

研究・調査報告書

分類番号	報告書番号	担当
A-141	13-136	滋賀医科大学社会医学講座公衆衛生学部門
題名 (原題/訳)		
Genome-wide association studies of maximum number of drinks. アルコール最大飲酒量のゲノムワイド研究		
執筆者		
Yue Pan, Xingguang Luo, Xuefeng Liu, Long-Yang Wu, Qunyu Zhang, Liang Wang, Weize Wang, Lingjun Zuo, Ke-Sheng Wang.		
掲載誌		
J Psychiatr Res. 2013 Nov; 47(11):1717-24. doi: 10.1016/j.jpsychires.2013.07.013.		
キーワード		PMID
アルコールの最大飲酒量 遺伝子全体の関係、メタ解析、SGOL1、DTWD2、NDST4、KCNB2、DDC		23953852
要 旨		
<p>目的： 「24時間に摂取するアルコール飲用量の最大」と定義される (MaxDrinks) の最大量は、アルコール依存症 (AD) に密接に関連がある中間表現型である。家族、双子と養子縁組調査で、MaxDrinks の遺伝率がおよそ 0.5 であることを示している。</p> <p>方法： ゲノムワイドアソシエーション研究 (GWAS) 及び MaxDrinks のメタアナリシスを行った。Collaborative Study on the Genetics of Alcoholism (COGA) は 1,059 人、1,628 人は Study of Addiction - Genetics and Environment (SAGE) 研究は 1,628 人であった。家系サンプルは Australian twin-family study of alcohol use disorder (OZALC)からの 3,137 人であった。2つの集団ベースの白人サンプル (COGA と SAGE) を用いて 100 万の一塩基変異 (SNPs) との関連について検討され、そして、1つの家族ベースの白人サンプルが検証のために使用した。Several flanking SNPs in above genes/regions were confirmed in the OZALC family sample. In conclusions, we identified several genes/regions associated with MaxDrinks. These findings can improve the understanding about the pathogenesis of alcohol consumption phenotypes and alcohol-related disorder</p> <p>結果： 我々はメタ解析で MaxDirnks と関連した ($p < 10^{-4}$) 162 の SNPs を確認した。MaxDrinks で最も有意な関係は、3番染色体(3p24.3)の SGOL1 遺伝子の近傍の SNP rs11128951 ($p = 4.27 \times 10^{-8}$) であった。さらにメタ分析において、いくつかの SNPs (DTWD2 遺伝子近傍の rs17144687、NDST4 遺伝子の近傍の rs12108602、KCNB 遺伝子の rs 2128158) で、MaxDrinks と有意 ($p < 5 \times 10^{-7}$) な関係を示した。いくつかの近傍の SNP は OZALC family のサンプルでも確認された。</p> <p>結論： 我々は MaxDrinks と関連したいくつかの遺伝子領域を特定した。これらの調査結果は、アルコール摂取の表現型とアルコール関連疾患の病因についての理解をよりよくすることができる。</p>		