

～ 臨床検体を使った DNA Chip 解析事例 ～

【目的】 “DNA Chip を用いた遺伝子発現解析を行い遺伝子レベルでの食道がん患者の予後の診断、予測を検討する”

【データ・方法】 患者 12 人から採取した病変サンプルおよび正常サンプルにおける遺伝子発現量を測定し、得られた発現データを *Spotfire DecisionSite for Functional Genomics™* を用いて、可視化、階層型クラスタリングなどを実行し、発現の挙動を予後の経過とあわせて考察した。(図 1)

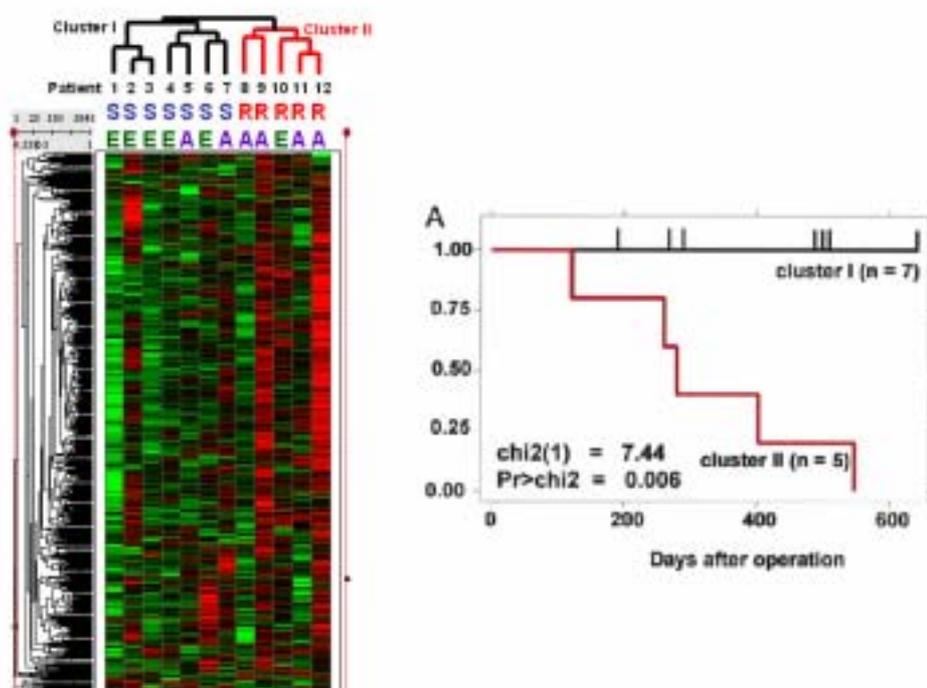


図 1. 左: 縦(row)方向のデンドログラム; 遺伝子(病変サンプル発現量/正常サンプル発現量) に対しクラスタリングした結果。
横(column)方向のデンドログラム; 患者に対するクラスタリング結果。
右: Cluster 、 それぞれの患者の予後経過

【結果・考察】 患者間(Column 間)でのクラスタリングの結果、大きく 2 つの Cluster に分類され、さらに予後の経過を追ったところ以下の通りであった。

- Cluster I に所属する患者は予後が良好
- Cluster II に所属する患者は予後が不良

さらに”Cluster”、では一体何が違うのか？それぞれ特異的に発現が高かった遺伝子は予後などに関連する機能を持っているか？”などを考察するためアノテーション情報とあわせて解析を行なった。(図2)

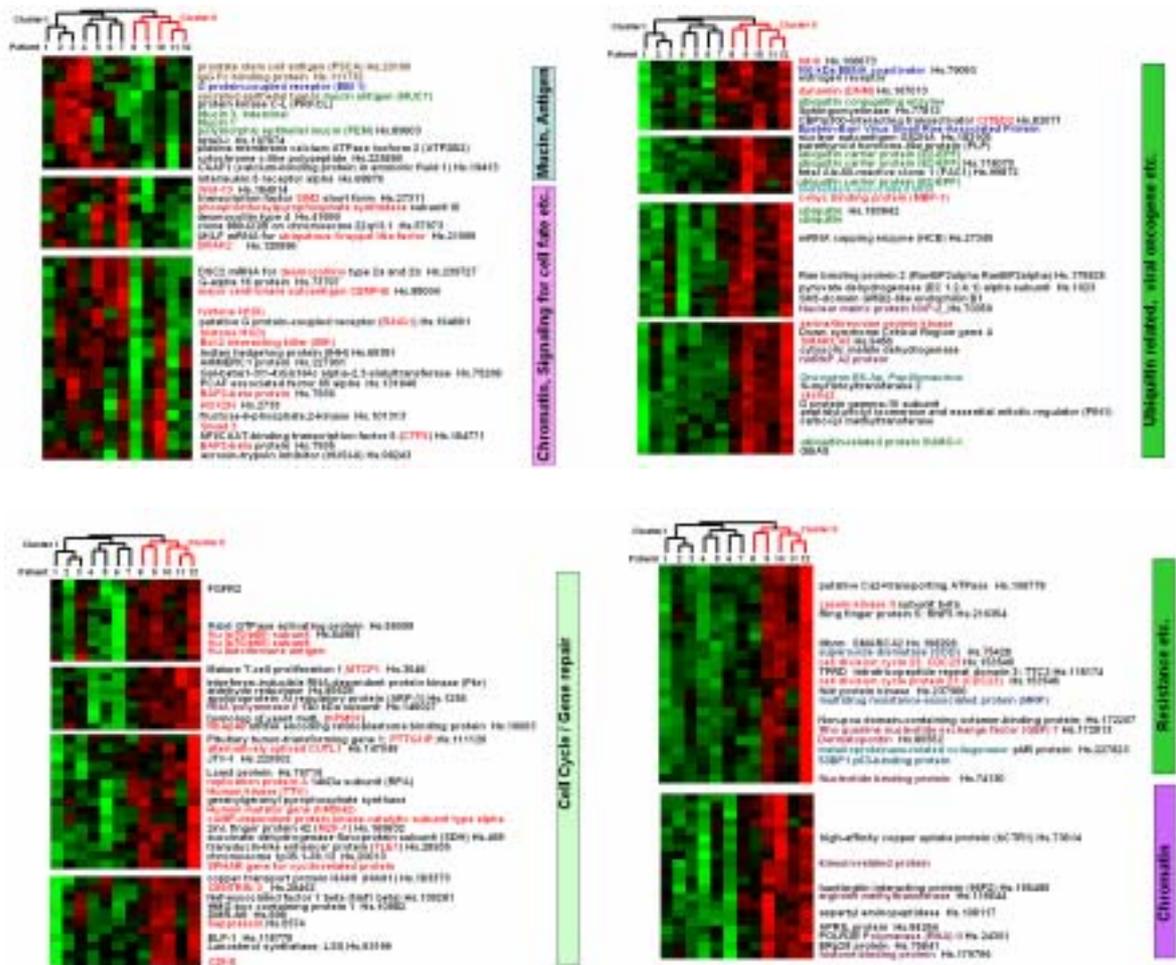


図2. Cluster , でそれぞれ発現が高い遺伝子とその機能アノテーション

Cluster において発現が高かった遺伝子群は細胞周期、遺伝子の修復などに関わる機能を持つ遺伝子であったことが判明した。食道がんの予後経過に、これら遺伝子群が何らかの形で関わっていることが判明し今後、予後診断などの一つの指標となりうることが示唆された。

【参照】 スポットファイアー 日本ユーザー会 講演資料より抜粋
http://www.spotfire.co.jp/news/usermeeting200311_dwl.html

【論文】 Ishibashi, Y. Hanyu, N., Nakada, K., Suzuki, Y., Yamamoto, T., Yanaga, K., Ohkawa, K., Hashimoto, N., Nakajima, T., Saito, H., Matsushima, M., and Urashima, M. Profiling Gene Expression Ratios of Paired Cancerous and Normal Tissue Predicts Relapse of Esophageal Squamous Cell Carcinoma. *Cancer Res.*, 63: 5159-5164, 2003.