

1-4.

Licochalcones, a β -Amyloid Aggregation Inhibitor, Regulates Microglial M1/M2 Polarization via Inhibition of Choline Uptake

(社会人大学院博士課程3年麻酔科学分野)

○ Muto Eisuke、Okada Toshio

※抄録の掲載を辞退する。

1-5.

Influence of parental bonding, trait anxiety, and adulthood life events on well-being in general adult population

(社会人大学院博士課程3年精神医学)

○中島 淳

(メンタルヘルス科)

内田 由寛、井上 猛

【背景】 小児期の被養育体験が抑うつに影響することは明らかにされているが (Uchida et al., 2018)、小児期の被養育体験が主観的健康感にどのように影響を及ぼすかは明らかでない。本研究では小児期の被養育体験、特性不安、ライフイベントがどのように複雑に相互作用して主観的健康感に影響するかについて構造方程式モデリングにより検討した。

【方法】 2014年1月から8月までの期間において、同意と有効回答が得られた一般成人404人を対象とした。Parental Bonding Instrument (PBI)、State-Trait anxiety Inventory Form Y (STAI-Y)、Life Experience Survey (LES)、Subjective Well-Being Inventory (SUBI) の4つの質問紙を使用し、それらのスコアの関連について構造方程式モデリングを用いて解析した。本研究は東京医科大学医学倫理委員会の承認を受けて実施した。

【結果】 小児期の被養育体験のうち、養護は主観的健康感を直接的に増強させ、特性不安低下を介して主観的健康感を間接的にも増強させた。養護は特性不安低下を介してライフイベントの否定的評価を間接的に減弱した。過保護は主観的健康感に直接的な影響を及ぼさなかったが、特性不安増強を介して間接的に低下させた。過保護は特性不安増強を介してライフイベントの否定的評価を間接的に増強した。

【結論】 本研究の結果は小児期の被養育体験が特性不安を介して間接的に主観的健康感、ライフイベントの否定的評価に影響を与えることを明らかにした。小児期の被養育体験と成人期の主観的健康感には長い期間が存在するため、両者の関連にはなんらかの媒介因子が働いているはずであるが、特性不安が媒介因子の一つであることが示唆された。

1-6.

Comprehensive Gene Analysis of IgG4-Related Ophthalmic Disease Using RNA Sequencing

(社会人大学院博士課程2年眼科)

○朝蔭 正樹

(大学病院：眼科)

臼井 嘉彦、瀬津 直也、清水 広之
坪田 欣也、馬詰和比古、山川 直之
後藤 浩

(大学：分子病理学分野)

梅津 知宏、黒田 雅彦

(大学病院：糖尿病・代謝・内分泌内科)

諏訪内浩紹

High-throughput RNA sequencing (RNA-seq) uses massive parallel sequencing technology, allowing the unbiased analysis of genome-wide transcription levels and tumor mutation status. Immunoglobulin G4-related ophthalmic disease (IgG4-ROD) is a fibroinflammatory disease characterized by the enlargement of the ocular adnexal tissues. We analyzed RNA expression levels via RNA-seq in the biopsy specimens of three patients diagnosed with IgG4-ROD. Mucosa-associated lymphoid tissue (MALT) lymphoma, reactive lymphoid hyperplasia (RLH), normal lacrimal gland tissue, and adjacent adipose tissue were used as the controls ($n = 3$ each). RNA-seq was performed using the NextSeq 500 system, and genes with $|\text{fold change}| \geq 2$ and $p < 0.05$ relative to the controls were defined as differentially expressed genes (DEGs) in IgG4-ROD. To validate the results of RNA-seq, real-time polymerase chain reaction (PCR) was performed in 30 IgG4-ROD and 30 orbital MALT lymphoma tissue samples. RNA-seq identified 35 up-regulated genes, including MMP12 and SPP1, in IgG4-ROD tissues when compared to all the