

研究概要の公開原稿

「B型肝炎ウイルス感染の病態別における宿主遺伝因子の探索研究」

研究対象：

平成元年度において、岩手県二戸、秋田県横手、長野県佐久、沖縄県中部（旧石川）、葛飾区（旧東京都葛飾）の各保健所管内在住のその当時40-59歳だった約6万人（コホートⅠ）、および、平成4年度において、茨城県水戸（旧笠間）、新潟県長岡（旧柏崎）、高知県中央東（旧土佐山田）、長崎県上五島（旧有川）、沖縄県宮古、大阪府吹田の各保健所管内在住のその当時40-69歳だった約8万人（コホートⅡ）の多目的コホート研究（JPHC Study）に参加された方で健診受診時などに血液の提供をいただいた約5万人のうち、以下のいずれかの条件を満たす方々が対象です。

- ①肝炎ウイルス感染者、および肝がん罹患患者
- ②肝炎ウイルス感染がないことが判明している者から同定された非B非C肝細胞がん罹患患者、およびマッチングした対照群
- ③肝炎ウイルス感染がないことが判明している肝細胞がん非罹患患者

研究の概要：

B型肝炎ウイルス(HBV)によって引き起こされるB型肝炎は、世界中で約20億人が感染しており、そのうち3億人以上が持続感染し、年間60万人が死亡していると推定されています。HBV感染後の経路は、慢性肝炎、肝硬変・肝がん等、非常に多岐に渡り、各病態に関与する遺伝因子はウイルス側・宿主(ヒト)側ともに調べられてきましたが、近年遺伝子解析技術の進歩により、ヒトゲノム全域の遺伝子多型を包括的に解析するゲノムワイド関連解析(Genome-wide Association Study: GWAS)を行う事が可能となってきました。そこで、本研究では、B型肝炎ウイルス感染に起因する各種の病態形成に関わる宿主因子を網羅的ゲノム解析により同定し、新たな診断法や治療法の開発に寄与することを目的としています。

研究の意義：B型肝炎ウイルス感染に起因する各種の病態形成に関わる宿主因子を網羅的ゲノム解析により同定することで、新たな診断法や治療法の開発に寄与することになると考えられます。

目的：

本研究は、B型肝炎ウイルス感染に起因する各種の病態形成に関わるヒト側の要因を明らかにし、新たな診断法や治療法の開発を目的としています。

方法：

二重匿名化されたゲノム DNA サンプルおよび DNA 情報が研究代表者および研究分担者により、GWAS 解析が行われる。HBV 感染後の様々な病態(持続感染、HBV 線維化進展、HBV 関連肝癌)などと、比較対照群とを比較し、病態形成に関わる宿主因子を明らかにする。

個人情報保護に関する配慮：

解析する情報は、本研究専用に割り振られた研究番号がわりふられており、さらにゲノム情報を外部へ移行する際には、二重匿名化され、対応表は個人情報管理室で管理され、解析者は個人の情報に戻ることでもできず、特定することもできませんが、ご希望があれば、その方の解析情報は利用しないようにできますので、いつでも次の連絡先まで申し出てください。

本研究の研究代表者

国立国際医療研究センター研究所 戸山ゲノム医科学プロジェクト長 徳永勝士

照会先および研究への利用を拒否する場合の連絡先：

〒104-0045 東京都中央区築地5-1-1

国立がん研究センター がん対策研究所

研究責任者：澤田典絵

研究担当者：鈴木誠太郎

TEL 03-3542-2511 (内線 3337) , FAX 03-3547-8580