

4. 心臓核医学の観点から

大阪大学医学部バイオメディカル教育研究センタートレーサ情報解析学研究所

楠岡 英雄 橋本 克次 福地 一樹 西村 恒彦

近年のバイオサイエンスの発展が、種々の疾患の病因・病態生理の分子・遺伝子レベルでの解明に大きく寄与したことは明らかである。また、分子・遺伝子レベルの異常の検索が、RIを用いたインビトロ検査として臨床に還元されている。しかし、臨床核医学の中核をなすインビボ検査に、バイオサイエンスの成果がどのように結びつくかは、まだ今後の課題と言ってよいであろう。例えば、心筋では、興奮収縮連関と、これに関与するチャンネルや収縮蛋白が分子生物学的にも明らかにされているが、これらの成果はまだ臨床には還元されていない。臨床的に問題となる虚血や心不全については、核医学も含めて、従来の生理学的・生理化学的成果に基づく検討が中心であるが、最近、その手法は急速に拡充されつつある。心筋機能の支持基盤である、血流、代謝基質、酸素供給、酸化的／嫌氣的代謝の変動は、PETを含む従来の核医学的手法により評価可能となっている。一方、心機能は、心筋の動きや心拍出だけでは評価できず、血圧やリズムの情報が必要であるが、

核医学は他のモダリティと相補的な手法を与えている。しかし、代謝・収縮の細胞外調節因子である神経体液性因子やそのレセプター、細胞内調節因子であるカルシウム・イオンなどについては、心拍変動解析や MIBG シンチグラフィを除き、核医学以外にも適切な評価法がない。今後は、心筋においても、細胞内外のレセプター、チャンネルのイメージング法の開発が重要な課題と考えられる。

バイオサイエンスの発展がもたらした知識が疾患の理解を深めることは間違いない。しかし、レセプターやチャンネルの核医学的評価法の開発に、バイオサイエンスが寄与するとは限らない。最近のバイオサイエンス的アプローチでは、リガンドを用いることなく、チャンネルやレセプターの構造蛋白を遺伝子解析により直接同定することが可能となっている。この点で、核医学は、バイオサイエンス的アプローチに頼らない、独自の研究開発を強いられるかもしれない。