

GS02-2 中咽頭癌の網羅的エピゲノム解析

○中川 拓也^{1,2}, 松坂 恵介², 福世 真樹², 岡本 美孝¹, 金田 篤志²

¹千葉大院医 耳鼻咽喉科・頭頸部腫瘍学, ²千葉大院医 分子腫瘍学

かねてより子宮頸癌の原因と考えられていたヒト乳頭腫ウイルス (HPV) は頭頸部癌のうち特に中咽頭癌の発癌に深く関与することが明らかとなった。HPV 関連中咽頭癌は先進諸国を中心に近年増加の一途を辿っており、従来の喫煙・飲酒関連頭頸部癌とは臨床・病理学的に全く異なる性質を示すことが知られている。これら 2 群間の代表的な遺伝子変異の違いは明らかとなったが、遺伝子変異のみでは説明不可能な中等度リスク群が 30-40% 存在することが、治療層別化の弊害となっている。

我々は先行研究で、DNA メチル化が中咽頭癌をさらに層別化する因子である可能性を見出した。そこで中咽頭癌の発癌機構の更なる解明のため、今回我々は中咽頭癌症例に対し、Infinium450k による 89 例の中咽頭癌と 4 つの非癌部粘膜の網羅的 DNA メチル化解析を行い、さらに The Cancer Genome Atlas (TCGA) に公開されている情報を統合し、クラスター解析を行った。これらの結果から、中咽頭癌は 4 群に分類される可能性が示唆され、これら 4 群における臨床病理学的因子との相関につき考察を加えた。

DNA メチル化を中心としたエピゲノム解析は、HPV 感染の背景に存在する新たな発癌機構解明の糸口となり、中咽頭癌の本態解明が期待される。