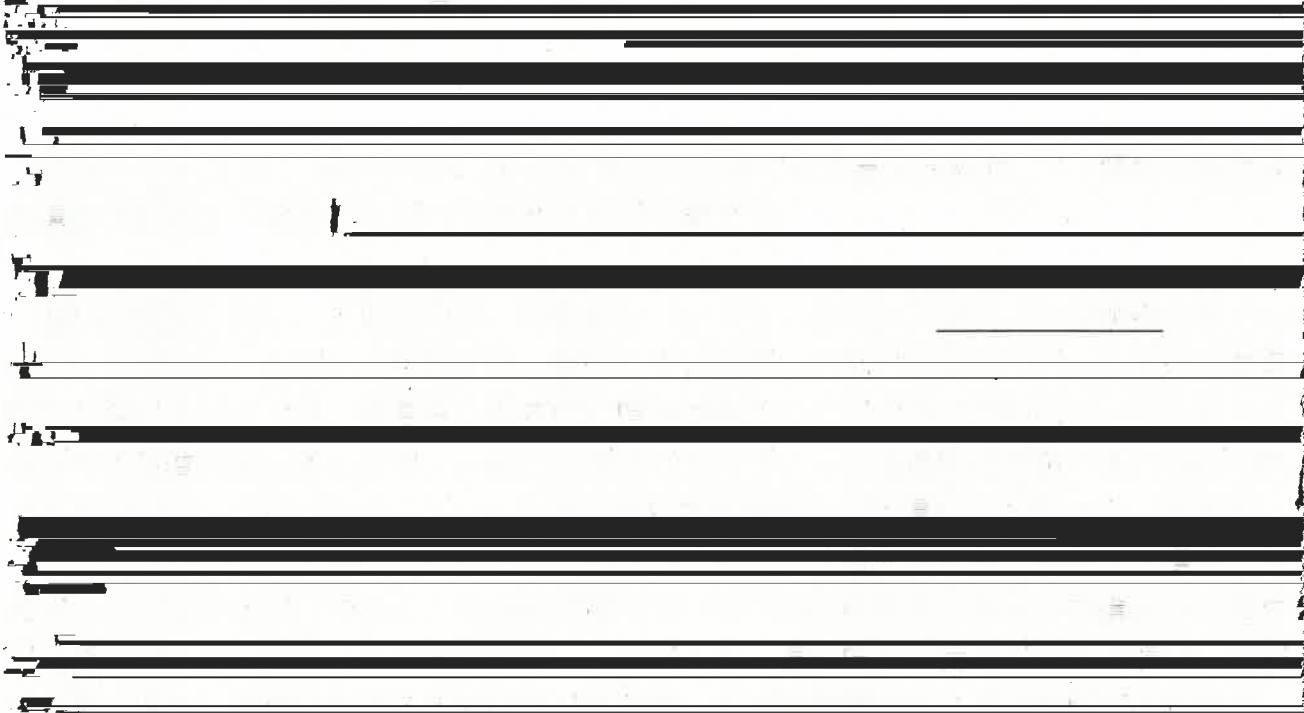


お知らせ

慢性肝疾患連遺伝子研究にご参加下さい。ナビゲーション



平成 14 年 2 月 1 日から平成 26 年 6 月 30 日までに広島大学病院にて「慢性肝疾患連遺伝子研究」へ参加いただいた患者さんが対象です。

時代の進歩に伴い、本研究では、次世代シーケンサーを用いて全ゲノムの解析を行うことになりました。全ゲノム解析とは、提供していただいた試料を用いてゲノム全体の塩基配列を調べることです。超高速に塩基配列情報を得ることができる次世代シーケンサーと呼ばれる装置を用いることで、一度にほぼすべてのゲノムの塩基配列を調べることが可能になりました。これにより、ゲノム全体から病気の原因となる遺伝子を探っていきます。ただし、全ゲノムを調べるため、この研究で目的とする慢性肝疾患と関連する遺伝子変異が明らかになるだけでなく、今はまだ確っていない別の疾患を引き起こす遺伝子の異常

研究機関：広島大学

【ヒトゲノム・遺伝子解析研究】

研究課題名 慢性肝疾患関連遺伝子研究

研究責任者名 病院 消化器・代謝内科 教授 茶山 一彰

研究期間 2002年2月(倫理委員会承認後)～2023年3月31日

2002年2月～2019年6月に消化器・代謝内科を受診され、『慢性肝疾患関連遺伝子研究』において血液保存に同意をいただいている患者さん。

意義・目的

慢性肝疾患は、肝硬変、肝臓癌に進行しうる疾患であり、年間3万人以上が死亡しています。慢性肝疾患の原因はB型肝炎ウイルス、C型肝炎ウイルスといったウイルス感染による疾患や、自己免疫性肝炎、原発性胆汁性肝硬変といった病気は遺伝的な素因によって起こるものなど多岐にわたっています。しかしながらそれらの発症・病像の進展の原因は依然不明なままであり、原因に即した治療法・予防法の確立が急がれています。

本研究では慢性肝疾患の遺伝性要素を検出し、病態解明・治療法の開発を目指します。

方法

本研究は、ヒトゲノム・遺伝子解析研究です。診療時に提供いただいた血液より、血液中の白血球やリンパ球に含まれるDNAという物質を取り出し、これを調べます。試料の運搬、DNAの抽出、PCRによる増幅、電気泳動による分離、結果の解析等を行います。

の遺伝子を調べることになります。また慢性肝疾患の状態を知るために、診療記録を参照させていただくことがあります。なお、これらの情報は誰のものかは分からないようにして解析を行います。