

著明に変動した遺伝子（増加：250 遺伝子，減少：250 遺伝子）の機能は，代謝酵素や転写制御に関わるものが多かった。また，高血糖状態で培養した歯肉線維芽細胞の MMP-3 産生量は，その遺伝子発現の変動に呼応して有意に増加した（Student's *t*-test,  $P < 0.05$ ）。

考察および結論：高血糖によって，歯肉線維芽細胞の複数の遺伝子発現の様態が変動した。とりわけ MMP-3 の発現が亢進したことは，MMP-3 産生の亢進が糖尿病患者に見られる歯周病悪化の誘導に関与する可能性を示唆する。

## 演題 2. 口腔扁平上皮癌における WT1 の発現に関する検討

○羽田 朋弘, 三上 俊成\*, 石河 太知\*\*, 水城 春美, 木村 重信\*\*, 武田 泰典\*

岩手医科大学歯学部口腔外科学講座  
顎口腔外科学分野  
同口腔病因病態制御学講座口腔病理学分野\*, 同口腔微生物学免疫学分野\*\*

目的：*wt1* 遺伝子はヒト組織の発生や分化に関わるとともに，多形腺腫やメラノーマ，慢性骨髄性白血病など良，悪性を問わず種々の腫瘍の発生に関与していると考えられている。しかし，正常な口腔粘膜上皮には発現せず，また口腔扁平上皮癌と *wt1* mRNA の関連については 1 例の報告があるのみである。そこで，口腔扁平上皮癌と *wt1* mRNA および WT1 タンパクの発現について検索した。

材料・方法：29 例の口腔扁平上皮癌における生検時パラフィン包埋切片を用い，WT1 モノクローナル抗体とポリクローナル抗体により免疫組織化学を行い，さらに *in situ* hybridization を行い *wt1* mRNA の発現と局在を調べた。また，6 種類の口腔扁平上皮癌細胞株を用い，*wt1* mRNA の発現について定量的に調べた。

結果：免疫組織化学では高分化型扁平上皮癌の 1 例で WT1 陽性であり，*in situ* hybridization では同部位に *wt1* mRNA の発現を認めた。腫瘍胞巣の基底層相当部で陽性所見を示したが，腫瘍周囲の口腔粘膜上皮では陰性であった。細胞株では，1 株で *wt1* mRNA の過剰発現がみられた。

考察：扁平上皮癌 29 例中 1 例のみではあるが，明らかに *wt1* タンパクの発現が認められ，また，6 種類中 1 種類の培養細胞株で *wt1* mRNA の過剰発現がみられたことから，一部の扁平上皮癌の発生に *wt1* が関連していることが考えられた。また，病理組織標本では高分化型症例の角化傾向の少ない部位に *wt1* の発現がみられたが，培養細胞では低分化型のものに発現していたことから，*wt1* の発現と分化度の関連は明らかではなかった。

結論：正常な口腔粘膜上皮では *wt1* の発現はみられなかったが，一部の口腔扁平上皮癌では過剰発現がみられた。この遺伝子発現量の差により，*wt1* 遺伝子が一部の口腔扁平上皮癌の発癌に関与しているものもあることが示唆された。また，このような口腔扁平上皮癌では *wt1* 遺伝子産物が免疫療法の標的となる可能性が示唆された。

## 演題 3. 破骨細胞分化における microRNA の関与について

○鍵谷 忠慶, 安藤 禎紀, 藤村 朗

岩手医科大学歯学部口腔機能構造学講座  
口腔解剖学分野

目的：microRNA (miRNA) は，約 21nt の non-coding RNA の一種であり，主に mRNA の 3' UTR 領域に結合し，タンパク質への翻訳抑制や mRNA の分解を誘導することで，各種生命現象を調節していると考えられている。骨の研究分野では，骨芽細胞について比較的研究されている。例えば，*Runx2* を標的とする miR-133 の発現や *Smad-5* を標的とする miR-135 の発現が，骨芽細胞分化に伴って減少することや，骨芽細胞と同じく間葉系幹細胞から分化する筋芽細胞では，その分化に伴って miR-133 の発現が増加することが報告されている。一方，破骨細胞については，その分化に miR-155 と miR-223 が重要であると報告されているが，それ以外の miRNA の関与については，不明である。そこで，破骨細胞分化に関与する miRNA をスクリーニングして，発現解析することにした。

材料・方法：本研究では，マウスマクロファージ細胞株 RAW264.7 へ RANKL を作用させて，

破骨細胞へ分化させる系を用いた。50ng/mlのRANKLを作用させてから0, 24, 82時間後にsmall RNAを含むtotal RNAを回収し、*c-fos*, *Nfatc1*, *Trap*等の破骨細胞分化関連遺伝子の発現をPCRで定量し、使用した細胞株の性質を調べると同時に、マイクロアレイ解析によって、成熟miRNAの発現変動を調べた。また、Target ScanによってmiRNAの標的遺伝子を予測した。

結果：RANKLによって2倍以上変動した成熟miRNAは52種類あり、このうちmiR-210やmiR-378等は、破骨細胞分化に伴ってその発現が増加し、miR-223やmiR-342-3p等は減少を示した。またmiR-342-3pは、*Trap*と*Mitf*を標的遺伝子としている可能性が予測された。

考察：多数のmiRNAが、破骨細胞分化を制御している可能性があると考えられた。

#### 演題4. 本学予防歯科外来定期受診者の受診中断に関わる要因分析

○杉浦 剛, 岸 光男, 相澤 文恵,  
阿部 晶子, 南 健太郎, 稲葉 大輔,  
菊池 淑子\*, 米満 正美

岩手医科大学歯学部口腔保健育成学講座  
口腔保健学分野

岩手医科大学附属病院歯科医療センター  
歯科衛生部\*

目的：歯の喪失は定期的な機械的歯面清掃と口腔衛生指導により予防可能であることが報告されている。そこでデータマイニングの手法であるテキストマイニングおよび決定木分析を用いて定期歯科受診者の受診中断にかかわる要因分析を行った。

材料・方法：本学付属病院予防歯科外来にて定期歯科受診者106名を対象に定期歯科受診に対する感想および要望、満足度、口腔関連QOLについて質問紙調査を行った。口腔健康関連QOLの評価にはGOHAI (General Oral Health Assessment Index)を用いた。また、受診者のカルテの記載より住所、年齢、性別などを調べた。ついで1年後に受診継続している者(継続群75名)と6ヶ月以上受診を中断した者(中断群31名)に分類し、比較した。

結果：GOHAIの合計スコア、受診継続期間が中断群で有意に低かった( $P < 0.01$ )。次に継続群と中断群について決定木分析を行ったところ、GOHAI合計点が40点以下の者(11名)は82%(9名)が受診を中断していた。一方、感想文中に「安心」または「気持ちよい」と記述していた者は受診を継続する傾向がみられた。

考察：口腔の健康関連QOLと継続歯科受診との関連は、継続歯科受診している者は口腔の客観的健康状態が良好となり、それに伴い主観的健康状態も向上すると考えられた。また、定期歯科受診で受ける行為に対し、「安心」「気持ちよい」など肯定的に評価する者は受診を継続する傾向にあることが示された。

結論：本学予防歯科外来における定期歯科受診者で口腔関連QOLが低い者は定期歯科受診を中断してしまう傾向があり、定期歯科受診に対して「安心」または「気持ちよい」と感じている者は受診を継続する傾向にあると考えられた。

#### 演題5. 重度歯周病患者に歯周治療を施して、HbA<sub>1c</sub>が著しく改善した一症例

○佐々木大輔, 村井 治, 藤原 英明,  
金澤 智美, 大川 義人, 八重柏 隆

岩手医科大学歯学部口腔機能保存学講座  
歯周病学分野

目的：糖尿病と歯周病は炎症性サイトカインを介して相互に関連することが知られている。今回、我々は岩手医科大学附属病院糖尿病代謝内科を受診中の2型糖尿病患者で、重度歯周病の歯周治療を開始したところ、血糖値が著しく改善した症例を経験したので報告する。

症例：58歳の男性。4.6の動揺を主訴に来院した。1日4回のインスリン注射を受けている非喫煙者で、初診時のHbA<sub>1c</sub>は11.5%であった。口腔内所見は全顎的に歯肉の発赤、腫脹が認められ、O'LearyのPlaque control record (PCR)は、44.8%、プロービング時の出血(BOP)率は55.6%、4mm以上の歯周ポケット保有率は58.3%であった。エックス線写真で全顎的に歯槽骨吸収2度から3度を認め、重度慢性歯周炎と診断した。一口腔単位の歯周治療を開始