

Genome-wide genetic aberrations of thymoma using cDNA  
microarray based comparative genomic hybridization

<sup>1</sup>Cancer Metastasis Research Center, National Biochip Research Center, <sup>2</sup>Brain Korea 21 Project for Medical Science, <sup>3</sup>Department of Pathology, <sup>4</sup>Department of Internal Medicine, Yonsei University College of Medicine

Gui Youn Lee<sup>1, 2</sup>, Woo Ick Yang<sup>2, 3</sup>, \*Hei-Cheul Jeung<sup>1</sup>, Sang Chul Kim<sup>1</sup>, Min Young Seo<sup>1</sup>, Chan Hee Park<sup>1, 2</sup>  
Sang Joon Shin<sup>4</sup>, Hyun Cheol Chung<sup>1, 2, 4</sup>, Sun Young Rha<sup>1, 2, 4</sup>

Thymoma is a heterogeneous group of tumors in biology and clinical behavior. Even though thymoma is divided into five subgroups following the World Health Organization classification, the nature of the disease is mixed within the subgroups. We investigated the molecular characteristics of genetic changes variation of thymoma using cDNA microarray based-comparative genomic hybridization (CGH) with a 17K cDNA microarray in an indirect, sex-matched design. Genomic DNA from the paraffin embedded 39 thymoma tissues (A 6, AB 11, B1 7, B2 7, B3 8) labeled with Cy-3 was co-hybridized with the reference placenta gDNA labeled with Cy-5. Using the CAMVS software, we investigated the deletions on chromosomes 1, 2, 3, 4, 5, 6, 8, 12, 13 and 18 throughout the thymoma. Then, we evaluated the genetic variations of thymoma based on the subgroups and the clinical behavior. First, the 36 significant genes differentiating five subgroups were selected by Significance Analysis of Microarray. Based on these genes, type AB was suggested to be heterogeneous at the molecular level as well as histologically. Next, we observed that the thymoma was divided into A, B (1, 2) and B3 subgroups with 33 significant genes. In addition, we selected 70 genes differentiating types A and B3, which differ largely in clinical behaviors. Finally, the 11 heterogeneous AB subtypes were able to correctly assign into A and B (1, 2) types based on their genetic characteristics. To concluded, we observed the genome-wide chromosomal aberrations of thymoma and identified significant gene sets with genetic variations related to thymoma subgroups, which might provide useful information for thymoma pathobiology.

중증근무력증후군(Lambert-Eaton myasthenic syndrome; LEMS)과 동  
반된 소장의 유암종(carcinoid tumor) 1례

부산대학교 의과대학 내과학교실(모두)

\*이경우 · 박진섭 · 최영진 · 신호진 · 정주섭 · 조균제

중증근무력증후군(Lambert-Eaton myasthenic syndrome; LEMS)은 흔하지 않은 연접이전 신경근육이완부 질환(presynaptic neuromuscular junction disorder)이다. 이는 50~60%의 사례에서 악성 질환과 연관되어 나타나며 대다수는 폐소세포암(SCLC)이 원인이며 다른 종류의 암과 관련되는 경우는 드물다. 그 가운데 유암종(carcinoid tumor)과 관련하여 보고된 사례는 국내외 논문을 살펴볼 때 2례로 매우 드물게 있고 모두 폐에서 발생한 사례였다. 저자들은 소화기계에서 발생한 유암종과 동반된 LEMS 1례를 경험하였기에 이를 보고하는 바이다. 75세 남자 환자는 2005년 8월 양하지 근무력감을 주소로 내원하여 LEMS진단받고 악성질환 감별을 위한 흉부 단층촬영에서 폐우상엽 6mm 크기의 결절이 발견되었으나 경과 관찰만 하고 지내던 중 2006년 9월 소장천공으로 인한 복통으로 시행한 수술 과정의 조직검사서 유암종이 진단되었다. 수술이후 근무력감은 해소되어 지내다 2007년 2월에 증상이 재발하여 시행한 복부 단층촬영에서 전이병소로 보이는 다수의 장관막 결절이 발견되었고 고식수술이후 근무력 증상의 호전을 보이고 있다.