

九州・沖縄母子保健研究ベースラインデータの結果 17q12-21 領域多型と喘息リスクとの関連

背景：2007年のゲノムワイド関連解析で17q12-21領域遺伝子多型と喘息との関連が指摘されました。ただ、その後の研究結果は一致しておりません。

方法：九州・沖縄母子保健研究に参加し、遺伝子解析研究に同意した1492名の母親の内、生涯において医師に喘息と診断されたことのある202名を症例群としました。残る1290名を対照群としました。TaqMan法でrs7216389 (located in an intron of the *GSDMB* gene in the 17q12 region) とrs11650680 (located in the promoter region of *TOP2A* in the 17q21.2 region) の遺伝子多型を調べました。年齢と年上兄弟数を交絡因子として補正しました。

結果：rs11650680のCC遺伝子型を基準としまして、Co-dominantモデルでCT遺伝子型では統計学的に有意となり補正オッズ比は0.67 (95% CI: 0.46–0.96)でした。一方、TT遺伝子型では有意な関連を認めませんでした。rs7216389と喘息との間に有意な関連はありませんでした。これらの2つのSNPsで4つのハプロタイプが同定されましたが、いずれのハプロタイプも喘息と有意な関連を認めませんでした。各遺伝子多型と年上兄弟数との間に有意な交互作用は認めませんでした。

SNP	遺伝子型	n (%)		補正オッズ比
		症例群 (N = 202)	対照群 (N = 1290)	
rs7216389	TT	115 (56.9)	675 (52.3)	1.00
	TC	76 (37.6)	528 (40.9)	0.84 (0.61–1.14)
	CC	11 (5.5)	87 (6.7)	0.71 (0.37–1.38)
rs11650680	CC	155 (76.7)	907 (70.3)	1.00
	CT	41 (20.3)	358 (27.8)	0.67 (0.46–0.96)
	TT	6 (3.0)	25 (1.9)	1.45 (0.58–3.60)

結論：本研究は世界で初めてrs11650680のCT遺伝子型と喘息リスクとの有意な負の関連を報告しました。

出典：Miyake Y, Tanaka K, Arakawa M. Association between 17q12-21 variants and asthma in Japanese women: rs11650680 polymorphism as potential genetic marker for asthma. *DNA Cell Biol.* 2014; 33: 531-536.