

# 子宮頸部病変におけるWAPL遺伝子の発癌性に関する検討

メタデータ	言語: jpn 出版者: 公開日: 2018-10-31 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 布引, 治 メールアドレス: 所属:
URL	<a href="https://kobe-tokiwa.repo.nii.ac.jp/records/1009">https://kobe-tokiwa.repo.nii.ac.jp/records/1009</a>

## 子宮頸部病変における WAPL 遺伝子の発癌性に関する検討

布引 治<sup>1)</sup>

キイロシヨウジョウバエ (*Drosophila melanogaster*) から分離された human wings apart-like (以下 hWAPL) gene は、突然変異に関する蛋白である。hWAPL gene をマーカーとして健常者および子宮癌境界病変、子宮癌患者の細胞病理標本を集積し、遺伝子変異や蛋白発現を解析することで、HPV 感染から婦人科癌に至るまでの発症リスクの関連性を調べた。

これまで子宮頸部前癌病変における発癌物質など生体内異物侵入の防御について、解毒機能をもつ遺伝子変異を解析することで、毒物排除に関する一定の傾向について知見を得ている。ハイリスク HPV は 2 つの腫瘍性タンパク質、E6 と E7 をコード化する。そして、宿主細胞で DNA 合成を復活させ、維持する分子および細胞調節機構を破壊する。E6 は p53 腫瘍抑制因子・タンパク質を分解させ、E7 は網膜芽細胞腫罹病性タンパク質 (pRb) を不活性化する。ハイリスク HPV E6 と E7 腫瘍性タンパク質各々は、健康人細胞でゲノム不安定性をそれぞれに誘発することができる。これらを検出することで新たな検査法を模索できるかもしれない。

SNP 解析の結果、子宮頸部前癌病変症例に hWAPL gene CC タイプの変異が有意に高くみられることが判明した。CC タイプの変異を検出することで、細胞の悪性化を早期に見出すことができるかもしれない。

hWAPL gene を今後多くの検体を解析することで、病期特異的なバリエーション群の同定と、それを利用した診断・治療法の開発につながることを期待される。

---

1) 保健科学部医療検査学科