



Title	悪性リンパ腫と遺伝子
Author(s)	赤坂, 尚司
Citation	癌と人. 2000, 27, p. 36-37
Version Type	VoR
URL	https://hdl.handle.net/11094/23805
rights	
Note	

The University of Osaka Institutional Knowledge Archive : OUKA

<https://ir.library.osaka-u.ac.jp/>

The University of Osaka

悪性リンパ腫と遺伝子

赤坂尚司*

この度、幸運にも、平成10年度大阪癌研究会の助成金を頂き、私たちの悪性リンパ腫の研究を発展でき、誠に有り難うございました。今回、この誌面を借りて、私たちの研究を紹介させていただきます。

さて最近では、日常生活においても“遺伝子”という言葉をよく耳にするようになりました。例えば、害虫に強い遺伝子を組み込んだ大豆やトウモロコシなどの“遺伝子組み換え作物”と言ったふうに。また“ヒトゲノム”という言葉もニュースによく登場するようになりました。“ヒトゲノム”とは人間の遺伝情報の全体のことを言い、そこに“遺伝子”が含まれているのです。“驚異の小宇宙 人体Ⅲ 遺伝子・DNA”というNHKの番組が、昨年(1999年)放映され、この正月にも再放送されましたが、感心して観られた方も多いかと思います(私もその一人です)。その番組では、癌が“遺伝子”の病気のひとつであることが、実にわかりやすく解説されていました。

私たちの研究についてですが、悪性リンパ腫

に関係する遺伝子を調べています。“悪性リンパ腫”というより“リンパ癌”と言った方が、わかりやすいかもしれません。有名人では、ケネディ元大統領夫人、ヨルダン前国王、前東京都知事が罹った病気です。そして“悪性リンパ腫”とひとくちに言っても、白血病のようにすぐに治療を始めなければならないものから、生涯おそらく無治療でいけるものまで、様々です。

現在、悪性リンパ腫の治療は、病理診断を基に、病気の広がり、年齢、血液データなどを考慮して決定されています。これらの事が病像と関連しているからです。しかし、悪性リンパ腫も遺伝子の病気なので、関係する遺伝子を調べることで、悪性リンパ腫を機能的に分類し、患者さんひとりひとりに対応したきめ細かな治療(オーダーメイド治療)ができる可能性があります。

ところが、ヒトは約10万個の遺伝子を持っているので、悪性リンパ腫に関係する全ての遺伝子を調べることは、容易ではありません。そこ

で、ある特定の遺伝子異常（正式には、染色体転座）に着目しました。特定の遺伝子異常（染色体転座）が、特定の悪性リンパ腫のタイプと密接に関連していることが、わかっていたからです。私たちはPCRを応用した方法で、特定の遺伝子異常（染色体転座）を簡便に検出する方法を考案しました。PCRとは、短時間に目的の物質（DNA）を多量に増やす（増幅）ことで検出しようとする方法で、例えば、あの悪名高い食中毒0-157を検査するのに用いることができます。悪性リンパ腫の診断にPCRを応用することで、短時間に、ある特定の遺伝子異常（染色体転座）の有無を検出する事が可能になりました。またPCRの簡便性を利用すると、多数の検体を調べることが可能になり、その遺伝子異常が持つ意義（すなわち、法則性と多様性）を理解するのに役立ちます。また、その遺伝子異常（染色体転座）は、悪性リンパ腫の発生の根幹をなすと考えられているので、その構造を研究することは、悪性リンパ腫の発生のメカニズムを解明するのに役立ち、新たな治療方法の発見に結びつくかもしれません。

そして、遺伝子異常（染色体転座）の構造を解明するのに、“ヒトゲノム”研究の成果が役立っています。“ヒトゲノム”研究とはヒトの遺伝情報を全て解読しようとするもので、アメリカ、イギリス、フランス、日本などが、国家的なプロジェクトとして、協力しながら進められています。2003年までには、全てが解読される予定ですが、今春にも全体の約90%が解読されるそうです。その解読結果はインターネットなどを通じて、誰でも自由に利用でき、私たちも遺伝子異常（染色体転座）の構造を比較検討するのに利用しています。

将来的には、この異常のある遺伝子が他の遺伝子にどのように影響するか、解明できればよいと考えています。そうならば、さらにひとりひとりに合ったオーダーメイド的な治療が可能になると思います。アメリカでは、既に悪性リンパ腫に大規模な遺伝子発現パターン解析を応用した報告がされていますので、こういった事は、実現可能な夢になりつつあると思います。

* 京都大学大学院医学研究科 平成10年度研究助成金
交付者

