

## 研究・調査報告書

分類番号	報告書番号	担当
A-52C	16-100	滋賀医科大学社会医学講座公衆衛生学部門
<b>題名 (原題/訳)</b>		
Genome-Wide Interaction Analyses between Genetic Variants and Alcohol Consumption and Smoking for Risk of Colorectal Cancer. 遺伝的変異と飲酒・喫煙による大腸がんリスク：ゲノムワイド解析		
<b>執筆者</b>		
Gong J, Hutter CM, Newcomb PA, Ulrich CM, Bien SA, Campbell PT, et al.		
<b>掲載誌</b>		
PLoS Genet. 2016 Oct 10;12(10):e1006296. doi: 10.1371/journal.pgen.1006296. eCollection 2016 Oct.		
<b>キーワード</b>	<b>PMID</b>	
大腸がん、遺伝子座、ゲノムワイド解析、飲酒、喫煙	27723779	
<b>要 旨</b>		
<b>目的：</b> これまでのゲノムワイド解析により、大腸がん発症と感受性のある遺伝子座が同定されてきた。これらの遺伝子変異と飲酒・喫煙の交互作用について検討する。		
<b>方法：</b> 2つの大規模な国際多施設共同研究データベースを利用し、大腸がん患者と対照群2万人について、大腸がん発症と関連する遺伝子情報と、飲酒歴・喫煙歴の関連について多変量ロジスティック回帰分析により検討した。非飲酒～機会飲酒群はアルコール 1g/日未満、少量～中等量飲酒群は 1-28g/日、多量飲酒群は 29g 以上/日と定義した。		
<b>結果：</b> 非飲酒～機会飲酒群に比べ、少量～中等量飲酒群では大腸がん発症が有意に少なかった（オッズ比=0.91）のに対し、多量飲酒群では増加した（オッズ比=1.22）。9q22.32/HIATL1 変異がある者のうち、rs9409565 が CT 型、TT 型の者では、非飲酒～機会飲酒群と比べ少量～中等量飲酒でリスクが低かったのに対し（オッズ比 CT 型 0.82 [95%CI, 0.74-0.91]、TT 型 0.62 [95%CI, 0.51-0.75]）、CC 型の者では関連が見られず（p=0.059）、変異型と飲酒に有意な交互作用が認められた。喫煙に関しては有意な関連が見られなかった。		
<b>結論：</b> 大腸がん発症と関連する遺伝子の変異と飲酒量の間には、有意な交互作用があることが示された。		