

(39)

甲第 119 号証

2006 年 2 月 24 日

ご質問に対する回答

岐阜大学大学院医学系研究科

医科学専攻医療管理学講座法医学分野

永井 浩


私に対して、質問をいただいた内容とそれに対する回答をお送りいたします。

問 1：鑑定の結果と原審判断との関係について

原審の支倉・佐藤鑑定では、ミトコンドリア DNA の解析の結果、HV1 領域のうち 16091 から 16360 まで塩基配列を本人の血液の分析との対比をした結果、3箇所が異なり、そのうちの 2 節所はホモ、一箇所はヘテロプラスミーの塩基の違いとして現れました。

かかる、鑑定は正常細胞と、がん細胞とを混在させて実施されています。

変異が生じている癌細胞と変異のない正常細胞とを混在させてミトコンドリア DNA の塩基配列を解析した場合、その解析結果はどのようなものになるのでしょうか？

回答：変異が生じている癌細胞と変異のない正常細胞とが混在することにより、互いに異なる塩基の部分においてヘテロプラスマリー状態を呈すると考えられます。

問 2：STR 法による DNA 解析ができて、ミトコンドリア DNA の解析ができないという状態は通常起こりうることとして理解されることでしょうか？

また、「同一試料で解析した結果、STR 法では一致、ミトコンドリア DNA では不一致ということが有り得るでしょうか？」

回答：STRは細胞核内のDNAから検出されます。細胞核内のDNAは1個の細胞あたり1コピーしか存在しないのに対し、ミトコンドリア内のDNAは数百～数千コピーも存在している上、細胞核内のDNAに比べてサイズがはるかに小さいため、DNAの分解が進んだ陳旧試料や1本の毛髪毛幹部から、STRは検出できなくても、ミトコンドリアDNAの検出は可能な場合があります。したがって、一般的には、同一試料からSTRは解析できてもミトコンドリアDNAは解析できないということは考え難いことです。

また、同一試料において、STRのタイプが一致して、ミトコンドリアDNAのタイプが不一致ということは、特に、検出されたSTRのタイプが出現頻度の高いタイプである場合などでは十分に考えられることです。

具体的に、竹下さんのブロックBの正常細胞部分から検出された6種類のSTR型のうち、当法医学分野の有するデータベース（日本人460人）にあるvWA、TH01、D5S818の3種類についてその出現頻度をみてみると、vWAでは17-18型の出現頻度が最も高く、その値は0.119です。TH01では6-7型の出現頻度は0.135と算出され、TH01の中では4番目に高い頻度を示しています。D5S818では10-11型はD5S818の中で2番目に高い出現頻度0.106を示しています。このように、今回の鑑定で検出されたSTR型には出現頻度の高いタイプが含まれており、そのため、検出されたタイプ全てが一致する確率は、出現頻度の高いタイプが含まれていない場合に比べて高くなることが考えられます。

問3：日本人についてミトコンドリアDNAの塩基配列を研究・解析されてきた中で、アンダーソンモデルを示したのは何例あったでしょうか。

回答：これまでにミトコンドリアDNAの16,024番～576番塩基の範囲(1,122bp)を400人の日本人について調査してきました。竹下さんの原書ならびに今回鑑定が行われたミトコンドリアDNAの高変異領域はいずれも当方の調査範囲に含まれています。当方が調査した中にはアンダーソンと同一の塩基配列を示した例は見つかってい

ません。

問4:TSLの鑑定において、竹下の口腔細胞ではミトコンドリアDNAのHV I領域では16129が「A」、16223が「T」、16362が「C」、HV II領域では73が「G」、152が「C」、263が「G」、309.1が「C」、315.1が「C」と解析され、原審鑑定結果に加えて日本人の特徴的塩基をもっていると解析されている。この結果から、竹下の塩基配列の特徴としてどのようなことが言えますか。

回答：竹下さんのミトコンドリアDNAのハプロタイプ「16129A, 16223T, 16362C, 73G, 152C, 263G, 309.1C, 315.1C」と同じハプロタイプは、当法医学分野で調査した400人の日本人集団からなるデータベースでは2.5%と最も高頻度にみられます。すなわち、調査した400人の中では、日本人に最も多いハプロタイプと言えます。なお、「73G」、「263G」、「315.1C」はすべての日本人（と言って良いと思いますが）に認められる変異です。

以上