

研究機関名：東北大学

受付番号：2013-1-269

研究課題名 C型肝炎の新規診断法や新規治療法を開発するためのゲノムワイド関連解析の手法を用いた宿主因子の解析に関する研究

研究期間 西暦 2013年10月-2017年3月

対象試料

病理試料 (対象臓器名 肝臓 肝細胞癌 )

生検試料 (対象臓器名 )

血液試料  遊離細胞  その他 ( )

上記試料の採取期間 西暦 2008年4月-2013年6月

意義、目的

HCV感染に対する自然経過、新規薬剤に対する応答性、病態進展（特に発癌）に関わる宿主要因を従来の SNP-/CNV(コピー数多型)-based GWASに加えて、次世代シーケンスを用いた Sequencing-based GWASにより同定する。遺伝要因のみならず、HCV感染各ステージにおけるエピジェネティックな変化や microRNA の関与を解析し、新規診断法・治療法の開発を目標とする。

方法（他の研究機関に試料・情報を提供する場合は、その旨も記載してください）

①全国38施設から約5,000検体の肝疾患患者からのゲノムDNA、血清（血漿、PBMC）及び付帯情報を保有。②SNP-/CNV-based GWAS: Affy 6.0, Axiom ASI, Illumina Omni 2.5Mを合わせた>300万SNP/CNVのimputationを高い精度で行える環境にある。1,000人ゲノムプロジェクトの日本人データおよび自らのチームで獲得した全ゲノムシーケンス解析データを追加。肝疾患患者に関してもすでに1,000人以上のタイピングが終了し、CNVのデータも取得済。（テラーメイド治療を目指した肝炎ウイルスデータベース構築に関する研究：受付番号67号、取得済）③発癌母地としての非癌部肝組織あるいは末梢血単核球(PBMC)でのオミックス解析（発癌例と非発癌例の比較）。④ゲノム異常とIFNλとの関連やmicroRNA発現、DNAメチル化の肝発癌への関与について統合解析し、最も強い肝発癌の宿主要因を同定する。得られた情報を統計専門家との共同研究により、従来のGWAS単点解析に加えて、遺伝子間相互作用や遺伝子パスウェイなどを加味した新しい統計解析手法を実施することで、より効率的に新規薬剤の開発を進めることが可能となる。検体は名古屋市立大学へ提供する。

問い合わせ等の窓口

住 所：仙台市青葉区星陵町1-1 研究機関名：東北大学病院消化器内科

電 話：022-717-7171 F A X：022-717-7177

担当者氏名：近藤泰輝 (E-mail: ) yasuteru@ebony.plala.or.jp