

(43)

質問及び回答書

2006年3月3日

親見大学歯学部法医学教室

佐藤慶太 

質問 「支倉・佐藤鑑定」では、塩基配列番号16245において、控訴人の組織ではC、包埋ブロックではT/Cという結果が出ているが、これはどのように解釈できるのか。

回答 私たちは正常細胞と癌細胞を区別せずに抽出している。包埋ブロックは血液に比べて限局した組織を対象としているので、正常細胞及び癌細胞の区別なく各細胞内で共通に生じているヘテロプラスミーが顕著に検出された可能性がある。一方、癌化した細胞のみがその病的影響によって変異し、ヘテロプラスミー及び変異がない状態の正常細胞と混在することによって、ヘテロプラスミー様の結果を導いたという可能性も存在する。但し、後者の見解に立ったときには、16129及び16223におけるモノプラスミーという形で異なっていることとの間で矛盾なく説明することは困難である。

質問 塩基配列番号16129および16223で、控訴人の組織はそれぞれA、T、包埋ブロックではともにG、Cとなっているが、これはどのように解釈できるのか。

回答 血液と包埋ブロックが同一人のものと仮定した場合、モノプラスミーの状態で塩基配列が異なっている原因を特定することは、非常に難しい。ただ、癌化によって変異するという可能性については、私たちの鑑定では正常細胞と癌細胞とを区別することなく解析をしているので、癌化によって変異があったという前提に立った場合、本来ならば正常細胞から解析される塩基とともに、癌化によって変異した塩基が並列して解析され、ヘテロプラスミー様の結果を生じる可能性が高く、モノプラスミーの形で塩基が異なっているという結果を癌による変異で説明することは困難である。

汚染という問題も浮上するが、そのこと自体は考えにくいことを以前に意見として提出しているし、仮にあったとしても上記と同様にモノプラスミーの結果そのものを説明することにはならないと考える。

質問 「支倉・佐藤鑑定」では核DNA型は検出できず、ミトコンドリアDNA型は検出できた。「TSL鑑定」では核DNA型が検出できて、ミトコンドリアDNA型が検出できなかった。「TSL鑑定」のこの結果について、どう思うか。

回答 私たちが核DNA型を検出できなかった理由としては、当時の合成DNAの検出法が現在のもの（例えばTSLのもの）と比べて感度に劣っていた事が最大の原因と考える。一般にDNAは組織試料の保存状況をはじめとする様々な影響により低分子化してしまう。その程度を一概に示す事はできないが、核DNAではそれが顕著に観られる。しかし、抽出された全ての核DNAが検査に通わない程に低分子化しているとは限らず、極微量に関しては対象とするDNA領域を濃縮させている可能性は十分にある。合成反応においてはこの極微量部分を複製する事になるが、合成量が少ないために高精度な検出法を用いないと検出困難となろう。TSLが行った検出法は特にこの点に優れている方法であると言える。しかしながら、ミトコンドリアDNA型が検出できなかったというのは理解が困難である。一般に、ミトコンドリアDNAはひとつの細胞に約数千個以上あると云われ、組織が微量であったり、高度に陳旧的であったとしても検出されやすく、考古学的分析にも適応しているくらいである。つまり、ミトコンドリアDNA型は明らかに核DNA型よりも検出感度に優れている。この検出感度の違いを決定付けるものは、合成後の検出法ではなく、対象とするDNA領域の残存量の違いであると考えるのが相当である。私も多年にわたり、特殊試料を対象としたDNA鑑定を数多く行ってきたが、核DNA型が検出可能であったのに、ミトコンドリアDNA型が不可能であった例の経験はない。よってこの点に関して疑問が残る。

以上