

提出文書—中国・民衆法廷

Maya Mitalipova, PhD
Director of Human Stem Cell Laboratory,
Whitehead Institute for Biomedical Research, MIT
455 Main St, Cambridge, MA 02451
tel: 617-777-4692
email: mitalipo@wi.mit.edu
Fax: 617-258-6505

中国新疆自治区のウイグル人、カザフ人、その他のイスラム教徒の全人民に対して、2016年から現在に至るまで、強制的に健康診断が行われ、血液サンプルが採取されていることが、信頼できる情報源から把握されている。健康診断は、新疆の漢民族に対してではなく、イスラム教徒に対してのみ実施されている。イスラム教徒の全人民の血液がDNAの配列決定（シーケンシング）に使われた。

DNA シーケンシングは、検査室で実施される重要な生体検査である。この検査から、様々な病気や遺伝病を調べることができる。また、多くの突然変異は、遺伝子配列のミスによって引き起こされる。科学者は、複数の候補遺伝子を用いて疫学的データを得られる。つまり、（臨床試験での）ゲノム配列決定は、治療法開発に有益な情報を提供する。以下はDNAシーケンシングの具体的な利点である：

「DNA配列決定は、病気の発見、新しい治療法、法医学（鑑識）、人体の理解のために非常に重要な役割を果たす。遺伝子配列決定を利用することで、生物学・生命科学の様々な側面から謎を解明することが可能になる」

しかし、中国政府は百万人のDNA配列データを何に利用しているのか、という疑問が残る。このような大規模なDNAの配列決定には、かなりのコストがかかる。かなりの見返りが見込まれているはずだ。

臓器移植を成功させるため、移植患者とドナー候補者の適合性を判断するため3つの主要な血液検査、免疫細胞表面抗原検査、特定のDNA検査など、いくつかの重要な評価基準が用いられる。現在、科学者たちは、移植の長期的な予後予測するために、多くの遺伝子を使用した包括的なDNAスコアリングシステムを開発した。

現在の遺伝子検査では、移植患者とその臓器提供者のゲノム上の数カ所の特定のDNA配列の相違を検出する。相違が少なければ少ないほど、移植臓器が長期的に受け入れられる可能性が高い。科学者たちは、多数の遺伝子のDNAデータをはるかに大規模に収集すれば、より良い判断基準が得られるだろうと推論した。

研究者グループは、腎移植のドナーとレシピエントの53組から多くのサンプルを採取し、それを研究し、彼らのDNA配列のミスマッチに基づいて各ペアにDNAスコアを割り当てる計算方法を開発した。研究者らは、移植手術後の経過を数年間にわたって追跡したところ、スコアが移植腎の予後を有意に予測することを発見した。これらのデータは、移植前にドナーとレシピエントのマッチングを最適化するため、臨床上でのDNAシーケンシングという新しい概念の応用に繋がるこの初期観察結果を確認するために、この新しい概念に基づく研究を今後さらに進める必要があることを示している。研究者たちは、移植の成功率を向上させるならばどの方法でも、移植のための腎臓不足を軽減すると見ている。移植臓器が生着せず待機リストに戻る患者数の増加も臓器不足を助長するからである。

過去 20 年間で、米国だけでも 30 万件以上の臓器移植が行われてきた。しかし、手術技術が向上し、より効果的な免疫抑制療法が開発されたにもかかわらず、移植臓器の拒絶反応は移植患者の 60%に起こり、現在でも移植臓器喪失の主要な危険因子の 1 つである。移植患者の最大 40%が術後 1 年以内に何らかの拒絶反応を経験している。肺と心臓の移植患者の拒絶反応が最も多く、それぞれ 55%と 25%、腎臓と肝臓の移植患者の拒絶反応は最も少なく、それぞれ 10%と 17%である。ドナーとレシピエントの間に遺伝的相違が存在すると、多型ペプチドの提示につながり、レシピエントの免疫系が非自己と認識すると、拒絶反応が生じる。従来、遺伝的相違による拒絶反応の主な要因は、HLA（ヒト白血球抗原）にあると考えられてきたが、拒絶反応は HLA 適合した兄弟移植でもある程度発生していることから、ドナーとレシピエントの間で HLA 以外の不適合な遺伝子座の存在が要因となる可能性がある。実際、新たな研究報告では、非 HLA 多型が移植臓器の拒絶反応に影響する組織不適合性を生じ、免疫抑制剤の作用にも影響する可能性があり、移植の成績に影響を及ぼす可能性を示している。ヨーロッパ系の血縁関係のない個人間には約 350 万個の共通遺伝子多型と稀な遺伝子多型が存在し、アフリカ系の個人には最大 1000 万個の遺伝子多型が存在する。しかし、臓器移植後の臨床経過に及ぼす非 HLA 遺伝的予後決定因子の研究は、今日まで系統的な方法で行われていない。ゲノムワイド関連解析 (GWAS) のようなゲノミクスにおける最近の技術的進歩により、ヒトゲノム全体の数十万から数百万の一塩基多型 (SNP) やコピー数多型 (CNV) を迅速かつ効率的に解析することが可能になった。さらに、全エクソーム/全ゲノムシーケンシングは、それぞれコード領域とヒトゲノム全域を対象とするものだが、臨床診断の分野で汎用ツールとして急速に普及してきている。これらの第二世代のシーケンシング技術は、ドナーとレシピエントの間に存在するヒトゲノム全域の組織不適合性の原因を広範囲に特定することができるため、拒絶反応、免疫抑制剤の有効性、重篤な有害事象に影響を及ぼす特定の遺伝的危険因子が明らかにされる可能性がある。

本稿を通して、既存の遺伝学的研究から得られた移植成績や免疫抑制療法の治療効果に関する現在の知見を強調しながら、DNA シーケンシングからトランスレショナル情報を得て、これらの遺伝学的知見が臓器移植の分野で速やかに応用できるようにするためには大規模な数の DNA サンプルをシーケンシングに利用することが重要である点を中国・民衆法廷に理解して頂きたい。

DNA シーケンシングと臓器移植の成績にはかなりの直接的な関連性がある。

中国政府が良心の囚人からの強制臓器摘出を擁護(favor)し、極めて多くの犠牲者に対して、かなりの期間行われてきたことを我々は把握している。現在入手している証拠から、臓器の強制摘出が、国家の支援あるいは承認のもとで組織や個人により、大規模に行われていることは、疑う余地がない。また、新疆ウイグル自治区のイスラム教徒全体の DNA 配列をインフォームドコンセントなしで国家が承認したことは、ゲノムデータ解析から得られた知識が、移植臓器の長期的な生着のために患者とドナー候補者のより良い適合性を判断するために使われるであろうことをさらに裏付けている。

中国の北西部新疆地域の秘密の「政治的再教育」収容所に拘束されたウイグル人は、中国共産党 (中共) により、営利目的で臓器を摘出される可能性があるとして、1995 年に臓器摘出を強制された元外科医がエポック・タイムズ紙に語っている。

驚くには当たらないが、中国での移植件数は世界で 2 番目に多く、移植の待機期間はわずか 2~3 週間と目を見張るほど短い。