

PM2.5高濃度地域における妊婦臍帯血DNAの網羅的メチル化解析

メタデータ	言語: jpn 出版者: 日本DOHaD学会 公開日: 2022-03-04 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 鈴木, 武博, Nway, Chi Nay, 中林, 一彦, Win-Shwe, Tin-Tin, Mar, Ohn, 野原, 恵子 メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/10271/00004019

第 10 回日本 DOHaD 学会

<一般口演 4>

PM2.5 高濃度地域における妊婦臍帯血 DNA の網羅的メチル化解析

1) 国立環境研究所 2) ヤンゴン第一医科大学 3) 国立成育医療研究センター

鈴木 武博

Nay Chi Nway²、中林一彦³、Tin-Tin Win-Shwe¹、Ohn Mar²、野原恵子¹

【背景・目的】 微小粒子状物質 (PM) は、代表的な大気汚染物質であり、様々な健康影響が懸念されている。PM2.5 の妊娠中曝露が生まれてくる子どもに影響を及ぼすことも報告されてきている。本研究では、妊娠期の PM2.5 曝露による子供への影響検出のバイオマーカー開発に向け、PM2.5 高濃度地域の妊婦臍帯血ゲノム DNA でゲノムワイドなメチル化解析を行い、メチル化変化した CpG 数やメチル化変化が起こる領域について検討した。

【対象・方法】 ミャンマーの PM2.5 濃度が高い地域と低い地域に住んでいる妊婦の臍帯血から抽出したゲノム DNA (高濃度地域: 5 名、低濃度地域: 6 名) を使用し、Reduced representation bisulfite sequencing (RRBS) ライブラリーを作製した。次世代シーケンスのデータを Bismark でマッピングし、結果を MethylKit で解析した。各 CpG の annotation の付与は Homer で行った。

【結果・考察】 RRBS 解析で得られた全 CpG サイトの染色体ごとのメチル化率の平均値は、ほとんどの染色体において PM2.5 高濃度地域で有意に高かった。PM2.5 低濃度地域に対して高濃度地域でメチル化が 25% 以上上昇または低下した CpG (Hyper DMC (Hyper Differentially Methylated Cytosine) または Hypo DMC) の数は、多くの染色体で、Hyper DMC のほうが Hypo DMC よりも多かった。annotation 情報で分類すると、Hyper DMC は、SINE、Intron、Intergenic 領域で多いことがわかった。以上より、PM2.5 高濃度地域では、妊婦臍帯血の DNA メチル化率が高く、特に SINE、Intron、Intergenic 領域で高メチル化に変化していることが明らかになった。