

肝細胞におけるFunctionalGenomics解析系の確立

メタデータ	言語: Japanese 出版者: 公開日: 2021-10-22 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: メールアドレス: 所属:
URL	https://doi.org/10.24517/00063491

This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 3.0 International License.



肝細胞におけるFunctionalGenomics解析系の確立

Research Project

All



Project/Area Number

13470118

Research Category

Grant-in-Aid for Scientific Research (B)

Allocation Type

Single-year Grants

Section

一般

Research Field

Gastroenterology

Research Institution

Kanazawa University

Principal Investigator

金子 周一 金沢大学, 大学院・医学系研究科, 助教授 (60185923)

Co-Investigator(Kenkyū-buntansha)

中本 安成 金沢大学, 医学部・附属病院, 助手 (40293352)

本多 政夫 金沢大学, 大学院・医学系研究科, 助教授 (00272980)

Project Period (FY)

2001 - 2003

Project Status

Completed (Fiscal Year 2001)

Budget Amount *help

¥5,400,000 (Direct Cost: ¥5,400,000)

Fiscal Year 2001: ¥5,400,000 (Direct Cost: ¥5,400,000)

Keywords

肝臓 / 慢性肝炎 / 肝細胞癌 / 遺伝子 / ゲノミクス / DNAチップ

Research Abstract

遺伝子技術の進歩によって、細胞あるいは臓器において発現している数万種におよぶ遺伝子を同時に包括的に解析する(Genomics)ことが可能となった。肝臓における遺伝子発現の変化は慢性肝炎や肝細胞がんだけでなく、代謝を中心とした肝臓機能の変化とも密接に関連している。本研究では各種の疾病における肝臓の構造および機能とGenomicsとの関連を明らかにするFunctional genomicsの研究開発を行った。

正常肝、HBVおよびHCV感染慢性肝炎、肝硬変、肝細胞癌よりなる5種類のSAGEライブラリーを作製し、これらの発現遺伝子のデータベースを構築した。各種の病態における発現遺伝子プロファイルを明らかにし、ウイルス性の慢性肝炎では免疫関連およびストレス関連の遺伝子が亢進しているものの、肝臓機能を示す多くの遺伝子プロファイルは保たれていることを示した。また癌に至ると癌関連の遺伝子が変動するだけでなく、肝臓特有の遺伝子の多くの発現が低下してくることを明らかにした。それらの病態において発現している遺伝子の違いを示した。さらにGenBankに登録されていない多数の新規の遺伝子候補を得て、ヒトゲノム情報を用いた解析を開始した。

また細胞回転、癌化、ストレスや免疫関連の遺伝子を選択したDNAチップを作製し、多数例の慢性肝炎および肝細胞癌における発現遺伝子プロファイルの解析を行った。HBVおよびHCVにおける慢性肝炎例のhierarchical clustering解析では両者が大きく異なる発現遺伝子プロファイルを有していることを示した。また肝細胞癌の解析では、癌の分化度と一致する遺伝子群を明らかにした。これらの解析により、functional genomicsを用いて慢性肝炎および肝細胞癌の診断あるいは治療の選択に役立つ手法を確立できる可能性が示された。


Report (1 results)


2001 Annual Research Report


Research Products (5 results)

All Other


All Publications

[Publications] Tomoya Tsuchiyama: "Improvement of hepatic protoporphyrin accumulation after antibiotic treatment"*Digestive Diseases and Sciences*. 45. 2411-2413 (2000) 

[Publications] Taro Yamashita: "Serial Analysis of Gene Expression in Chronic Hepatitis C and Hepatocellular Carcinoma"*Biochemical and Biophysical Research Communications*. 282. 647-654 (2001) 

[Publications] Yukihiro Shirota: "Identification of differentially expressed genes in hepatocellular carcinoma with cDNA microarrays"*Hepatology*. 33 · 4. 832-840 (2001) 

[Publications] Masao Honda: "Differential Gene Expression Between Chronic Hepatitis B and C Hepatic Lesion"*Gastroenterology*. 120 · 4. 955-966 (2001) 

[Publications] Hiroshi F., Kawai: "Alpha-fetoprotein-producing hepatoma cell lines share common expression profiles of genes in various categories demonstrated by cDNA microarray analysis"*Hepatology*. 33 · 3. 676-691 (2001) 

URL:

Published: 2001-03-31 Modified: 2016-04-21