

令和 4年 2月

門永太一 学位論文審査要旨

主 査 山 崎 章
副主査 中 村 廣 繁
同 梅 北 善 久

主論文

Gene expression profiling using targeted RNA-sequencing to elucidate the progression from histologically normal lung tissues to non-invasive lesions in invasive lung adenocarcinoma

(肺腺癌の正常肺組織から非浸潤性病変への進行における遺伝子発現解析)

(著者：門永太一、坂部友彦、城所嘉輝、春木朋広、野坂加苗、中村廣繁、梅北善久)

令和4年 Virchows Archiv doi: 10.1007/s00428-021-03250-y

参考論文

1. Gene expression profiling by targeted RNA sequencing in pathological stage I lung adenocarcinoma with a solid component

(充実型増殖を有する病理病期 I 期の肺腺癌における遺伝子発現解析)

(著者：城所嘉輝、坂部友彦、春木朋広、門永太一、野坂加苗、中村廣繁、梅北善久)

令和2年 Lung Cancer 147巻 56頁～63頁

審査結果の要旨

本研究は、浸潤性肺腺癌内の正常肺組織と非浸潤性病変において遺伝子発現を比較したものである。その結果、非浸潤性病変において863個の発現増加遺伝子と1673個の発現減少遺伝子を同定した。非浸潤性病変において発現が増加していたSLC44A5、発現が減少していたTMEM100が浸潤部および上皮内腺癌/微小浸潤腺癌でも遺伝子発現変化が維持されていることを明らかにした。PPIネットワーク解析にて、CDH1・EGF・HRAS（発現増加）、IL6・TNF・VEGFA（発現減少）などのハブ遺伝子を同定し、発癌の初期段階で主要遺伝子の変化が生じている可能性を見出した。さらに、TCGAデータを用いた生存期間解析により、SLC44A5高発現およびTMEM100低発現がそれぞれ全生存期間、無再発生存期間の短縮に関与することを明らかにした。本論文は、浸潤性肺腺癌内で正常肺組織と非浸潤性病変における遺伝子発現の違いに着目した初めての研究であり、明らかに学術水準を高めたものと認める。