## 総括研究報告書

課題番号		2023B-8								
研究開発課題名		妊婦血中遊離核酸を標的とした診断ゲノミクス技術レパートリーの確立								
分類**			)	2				<b>6</b>		
区分		$\Box$ A	□A <b>☑</b> B			□С	□Е			S
主任研究者	所属	周産期病態研究部								
	役職	室長								
	氏名	中林 一彦								
実施期間		6	2023 年	4月	1 日	~	2024 年	3月	31 日	

※分類は下記①~⑦より選択

- ① 日本の成育分野の疾患の研究の基盤となる研究
- ② 診断、治療及び予防法の開発に関する研究
- ③ 発症機序や病態の解明等を行う研究
- ④ 診断や治療のための基準の開発等に関する研究
- ⑤ 患児・者の QOL 向上に結びつく研究
- ⑥ 研究的視点や技術をもつ医療従事者を育てるための研究 (プロトコル作成のフィージビリティー研究)
- ⑦ 政策提言に結びつく研究

## 成果の概要

## 計画 1: RHD 遺伝子型決定・FF 測定アンプリコンシーケンス法確立

RHD/RHCE 遺伝子 4 領域とゲノム多型部位 35 領域を標的としたマルチプレックス PCR 法を確立し、RhD 陰性妊婦 10 症例を対象としたテストで RHD 遺伝子型決定と FF 測定が可能なことを確認した(投稿準備中)。慈恵医大病院産科の高橋健先生が推進する臨床研究に参画し、RhD 陰性妊婦リクルート機関を 60 箇所程度に増やすことで、今後、年間 100 例規模の遺伝型決定精度検証を実施できる体制を整えた。

## 計画 2:グロビン mRNA 混入を低減した血中遊離 RNA シーケンス法の開発

血中遊離 RNA 抽出キット 4 種類のうち最も抽出効率が高かった Norgen 社キットを採用した。血中遊離 RNA からのグロビン mRNA 除去の方法として、①グロビン mRNA キャプチャー除去方法、②血中遊離 RNA 由来 cDNA を対象としたエクソンキャプチャー方法、③両者の組合せ法をテストし、グロビン mRNA 除去効率と発現定量性に関して②で最良の結果を得た。Twist 社 RNA exome panel キットを採用し、細胞質由来 total RNA 1ng を出発材料とした technical replicate 間の遺伝子発現定量相関係数 0.98 を達成し、血中遊離 RNA 2ng の場合でも相関係数 0.92 を達成した。このように当初の目的を達成し、周産期・母性診療センター小澤克典診療部長が 12 月から開始する臨床研究にこのプロトコールを応用することが決まっている。

計画 3:妊婦血中遊離 DNA を標的としたシーケンスによる胎児継承ハプロタイプ決定法の確立 二組のトリオ家系 DNA サンプルを用いて、母 DNA と児 DNA を混合した DNA (模擬的な妊婦血中遊離 DNA)を作製し、Twist 社 SNP キャプチャーシーケンス法によりシーケンスデータを取得した(児 DNA 混合比 10%・20%をテスト)。父 DNA および混合前の母 DNA・児 DNA についてもデータを取得した。このように予定通りに模擬データの取得を進めており、今年度終盤からハプロタイプ決定解析を試行できる見込みである。