

デング出血熱の重症化を決定する宿主要因の解析

菊池 三穂子¹ HUONG VU THI QUE² NGU VU THIEN THU² THAM VO DINH³
DAT TRAN VAN⁴ HA DO QUANG² 森田 公一⁵ 平山 謙二¹

長崎大学 熱帯医学研究所 疾病生態分野¹ パスツール研究所 アルボウィルス研究室²
第2小児病院³ ビンロン県健康保険センター⁴ 長崎大学・熱帯医学研究所・ウィルス学⁵

デング熱は蚊によって媒介されるアルボウィルス感染症で、世界の熱帯、亜熱帯地域のほぼ全域にみられ、特に東南アジアでは患者が多く小児では死亡する例も多い。病原ウィルスであるデングウィルスには4型があり、初感染ではふつう臨床症状は軽度で風邪様の症状を呈するが、初感染と異なる型のウィルスに再感染すると重症化することがあり、デング出血熱と呼ばれる。このデング出血熱の重症化には病原体側の病原性と共に宿主側の遺伝的な背景が寄与していると考えられている。そこで、ケースコントロールスタディによる相関解析を行った。対象は、ホーチミン市第2小児病院およびビンロン県予防医学センター小児病院の外来患者あるいは、入院した小児デング熱・デング出血熱患者（Kinh族）で、WHOの基準に基づきデング熱の診断およびその重症度の判定を行った。デング出血熱軽症群（WHO standard: Grade 1,2）は各施設それぞれ98名、129名、同重症群(Grade 3,4)は各施設それぞれ66名、203名であった。ビンロン県では、一般集団の採血も行った。採取した血液より染色体DNAを抽出した。HLAクラスI遺伝子領域（HLA-A,B）のアレルタイピング、TNF- α プロモーター遺伝子領域についてSNPタイピングを行い相関解析を行ったところ、HLA-A, HLA-Bアレルと重症度との相関は認められなかったが、TNFP-Dアレルが2カ所の対象地域においてデング出血熱重症群で軽症群に比べ有意に増加する事が明らかとなった。

Immunogenetic analysis of the patients with dengue hemorrhagic fever in Vietnam.

MIHOKO KIKUCHI

Department of Molecular Immunogenetics, Institute of Tropical Medicine, Nagasaki University, NAGASAKI, Japan