

図3. 熟年体育大学参加女性における各指標改善値の度数分布

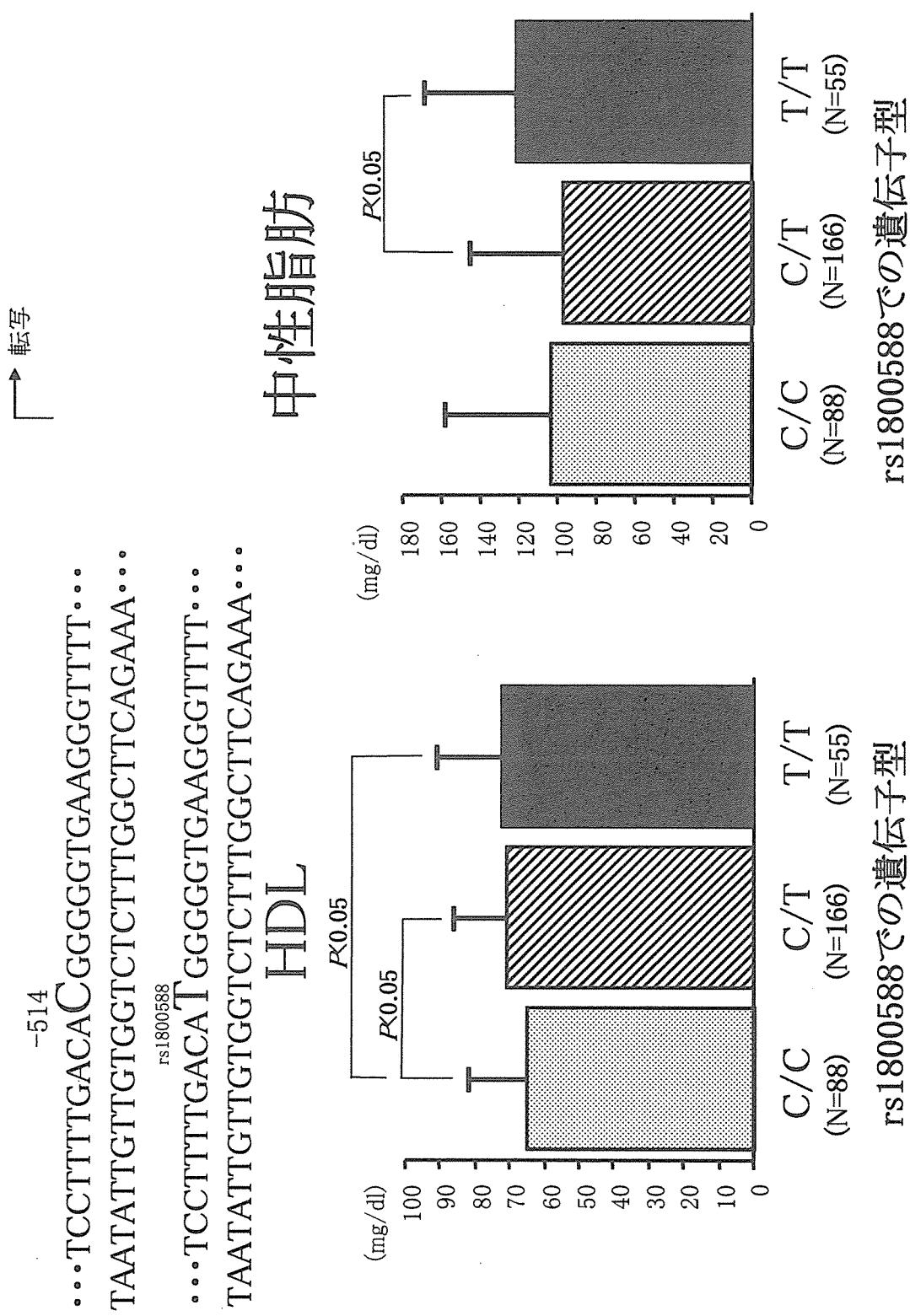
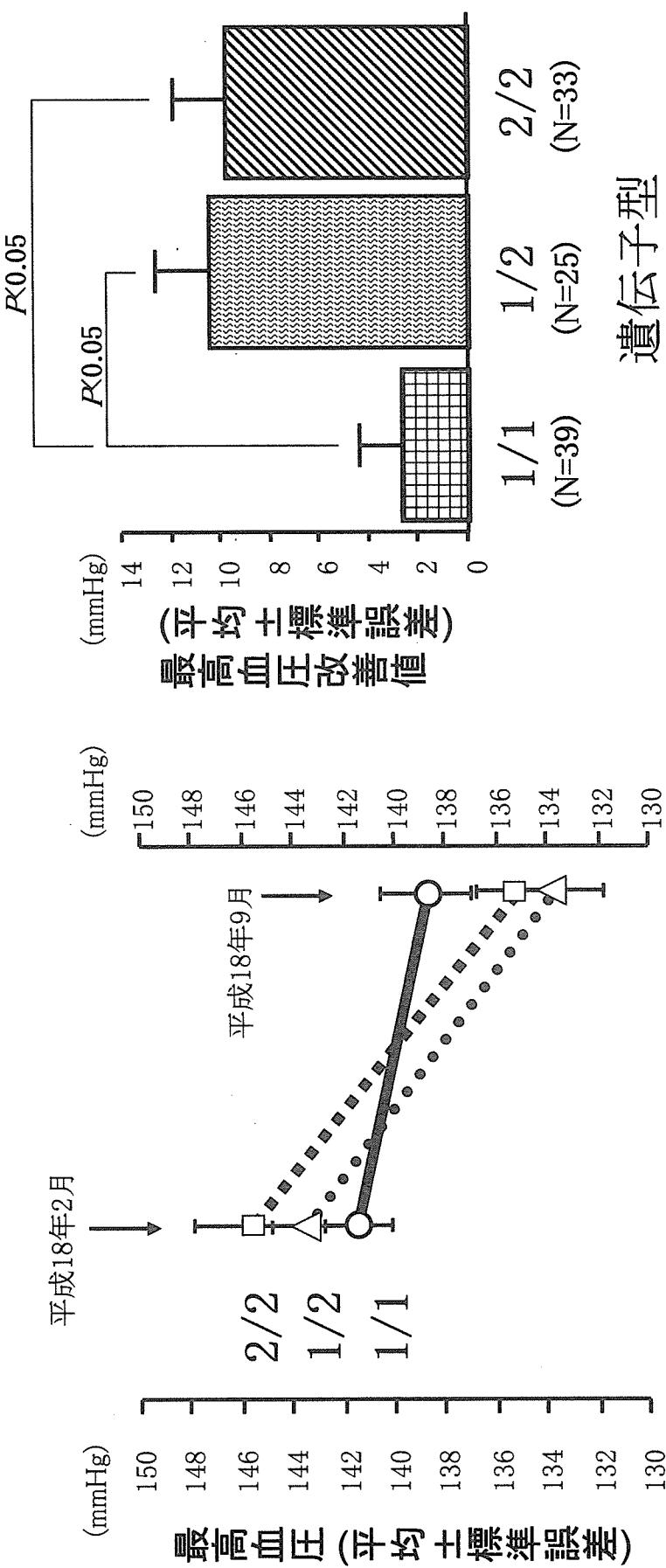


図4. Hepatic lipase (*LIPC*)遺伝子上のSNP遺伝子型と血中脂質レベルとの相関



厚生労働科学研究補助金（長寿科学総合研究事業）  
中高年健康増進のためのITによる地域連携型運動処方システムの構築  
分担研究報告書

松本市熟年体育大学を基盤とした  
生活習慣病ならびに運動処方感受性遺伝子探索のための遺伝子多型解析

主任研究者

三木 哲郎

愛媛大学大学院医学系研究科生命多様性医学講座加齢制御内科学・教授

研究協力者

田原 康玄

愛媛大学大学院医学研究科システムバイオロジー部門統合医科学講座

**研究要旨**

生活習慣病や運動処方感受性遺伝子を明らかにする目的で、松本市熟年体育大学参加者を対象に遺伝子多型の分析を行った。種々の候補遺伝子について、1遺伝子あたり2つのSNP（計137SNP）をピックアップし、469例を対象として分析を開始した。今年度は、このうち90SNPについて分析を終えた。

**A. 研究目的**

生活習慣病の発症・進展には、複数の環境因子と遺伝因子とが交絡して影響している。このゲノムネットワークは、疾患発症のみならず、薬物や介入などによる改善効果に関するものも同様である。高齢社会を目前に、個人の遺伝的背景に基づいた適切な運動指導方法の確立が望まれている。一方、松本市熟年体育大学では、以前より、インターバル速歩をベースとした運動処方を行うとともに、個人の運動量や成果を定量的に把握してきた。そこで本研究では、運動介入効果の遺伝的背景を、生活習慣病も含めて明らかにする目的で熟年体育大学受講者を対象にした感受性遺伝子解析を行った。

**B. 研究方法**

対象は松本市熟年体育大学の受講者とした。このうち、本研究に対して書面にて同意の得られた469例を解析対象とした。

対象者のDNAは、信州大学において末梢血より定法に則って抽出した。このうち約50ngの供与を受け、全ゲノム增幅を行ってから分析に供した。DNAサンプルは96wellプレート5枚に再配置してパネル化した。ラボラトリオートメーションシステムを用いることで、1日あたり4～8SNPの解析が可能となった。

遺伝子解析は候補遺伝子アプローチとし、信州大学と共同で、血圧、糖代謝、脂質代謝、骨代謝、エネルギー代謝、難聴、老化などの分野において、今までに種々の疾患や介入効果との関連が示唆されている137個のSNPをピックアップした。SNPの分析はTaqManプローブ法で行った。原則的に1遺伝子あたり2つのSNP解析することとし、同一遺伝子内で適度に遺伝的距離が離れているものを選別した。ただし2つのSNPs間で連鎖不平衡は考慮しなかった。選別にあたっては、日本人を対象としたJSNPデータベースを用い、マイナーアレル頻度が5%以上であることを条件とした。ただし、技術的に解析が困難であるものは上記の条件を満たした場合でも解析から除外した。

**(倫理面への配慮)**

愛媛大学においては、医学部ヒトゲノム・遺伝子解析研究倫理委員会より、研究課題名「生活習慣病、動脈硬化性疾患、ならびに抗加齢に関する遺伝疫学研究」として承認を得ている。本研究実施にあたり、能勢博・信州大学大学院医学研究科スポーツ医学・教授ならびに樋口京一・信州大学大学院医学研究科加齢生物学・教授を共同研究者として追加申請し承認を得た。

信州大学においても、同様に医学部倫理委員会による研究計画の承認を得ている（熟年体育

大学を基盤とした運動効率遺伝子および老人性難聴関連遺伝子の探索）。対象者には、本研究の主旨を十分に説明し、書面にて同意を得た。個人情報は、適切に匿名化されている。遺伝子解析を行うにあたり、愛媛大学では供与を受けた情報は匿名化コードのみである。一連の手続きは、我が国におけるヒトゲノム・遺伝子解析研究に関する倫理指針を遵守したものであり、本研究における倫理面への配慮は十分であると判断した。

### C. 研究結果

分析予定の137個のSNPを表1に示した。現段階で分析が終了しているSNPと頻度を表2に示した。SNPの選択にあたり、最小アレル頻度が5%以上であることを1つの基準としたが、分析結果をみると、本研究対象でも同様の頻度が観察された。

### D. 考察

本年度は、TaqMan法での分析が比較的容易なもの、すなわちスタンダードな方法で分析可能で

あったSNPから優先的に分析した。来年度は、残りのSNPを分析するにあたり、条件設定を個別に行っていく必要が生じると予想されるため、今年度よりも分析できるSNP数は格段に少なくなると考えられる。これまでの経験では、PCR反応時の温度や濃度等の条件を調整することで、ある程度精度の高い分析が可能となるSNPがある反面、いかなる条件設定をしても分析できないケースもあった。予定した137SNP全てを解析することは技術的に不可能と思われるが、可能な限り分析の精度を向上していきたいと考えている。

### E. 結論

松本市熟年体育大学参加者469例を対象に、90SNPの分析を終えた。

### F. 健康危険情報

なし

### G. 研究発表

なし

表1 分析予定のSNP

SNP_ID	シンボル	遺伝子名	rs番号/SNP名
572	ADIPOQ	adiponectin, C1Q and collagen domain containing	rs1501299
573	ADRA1A	adrenergic, alpha-1A-, receptor	rs1048101
574	ADRA1A	adrenergic, alpha-1A-, receptor	rs1383914
575	ADRA2A	adrenergic, alpha-2A-, receptor	rs1800038
576	ADRB2	adrenergic, beta-2-, receptor, surface	rs1042718
577	ADRB2	adrenergic, beta-2-, receptor, surface	ADRB2-1-GORA
578	ADRB3	adrenergic, beta-3-, receptor	rs2071493
579	ADRB3	adrenergic, beta-3-, receptor	ADRB3-1-TORC
580	ALOX15	arachidonate 15-lipoxygenase	rs748694
581	ALOX5	arachidonate 5-lipoxygenase	rs2288619
582	APOC3	apolipoprotein C-III; apolipoprotein A-I	rs5128
583	ASIP	agouti signaling protein, nonagouti homolog (mouse)	rs2424984
584	ATP5C1	ATP synthase, H <sup>+</sup> transporting, mitochondrial F1 complex, gamma polypeptide 1	rs2070594
585	AVPR1A	arginine vasopressin receptor 1A	rs1042615
586	AVPR1A	arginine vasopressin receptor 1A	rs3759292
587	BMP2	bone morphogenetic protein 2	rs2273073
588	BTBD4	BTB (POZ) domain containing 4;	rs2253823
589	BTBD4	BTB (POZ) domain containing 4;	rs1058319
590	Clorf121	chromosome 1 open reading frame 121	rs3795479
591	CLCN6	chloride channel 6;5, 10-methylenetetrahydrofolate reductase (NADPH)	rs1801133
592	CLDN20	claudin 20; transcription factor B1, mitochondrial	rs324356
593	COCH		COCH-2-CORG
594	COL11A2	collagen, type XI, alpha 2	rs2272904
595	COL11A2	collagen, type XI, alpha 2	rs2254287
596	COL9A1	collagen, type IX, alpha 1	rs1135056
597	COL9A1	collagen, type IX, alpha 1	rs592121
598	CPSF4	cleavage and polyadenylation specific factor 4, 30kDa	rs2293256
599	DDN	dendrin; protein kinase, AMP-activated, gamma 1 non-catalytic subunit	rs2293445
600	DFNA5	deafness, autosomal dominant 5	rs754555
601	DFNA5	deafness, autosomal dominant 5	rs2269812
602	EPDR1	ependymin related protein 1 (zebrafish); secreted frizzled-related protein 4	rs1132552
603	ESRRA		ESRRA-1-CORT
604	FLJ31166	hypothetical protein FLJ31166	rs2742115
605	FOXO1A	forkhead box O1A (rhabdomyosarcoma)	rs3751436
606	FRZB	frizzled-related protein	rs7775
607	GCK	glucokinase (hexokinase 4, maturity onset diabetes of the young 2)	rs2971679
608	GCK	glucokinase (hexokinase 4, maturity onset diabetes of the young 2)	rs1799884
609	GJA4	gap junction protein, alpha 4, 37kDa (connexin 37)	rs2236214
610	GJB2	gap junction protein, beta 2, 26kDa (connexin 26)	GJB2-1-CORT
611	GJB2	gap junction protein, beta 2, 26kDa (connexin 26)	rs2274084
612	GJB6	gap junction protein, beta 6 (connexin 30)	rs945369
613	GJB6	gap junction protein, beta 6 (connexin 30)	GJB6-1-AORC
614	GSK3B	glycogen synthase kinase 3 beta	rs334558
615	GSK3B	glycogen synthase kinase 3 beta	rs6438552
616	HSD11B1	hydroxysteroid (11-beta) dehydrogenase 1	rs2282740
617	HSD11B1	hydroxysteroid (11-beta) dehydrogenase 1	rs12086634
618	IL6		IL6-CORG
619	IRS1	insulin receptor substrate 1	rs1801278
620	KCNQ4	potassium voltage-gated channel, KQT-like subfamily, member 4	KCNQ4-1-CORT
621	KCNQ4	potassium voltage-gated channel, KQT-like subfamily, member 4	rs913378
622	KL	klotho	rs1207568

表1 分析予定のSNP (つづき)

SNP_ID	シンボル 遺伝子名	rs番号/SNP名
623	KLOTHO	KLOTHO-2-CORG
624	LEP	rs2167270
625	LEPR	leptin receptor
626	LIPG	LIPG-CORT
627	LMNA	lamin A/C
628	LOC389286	similar to FKSG62;protein kinase, AMP-activated, alpha 1 catalytic subunit
629	LPL	lipoprotein lipase
630	LRP5	low density lipoprotein receptor-related protein 5
631	MCEMP1	mast cell-expressed membrane protein 1;resistin
632	MECP2	methyl CpG binding protein 2 (Rett syndrome)
633	MTHFR	5, 10-methylenetetrahydrofolate reductase (NADPH)
634	MTP	microsomal triglyceride transfer protein (large polypeptide, 88kDa)
635	MTP	microsomal triglyceride transfer protein (large polypeptide, 88kDa)
636	MVD	mevalonate (diphospho) decarboxylase;interleukin 17C
637	MYH1	myosin, heavy polypeptide 1, skeletal muscle, adult
638	MYH2	myosin, heavy polypeptide 2, skeletal muscle, adult
639	MYH9	myosin, heavy polypeptide 9, non-muscle
640	MYO6	myosin VI
641	MYO6	myosin VI
642	MYO7A	myosin VIIA (Usher syndrome 1B (autosomal recessive, severe))
643	MYO7A	myosin VIIA (Usher syndrome 1B (autosomal recessive, severe))
644	NOS3	NOS3-1-TORC
645	NOS3	NOS3-2-CORT
646	NOX4	NADPH oxidase 4
647	NOX4	NADPH oxidase 4
648	NRF1	nuclear respiratory factor 1
649	OLR1	oxidised low density lipoprotein (lectin-like) receptor 1
650	PBEF1	pre-B-cell colony enhancing factor 1
651	PBEF1	pre-B-cell colony enhancing factor 1
652	PDK4	pyruvate dehydrogenase kinase, isoenzyme 4
653	PON1	paraoxonase 1
654	PPARA	peroxisome proliferative activated receptor, alpha
655	PPARG	peroxisome proliferative activated receptor, gamma
656	PPARGC1A	peroxisome proliferative activated receptor, gamma, coactivator 1, alpha
657	PPARGC1A	peroxisome proliferative activated receptor, gamma, coactivator 1, alpha
658	PPARGC1B	peroxisome proliferative activated receptor, gamma, coactivator 1, beta
659	PRKAB1	protein kinase, AMP-activated, beta 1 non-catalytic subunit
660	PRKAB1	protein kinase, AMP-activated, beta 1 non-catalytic subunit
661	PRKAB2	protein kinase, AMP-activated, beta 2 non-catalytic subunit
662	PRKAB2	protein kinase, AMP-activated, beta 2 non-catalytic subunit
663	PRKAG2	protein kinase, AMP-activated, gamma 2 non-catalytic subunit
664	PRKAG2	protein kinase, AMP-activated, gamma 2 non-catalytic subunit
665	PRKCB1	PRKCB1-2-CORT
666	RAI1	retinoic acid induced 1;sterol regulatory element binding transcription factor 1
667	RETN	resistin;mast cell-expressed membrane protein 1
668	RXRA	retinoid X receptor, alpha
669	RXRA	retinoid X receptor, alpha
670	RXRB	retinoid X receptor, beta
671	RXRB	retinoid X receptor, beta
672	RXRG	retinoid X receptor, gamma
673	RXRG	retinoid X receptor, gamma

表1 分析予定のSNP (つづき)

SNP_ID	シンボル	遺伝子名	rs番号/SNP名
674	SCD	stearoyl-CoA desaturase (delta-9-desaturase)	rs3793768
675	SCD1		SCD1-1-CORG
676	SFRP1	secreted frizzled-related protein 1	rs7013229
677	SFRP2	secreted frizzled-related protein 2	rs3810765
678	SIRT1	sirtuin (silent mating type information regulation 2 homolog) 1 (S. cerevisiae)	rs2236318
679	SIRT1	sirtuin (silent mating type information regulation 2 homolog) 1 (S. cerevisiae)	rs3740051
680	SLC6A2	solute carrier family 6 (neurotransmitter transporter, noradrenalin), member 2	rs2242446
681	SLC6A2	solute carrier family 6 (neurotransmitter transporter, noradrenalin), member 2	rs5569
682	SREBF2	sterol regulatory element binding transcription factor 2	rs2269657
683	SREBF2	sterol regulatory element binding transcription factor 2	SREBF2-2-COR
G			
684	STRN3	striatin, calmodulin binding protein 3	rs1045644
685	TATDN2	TatD DNase domain containing 2;ghrelin precursor	rs2075356
686	TATDN2	TatD DNase domain containing 2;ghrelin precursor	rs696217
687	TCFL5	transcription factor-like 5 (basic helix-loop-helix);collagen, type IX, alpha 3	rs22
94995			
688	TECTA	tectorin alpha	rs520805
689	TECTA	tectorin alpha	rs2155369
690	TFAM	transcription factor A, mitochondrial	rs11006128
691	TFB1M	transcription factor B1, mitochondrial;claudin 20	rs3940
692	TFB2M	transcription factor B2, mitochondrial	rs3129568
693	TNF	tumor necrosis factor	rs1800629
694	TNFA		TNFA-2-CORT
695	UCP1	uncoupling protein 1 (mitochondrial, proton carrier)	rs2270565
696	UCP2	uncoupling protein 2 (mitochondrial, proton carrier)	rs659366
697	UCP2	uncoupling protein 2 (mitochondrial, proton carrier)	rs660339
698	UCP3	uncoupling protein 3 (mitochondrial, proton carrier)	rs1800849
699	UCP3	uncoupling protein 3 (mitochondrial, proton carrier)	rs2075577
700	WFS1	Wolfram syndrome 1 (wolframin)	rs734312
701	WFS1	Wolfram syndrome 1 (wolframin)	rs1805070
702	WRN	Werner syndrome	rs2725362
703	YBX2	Y box binding protein 2	rs5435
711	ADRA2C		
712	ADRA1D	adrenergic, alpha-1D-, receptor	rs3803964
713	ADRA1D	adrenergic, alpha-1D-, receptor;spermine oxidase	rs709024
714	ADRA2B	adrenergic, alpha-2B-, receptor	rs3813662
715	ADRB1	adrenergic, beta-1-, receptor	rs1801253

表2 分析したSNPとその頻度

SNP_ID	シンボル	多型頻度			アレル頻度	
		AA	AB	BB	A	B
572	ADIPOQ	32	194	238	0.278	0.722
573	ADRA1A	335	122	11	0.846	0.154
574	ADRA1A	100	194	166	0.428	0.572
576	ADRB2	168	195	85	0.593	0.407
577	ADRB2	124	206	132	0.491	0.509
578	ADRB3	303	140	20	0.806	0.194
579	ADRB3	18	142	307	0.191	0.809
580	ALOX15	188	217	61	0.636	0.364
581	ALOX5	8	74	387	0.096	0.904
582	APOC3	51	233	181	0.360	0.640
583	ASIP	349	101	7	0.874	0.126
584	ATP5C1	11	121	320	0.158	0.842
585	AVPR1A	128	254	87	0.544	0.456
586	AVPR1A	20	168	280	0.222	0.778
587	BMP2	379	85	3	0.903	0.097
588	BTBD4	150	232	84	0.571	0.429
589	BTBD4	194	185	83	0.620	0.380
590	C1orf121	186	217	65	0.629	0.371
591	CLCN6	116	226	123	0.492	0.508
592	CLDN20	337	120	11	0.848	0.152
593	COCH	206	218	44	0.673	0.327
594	COL11A2		50	418	0.053	0.947
595	COL11A2	269	170	30	0.755	0.245
596	COL9A1	269	157	40	0.746	0.254
597	COL9A1	74	214	179	0.388	0.612
598	CPSF4	457	11	1	0.986	0.014
599	DDN	183	208	78	0.612	0.388
600	DFNA5	72	239	158	0.408	0.592
602	EPDR1	163	225	78	0.591	0.409
603	ESRRA	2	70	396	0.079	0.921

604	FLJ31166	85	213	169	0. 410	0. 590
605	FOXO1A	37	205	227	0. 297	0. 703
607	GCK	42	185	237	0. 290	0. 710
609	GJA4	204	200	65	0. 648	0. 352
610	GJB2	334	124	11	0. 844	0. 156
611	GJB2	61	233	175	0. 378	0. 622
612	GJB6	251	184	34	0. 731	0. 269
613	GJB6	216	206	47	0. 680	0. 320
615	GSK3B	147	231	91	0. 560	0. 440
616	HSD11B1	200	214	54	0. 656	0. 344
617	HSD11B1	329	130	10	0. 840	0. 160
619	IRS1		27	435	0. 029	0. 971
620	KCNQ4	156	225	88	0. 572	0. 428
621	KCNQ4	5	78	386	0. 094	0. 906
622	KL	347	104	14	0. 858	0. 142
624	LEP	306	145	17	0. 809	0. 191
625	LEPR	9	114	346	0. 141	0. 859
626	LIPG	31	174	261	0. 253	0. 747
627	LMNA	17	144	308	0. 190	0. 810

表2 分析したSNPとその頻度（つづき）

SNP_ID	シンボル	多型頻度			アレル頻度	
		AA	AB	BB	A	B
629	LPL	6	106	353	0.127	0.873
630	LRP5	36	186	246	0.276	0.724
631	MCEMP1	59	213	196	0.354	0.646
632	MECP2	288	126	50	0.756	0.244
633	MTHFR		60	407	0.064	0.936
634	MTP	290	158	19	0.790	0.210
635	MTP	10	139	319	0.170	0.830
636	MVD	388	76	2	0.914	0.086
638	MYH2	17	145	305	0.192	0.808
639	MYH9	339	109	4	0.871	0.129
640	MYO6	89	203	174	0.409	0.591
641	MYO6	5	71	392	0.087	0.913
642	MYO7A	132	235	102	0.532	0.468
643	MYO7A	100	239	129	0.469	0.531
644	NOS3	1	89	372	0.098	0.902
647	NOX4	2	40	427	0.047	0.953
648	NRF1	73	246	149	0.419	0.581
649	OLR1	26	135	305	0.201	0.799
650	PBEF1	385	82	2	0.908	0.092
651	PBEF1	379	85	2	0.905	0.095
652	PDK4	273	165	29	0.761	0.239
653	PON1	58	215	193	0.355	0.645
657	PPARGC1A	105	241	122	0.482	0.518
658	PPARGC1B	414	52	1	0.942	0.058
660	PRKAB1	443	20		0.978	0.022
661	PRKAB2	8	86	375	0.109	0.891
662	PRKAB2	169	241	51	0.628	0.372
663	PRKAG2	39	183	247	0.278	0.722
664	PRKAG2	202	205	59	0.653	0.347
665	PRKCB1	215	200	52	0.675	0.325

666	RAI1	17	122	326	0.168	0.832
667	RETN	182	223	61	0.630	0.370
668	RXRA	27	140	294	0.210	0.790
669	RXRA	19	128	317	0.179	0.821
670	RXRB	50	220	199	0.341	0.659
671	RXRB	456	12		0.987	0.013
672	RXRG	170	228	68	0.609	0.391
673	RXRG	247	180	39	0.723	0.277
674	SCD	75	211	176	0.391	0.609
676	SFRP1	1	51	398	0.059	0.941
677	SFRP2	120	241	101	0.521	0.479

厚生労働科学研究費補助金 (長寿科学総合研究事業)

中高年健康増進のためのITによる地域連携型運動処方システムの構築分担研究報告書

## 遺伝子解析研究推進のための基盤整備 -ゲノムリテラシー向上と個人情報保護-

分担研究者 福嶋義光 (信州大学医学部社会予防医学講座遺伝医学分野)

共同研究者 櫻井晃洋、涌井敬子、和田敬仁、古庄知己、山内泰子、河村理恵、森由紀  
(信州大学医学部社会予防医学講座遺伝医学分野)

### 研究要旨

松本市熟年体育大学参加者を対象とした運動処方反応性遺伝子の同定を目的とする遺伝子解析研究が計画された。本研究を円滑に進めるために匿名化と再連結を個人情報保護を厳守しつつ実行するシステムを考案し実施した。また、円滑にインフォームド・コンセントのプロセスを進めるためには、被験者となる方々のゲノムリテラシーを把握しておくことが重要であると考え、松本市熟年体育大学参加者を対象とした遺伝についての意識・知識調査を行なった。

#### A. 研究目的

松本市熟年体育大学のシステムを基盤として、運動処方反応性遺伝子を同定することを目的とした研究を実施するにあたって、この研究を円滑に進めるために、匿名化と再連結を個人情報保護を厳守しつつ実行するシステムを構築し、実施する。また、円滑にインフォームド・コンセントのプロセスを進めるために、被験者となる方々のゲノムリテラシーを把握する。

#### B. 研究方法

##### 1) 匿名化・再連結システムの構築

松本市熟年体育大学のシステムを基盤とした運動処方反応性遺伝子同定のための研究は生殖細胞系列の遺伝子変異を明らかにする遺伝子解析研究であるため、匿名化を厳格に行なう必要がある。本研究に関わる情報には、個人識別情報（氏名、年齢、性別、住所、電

話番号、熟大整理番号等）、臨床情報（健康状態、運動内容、検査データ等）、検体容器に記載された検体番号、遺伝子解析結果、の4項目がある。

熟大事業部には個人識別情報と連結した臨床データがあり、遺伝子解析グループには検体番号と遺伝子解析結果がある。遺伝子解析結果の意義を明らかにするためには個人識別情報を除いた臨床データが必要である。

本分担研究者のグループは個人情報管理チームとなり、SecureName (NTTデータ) を用いて、匿名化・再連結の効率的で厳格な個人情報保護のシステムを考案し、実施した。まず、個人識別情報が記載された被験者リストをエクセルファイルで熟大事業部より得て、SecureNameに入力し、8桁の数字よりなる匿名化番号を付与するとともに匿名化番号のラベルを作成する。インフォームド・コンセントの得られた被験者から採血し、遺伝子解

析用の採血管にラベルを貼付する。遺伝子解析グループは以後ラベルに記載された匿名化番号を用いて遺伝子解析を進める。遺伝子解析グループが必要とする臨床データは熟大事業部から個人識別情報のついたエクセルファイルで個人情報管理チームにとどけられ、Secure Name を用いて、個人識別情報を除去し、匿名化番号を付与し、遺伝子解析グループに届ける。

## 2) 遺伝についての意識・知識調査

熟年体育大学登録者611名に無記名・自記式質問票による調査への協力を依頼した。内容は遺伝医療に関する用語（遺伝子、出生前診断、遺伝カウンセリングなど）についての認識の程度、遺伝医療に関する用語のイメージ、遺伝・遺伝子に関する正確な知識、遺伝病についての認識などである。

## C. 研究結果 および D. 考察

### 1) 匿名化・再連結システムの構築

今回開発したシステムを用いて、469名の匿名化を円滑に進めることができた。遺伝子解析結果が得られた後、参加者の種々の表現型と相関解析を行なう必要があるが、参加者の体重、体脂肪率、血圧、血糖値、血中コレステロール値、筋力、持久力およびこれらの運動処方開始前後での改善効果等の情報は、本システムを用いて、熟大事業部→個人情報管理チーム→遺伝子解析チームに伝えられる。このことにより、個人情報を厳格に保護した上で、遺伝子解析研究を円滑にすすめることができた。

### 2) 遺伝についての意識・知識調査

調査を依頼した611名のうち、309名より回

答を得た（回答率 50.6%）。回答者の72%が女性、28%が男性であり、年齢分布は約半数が60歳代、3割が70歳代、1割が50歳代であった。主な結果としては、遺伝に関する情報を、多くの方（8割）が、テレビや本から得ており、「遺伝子」や「遺伝子検査」に比べて、「ゲノム」や「遺伝カウンセリング」は馴染みがないことがわかった。多くの方が、遺伝病の体質は一部の方のみにあると考えていた。また、言葉のイメージでは、遺伝病に比べて、遺伝や遺伝子診断は科学的・開放的だった。

以上のことから、遺伝に関する情報はテレビや本から得る機会が多いが、十分な説明がなされているとは限らない。したがって、身近な遺伝の情報提供・普及が必要であると考えられる。また、遺伝に関する情報提供をする場合は、理解されている用語であることを確認しつつ、用いる必要がある。誤解のない遺伝医療の説明には、治療の可能性の有無などの十分な情報を提供しなければならないと考えられた。

## E. 結論

個人情報管理チームの活動により、松本市熟年体育大学参加者を対象とした運動処方反応性遺伝子の同定を目的とする遺伝子解析研究を円滑に進めることができた。松本市熟年体育大学参加者の遺伝についての意識・知識の状況を把握することができた。

## F. 健康危険情報

なし

## G. 研究発表

1. 論文発表

なし

2. 学会発表

なし

H. 知的財産権の出願・登録状況

なし

## 研究成果の刊行に関する一覧表

別紙4

書籍

著者氏名	論文タイトル名	書籍全体の編集者名	書籍名	出版社名	出版地	出版年	ページ
能勢 博、源野広和、花岡正明、根本賢一、井澤雅子	運動習慣の定着に何が有効か：実践指導の経験から	太田壽城	のばそう健康寿命	(財)長寿科学振興財団	大府	2006	207-217

雑誌

発表者氏名	論文タイトル名	発表誌名	巻号	ページ	出版年
Nemoto K, Genno H, Masuki S, Okazaki K, and Nose H	Effects of high-intensity interval walking training on physical fitness and blood pressure in middle-aged and older people.	Mayo Clinic Proceedings	印刷中	—	2007
Masuki S, Eisenach JH, Johnson CP, Dietz NM, Benrud-Larson LM, Schrage WG, Curry TB, Sandroni P, Low PA and Joyner MJ	Excessive heart rate response to orthostatic stress in postural tachycardia syndrome is not caused by anxiety.	J.Appl Physiol	印刷中	-	2007
Kamijo Y, Nose H	Heat illness during working and preventive considerations from body fluid homeostasis.	Industrial Health	44	345-358,	2006
岡崎和伸、源野広和、森川真悠子、能勢 博	運動基準・指針を生かす個別プログラム、「新しい健康づくりのための運動基準・指針」	体育の科学	56	627-634	2006
後藤正樹、能勢博	長期臥床が循環機能に及ぼす影響－起立性低血圧症を中心－、「廃用性症候群を吟味する－無動・不動、低活動、臥床の影響の理解と予防」	MB Med. Reha	72	39-44	2006
能勢 博、根本賢一、森川真悠子、山崎敏明、源野広和、井澤雅子	活動による要介護予防への総合的取り組み－松本市老年体育大学の試み－、「廃用性症候群を吟味する－無動・不動、低活動、臥床の影響の理解と予防」	MB Med. Reh	72	55-62	2006

能勢 博、後藤正樹	高齢者の体力低下とカウンターメジャー：松本市熟年体育大学の試み	理学療法研究・長野	34	47	2006
能勢 博	産官学連携による生活習慣病予防のモデル事業－熟年体育大学－	エスペック技術情報	46	1-11	2006
半田秀一、源野広和、花岡正明、能勢 博	生活習慣病予防のための理学療法の地域における実践とその成果	理学療法	23	807-814	2006
後藤正樹、能勢 博	高齢者の体力低下：加齢と廃用の影響	リハビリテーション医学	印刷中	—	2007
Zhang H, Sawashita J, Fu X, Korenaga T, Yan J, Mori M, Higuchi K	Transmissibility of mouse AApoAII amyloid fibrils: inactivation by physical and chemical methods	FASEB J 20: 1012-1014, 2006	20	1012-10 14	2006
Mori M, Higuchi K, Matsumoto K	A third locus for eosinophilia on chromosome 1 of the MES rats.	Exp Anim 55: 497-500, 2006	55	497-500	2006
Nakanishi R, Shimizu M, Mori M, Akiyama H, Otsuki B, Okudaira S, Hashimoto M, Higuchi K, Tsuboyama T, Nakamura T	Secreted Frizzled-Related Protein 4 as a negative regulator of bone formation and a candidate gene affecting peak bone mineral density in mice	J Bone Mineral Res	21: 1713-1721, 2006	1713-17 21	2006