

腫瘍抑制遺伝子を標的とした子宮頸がん関連のmiRNAの機能の解明

宮澤直 千葉工業大学 先進工学部 生命科学科

1. 研究背景

表1. 女性におけるがん罹患数・罹患率（世界）

順位	がん種	新規罹患数(人)	年齢調整罹患率 ASR (/10万人)
1	乳房	2,296,840	46.8
2	気管、気管支、肺	908,630	16.2
3	大腸	856,979	15.2
4	子宮頸部	662,301	14.1
5	甲状腺	614,729	13.6

出典：IARC / GLOBOCAN 2022 (女性)

子宮頸がんは予防可能であるにもかかわらず、進行例・再発例では治療成績が不良である。

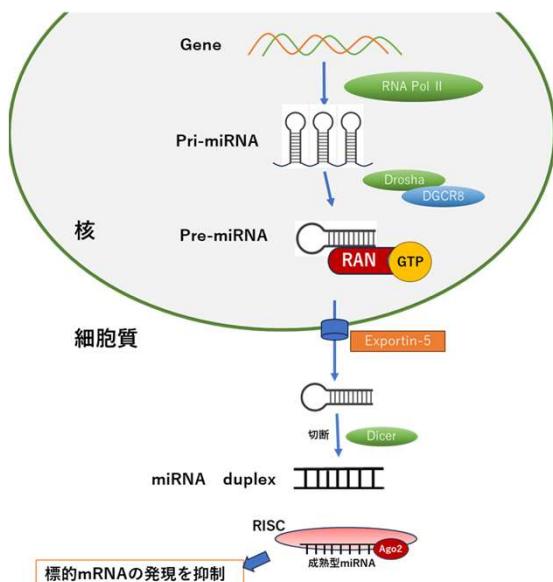


図1. miRNA作用機序

近年、miRNAの異常発現が報告されているが、疾患特異的miRNAとその標的遺伝子や下流経路は未解明である。

2. 研究目的

本研究では、ヒト子宮頸がん細胞株HeLa細胞を用いて、子宮頸がん関連miRNAの発現および機能を解析し、新たな治療標的やバイオマーカーの探索につなげることを目的とする。

3. 実験方法

- 公開データベースを用いて候補とするmiRNAを選定した。
- ヒト子宮頸がん細胞株であるHeLa細胞を使用し、細胞培養を行った
- NucleoSpin miRNAを用いて総RNAを抽出
- 抽出したRNAをもとにRT-PCRを行った

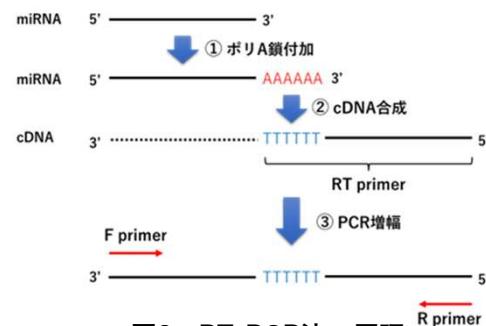


図2 RT-PCR法の原理

4. 結果

- has-miR-221-5p
Sequence
5'-ACCUGGCAUACAAUGUAGAUUU-3'

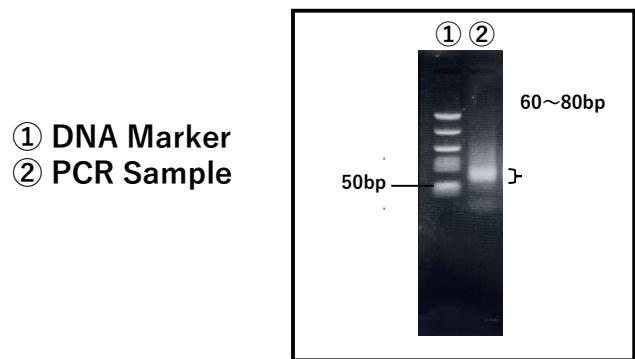


図3 アガロースゲル電気泳動

→ 「poly(A)法 miRNA PCRにより、期待サイズ（約60-80 bp）に主バンドを有する特異的増幅産物が得られた。

5. まとめ・今後の展望

本研究では、HeLa細胞株におけるhas-miR-221-5pの発現を確認した。

今後は合成したアンチセンスオリゴをもとにmiRNA阻害実験を行う。結果に基づき標的腫瘍抑制遺伝子の探索を行う予定である。