

Genomicsを用いた早期肝細胞癌の診断開発研究

メタデータ	言語: jpn 出版者: 公開日: 2022-06-30 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: Kaneko, Shuichi メールアドレス: 所属:
URL	https://doi.org/10.24517/00066529

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



Genomicsを用いた早期肝細胞癌の診断開発研究

Research Project

All ▼

Project/Area Number

12217052

Research Category

Grant-in-Aid for Scientific Research on Priority Areas (C)

Allocation Type

Single-year Grants

Review Section

Biological Sciences

Research Institution

Kanazawa University

Principal Investigator

金子 周一 金沢大学, 医学部, 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, 医学部・附属病院, 助手 (00272980)

Project Period (FY)

2000

Project Status

Completed (Fiscal Year 2000)

Budget Amount *help

¥4,700,000 (Direct Cost: ¥4,700,000)
Fiscal Year 2000: ¥4,700,000 (Direct Cost: ¥4,700,000)

Keywords

Genomics / DNAチップ / SAGE / 癌 / 早期診断

Research Abstract

肝発がんに関する遺伝子群を明らかにすることを目的に、SAGEおよびDNAチップを用いて、培養細胞株、正常肝、慢性肝炎、肝硬変、肝細胞がん組織において発現している遺伝子のプロファイルと比較解析した。正常肝、肝硬変、肝細胞がんから得られた3つのSAGEライブラリーの94,580tagsを比較し、未知の遺伝子を含む肝細胞がんの特異的な遺伝子群を同定した。26例の慢性肝炎症例のDNAチップ解析では、病理学的に同様な組織像を示しても、発現遺伝子プロファイルは異なっており、大きく分けて2つの異なる病態が存在することが示された。10例の肝細胞がんおよびその非がん部を解析したところ、肝細胞がんに共通して亢進・減弱する遺伝子が示され、がんの形質や分化度と相関する遺伝子群が同定された。9種類の培養細胞によるhierarchical clusteringによる解析では、発現プロファイルは大きく2つのグループに分けられた。予期しなかったことに、このひとつのグループはすべて腫瘍マーカーであるアルファフェトプロテイン陽性の細胞であり、もうひとつのグループはすべて陰性の細胞であった。またクラスター解析によるアルファフェトプロテインの近傍にはinsulin like growth factorやangiotensin receptor遺伝子が見いだされ、肝細胞がんの腫瘍マーカー陽性という、ひとつの腫瘍形質ががん形質と密接に関連している可能性が示された。これらの結果から Genomics技術は、早期肝細胞がんの新たな診断法の可能性を提供するだけでなく、肝発がんの分子機構を解明するのに重要な知見を与えうることが示された。

Report (1 results)

2000 Annual Research Report

Research Products (4 results)

All Other

All Publications (4 results)

[Publications] Masao Honda, et al.: "cDNA microarray analysis reveals differential gene expression between chronic hepatitis B and C hepatic lesions."Gastroenterology. (in press). ▼

[Publications] Yukihiro Shirota, et al.: "Identification of differentially expressed genes in hepatocellular carcinoma with cDNA microarrays."Hepatology. (in press). ▼

[Publications] Hiroshi Kawai, et al.: "Alpha-fetoprotein producing hepatoma cell lines shares common gene expression profile covering various gene categories in cDNA microarray analysis."Hepatology. (in press). ▼

[Publications] Taro Yamashita, et al.: "Comprehensive gene expression profile of a normal human liver."Biochem.Bioph.Res.Co.. 269. 110-116 (2000) ▼

URL:

Published: 2000-03-31 Modified: 2018-03-28