

〔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/ μ l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) $\times 10^4$, 連鎖不平衡値(linkage disequilibrium, LD値) $\times 10^4$, 相対連鎖不平衡値(relative linkage disequilibrium, RD値) $\times 10^2$, X^2 値(chi-square values)となっている。表中で X^2 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

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

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

Min{ } = { }内の要素の最小値

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, X² 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 ⁴ LD × 10 ⁴ RD × 10 ² X ² 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、X²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 38 -15 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 -100 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 -100 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、X²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、X²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、X²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 -2 -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	0 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、X²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	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	-15	-2	-45	-35	-3	-5	-15	-51	-14	-2	-8	-3	-53
	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100
	1.7	0.2	5.5	4.1	0.3	0.6	1.7	6.3	1.5	0.2	0.9	0.3	6.6
DRB3*0202	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	-53	-8	-158	-121	-11	-18	-53	-179	-47	-5	-29	-11	-187
	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100
	6.5	0.9	21.3	15.9	1.3	2.2	6.5	24.6	5.9	0.6	3.5	1.3	25.8
DRB3*0301	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	-31	-5	-92	-71	-6	-11	-31	-105	-28	-3	-17	-6	-109
	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100
	3.6	0.5	11.7	8.7	0.7	1.2	3.6	13.5	3.2	0.3	1.9	0.7	14.2
DRB4*01	0	0	0	0	0	0	388	1318	349	39	213	78	1376
	-146	-22	-437	-335	-29	-51	242	822	218	24	133	48	859
	-100	-100	-100	-100	-100	-100	100	100	100	100	100	100	100
	25.1	3.6	81.8	60.9	4.9	8.6	69.1	260.0	61.9	6.7	37.3	13.4	273.3
DRB4*0102	0	0	0	0	0	136	0	0	0	0	0	0	0
	-5	-1	-16	-12	-1	134	-5	-18	-5	-1	-3	-1	-19
	-100	-100	-100	-100	-100	100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100
	0.6	0.1	1.9	1.4	0.1	1032.0	0.6	2.2	0.5	0.1	0.3	0.1	2.3
DRB5*0101	0	0	1163	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	-45	-7	1028	-104	-9	-16	-45	-153	-41	-5	-25	-9	-160
	-100	-100	100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100
	5.5	0.8	1032.0	13.3	1.1	1.9	5.5	20.6	4.9	0.5	3.0	1.1	21.7
DRB5*0102	0	0	0	891	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	-35	-5	-104	812	-7	-12	-35	-117	-31	-3	-19	-7	-123
	-100	-100	-100	100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100
	4.1	0.6	13.3	1032.0	0.8	1.4	4.1	15.3	3.7	0.4	2.2	0.8	16.1
DRB5*02	0	0	0	0	78	0	0	0	0	0	0	0	0
	-3	0	-9	-7	77	-1	-3	-10	-3	0	-2	-1	-11
	-100	-1	-100	-100	100	-100	-100	-100	-100	-1	-100	-100	-100
	0.3	0.0	1.1	0.8	1032.0	0.1	0.3	1.2	0.3	0.0	0.2	0.1	1.3
(Blank)	388	58	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	332	50	-167	-128	-11	-19	-56	-189	-50	-6	-31	-11	-197
	100	100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100
	248.6	36.0	22.7	16.9	1.3	2.4	7.0	26.2	6.2	0.7	3.8	1.3	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	0	0	252	0	39	0	0	0	78	0	0	0	19
	-14	-25	-14	242	-8	37	-22	-1	-17	75	-12	-8	-2	19
	-100	-100	-100	100	-100	100	-100	-100	-100	100	-100	-100	-100	100
	1.5	2.8	1.6	661.5	0.9	99.6	2.5	0.1	1.9	200.0	1.3	0.9	0.2	49.7
DRB3*0202	0	0	368	0	0	0	19	407	0	310	213	39	0	
	-47	-87	318	-34	-29	-5	-78	17	349	-11	268	184	34	-3
	-100	-100	100	-100	-100	-100	-100	100	95	-100	100	100	100	-100
	5.9	11.1	251.4	4.2	3.5	0.6	9.6	12.8	262.8	1.3	210.4	143.2	25.6	0.3
DRB3*0301	0	0	0	0	213	0	562	0	19	0	0	0	0	0
	-28	-51	-29	-20	196	-3	517	-2	-14	-6	-25	-17	-3	-2
	-100	-100	-100	-100	100	-100	-100	-100	-43	-100	-100	-100	-100	-100
	3.2	6.1	3.4	2.3	260.4	0.3	712.0	0.2	0.7	0.7	2.9	1.9	0.3	0.2
DRB4*01	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	-131	-240	-138	-95	-80	-15	-211	-7	-160	-29	-117	-80	-15	-7
	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100
	22.5	42.5	23.8	16.1	13.5	2.4	37.0	1.2	27.7	4.9	19.9	13.5	2.4	1.2
DRB4*0102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	-5	-9	-5	-3	-3	-1	-8	0	-6	-1	-4	-3	-1	0
	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-1	-100	-100	-100	-100	-100	-1
	0.5	1.0	0.5	0.4	0.3	0.1	0.8	0.0	0.6	0.1	0.5	0.3	0.1	0.0
DRB5*0101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	-41	-74	-43	-29	-25	-5	-65	-2	-50	-9	-36	-25	-5	-2
	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100
	4.9	9.3	5.2	3.5	3.0	0.5	8.1	0.3	6.0	1.1	4.3	3.0	0.5	0.3
DRB5*0102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	-31	-57	-33	-22	-19	-3	-50	-2	-38	-7	-28	-19	-3	-2
	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100
	3.7	6.9	3.9	2.6	2.2	0.4	6.0	0.2	4.5	0.8	3.2	2.2	0.4	0.2
DRB5*02	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	-3	-5	-3	-2	-2	0	-4	0	-3	-1	-2	-2	0	0
	-100	-100	-100	-100	-100	-1	-100	-1	-100	-100	-100	-100	-1	-1
	0.3	0.6	0.3	0.2	0.2	0.0	0.5	0.0	0.4	0.1	0.3	0.2	0.0	0.0
(Blank)	349	640	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	299	548	-53	-36	-31	-6	-81	-3	-61	-11	-44	-31	-6	-3
	100	100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100	-100
	222.8	421.2	6.6	4.5	3.8	0.7	10.3	0.3	7.7	1.3	5.5	3.8	0.7	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、X²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、X²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、 X^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 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 ≥ 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						

