

プロテオーム解析と遺伝子多型解析による前立腺がんの新しい分子マーカーの検索

横溝 晃

九州大学大学院医学研究院泌尿器科学分野

【目的】前立腺癌の腫瘍マーカーである PSA(前立腺特異抗原)は、感度は良好であるが、特異度が低いという問題がある。今回、遺伝子多型解析とプロテオーム解析を用いた新しい分子マーカーを探索した。

【方法】遺伝子多型解析の候補遺伝子として、PSA の Promoter 領域の - 252 (G or A)、- 205(A or AA) 多型、Cytochrome P4501B1 の Leu⁴³² Val 多型頻度を患者-対象群で比較検討した。また、国立がんセンター研究所との共同研究で、未治療の限局性前立腺癌患者と年齢、性別の合致した対照群各 60 例の血漿を、液体クロマトグラフィー/質量分析法(LC/MS: Liquid Chromatography / Mass Spectrometry)にて解析した。これは、高感度の分離能、検出のみでなく、その分子の高度の同定能力を有する方法である。

【概要】遺伝子多型解析では有意な分子は同定できなかったが、LC/MS では、現在、複数の候補分子の存在が示唆されている。

【成果】LC/MS で有効な分子が同定できる可能性が高く、今後、多数の臨床検体でその有効性検定を行う。