

Title	新型コロナワクチンへの応答性に関連する宿主感受性遺伝子の同定
Sub Title	Identification of host susceptibility genes associated with response to COVID-19 vaccines.
Author	南宮, 湖(Namkoong, Ho)
Publisher	慶應義塾大学
Publication year	2023
Jtitle	学事振興資金研究成果実績報告書 (2022. )
JaLC DOI	
Abstract	<p>Asian Screening Array chip ( ASA chip ) によりジェノタイピングして得られたデータに対し、クオリティコントロールを行った結果、新型コロナウィルスワクチン接種者2,137名における537,027 SNPのジェノタイプ データを得た。これを基に、日本人集団のリファレンスパネルを用いた遺伝型インピュテーションを行った。得られたインピュテーションデータを用いて、ワクチン接種後の抗体価、及びT細胞性免疫を量的形質として扱った関連解析を行ったところ、以下の領域でゲノムワイド有意水準を満たす関連を検出した。</p> <p>○ 抗体価に関して、6番染色体 class II HLA領域 ( rs4959098, <math>P = 3.1 \times 10^{-12}</math> ) と14番染色体免疫グロブリン重鎖 領域 ( リードバリエント rs1043109及びrs193160354, <math>P = 4.8 \times 10^{-14}</math> ) ○ T細胞性免疫 ( CD4 ) に関して、6番染色体 class II HLA領域 ( リードバリエント rs9274659, <math>P = 5.7 \times 10^{-43}</math> ) ○ T細胞性免疫 ( CD4/8 ) に関して、6番染色体 class II HLA領域 ( リードバリエント rs9282156, <math>P = 4.8 \times 10^{-34}</math> ) 特に、抗体価の解析で検出された14番染色体 免疫グロブリン重鎖領域のリードバリエントは、IGHG1遺伝子上のコーディング変異であり、東アジア人以外の集団ではアレル頻度0.005未満という、高度な集団特異性を示すSNPであった。</p> <p>Quality control of genotyping data obtained by genotyping with the Asian Screening Array chip (ASA chip) yielded genotype data for 537,027 SNPs in 2,137 new coronavirus vaccinees. Based on this data, genotypic imputation was performed using a reference panel of the Japanese population. Using the imputation data, we performed association analysis using post-vaccination antibody titers and T-cell immunity as quantitative traits, and found associations that met the genome-wide significance level in the following areas. ○ For antibody titer, we found associations with the chromosome 6 class II HLA region (rs4959098, <math>P = 3.1 \times 10^{-12}</math>) and the chromosome 14 immunoglobulin heavy chain region (lead variants rs1043109 and rs193160354, <math>P = 4.8 \times 10^{-14}</math>) ○ For T-cell immunity (CD4), we found associations with the chromosome 6 class II HLA region (<math>P = 3.1 \times 10^{-12}</math>) and chromosome 14 immunoglobulin heavy chain region (<math>P = 4.8 \times 10^{-14}</math>) Chromosome 6 class II HLA region (lead variant rs9274659, <math>P = 5.7 \times 10^{-43}</math>) for T-cell immunity (CD4/8) (lead variant rs9282156, <math>P = 4.8 \times 10^{-34}</math>) The lead variant in the immunoglobulin heavy chain region of chromosome 14, a coding variant in the IGHG1 gene, is a highly population-specific SNP with an allele frequency of less than 0.005 in non-East Asian populations.</p>
Notes	
Genre	Research Paper
URL	<a href="https://koara.lib.keio.ac.jp/xoonips/modules/xoonips/detail.php?koara_id=2022000011-20220054">https://koara.lib.keio.ac.jp/xoonips/modules/xoonips/detail.php?koara_id=2022000011-20220054</a>

慶應義塾大学学術情報リポジトリ(KOARA)に掲載されているコンテンツの著作権は、それぞれの著作者、学会または出版社/発行者に帰属し、その権利は著作権法によって保護されています。引用にあたっては、著作権法を遵守してご利用ください。

The copyrights of content available on the Keio Associated Repository of Academic resources (KOARA) belong to the respective authors, academic societies, or publishers/issuers, and these rights are protected by the Japanese Copyright Act. When quoting the content, please follow the Japanese copyright act.

研究代表者	所属	医学部基礎教室	職名	専任講師(有期・医学部)	補助額	1,700 千円
	氏名	南宮 湖	氏名(英語)	Ho Namkoong		
研究課題(日本語)						
新型コロナウイルスワクチンへの応答性に関連する宿主感受性遺伝子の同定						
研究課題(英訳)						
Identification of host susceptibility genes associated with response to COVID-19 vaccines.						
研究組織						
氏名 Name		所属・学科・職名 Affiliation, department, and position				
長谷川直樹(Naoki Hasegawa)		感染症学教室・教授				
上菘義典(Yoshifumi Uwamino)		臨床検査医学・専任講師				
西村知泰(Tomoyasu Nishimura)		保健管理センター・専任講師				
1. 研究成果実績の概要						
<p>Asian Screening Array chip(ASA chip)によりジェノタイピングして得られたデータに対し、クオリティコントロールを行った結果、新型コロナウイルスワクチン接種者 2,137 名における 537,027 SNP のジェノタイプ データを得た。これを基に、日本人集団のリファレンスパネルを用いた遺伝型インプューテーションを行った。得られたインプューテーションデータを用いて、ワクチン接種後の抗体価、及び T 細胞性免疫を量的形質として扱った関連解析を行ったところ、以下の領域でゲノムワイド有意水準を満たす関連を検出した。○ 抗体価に関して、6 番染色体 class II HLA 領域(rs4959098, <math>P = 3.1 \times 10^{-12}</math>)と 14 番染色体 免疫グロブリン重鎖 領域(リードバリエント rs1043109 及び rs193160354, <math>P = 4.8 \times 10^{-14}</math>) ○ T 細胞性免疫(CD4)に関して、6 番染色体 class II HLA 領域(リードバリエント rs9274659, <math>P = 5.7 \times 10^{-43}</math>) ○ T 細胞性免疫(CD4/8)に関して、6 番染色体 class II HLA 領域(リードバリエント rs9282156, <math>P = 4.8 \times 10^{-34}</math>) 特に、抗体価の解析で検出された 14 番染色体 免疫グロブリン重鎖領域のリードバリエントは、IGHG1 遺伝子 上のコーディング変異であり、東アジア人以外の集団ではアレル頻度 0.005 未満という、高度な集団特異性を示す SNP であった。</p>						
2. 研究成果実績の概要(英訳)						
<p>Quality control of genotyping data obtained by genotyping with the Asian Screening Array chip (ASA chip) yielded genotype data for 537,027 SNPs in 2,137 new coronavirus vaccinees. Based on this data, genotypic imputation was performed using a reference panel of the Japanese population. Using the imputation data, we performed association analysis using post-vaccination antibody titers and T-cell immunity as quantitative traits, and found associations that met the genome-wide significance level in the following areas. ○ For antibody titer, we found associations with the chromosome 6 class II HLA region (rs4959098, <math>P = 3.1 \times 10^{-12}</math>) and the chromosome 14 immunoglobulin heavy chain region (lead variants rs1043109 and rs193160354, <math>P = 4.8 \times 10^{-14}</math>) ○ For T-cell immunity (CD4), we found associations with the chromosome 6 class II HLA region (<math>P = 3.1 \times 10^{-12}</math>) and chromosome 14 immunoglobulin heavy chain region (<math>P = 4.8 \times 10^{-14}</math>) Chromosome 6 class II HLA region (lead variant rs9274659, <math>P = 5.7 \times 10^{-43}</math>) for T-cell immunity (CD4/8) (lead variant rs9282156, <math>P = 4.8 \times 10^{-34}</math>) The lead variant in the immunoglobulin heavy chain region of chromosome 14, a coding variant in the IGHG1 gene, is a highly population-specific SNP with an allele frequency of less than 0.005 in non-East Asian populations.</p>						
3. 本研究課題に関する発表						
発表者氏名 (著者・講演者)	発表課題名 (著書名・演題)	発表学術誌名 (著書発行所・講演学会)	学術誌発行年月 (著書発行年月・講演年月)			