

論文要旨

Interactions between Inflammatory Gene Polymorphisms and HTLV-I Infection for Total Death, Incidence of Cancer, and Atherosclerosis-Related Diseases among the Japanese Population

日本人集団における総死亡、がん及び動脈硬化関連疾患罹患リスクに対する炎症性遺伝子多型と HTLV-I 感染の相互作用に関する研究

氏名 カイルパン タラ セファニヤ

【背景と目的】 HTLV-I 感染に伴う死亡リスクの上昇が報告されている。しかし、その原因や予防要因は不明である。HTLV-I キャリアの免疫学的状態の変動については多くの報告がある。共通のサイトカインはがんや動脈硬化関連疾患の発生とも関わっている。私たちは、全死亡と、がん及び動脈硬化関連疾患罹患に対する炎症性遺伝子多型と HTLV-I 感染における相互作用を検索するために、HTLV-I キャリアが多い地域における一般住民を対象に、マッチド・コホート研究を行った。

【方法】 対象は日本多施設共同コホート (J-MICC) 研究に参加した鹿児島県のあまみ島嶼地域と本土地域における 35~69 歳の健診受診者のうち、HTLV-I 抗体陽性者と性・年齢・地域をマッチさせた 4 倍数の抗体陰性者、計 2,180 名のサブ・コホート集団である。追跡期間は最大 10 年であった。炎症性遺伝子多型は、*TNF- α* 1031T/C、*IL-10* 819T/C、*NF- κ B1* 94ATTG ins/del が選ばれた。ハザード比、全死亡と、がん及び動脈硬化関連疾患罹患リスクに対する炎症性遺伝子多型と HTLV-I 感染における相互作用は、cox 比例ハザード・モデルを用いて見積もった。

【結果】 全コホート集団における HTLV-I 抗体陽性率は 6.4%であった。動脈硬化関連疾患罹患リスクに対する *TNF- α* 1031T/C 遺伝子多型と HTLV-I の相互作用が認められ、統計学に有意であった ($p=0.020$)。 *IL-10* 819T/C 及び *NF- κ B1* 94ATTG ins/del と HTLV-I の相互作用は認められなかった。また、あまみ地域において、総死亡に対するハザード比の上昇 (3.03, 1.18-7.77) が、遺伝子多型を含む種々の関連要因を調整後にも認められた。

【結論】 動脈硬化関連疾患罹患リスクに対する *TNF- α* 1031T/C 遺伝子多型と HTLV-I 感染の相互作用が認められた。今後、HTLV-I キャリアの動脈硬化関連疾患罹患リスク高感受性群における罹患防御要因の検索が必要である。