

P-7 子宮頸癌における血中腫瘍マーカー測定 of 臨床的意義—とくに SCC,CYFRA,CA125,CA19-9 値 of 関連性について—

国立病院四国がんセンター

伊藤啓二郎, 日浦昌道, 野河孝充, 横山 隆, 温泉川真由, 千葉 文

【目的】頸癌患者の血中 SCC,CYFRA,CA125,CA19-9,CEA 値を測定し, 各腫瘍マーカーの使い分けとその有用性を検討した. 【方法】1995~1999年に初回治療した頸癌で, SCC,CYFRA,CA125,CA19-9,CEA を測定し, 同意を得た187例 (I期59例, II期48例, III期67例, IV期13例)を対象に, 進行期, 組織型, リンパ節転移の有無と各マーカーとの関連性を検討すると共に, 対照群には良性卵巣腫瘍16例を用いた. 【成績】SCC,CYFRA の進行期別陽性率はI期17/59 (28.8%), 2/59 (3.4%), II期22/48 (45.8%), 7/48 (14.6%), III期45/67 (67.2%), 37/67 (55.2%), IV期10/13 (76.9%), 11/13 (84.6%) で, 全体で94/187 (50.3%), 57/187 (30.5%) であった. SCC,CYFRA の組織型別陽性率は (他の組織型19例を除く), 角化型15/22 (68.2%), 6/22 (27.3%), 非角化型77/128 (60.2%), 42/128 (32.8%) で, 頸部腺癌1/18 (5.6%), 4/18 (22.2%) であった. 頸部腺癌では13/18 (72.2%) に, CEA 4/18 (22%), CA125 7/18 (39%), CA19-9 9/18 (50%), CYFRA4/18 (22%) のいずれかが陽性で, SCC は1例 (5.6%) 陽性を示した. 画像でリンパ節腫大を認めた44例のうち, SCC 陽性は33例 (75%), CYFRA 陽性は23例 (52%), 初回手術のI~II期34例のうち, 術後リンパ節転移陽性の4例では SCC が3例陽性 (平均2.2ng/ml) を示し, CYFRA は陰性で, 良性卵巣腫瘍16例の SCC,CYFRA はすべて陰性であった. 【結論】SCC,CYFRA の陽性率は臨床進行期に従い上昇し, リンパ節転移を含む CYFRA の陽性率は SCC よりも低かった. 頸部腺癌には有効なマーカーがなく, CYFRA と CA125または CA19-9の組み合わせによる follow up が有効である.

P-8 子宮頸癌は低年齢化しているか?

石川県立中央病院

平吹信弥, 八木原亮, 干場 勉, 朝本明弘, 矢吹朗彦

【目的】近年 HPV による STD の範疇として捉えられている dysplasia および子宮頸癌は, sexual activity の若年層での活発化に伴い, 低年齢化が予想される. 当院で10年間に経験した dysplasia および子宮頸癌患者の年齢分布を検討した. 【方法】対象は1990年から1999年までの10年間に当院で dysplasia および子宮頸癌と病理学的に診断された393人. なお子宮頸癌は squamous cell carcinoma あるいは adenosquamous のみとし adenocarcinoma その他のタイプは除外した. 初診時期により前半期: 1990年から1994年, 後半期: 1995年から1999年に分類し, dysplasia 群202名, cis 群102名, 浸潤癌群89名の3群においてそれぞれの初診時年齢の推移を検討した. 【成績】Mann-Whitney U 検定で dysplasia 群 $p < 0.05$, cis 群 $p < 0.05$, 浸潤癌群 $p < 0.01$ の有意差をもって後半期に低年齢化していた. 平均年齢の低下の程度は, dysplasia 群2.6歳, CIS 群4.5歳, 浸潤癌群10.2歳であり, 浸潤癌群に特に顕著な若年化の傾向がみられた. 【結論】当院の検討ではこの10年間で子宮頸癌は低年齢化しているものと考えられ, その原因として HPV 感染の早期化の可能性が考えられた. 一方 dysplasia,cis, 浸潤癌と進行していくにつれて低年齢化の程度が大きくなることは, HPV 感染の早期化以外の何らかの要因もあることが示唆された.

14
日
(月)
ポ
ス
タ
ー

P-9 子宮頸部悪性腺腫 (Adenoma malignum) における STK11遺伝子変異と組織学的診断との関連

大阪大¹, 信州大², 京都大³

上野裕子¹, 倉垣千恵¹, 榎本隆之¹, 藤田征巳¹, 村田雄二¹, 土岐利彦², 小西郁生², 藤井信吾³

【目的】子宮頸部悪性腺腫 (AM) 症例の約10%には Peutz-Jeghers 症候群 (PJS) が合併し, PJS の原因遺伝子 STK11が第19番染色体上に同定されている. さらに近年 AM 症例の STK11遺伝子近傍に LOH が高頻度に見られると報告された. そこで我々は, AM の発生過程についての STK11の関与を明らかにするため, AM 症例の STK11遺伝子変異を検出同定した. 【方法】AM と診断され Informed consent を得て手術を施行した20症例を対象に, パラフィン包埋病理標本より実体顕微鏡下に又は Laser capture microdissection で腺病変部分のみを採取し, DNA を抽出した. STK11 exon1-9における変異は PCR-SSCP 法にて検出し, cloning-sequencing により変異遺伝子を同定した. 婦人科疾患に異常が報告されている p53 (exon5-8), K-ras (exon1) についても同様の検索を行った. AM の組織標本は各種免疫染色を用い形態学的に検討し, 頸部腺癌あるいは深部頸管腺と鑑別を要するものと, 典型例とに分類して STK11遺伝子の変異の有無と組織学的診断との関連性を検討した. 【成績】PCR-SSCP 法にて20症例中9症例に STK11の変異バンドが検出された. うち5症例の7つの変異遺伝子を同定した. PJS で報告の多い nonsense mutation はなく, AM ではすべて missense mutation であり, 変異はすべて組織学的診断上 AM の典型例に認められた. また, p53には1例遺伝子変異を同定したが, K-ras には変異はみられなかった. 【結論】悪性腺腫の STK11遺伝子変異はその発生過程に関与が示唆された. 形態学的診断との関連性から, STK11遺伝子変異検索は AM の診断に資する可能性が示された.