxford University Press, 1992; p.397-419
4. Date Y, Kimura A, Kato H, *et al.*: DNA typing of HLA-A gene: population study and identification of four new alleles in Japanese. *Tissue Antigens* **47**: 93-101, 1996.
  5. Cereb N, Maye P, Lee S, *et al.*: Locus-specific amplification of HLA class I genes from genomic DNA: locus-specific sequences in the first and third introns of HLA-A, -B, -C alleles. *Tissue Antigens* **45**: 1-11, 1995.
  6. Bunce M, O'Neill CM, Barnardo MCNM, *et al.*: Phototyping: comprehensive DNA typing for HLA-A, B, C, DRB1, DRB3, DRB4, DRB5 & DQB1 by PCR with 144 primer mixes utilizing sequence-specific primers (PCR-SSP). *Tissue Antigens* **46**: 355-367, 1995.
  7. Blasczyk R, Hahn U, Wehling J, *et al.*: Complete subtyping of the HLA-A locus by sequence-specific amplification followed by direct sequencing or single-strand conformation polymorphism analysis. *Tissue Antigens* **46**: 86-95, 1995.
  8. Krausa P, Brywka III M, Savage D, *et al.*: Genetic polymorphism within HLA-A\*02: significant allelic variation revealed in different populations. *Tissue Antigens* **45**: 223-231, 1995.
  9. Bannai M, Tokunaga K, Lin L, *et al.*: Discrimination of human HLA-DRB1 alleles by PCR-SSCP (Single-Strand Conformation Polymorphism) method. *European Journal of Immunogenetics* **21**: 1-9, 1993.
  10. Nomura N, Ota M, Tuji K, *et al.*: HLA-DQB1 genotyping by a modified PCR-RFLP method combined with group-specific primers. *Tissue Antigens* **38**: 53-59, 1991.
  11. Ota M, Seki T, Nomura N, *et al.*: Modified PCR-RFLP method for HLA-DPB1 And -DQA1 genotyping. *Tissue Antigens* **38**: 60-71, 1991.
  12. 赤座達也, 今西規, 藤原孝記ら: 日本人集団におけるHLAの遺伝子頻度とハプロタイプ頻度 (第11回日本HLAワークショップ共同報告). 今日  
の移植 **7** Suppl.: 87-99, 1994.
  13. Tokunaga K, Ishikawa Y, Ogawa A, *et al.*: Sequence-based association analysis of HLA class I and II alleles in Japanese supports conservation of common haplotypes. *Immunogenetics* **46**: 199-205, 1997.
  14. Kashiwase K, Tokunaga K, Ishikawa Y, *et al.*: Sequence of a new HLA-A allele (A\*0218) encoding a serological variant, HLA-A2K, observed in Japanese. *Tissue Antigens* **48**: 329-330, 1996.
  15. Kashiwase K, Tokunaga K, Ishikawa Y, *et al.*: A new HLA-A9 subtype lacking the Bw4 epitope: Ancestral or revertant allele? *Hum. Immunol.* **42**: 221-226, 1995.
  16. Kashiwase K, Furuya M, Ishikawa Y, *et al.*: Sequence analysis of a serological subtype, HLA-A9HH, observed in Japanese and the confirmatory sequence of A\*2408. *MHC* **3**: 9-13, 1996.
  17. Ishikawa Y, Tokunaga K, Lin L, *et al.*: Sequences of four splits of HLA-A10 group: Implications for serological cross-reactivities and their evolution. *Hum. Immunol.* **39**: 220-224, 1994.
  18. Maruya E, Ishikawa Y, Lin L, *et al.*: Allele Typing of HLA-A10 Group by Nested-PCR-Low Ionic Strength Single Stranded Conformation Polymorphism and a Novel A26 Allele (A26KY, A\*2605). *Hum. Immunol.* **39**: 220-224, 1994.
  19. Wang H, Nakajima F, Tokunaga K, *et al.*: Cw\*0103, a new allele encoding for a novel HLA-Cw1 split in the Japanese population. *Tissue Antigens* **51**: 571-573, 1998.
  20. Lin L, Tokunaga K, Tanaka H, *et al.*: Further molecular diversity in the HLA-B15 group. *Tissue Antigens* **47**: 265-274, 1996.
  21. Bannai M, Tokunaga K, Tanaka H, *et al.*: Five HLA-B22 group alleles in Japanese. *Tissue Antigens* **49**: 376-382, 1997.
  22. Bannai M, Ohashi J, Harihara S, *et al.*: Analysis of HLA genes and haplotypes in Ainu (from Hokkaidou, northern Japan) supports the premise that they descent from Upper Paleolithic populations of East Asia.

*Tissue Antigens* 55: 128-139, 2000.

23. Whang DH, Kang KS, Han KS, *et al.*: HLA-B\*07 allele frequencies and haplotypic associations in Koreans. *Tissue Antigens* 57: 76-79, 2001.

### **Analysis of HLA haplotypes in Japanese, using high resolution allele typing**

Fumiaki Nakajima, Junko Nakamura, Toshikazu Yokota

Kanagawa Red Cross Blood Center

We have analyzed HLA haplotypes in Japanese, using high resolution allele typing for 8 loci of HLA-A,-C,-B,-DRB1,-DRB345,-DQA1,-DQB1,-DPB1. It is a purpose to identify linkages between alleles unidentified by the serological method such as A\*0201 or A\*0206 and those of other loci. We presented the data of haplotypes including alleles with comparatively low frequency.

Unique linkage disequilibria were recognized in A2, A26, B13, B44, B61, B62, B39 and C locus with serologically "blank" alleles in the class I region. Tight linkages between DR-DQ were confirmed in the HLA class II region, weaker but significant linkages to DPB1 were also recognized.