

研究内容の説明文

献血者説明用課題名※ (括弧内は公募申請課題名)	B 型肝炎発症の仕組みを解明する研究 (B 型肝炎ウイルス感染の病態別における宿主遺伝因子の探索研究)
研究期間	平成 28 年 4 月 ～ 平成 30 年 3 月
研究機関名	国立国際医療研究センター 肝炎・免疫研究センター
研究責任者職氏名	センター長 溝上 雅史

※献血者に対しても理解しやすく、平易な文言を使用した課題名を記入してください。

研究の説明

1 研究の目的・意義

本研究の目的は、B 型肝炎ウイルス感染に起因する各種の病態形成に関わるホスト（ヒト）因子を網羅的ゲノム解析により同定して、新たな診断法や治療法の開発に寄与することです。本研究では、主に日本人の HBV 感染者を対象としたゲノムワイド関連解析（GWAS）を、全国規模の共同研究として実施しており、これまでに B 型慢性肝炎に HLA class II 遺伝子が関連することを明らかにしています。しかしながら、HBV 関連肝発癌や肝硬変の発症に関連する宿主因子を同定するためには、HBV 患者群に対する比較対照群として非活動性キャリア群を準備する必要があります。統計的に十分な数の非活動性キャリアを収集することは困難であり、病態進展（肝発癌、肝硬変）に関わる遺伝要因は未だに国内外において同定はなされていません。そこで、いただいた献血血液について、GWAS を実施することで病態進展に関わる遺伝要因の同定を目指します。

2 方法《献血血液の使用法含む》

具体的な実験方法を以下に示します。

- (1) 保存献血血液からゲノム DNA を抽出します
- (2) ゲノム DNA の濃度測定、濃度調整を行い、ヒトゲノム全域の*SNP（単一塩基多型）解析が可能なクオリティを有しているか評価します
- (3) アジア系集団での解析に適した約 60 万種の SNP を搭載した AXIOM Genome-Wide Array Plate（Affymetrix）を使用して SNP タイピングを実施します
- (4) これまでに取得済みの HBV 患者群のタイピング結果と共に、GWAS を実施します

*SNP（単一塩基多型）…基本的な体質、薬剤の効力や副作用などの個人差、疾患発症の個人差などに関わることが分かっています

3 予測される研究の成果等

B 型慢性肝炎に関連する HLA class II 遺伝子は非常に多様性が高く、特定の HLA アリルによって疾患の罹りやすさ（感受性）、または罹りにくさ（抵抗性）に関連することが知られています。これら疾患感受性または疾患抵抗性を示す HLA アリルに加えて、本研究で明らかにする新たなホスト因子（新規感受性遺伝子や HLA 遺伝子領域のレアバリエーションなど）やウイルス因子をまとめて測定することで、B 型慢性肝炎発症のリスク診断や予後予測アルゴリズムを構築することが可能となります。これにより、治療が不要な肝炎患者の身体的・経済的負担は軽減され、さらに医療経済にも大きな利益が生まれると考えています。

	受付番号	28J0046
--	------	---------

本研究に関する問い合わせ先

所属	国立国際医療研究センター 肝炎・免疫研究センター
担当者	西田奈央
電話	047-372-3501 (1446)
Mail	nishida-75@umin.ac.jp

本書は日本赤十字社ホームページで公開され、必要に応じ献血者への説明資料として使用されます。