

下記臨床研究は「東海大学医学部臨床研究審査委員会」の承認および研究機関の長の許可を得て実施しています。当該試料・診療情報等の使用については、研究計画書に従って匿名化処理が行われており、研究対象者の氏名や住所等が特定できないよう安全管理措置を講じた取り扱いを厳守しています。

本研究に関する詳しい情報をご希望でしたら問い合わせ担当者まで直接ご連絡ください。また、本研究の成果は学会や論文等で公表される可能性があります。個人が特定される情報は一切公開しません。

## 現代人諸集団 DNA サンプル（宝来コレクション）の希少バイオリソースを用いた遺伝的多様性解析に関する研究

### 1. 研究の対象

この研究では、総合研究大学院大学・先導科学研究科の故 宝来 聡 教授を中心として収集された以下の現代人DNAサンプルを用いた研究を行います。このサンプルは3省合同研究倫理指針施行以前（研究実施前）に収集されたもので、すでに匿名化され、対応表も保管されていないため個人を特定することができません。しかし、貴重なバイオリソースであるため、現在まで倫理審査委員会の承認のもと総合研究大学院大学にて保管され、多くの基礎研究で利用されてきました。

- ・ 1983年から1985年までの間に沖縄県、鹿児島県、九州北部、静岡県三島市、青森県弘前市にて採取された胎盤または血液から抽出されたゲノムDNA。
- ・ 1990年5月ー6月および1991年7月に実施された調査研究にて採取された台湾先住民の血液から抽出されたゲノムDNA。
- ・ 韓国人の血液から抽出されたゲノムDNA。

### 2. 研究目的・方法

#### 【目的】

現代日本人のゲノムには大きな地域差が認められ、それは日本人集団が成立した歴史を強く反映していると考えられます。そこで本研究では、さまざまな地域で収集された現代日本人のDNAを解析し、そのゲノム多型を詳細に調べることにより、日本人の遺伝的多様性と地域差の実情を明らかにします。特に、沖縄、鹿児島、九州北部、静岡、青森の各地域における単塩基多型（SNPs）等の頻度を求め、周辺の民族のデータとともに統計解析を行うことで、地域差を定量的に評価します。これにより、日本人の起源と進化について、新しい知見を得ることをめざします。波及効果として、地理的分布に偏り

がある疾患の研究や、法医学における個人同定技術の研究などに進歩をもたらすことが期待できます。

**【方法】**

SNPアレイによるタイピング実験や、DNAシーケンサーを用いた塩基配列決定により、多くのゲノム多型サイトについて個人ごとの遺伝子型を調べます。その結果を地域ごとに集計し、対立遺伝子頻度を計算して、地域間や民族間で比較します。その際にはさまざまな統計解析の手法を使用します。個人情報漏洩しないようプライバシーの保護には細心の注意を払います。

**3. 研究に用いる試料・情報の種類**

- ・試料： DNA
- ・情報： 採取された場所（都道府県名・都市名）

**4. 情報の提供先・提供方法**

上記の試料に対するゲノム解析結果は、研究目的のため、本試料の保管と運用に携わる共同研究者に提供する場合があります。

**5. 利益相反に関する事項**

この研究は、特定企業等からの直接的な資金提供はないため利益相反はありません。

**6. お問い合わせ先**

東海大学医学部 （電話：代表 0463-93-1121 内線：2140）

研究責任者・問い合わせ窓口

医学部医学科基礎医学系分子生命科学 今西 規