

審査の結果の要旨

氏名 谷口茂夫

本研究は、腎における遺伝子発現の解析のために、定量的 RT-PCR 法を開発し、それを microdissection によって得たネフロンセグメントに用いて、マウス腎における EP3 型プロスタグランジン E2 受容体 mRNA のネフロン分布、および、ラット腎における AT1A 型アンジオテンシン受容体 mRNA の片腎摘後の変化を検討したものであり、下記の結果を得ている。

1. 逆転写の段階で cDNA に変異を導入し、PCR では cDNA とゲノム DNA を平行して増幅し、ゲノム DNA を量的な対照とする事により、mRNA の量を定量するという、新たな定量的 RT-PCR の開発に成功した。さらにその方法において、uracil-DNA glycosylase を用いて、残存する RT 用のプライマーを除去する事、平行した PCR の前に必要に応じて cDNA のみ、あるいはゲノム DNA のみを増幅する事により、広い範囲の mRNA に適応できるように改善した。
2. この方法を用いて、マウスの EP3 型プロスタグランジン E2 受容体 mRNA が、太いヘンレの上行脚にもっとも多く発現し、それ以降の遠位尿細管にも発現しているが、糸球体や近位尿細管には発現していない事を示した。
3. さらに、ラット近位尿細管において、AT1A 型アンジオテンシン受容体 mRNA が片腎摘 1 週間後に有意に増加するが、糸球体では変化しない事を示した。

以上、本論文は、新たな定量的 RT-PCR 法により、ごく少量の組織での mRNA の定量的な解析が可能になり、腎では、microdissection 法と組み合わせる事により、腎での mRNA 発現の検討が詳細に行える事を示した。この結果は今後の腎臓での各種遺伝子の解明に重要な貢献をはたすと考えられ、学位の授与に値するものと考えられる。