

遺伝型様式

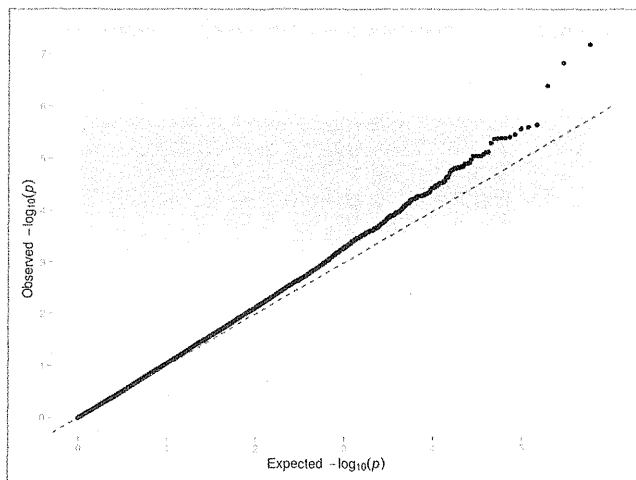


図 1-29 「追加し opioid 鎮痛薬による痛みの変化が神経障害性疼痛によって影響を受けるか」に対するゲノムワイド関連解析結果(遺伝型様式)。すべて帰無仮説(関連性がない)に従うと考えられる。

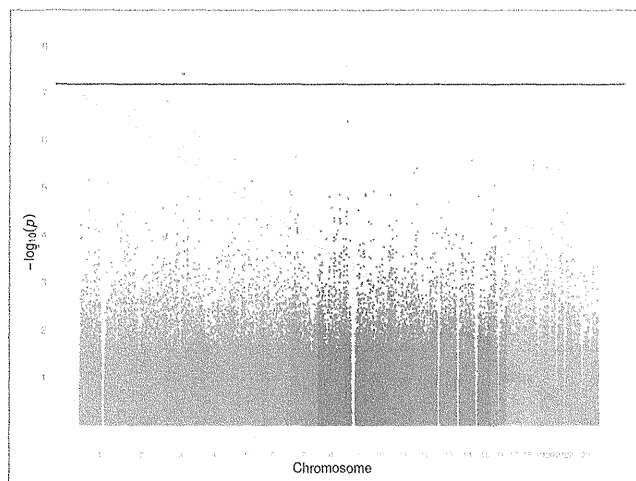


図 1-30 「追加し opioid 鎮痛薬による痛みの変化が神経障害性疼痛によって影響を受けるか」に対するゲノムワイド関連解析結果(遺伝型様式)。多重性を考慮した有意水準より小さいP値を与えるSNPは存在しなかった。

傾向性様式

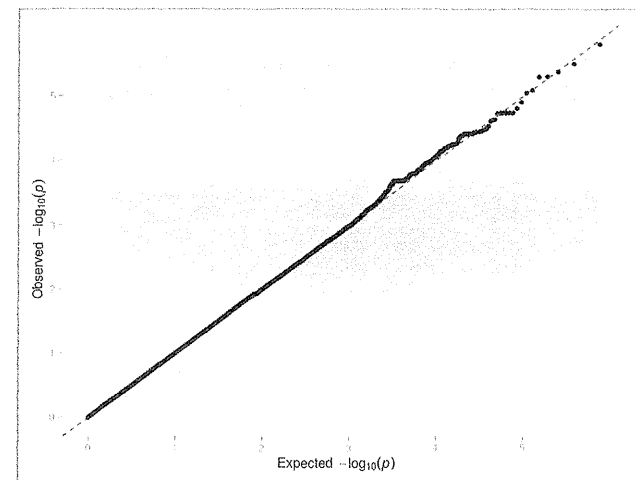


図 1-31 「追加し opioid 鎮痛薬による痛みの変化が神経障害性疼痛によって影響を受けるか」に対するゲノムワイド関連解析結果(傾向性様式)。すべて帰無仮説(関連性がない)に従うと考えられる。

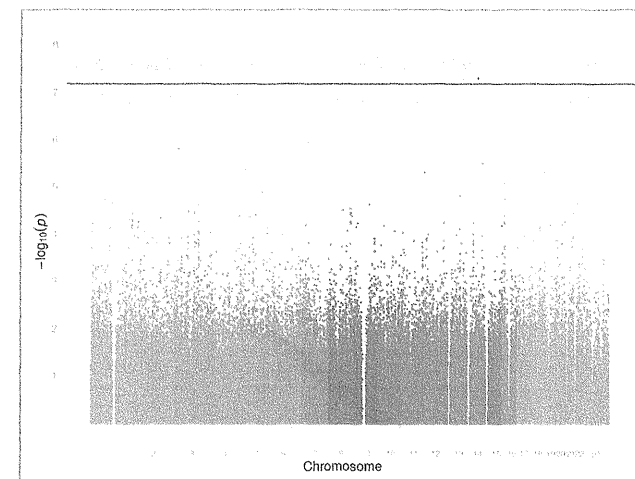


図 1-32 「追加し opioid 鎮痛薬による痛みの変化が神経障害性疼痛によって影響を受けるか」に対するゲノムワイド関連解析結果(傾向性様式)。多重性を考慮した有意水準より小さいP値を与えるSNPは存在しなかった。

2 候補遺伝子関連解析

2.1 モデル 5: 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析(CYP4F12, ADAMTS17, Syntaxin-7, TME183A, ARHGEF12, IPMK, RETN, XDH)-第2群: 90 個体

優性様式

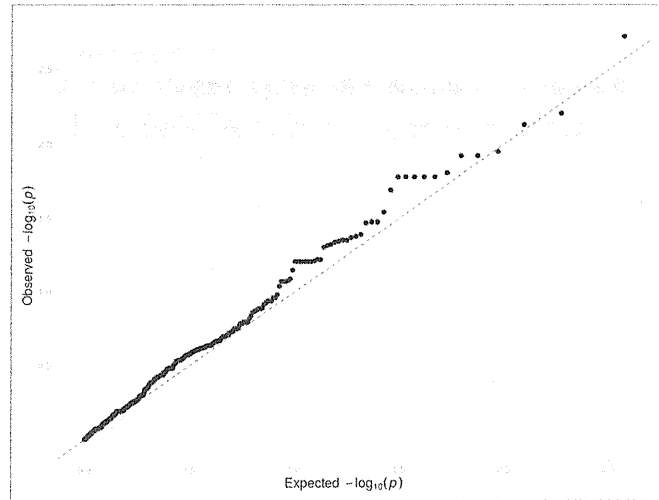


図 2-1 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(優性様式)。すべて帰無仮説(関連性がない)に従うと考えられる。

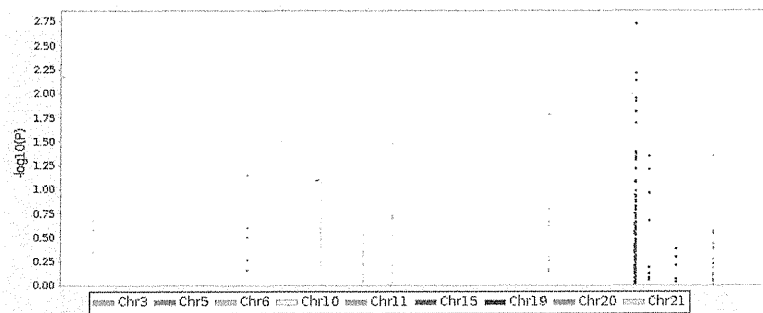


図 2-2 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(優性様式)。多重性を考慮した有意水準より小さいP値を与えるSNPは存在しなかった。

劣性様式

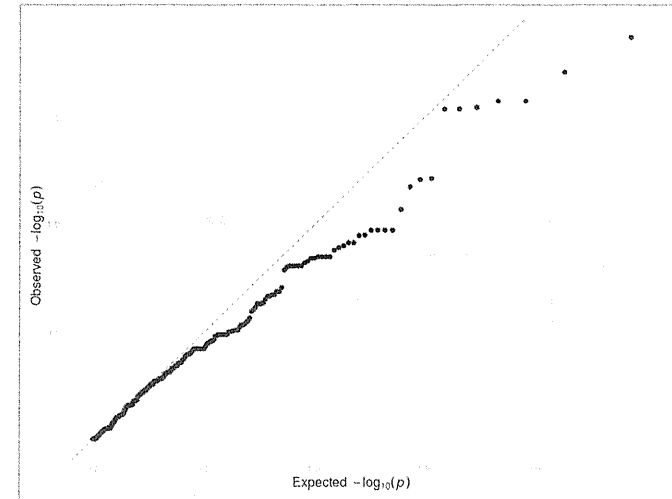


図 2-3 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(劣性様式)。すべて帰無仮説(関連性がない)に従うと考えられる。

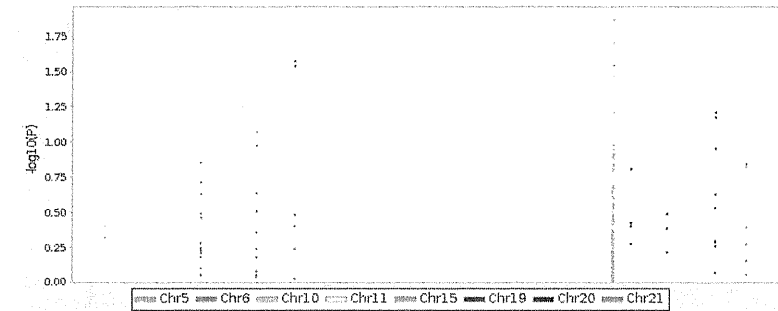


図 2-4 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(劣性様式)。多重性を考慮した有意水準より小さいP値を与えるSNPは存在しなかった。

遺伝型様式

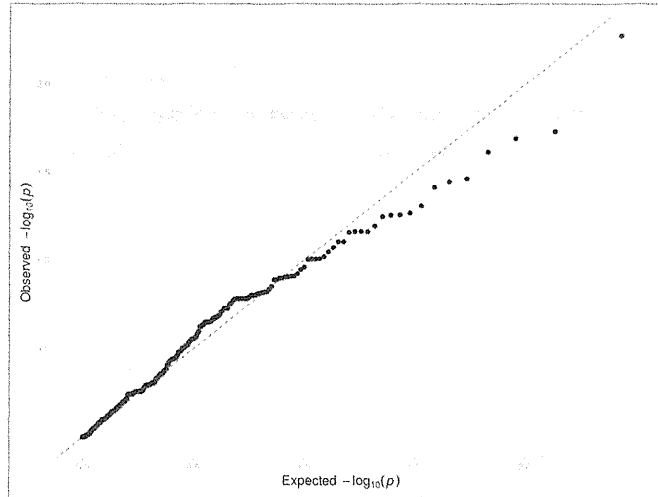


図 2-5 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(遺伝型様式)。すべて帰無仮説(関連性がない)に従うと考えられる。

傾向性様式

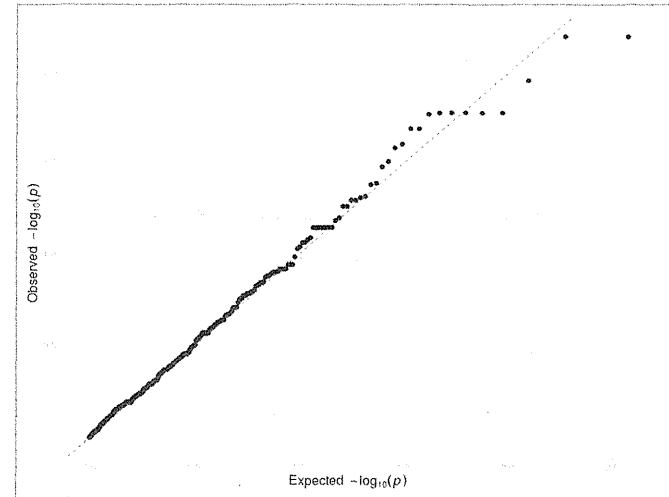


図 2-7 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(傾向性様式)。すべて帰無仮説(関連性がない)に従うと考えられる。

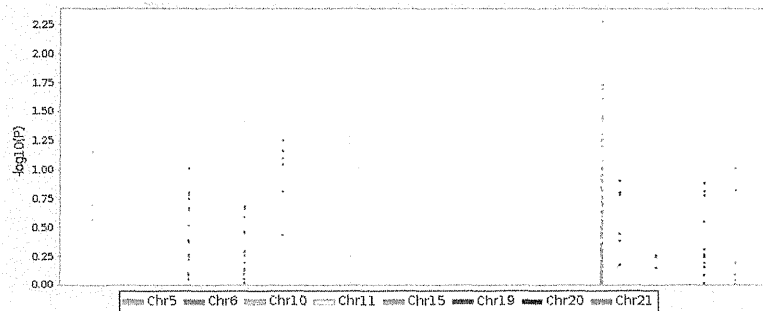


図 2-6 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(遺伝型様式)。多重性を考慮した有意水準より小さいP値を与えるSNPは存在しなかった。

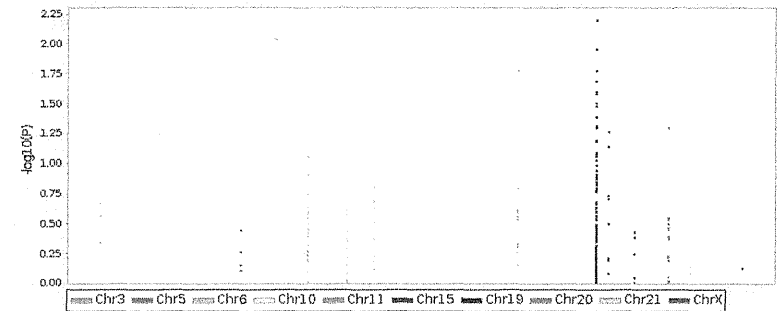


図 2-8 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(傾向性様式)。多重性を考慮した有意水準より小さいP値を与えるSNPは存在しなかった。

2.2 モデル 6-1: 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析(metabolic syndrome 関連遺伝子)-第1群:66 個体

優性様式

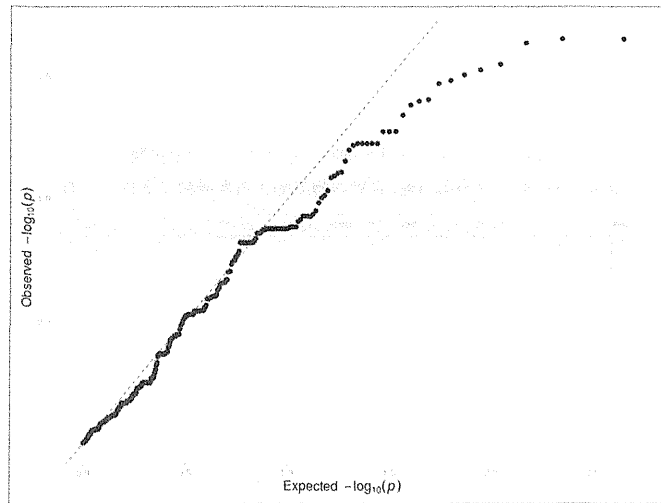


図 2-9 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(優性様式)。すべて帰無仮説(関連性がない)に従うと考えられる。

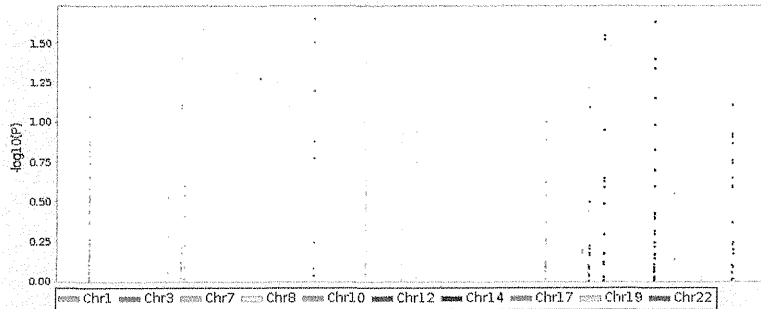


図 2-10 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(優性様式)。多重性を考慮した有意水準より小さいP値を与えるSNPは存在しなかった。

劣性様式

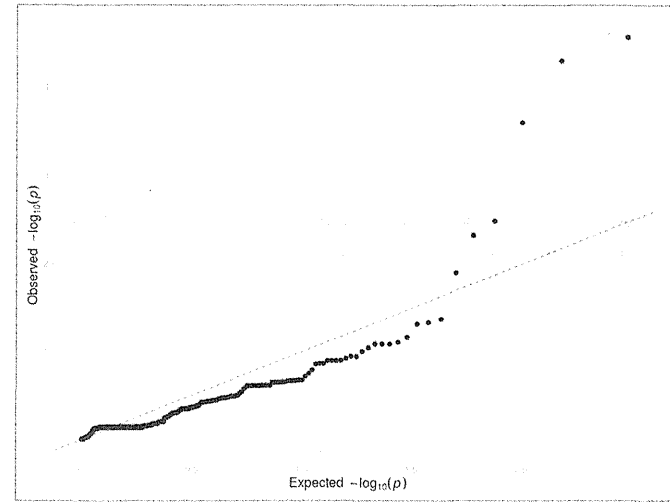


図 2-11 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(劣性様式)。

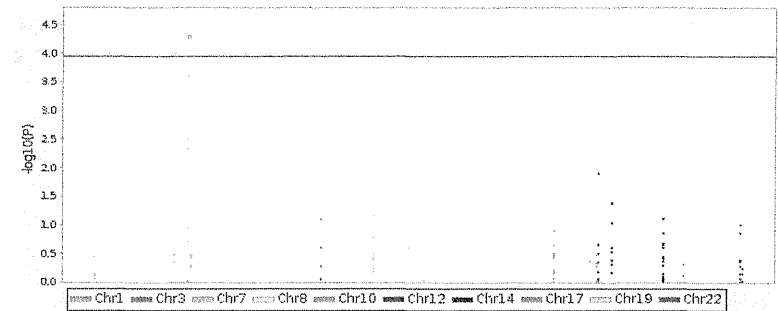


図 2-12 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(劣性様式)。BH法で有意と判断されたSNPが3つ、ボンフェローニの補正法によって有意と判断されたSNPが2つ存在した。

遺伝型様式

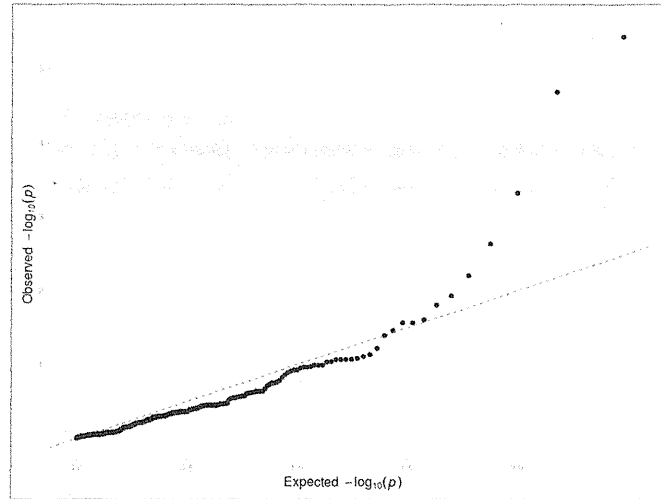


図 2-13 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(遺伝型様式)。

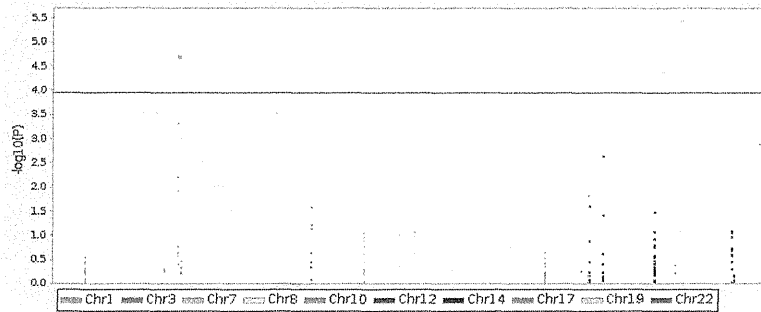


図 2-14 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(遺伝型様式)。BH 法で有意と判断された SNP が 2 つ、ボンフェローニの補正法によって有意と判断された SNP が 2 つ存在した。

傾向性様式

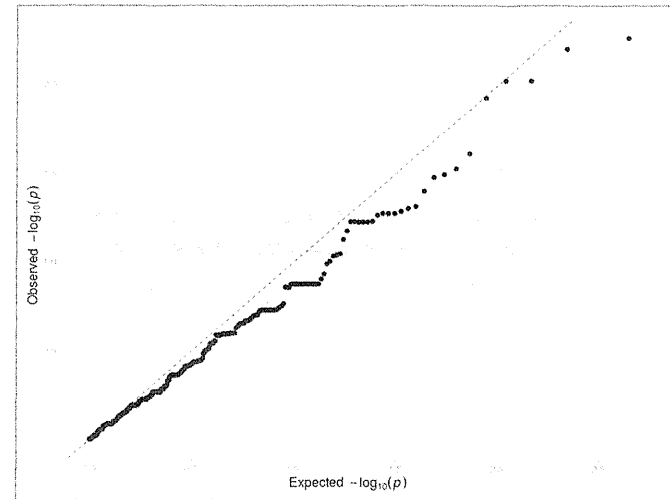


図 2-15 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(傾向性様式)。すべて帰無仮説(関連性がない)に従うと考えられる。

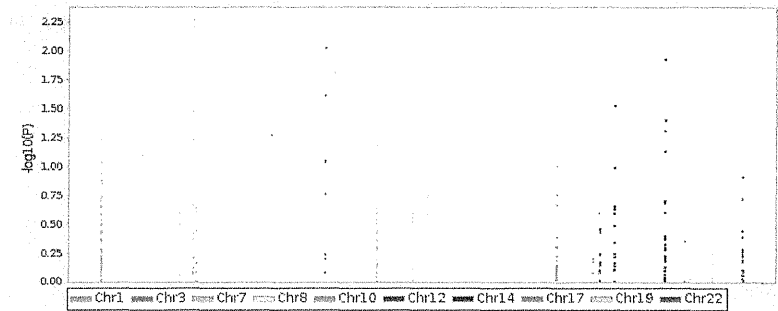


図 2-16 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(傾向性様式)。多重性を考慮した有意水準より小さい P 値を与える SNP は存在しなかった。

2.2.1 モデル 6-2: 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析(metabolic syndrome 関連遺伝子)-

第 2 群 : 90 個体

優性様式

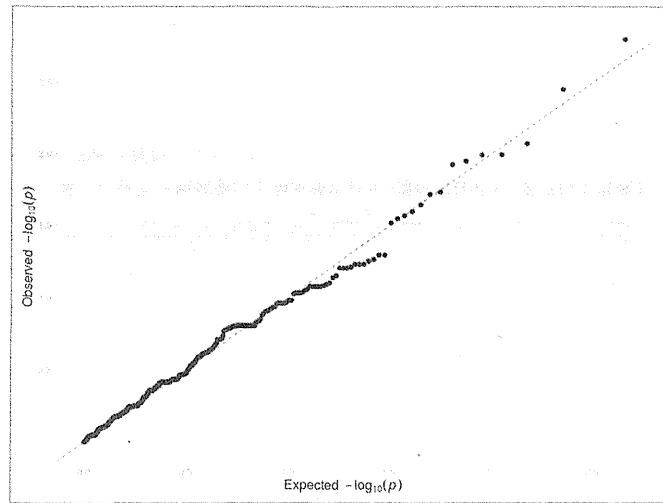


図 2-17 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(優性様式)。すべて帰無仮説 (関連性がない) に従うと考えられる。

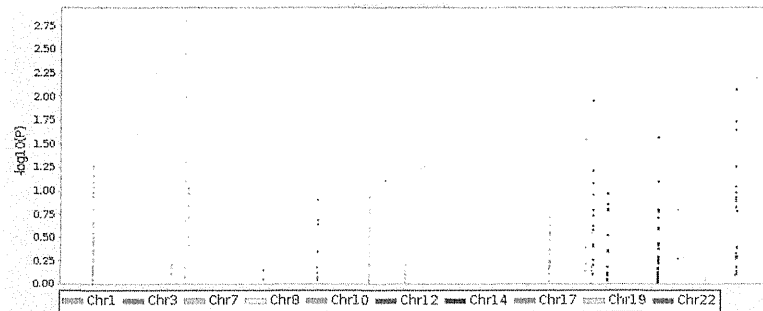


図 2-18 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(優性様式)。多重性を考慮した有意水準より小さい P 値を与える SNP は存在しなかった。

劣性様式

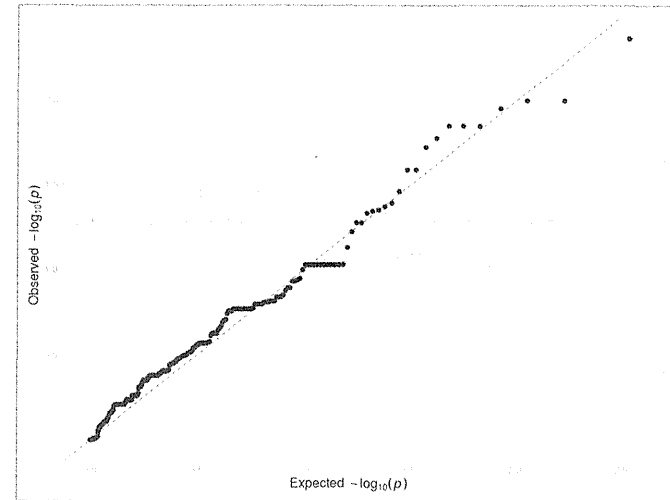


図 2-19 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(劣性様式)。すべて帰無仮説 (関連性がない) に従うと考えられる。

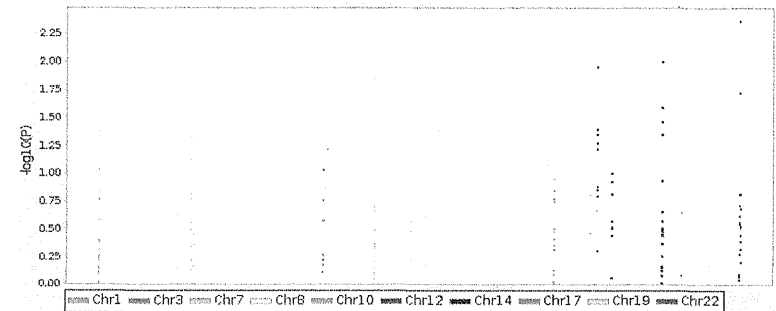


図 2-20 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(劣性様式)。多重性を考慮した有意水準より小さい P 値を与える SNP は存在しなかった。

遺伝型様式

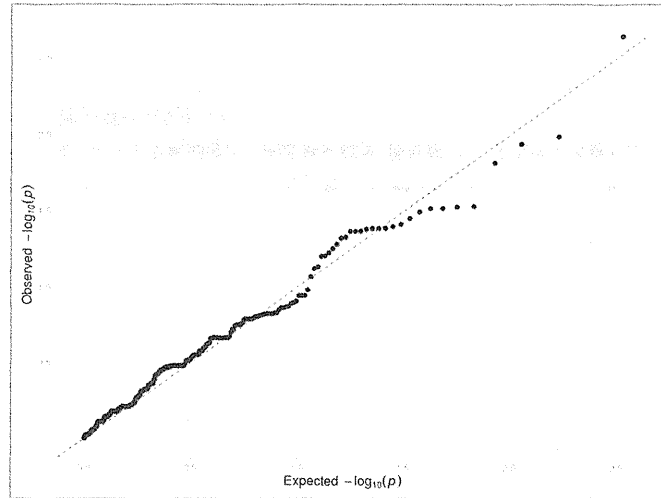


図 2-21 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(遺伝型様式)。すべて帰無仮説(関連性がない)に従うと考えられる。

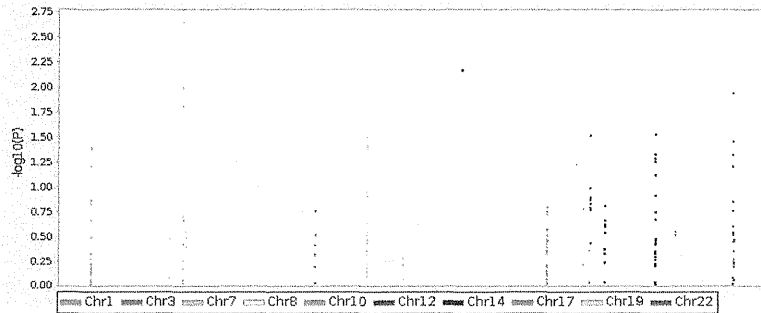


図 2-22 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(遺伝型様式)。多重性を考慮した有意水準より小さいP値を与えるSNPは存在しなかった。

傾向性様式

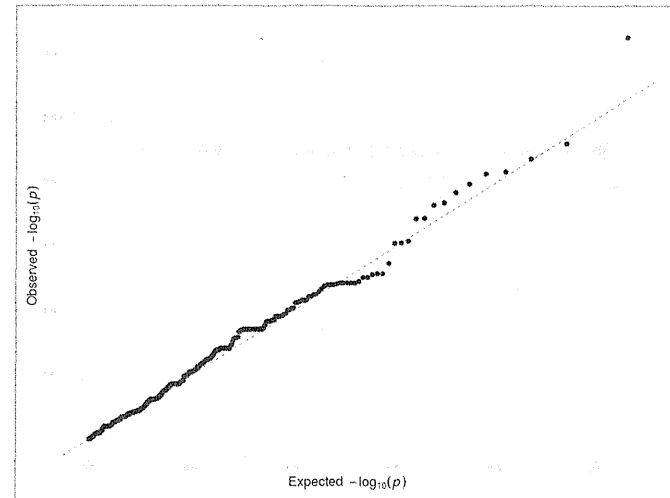


図 2-23 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(傾向性様式)。すべて帰無仮説(関連性がない)に従うと考えられる。

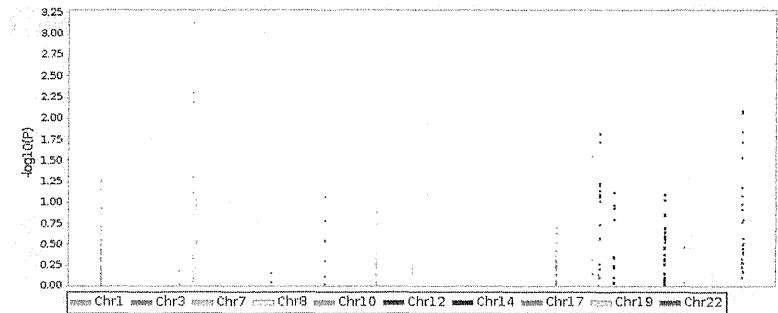


図 2-24 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(傾向性様式)。多重性を考慮した有意水準より小さいP値を与えるSNPは存在しなかった。

2.3 モデル 6-3: 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析(metabolic syndrome 関連遺伝子)-第 2 群
 の中で侵害受容性疼痛である 49 個体

優性様式

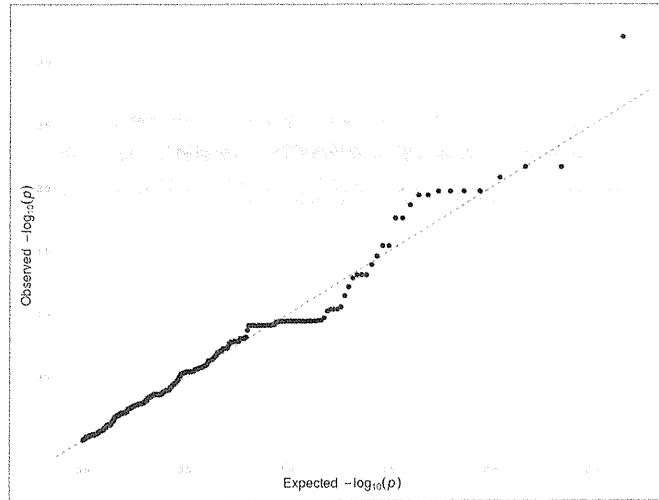


図 2-25 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(優性様式)。すべて帰無仮説(関連性がない)に従うと考えられる。

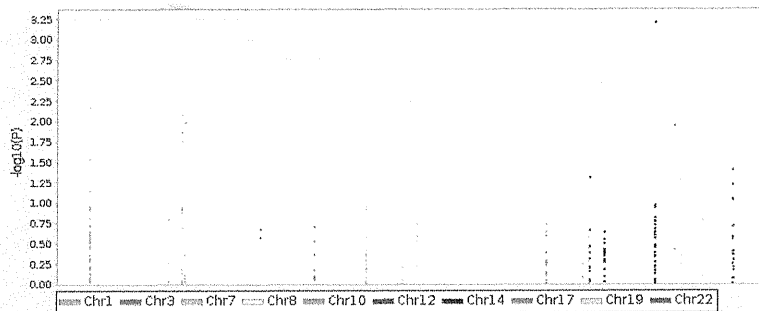


図 2-26 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(優性様式)。多重性を考慮した有意水準より小さい P 値を与える SNP は存在しなかった。

劣性様式

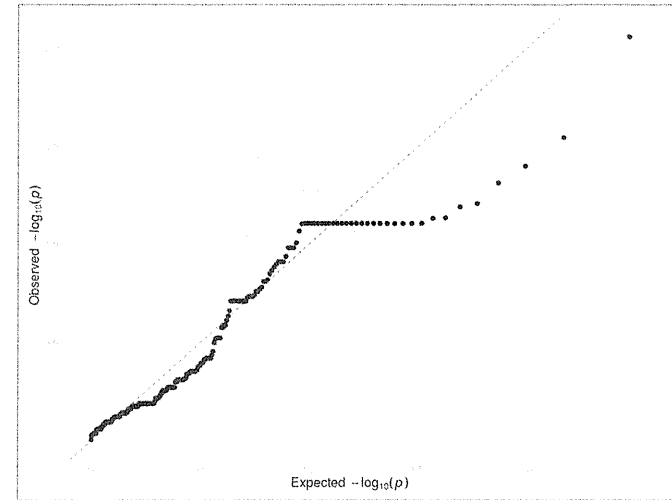


図 2-27 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(劣性様式)。すべて帰無仮説(関連性がない)に従うと考えられる。

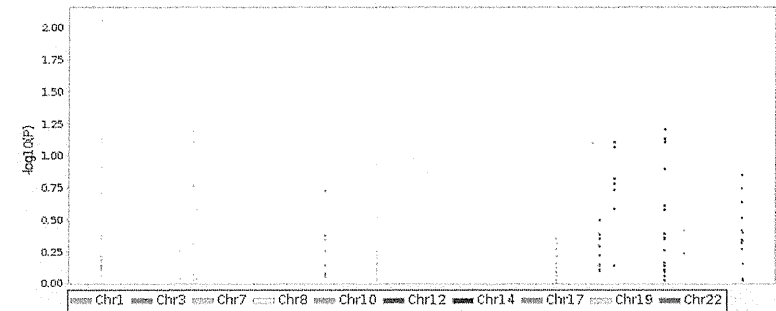


図 2-28 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(劣性様式)。多重性を考慮した有意水準より小さい P 値を与える SNP は存在しなかった。

遺伝型様式

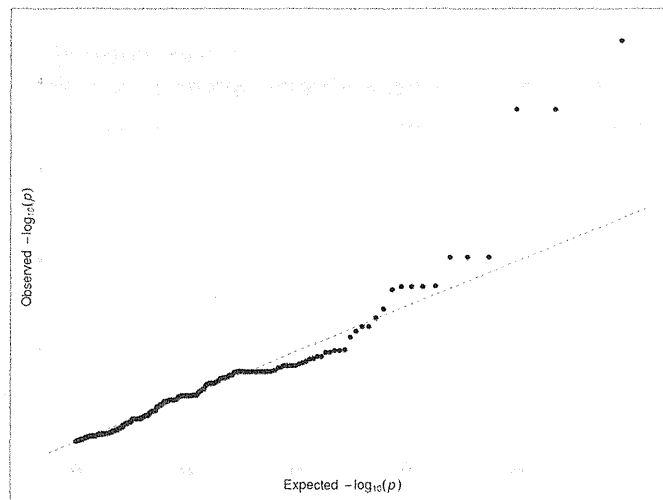


図 2-29 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(遺伝型様式)。

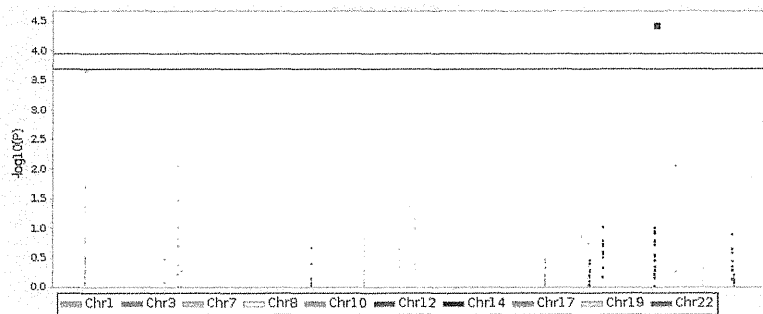


図 2-30 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(遺伝型様式)。BH 法で有意と判断された SNP が 3 つ、ボンフェローニの補正法によって有意と判断された SNP が 1 つ存在した。

傾向性様式

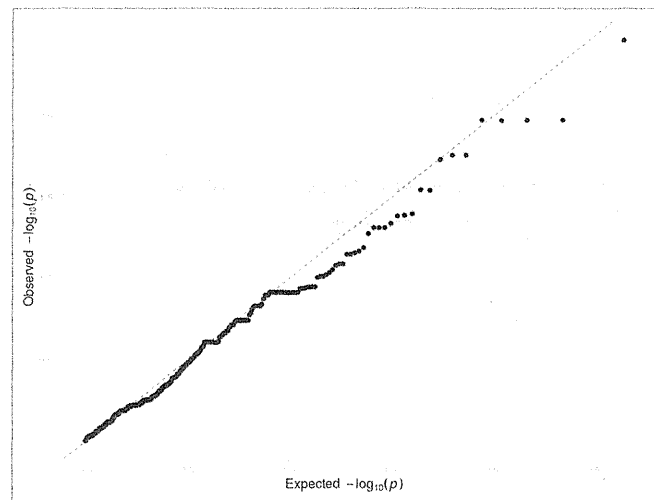


図 2-31 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(傾向性様式)。すべて帰無仮説(関連性がない)に従うと考えられる。

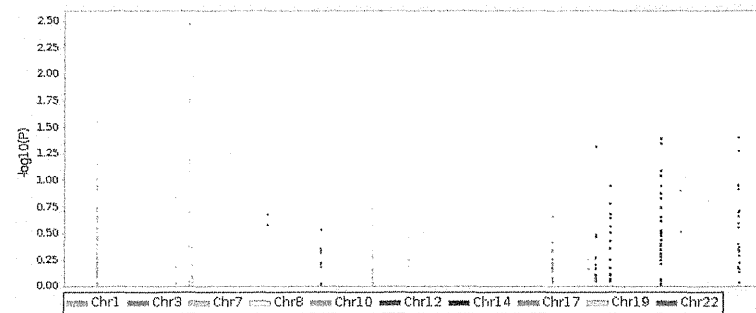


図 2-32 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(傾向性様式)。多重性を考慮した有意水準より小さい P 値を与える SNP は存在しなかった。

2.4 モデル 7: 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析 (「11221List_of_taget_genes.xls」ファイルの候補 SNPs1 ワークシートの遺伝子群)-第 2 群:90 個体

優性様式

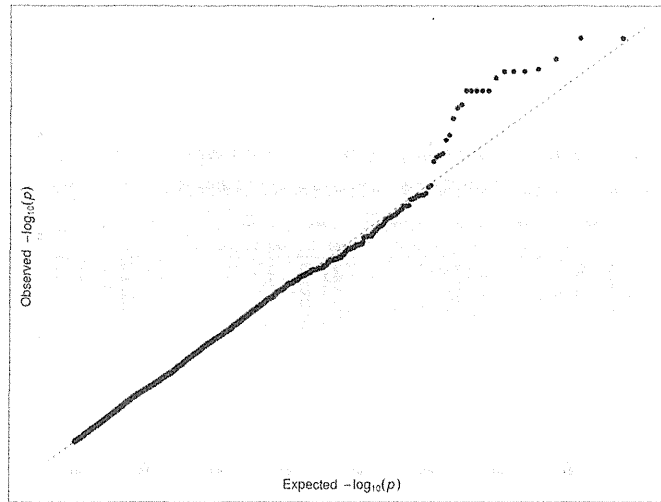


図 2-33 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(優性様式)。すべて帰無仮説 (関連性がない) に従うと考えられる。

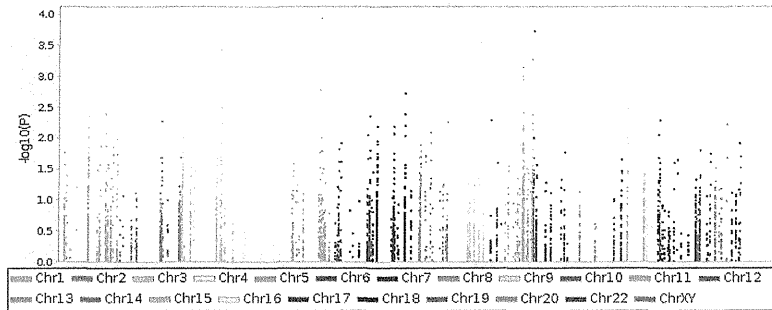


図 2-34 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(優性様式)。多重性を考慮した有意水準より小さい P 値を与える SNP は存在しなかった。

劣性様式

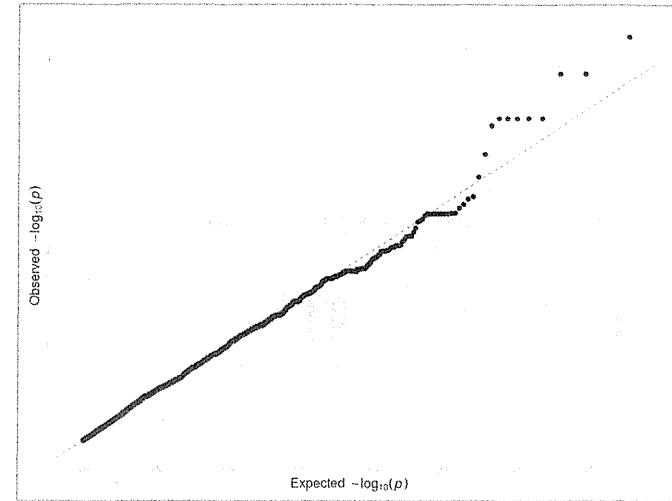


図 2-35 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(劣性様式)。すべて帰無仮説 (関連性がない) に従うと考えられる。

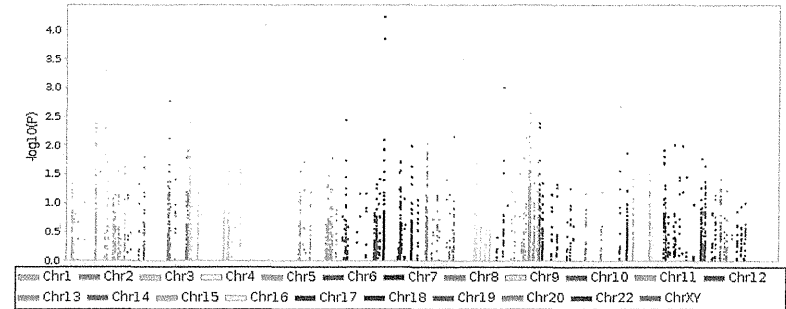


図 2-36 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(劣性様式)。多重性を考慮した有意水準より小さい P 値を与える SNP は存在しなかった。

遺伝型様式

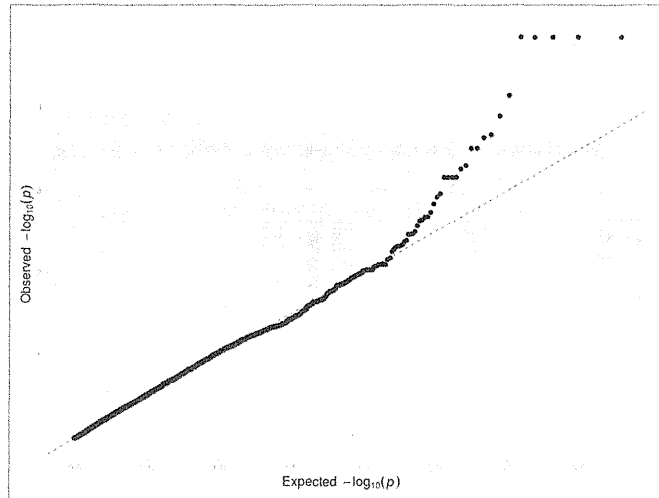


図 2-37 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(遺伝型様式)。

傾向性様式

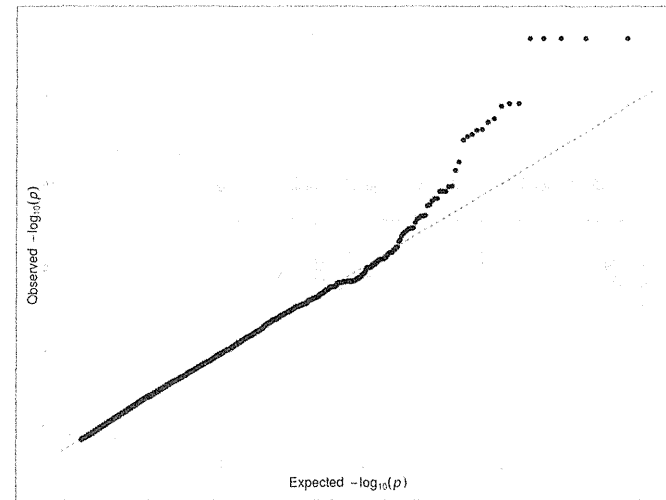


図 2-39 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(傾向性様式)。

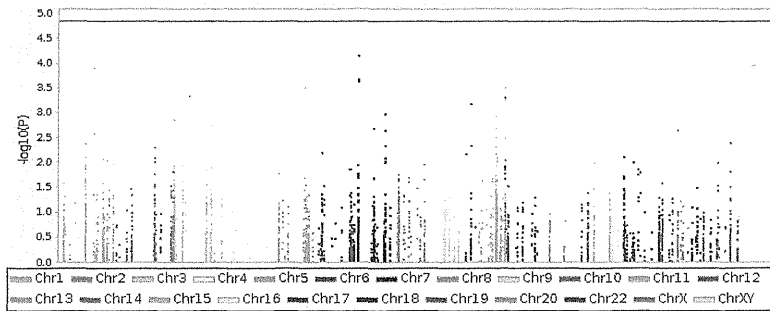


図 2-38 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(遺伝型様式)。BH法で有意と判断されたSNPが4つあったが、ボンフェローニの補正法によって有意と判断されたSNPは存在しなかった。

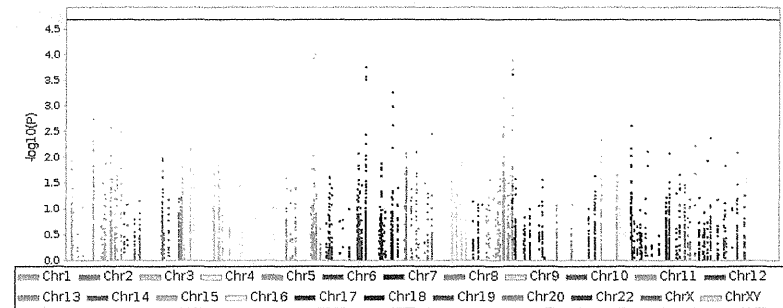
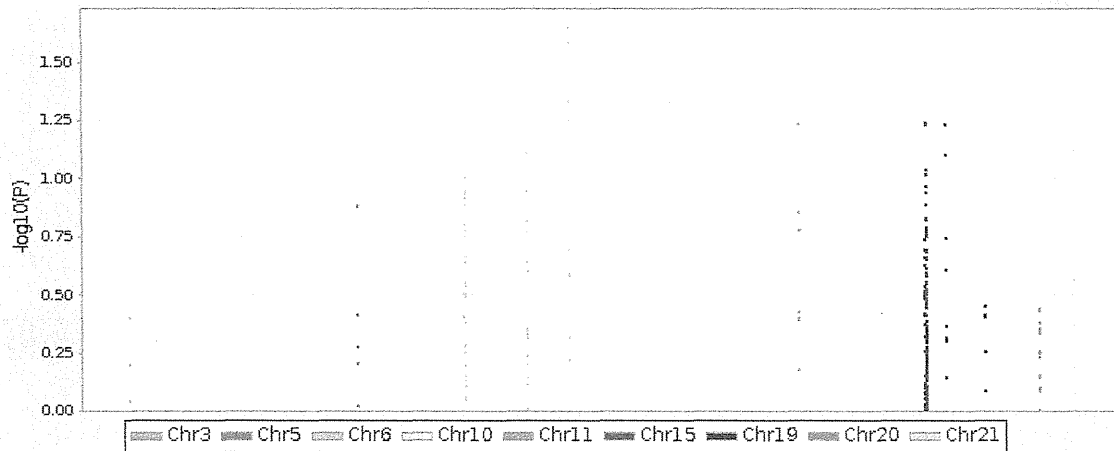
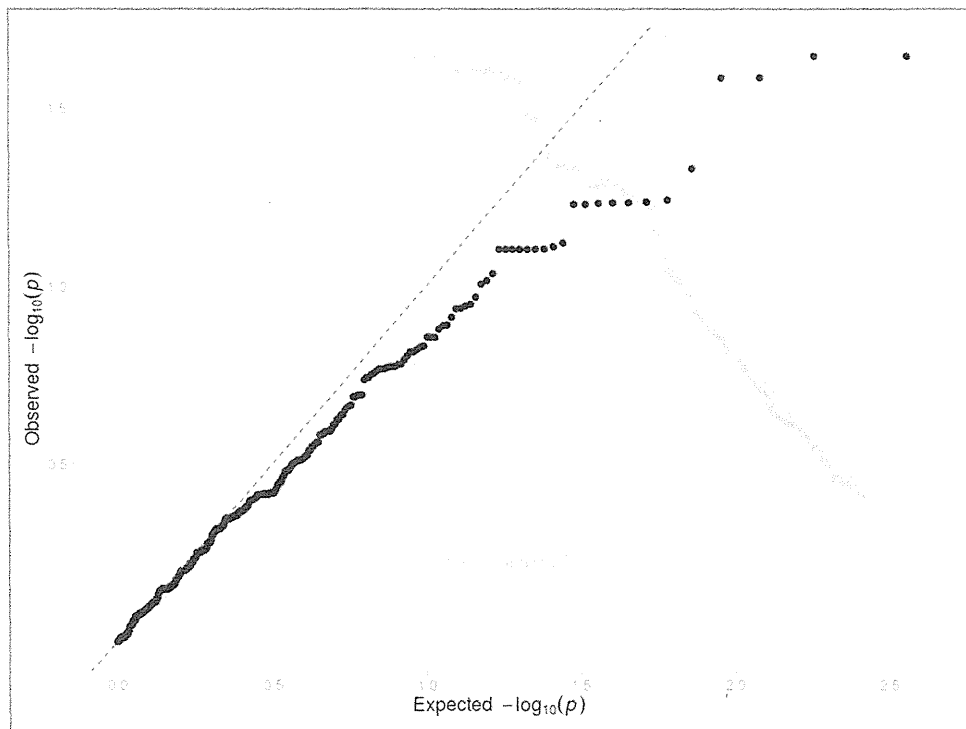


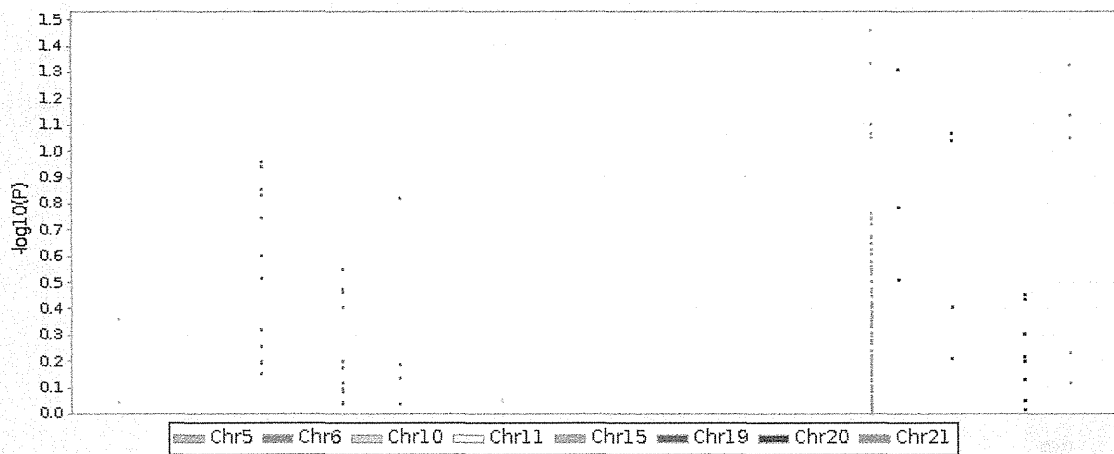
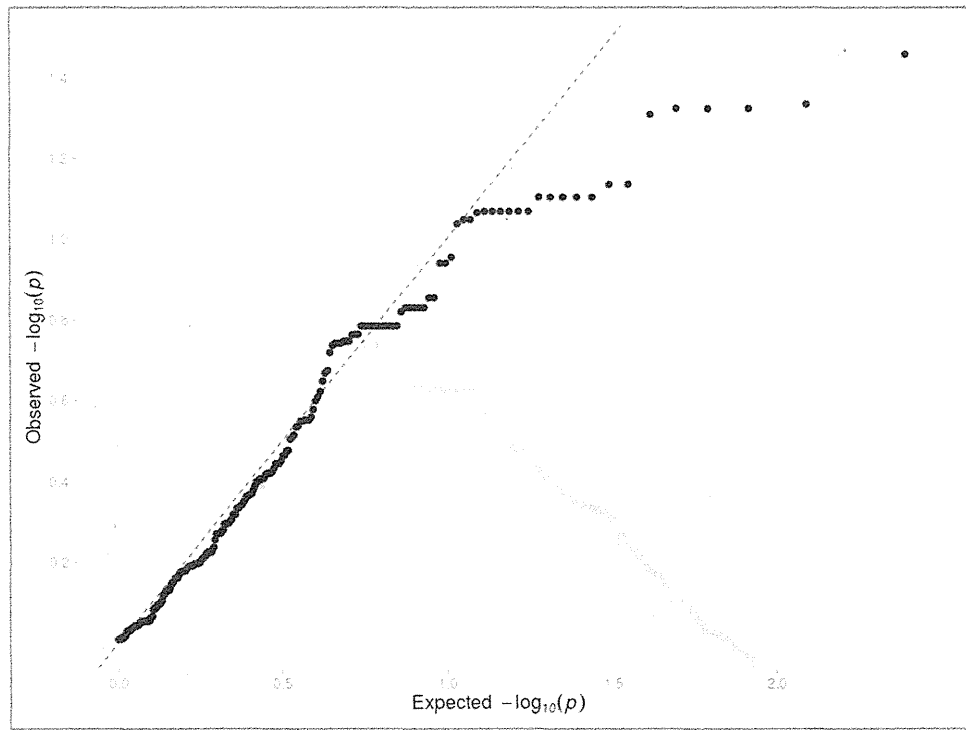
図 2-40 「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析結果(傾向性様式)。BH法で有意と判断されたSNPが4つあったが、ボンフェローニの補正法によって有意と判断されたSNPは存在しなかった。

1. モデル5「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析を、第2群のうち侵害受容性疼痛の49例を対象とする

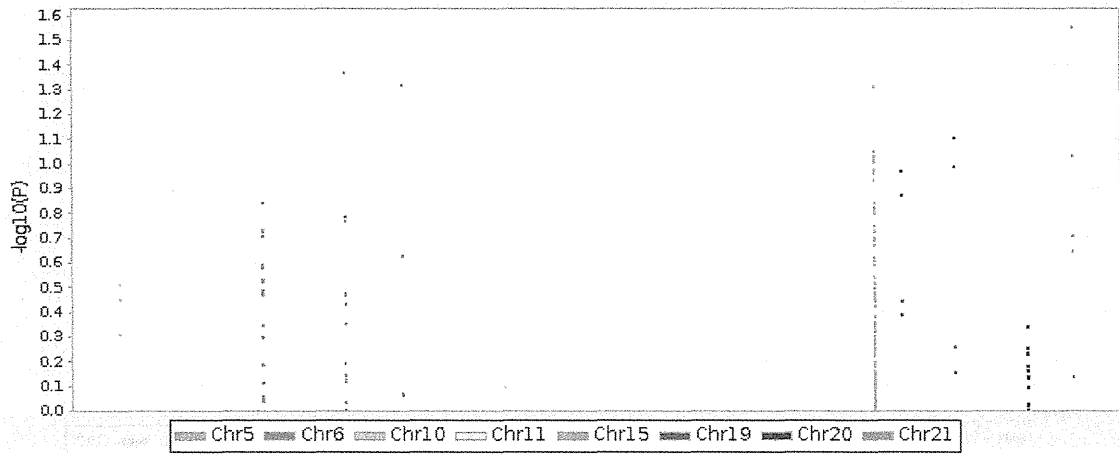
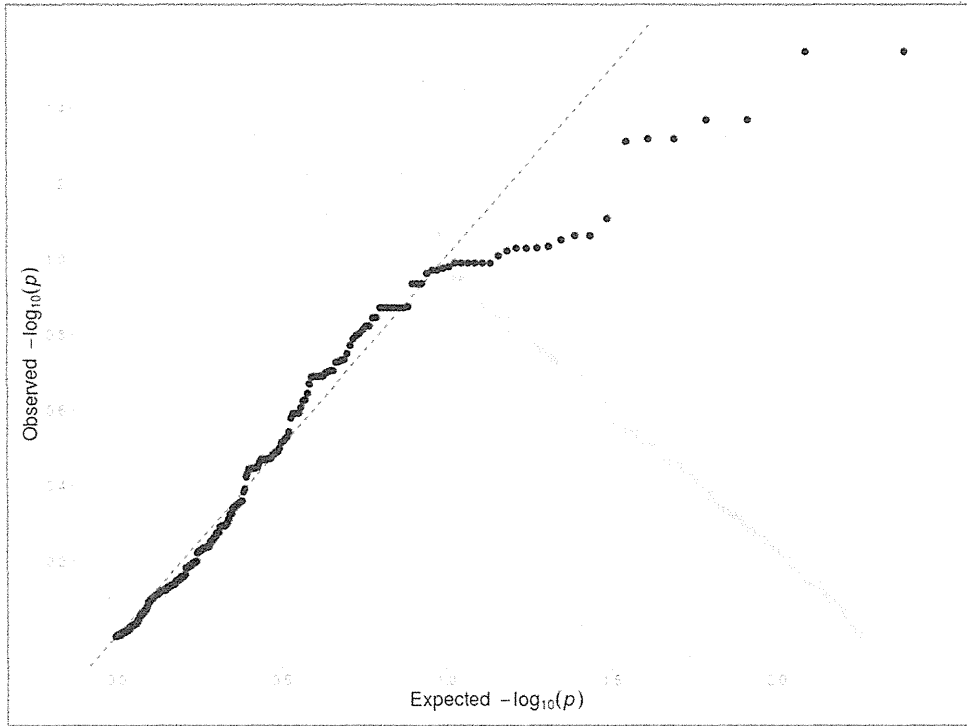
優性様式



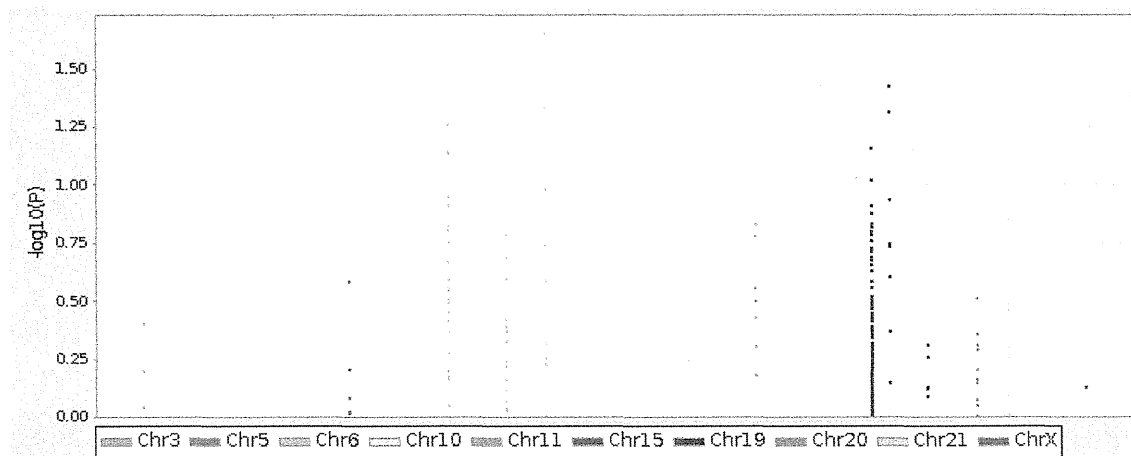
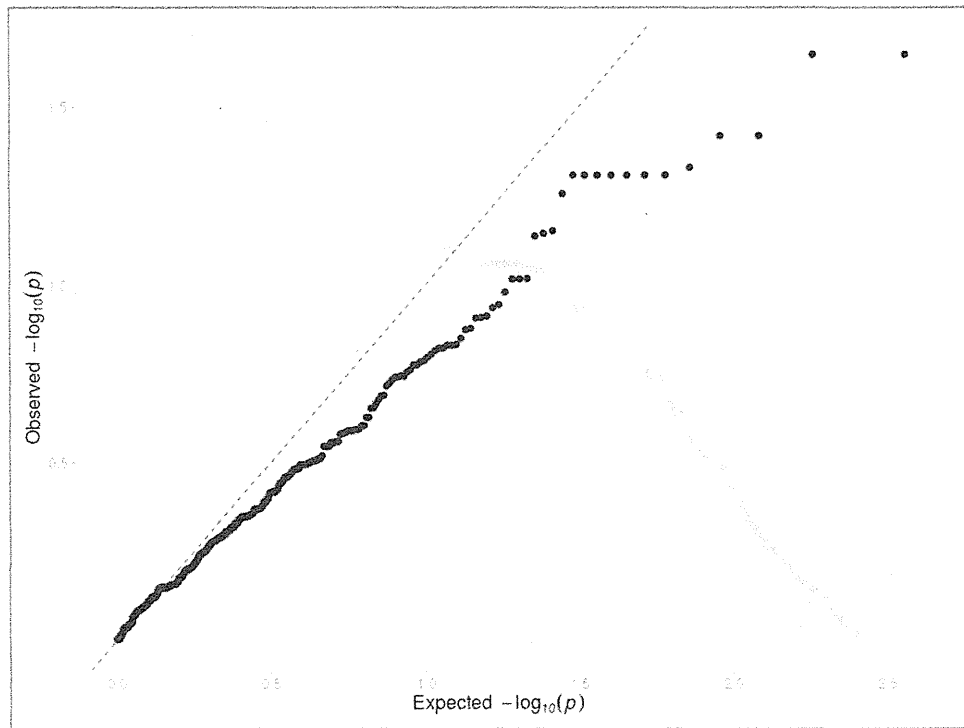
劣性様式



遺伝型様式



傾向性様式



優性様式、劣性様式、遺伝型様式、傾向性様式において関連性を示している SNP はありませんでした。

2. モデル7「疼痛強度」に対する候補遺伝子関連解析を、第1群の66例を対象に、P2RY12
だけに対して行った場合

関連解析の結果は以下のようですが、優性様式、劣性様式、遺伝型様式、傾向性様式において関連性を示している SNP はありませんでした。

CHR	SNP	BP	minor allele	Dominant	Recessive	Genotypic	Trend
3	rs7644001	152536588	G	0.6545	0.8903	0.8614	0.8022
3	rs10935838	152540937	A	0.3582	0.7167	0.6487	0.3587
3	rs3821667	152541131	A	0.3582	0.7167	0.6487	0.3587
3	rs12497330	152552641	A	0.239	0.8903	0.4144	0.4424
3	rs10755105	152562126	T	0.7654	0.6973	0.9122	0.6747
3	rs1463725	152565613	C	0.1532	0.7191	0.3569	0.1819
3	rs1388622	152567102	A	0.5071	0.7167	0.786	0.4866
3	rs10513394	152567168	A	0.1532	0.7191	0.3569	0.1819
3	rs7646193	152570696	G	0.3783	NA	NA	0.3783
3	rs7637803	152571916	T	0.3783	NA	NA	0.3783
3	rs3732765	152573114	A	0.7178	0.4639	0.7576	0.5793
3	rs9859538	152573653	A	0.7178	0.1699	0.3816	0.4101
3	rs17283010	152580081	A	0.7178	0.4639	0.7576	0.5793
3	rs11713504	152583646	G	0.2932	0.4639	0.521	0.2553
3	rs10935840	152583773	G	0.2932	0.4639	0.521	0.2553

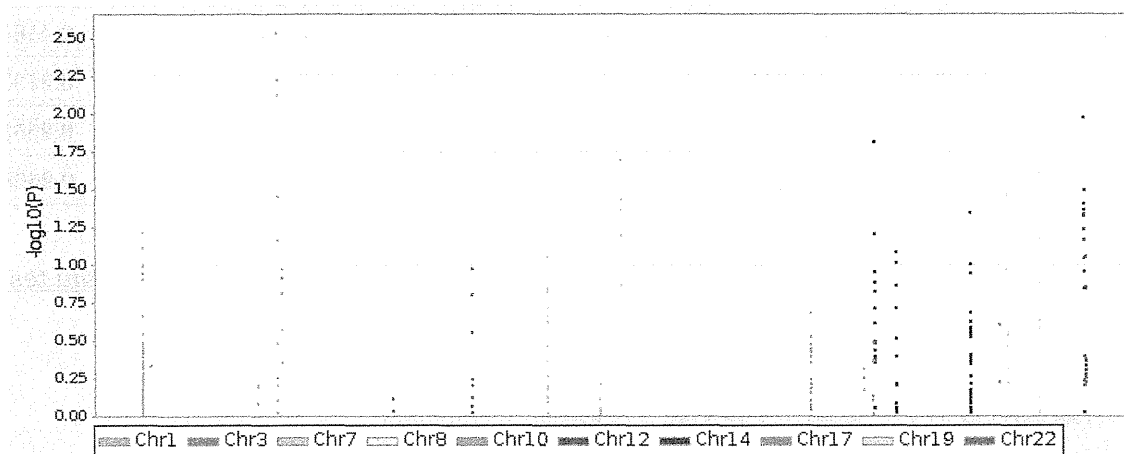
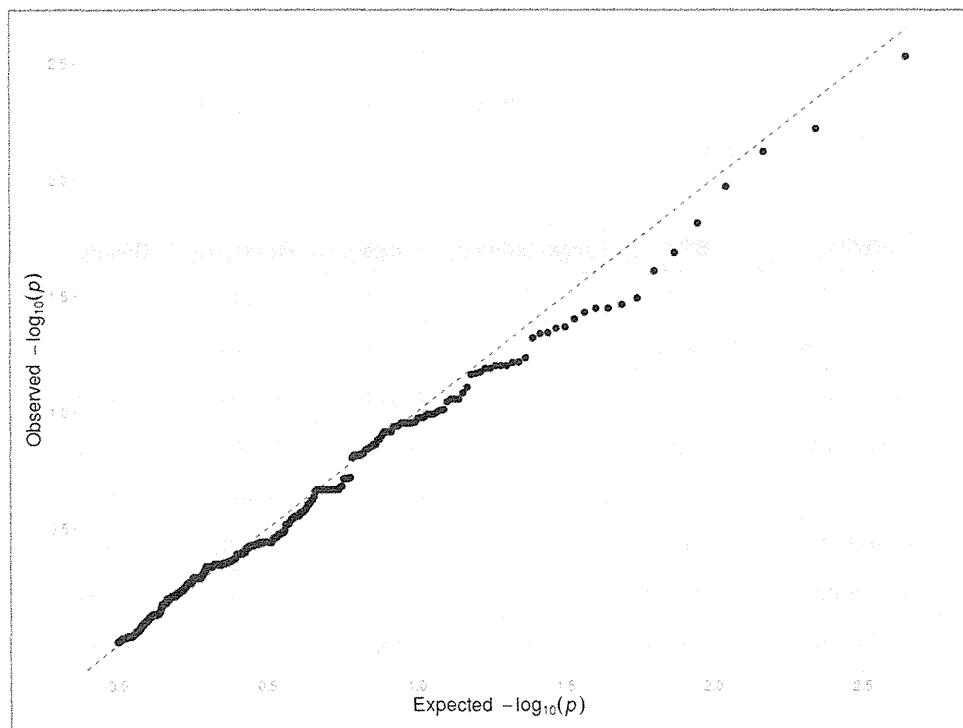
3. 図5-1,5-2,5-3について3群のNRSの大きさは、Kruskal-Wallis testとBonferroni test
で有意差がありますでしょうか？

「付録-RETN 遺伝子領域の SNP.xlsx」を参照してください。

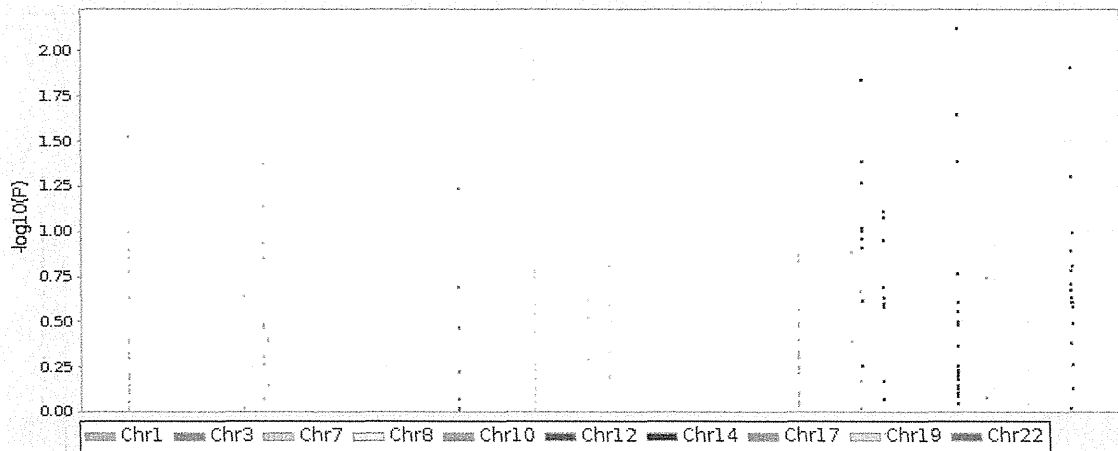
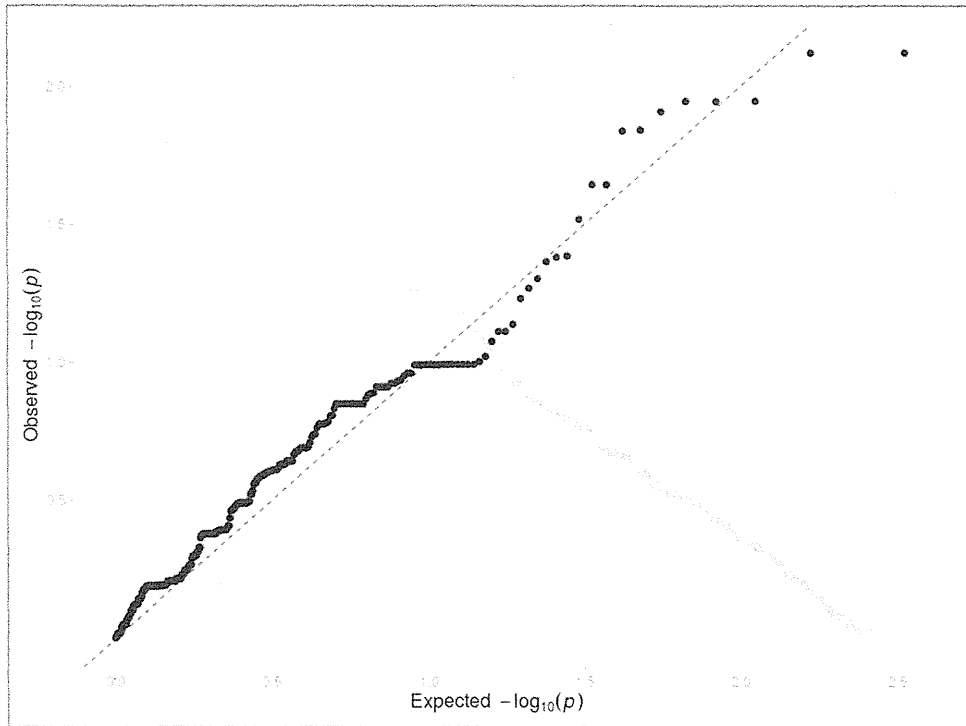
4. 図5-1のA/A群のNRSが外れ値になっているデータを削除すれば、モデル6-2や6-3
でRETNが有意になる可能性は無いでしょうか？

図5-1のA/A群のNRSのはずれ値は個体W114405でした。モデル6-3では個体W114405は解析対象から除外されておりましたので、モデル6-3の結果には影響しませんでした。モデル2では、優性様式、劣性様式、遺伝型様式、傾向性様式において関連性を示している SNP はありませんでした。結果詳細は次の通りです。

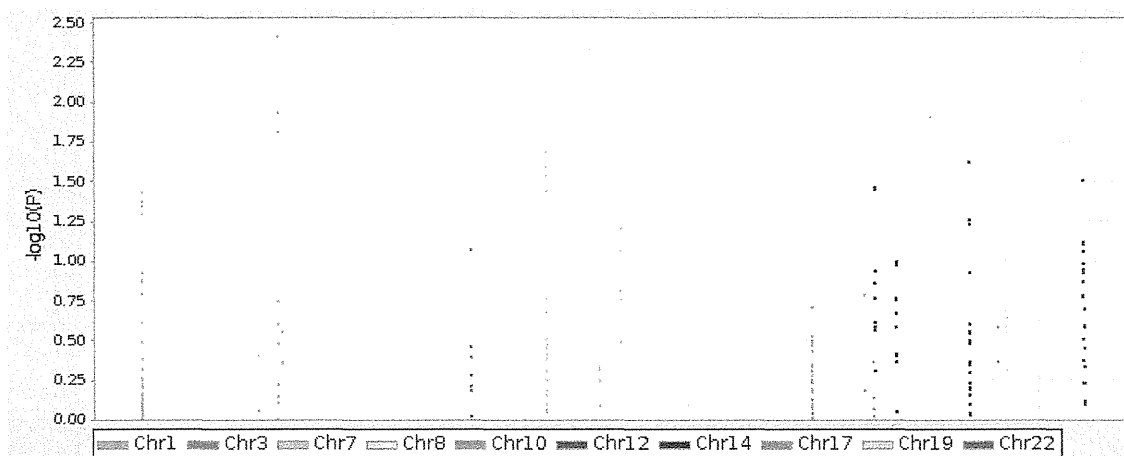
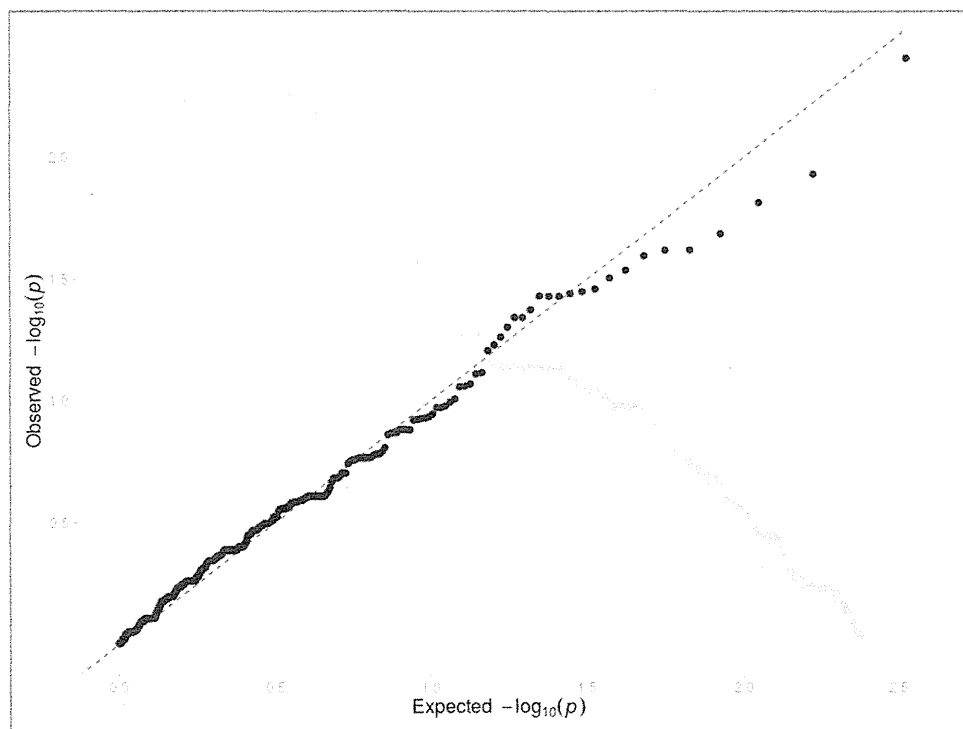
優性様式



劣性様式



遺伝型様式



傾向性様式

