

SSPEにおける疾患感受性候補遺伝子の検討

研究分担者：産業医科大学小児科 楠原浩一

共同研究者：九州大学大学院医学研究院成長発達医学分野 石崎義人、原 寿郎

SSPE診療ガイドラインの策定・改訂のためのSSPEの発症における宿主遺伝要因解析の一環として、麻疹ワクチン応答に関連する遺伝子多型の解析を行った。

TICAM1 rs2292151のGenotypeおよびAllele頻度

	Control群	SSPE群	P値
Genotype頻度			
CC	19 (38%)	13 (33%)	
CT	20 (40%)	16 (40%)	
TT	11 (22%)	11 (28%)	
Total	50	40	0.79
Allele頻度			
C	58 (58%)	42 (53%)	
T	42 (42%)	38 (48%)	
		0.46	

ADAR1 rs2229857のGenotypeおよびAllele頻度

	Control群	SSPE群	P値
Genotype頻度			
AA	26 (53%)	20 (50%)	
AG	19 (39%)	20 (50%)	
GG	4 (8%)	0 (0%)	
Total	49	40	0.73
Allele頻度			
A	71 (72%)	60 (75%)	
G	27 (28%)	20 (25%)	
		0.70	

CD209 rs735239のGenotypeおよびAllele頻度

	Control群	SSPE群	P値
Genotype頻度			
AA	39 (78%)	29 (73%)	
AG	9 (18%)	10 (25%)	
GG	2 (4%)	1 (3%)	
Total	50	40	0.69
Allele頻度			
A	87 (87%)	68 (85%)	
G	13 (13%)	12 (15%)	
		0.70	

解 説

- これまで私たちは、遺伝子多型を用いた関連解析により、自然免疫に関わる遺伝子の中で*MxA*と*TLR3*、獲得免疫に関わる遺伝子の中で*IL4*、*IRF1*と*PD1*のバリエーションがSSPEの発症に関与していることを報告してきた。
- 今回、麻疹ワクチン応答の個人差に関連する遺伝子多型として、*TICAM1*, *ADAR*, *CD209*の1塩基多型を取り上げ、SSPE群と健常対照群について関連解析を行ったが、両群間に遺伝子型頻度、アリル頻度の有意差は認められず、SSPEとの関連を認めなかつた。