

7) 常習飲酒とC型肝炎ウイルスの超可変領域 (HVR1) の変異に関する PCR-SSCP 法を用いた検討

高橋 光・高橋 達
新井 太・松井 茂
朴 載広・高橋 澄雄
朝倉 均 (新潟大学第三内科)

常習飲酒家C型慢性肝炎患者を対象として、HCV-RNA 量、HCV の超可変領域 (HVR1) の quasispecies に及ぼす常習飲酒の影響を検討した。対象は血清中 HCV-RNA 陽性の31例である。採血直前まで10年以上1日エタノール換算 80 g 以上飲酒していた17例を検討対象とし、残りの非飲酒群14例をコントロールとした。両群の背景因子に差は無かった。HCV-RNA 量は multicyclic PCR を用い定量し、HVR1 の多様性は asymmetric PCR-SSCP 法で調べた。うち4例については HVR1 のシーケンシングを行った。HCV-RNA 量は飲酒群でやや減少傾向にあったが、有意差は無かった ($p=0.28$)。SSCP のバンド数は飲酒群 5.5 ± 1.4 本、非飲酒群 3.9 ± 1.1 本と前者でバンド数が多かった ($p < 0.01$)。また、男性例のみ ($p < 0.01$)、1b 型のみ ($p < 0.01$) の検討でも飲酒群で有意に多かった。肝病変進展度別では、慢性肝炎飲酒群でバンド数が多かった ($p < 0.05$)。アミノ酸配列でみた変異部位や変異率に飲酒による特有なものは認めなかった。

8) マウス胸腺リンパ腫における候補癌抑制遺伝子の同定

小杉 伸一・新保 俊光
松本 康男・張 大全
松木 淳・木南 凌 (新潟大学第一生化)
畠山 勝義 (同 第一外科)

ポジショナルクローニング法を用いてマウスリンパ腫における候補癌抑制遺伝子の同定を試みた。まず放射線照射によって胸腺リンパ腫を誘発し、得られた腫瘍について、全染色体上のマイクロサテライトマーカーによる LOH 解析を行った。その結果12番染色体 (D12Mit233 近傍) と16番染色体 (D16Mit122 近傍) に高頻度の LOH を認めた。そこで、2つの遺伝子座近傍の多数マーカーについて組換え率を計算し、相互の位置関係を決定した詳細な遺伝地図を作成した。それらのマーカーを用いて再び LOH 解析を行い、12番染色体上の 0.44 cM と16番染色体上の 0.29 cM の範囲に共通欠失領域を特定し候補癌抑制遺伝子をマッピングした。現在、その候補遺伝子領域の全てをカバーする人工染色体のオーバーラップクローンの単離を試みている。今後は得られたクローンの解析から原因遺伝子を単離する予定である。

II. 特別講演

大腸癌の遺伝子異常とその臨床

浜松医科大学外科学第二講座

馬場正三先生