

試料・情報利用研究計画書(概要)

審査委員会 受付番号	2020-1004	利用形態	共同研究	利用する 試料・情報	対象:三世代コホート調査参加者で、乳汁の提供を受けた方のうち合計1,000名(正常妊娠400例、早産200例、妊娠血圧腎症200例、子宮内胎児発育不全200例) 試料:乳汁(1,000名×500μl) 情報:基本情報、ゲノム配列情報、調査票情報、検査情報、家系情報	
主たる研究機関	東北メディカル・メガバンク機構			分担 研究機関	東北大学農学研究科	
研究題目	妊娠期の遺伝環境要因、乳汁中微生物叢のプロファイリングと乳汁中免疫グロブリン量との関連解析			研究期間	2020年5月～2023年3月	
実施責任者	菅原 準一	所属	東北メディカル・メガバンク機構		職位	教授
研究目的と意義	<p>乳汁中に含まれる母子移行IgA抗体は、授乳期の母体の乳腺に集結するIgA産生形質細胞より分泌され、哺育を介して子へと移行します。ゆえに、母子移行IgA抗体の質的・量的向上は、子を健全に育成する上で極めて重要です。また、授乳期の乳腺における免疫機能低下は、下痢症などの子の感染症リスクを高めるのみならず、母体の乳腺での炎症(乳腺炎)の発症リスクをも高めます。</p> <p>また、乳汁中には多数の有用微生物が含まれており、それらも母子移行され、子の腸内微生物叢形成の一助となりますが、乳腺での免疫機能および微生物叢形成に関する分子メカニズムや母体の遺伝的要因との関連性は殆ど明らかにされておらず、哺育の質的・量的向上を可能にするためのアプローチは全く見出されていません。</p> <p>そこで本研究では、乳汁サンプルを用いた免疫学的・微生物学的解析を行い、さらには、実施済みの母体SNP解析から得られた分子遺伝学的結果を加えたin silico解析へと応用することで、乳汁の解析に基づく母児双方の健康維持に貢献するための研究基盤を構築することを目的としています。</p>					
研究計画概要	<p>乳汁サンプルを用い、微生物由来DNAを採取し、16sリボソームRNA遺伝子をPCRで増幅し、次世代シーケンサーを用いたメタゲノム解析に供することで、乳汁中の微生物叢のプロファイリングを行います。また、乳汁中に含まれる免疫グロブリン量は、ELISA法により測定します。その後、乳汁中免疫グロブリン量と相関する微生物叢および母体SNPを探索し、さらには、妊娠期の環境因子、周産期疾患と乳汁中の微生物叢に関する関連を明らかにすべく、多変量解析を実施します。</p>					
期待される成果	<p>母児双方の健康維持に貢献するための研究基盤を構築が期待できます。</p> <p>また、本研究により得られた結果やデータはToMMo/バイオバンクへ還元されることで、バイオバンクリソースの利活用、およびバンク情報の充実に大きく寄与することが期待されます。</p>					
これまでの倫理 審査等の経過	2020年5月 東北メディカル・メガバンク機構倫理委員会審査予定					
倫理面、セキュリ ティー面への配慮	ヒトを対象とする医学系研究の倫理指針、ヒトゲノム・遺伝子解析研究倫理指針、ToMMoセキュリティポリシーの他、別途締結する研究契約を遵守して研究を遂行します。また、研究に使用するデータは、高いセキュリティが担保されたToMMoスーパーコンピュータ内で解析を行います。					
その他特記事項	科学研究費助成事業					
* 公開日	令和2年5月26日					