

研究・調査報告書

分類番号	報告書番号	担当
A-131	16-136	滋賀医科大学社会医学講座公衆衛生学部門
題名 (原題/訳)		
Exploration of a Polygenic Risk Score for Alcohol Consumption: A Longitudinal Analysis from the ALSPAC Cohort. ALSPAC Cohort の縦断解析から、飲酒量におけるポリジェニックリスクスコアで説明できること		
執筆者		
Taylor M, Simpkin AJ, Haycock PC, Dudbridge F, Zuccolo L.		
掲載誌		
PLoS One. 2016 Nov 30;11(11):e0167360. doi: 10.1371/journal.pone.0167360. eCollection 2016.		
キーワード	PMID	
飲酒量、ポリジェニックリスクスコア、母、子供	27902751	
要 旨		
目的： 飲酒量が健康のアウトカムに及ぼす実際の影響の程度は、完全には明かにされていない。遺伝子多型や複数の多型の組み合わせによって作成されるポリジェニックリスクスコア (PGRS) は、メンデルランダム化として知られる方法で、遺伝子多型と関心のある疾患アウトカムの因果関係を評価するための手段変数として使用される。本研究は、飲酒量の因果論に関わる遺伝子多型を同定することを目的とし、飲酒のための PRGS を開発する。		
方法： Avon Longitudinal Study of Parents and Children において、母子の飲酒量を繰り返し調査した。著者らは、過去に報告のある 89 の SNP と飲酒歴のある 28 歳から 48 歳の母親と、15 歳から 21 歳の子供の、飲酒量に関連があるのかを調べた。線形混合モデルを用いて飲酒量の対数を取り、各 SNP のベータ係数を求めた。相互検証として、飲酒量に対する対立遺伝子スコアを作成し、AVENGEME アルゴリズムで説明された遺伝形質の分散を評価した。		
結果： 多重検証による補正後、rs1229984 は母親の飲酒量と関連を認めた。しかし、子供の飲酒量はいずれの SNP とも関連を認めなかった。最適の対立遺伝子スコアは 0.5 を p 値の閾値として用い、母と子供にはそれぞれ、p 値 0.05 を用いた。これらのスコアは、分散の 0.3% と 0.7% のみ説明した。		
結論： 今回の PGRS は飲酒量の分散の量をほとんど説明できず、より多くのサンプルサイズが、メンデルランダム化の構造上、PGRS を用いるためには必要とされる。		