



妊婦の妊娠期体重増加量と胎盤エピゲノム変化

| | |
|-------|--|
| メタデータ | 言語: Japanese 出版者: 公開日: 2015-05-09 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 河合, 智子, 安部, 晃生, 嘉村, 浩美, 山田, 崇弘, 赤石, 理奈, 水上, 尚典, 中林, 一彦, 秦, 健一郎 メールアドレス: 所属: |
| URL | http://hdl.handle.net/10271/2868 |

P-34 妊婦の妊娠期体重増加量と胎盤エピゲノム変化

○河合 智子¹、安部 晃生¹、嘉村 浩美¹、山田 崇弘²、赤石 理奈²、水上 尚典²、
中林 一彦¹、秦 健一郎¹

¹国立成育医療研究センター研究所・周産期病態研究部、²北海道大学・医学部・産婦人科

【目的と背景】妊娠期をはじめ授乳期の、胎児ならびに新生児の環境が成人期の疾患の素因として大きく影響しているという概念は、Developmental Origins of Health and Disease (DOHaD) 学説として認知されており、モデル動物においてもその機構が徐々に解明されてきている。今回我々は、新生児出生体重のみではなく、妊婦の体重変化（≒子宮内環境）に着目し、ヒト胎盤のエピゲノム変化を明らかにすることを目的とした。

【方法】合併症を伴わない胎児発育不全例(FGR) ; 14 例と正常体重出生児 (Normal) ; 19 例の産後胎盤の絨毛組織を用いた。上記の 2 群をさらに、妊娠全期間の母体体重の変化を指標に 3 群にわけ、計 6 群を設けた。厚生労働省の示す妊娠全期間を通しての推奨体重増加量の値より、7 kg から 12 kg の体重増加を適正群、7kg 未満の増加を不足群、12kg より多い増加を超過群とした。各絨毛組織より抽出した DNA は、illumina 社、Infinium HumanMethylation450 BeadChip を用いて、ゲノム網羅的に DNA メチル化解析を行った。

【結果】群間検定を行った結果、FGR vs Normal 間の 2 群でも、母体体重の変化を加味した 6 群でも、群間で共通して変化するメチル化サイトは検出されなかった。ところが、各サンプルに含まれるメチル化値の外れ値の数を比較したところ、Normal 適正群とそれ以外の 5 群で有意な差が認められた。

【結論】正常体重出生児であっても、妊娠全期間の母体体重変化が適正範囲を外れると、胎盤エピゲノムに揺らぎが生じやすくなり、外れ値を示す頻度が高くなることを認めた。また、胎児発育不全例では、母体体重増加が適正であっても、正常出生体重の適正群に比べて、胎盤エピゲノム制御が揺らぎやすくなっていることを確認した。胎盤のエピジェネティック変化が、新生児にも遺残し、成人期の疾患発症に関与しているのか、今後更なる検討が必要である。