

## 総括研究報告書

1. 研究開発課題名：胃がんにおける遺伝子変異・エピジェネティック異常と生活習慣などリスク要因との関連：前向きコホート研究

2. 研究開発代表者： 島津 太一（国立研究開発法人 国立がん研究センター 社会と健康研究センター 予防研究部）

3. 研究開発の成果

最新の情報に基づいて、平成24年12月末までに発生した胃がんの病理試料が収集できるように情報を更新し把握を行った結果、33例の罹患情報を追加することができた。これにより、平成24年12月末までに発生した当該地域のコホート研究参加者の胃がん（腺がん）発生数564のうち、診断根拠が生検または術後病理診断であるものは547例であり、地域の中核病院で把握可能であった症例数は、527例（96.3%）となった。また、あらたに市立横手病院から試料収集を開始するため、倫理審査などの手続き、分担研究者と協議しながら、関係機関との連絡調整を行いプロジェクトの推進を行った。

平鹿総合病院において把握されている265の胃がん症例については、平成26年度の48検体に加えて、平成27年度はさらに118検体について未染スライドを作製した。これで、病理標本が同定できた全症例について未染スライドの作製が完了した。市立横手病院からの標本収集についても、試料作製が標準化できるように手順書を作成し、113検体の未染スライドを収集した。

平成27年度の目標である150例を上回る231例の遺伝子突然変異解析を追加し胃がんサブタイプの分類を行った。平成27年度末までに収集できた279例（平成26年度48例、平成27年度231例）のうち、DNAの品質が基準を満たし突然変異解析が可能であったのは135例と想定していたよりも少なかった。突然変異がみられた遺伝子の分布は既に報告されているものと大きく変わらず、頻度の高い遺伝子変異、遺伝子変異の数、塩基置換の種類により分類が可能であった。目標数を上回る標本が収集できたため遺伝子突然変異解析を優先させることとしたため、エピゲノム解析については、FFPE検体からのDNAの抽出・バイサルファイト変換、CIMPマーカー遺伝子の定量的PCR法でのメチル化解析が可能な最適条件の決定を行った。

4. その他

なし。