— 115 —

남성갱년기 진단에 있어서 ADAM questionnaire와 생화학적 기준간의 연관성에 대한 고찰

연세대학교 의과대학 내과학 교실
이유미※, 김세화, 김대중, 김수경, 김형진, 안철우, 차봉수, 송영득, 이헌철, 김경래, 임승길, 허갑범

서론: 남성에 있어 연령이 증가함에 따라 testosterone(T)이 감소하게 되고 이에 따른 제반증상 즉, 리비도의 감소, 성기능 감퇴, 근력의 감소와 그 외로도 삶에 대한 의욕의 상실 등이 나타나게 된다. 이에 대해서 통상 남성갱년기(andropause)라고도 하나 서서히 감소하며 비특이적으로 나타나므로 진단이 용이하지는 않고 근래에는 ADAM(androgen decline in aging male)이라는 명칭을 선호하고 있다. 이에 Morley그룹 등이 제시한 ADAM questionnaire의 한국인 남성에 있어서의 유용성과 남성호르몬 농도와의 연관성 및 해석에 대한 연구 및 분석을 시행하였다.

대상 및 방법: 2001년 6월부터 8월까지 연세의료원 산하 서울역 검진센터에 내원한 265명의 남성을 대상으로 설문과 남성호르몬을 측정하였다. 설문지는 10개문항으로 된 자기보고식 설문지를 이용하고 남성호르몬은 total testosterone(TT, RIA로 측정)과 sex hormone binding globulin(SHBG, IRMA로 측정)을 측정하였고 free testosterone(FT)의 추정치로서 free androgen index(FAI=T/SHBG)*100)를 이용하였다. 그 외에 기본적인 병력과 신체계측, 생화학 검사를 동시에 시행하였다.

결과: 기저질환은 없는 265명의 남성으로 평균 52세(40대이하 92명, 50대 104명, 60대이상 68명)였으며 체질량지수는 23.8±3.3이었다. ADAM설문에서 양성에 해당하는 군과 아닌 군을 비교한 결과는 표1과 같다.

〔표1〕

	n	나이	BMI(Kg/m2)	TT(ng/dl)	SHBG(nmol/l)	FAI
ADAM(+)	183	53.46*	23.7	526	57.9*	33.6*
ADAM(-)	81	48.8	24.1	510	50.5	38.2

*p<0.05

FAI를 기준으로 나눈 3군간에(1군:FAI<28.6,2군:28.6≤FAI<37.4,3군:FAI≥37.4) 나이가 많을수록 FAI가 낮은 군에 속했고(p=0.01) 또한 설문지의 10개항에서 양성인 것을 총점으로 할 때에도 FAI가 낮은 군에서 총점이 컸다.(1군 및 2군 vs. 3군, 3.55 vs 2.56, p=0.001) 또한 ADAM설문지의 10개 문항에 대한 유효성 평가는 각각 3군을 중심으로 분석하였고 유효성에 있어서는 성기능과 관련된 2개문항과 신장감소와 농률저하에 관한 2개문항에서 통계학적으로 의미있게 FAI가 낮을수록 채택되는 경향이 높았다.

결론: ADAM은 남성호르몬 부족으로 인한 전반적인 삶의 질 저하 및 골다공증, 비만 등의 만성적인 영향을 주는 중요한 질환임에도 불구하고 아직까지 진단하는 명확한 기준은 세워져 있지는 않다. 그러나, 본 연구 결과 임상적으로는 외래에서 손쉽게 시행할 수 있는 ADAM 설문지로, 또 생화학적으로는 통상 쓰는 TT는 SHBG농도 변화에 따른 차이를 보일 수 있는 데 반해 FT를 반영하는 FAI로 ADAM을 진단하는 데 유용함을 알 수 있었다.

— 116 —

에스트로겐 대사에 관여하는 Cytochrome P450 3A4 유전자내 SNPs의 Zip-Code Olinucleotide Microarray Chip을 이용한 검색

강영순 · 한기옥[1] · 황창선 · 문인걸 · 임창훈[1] · 정호연[1] · 장학철[1] · 윤현구[1] · 한인권[1]
성균관 대학교 의과대학 삼성제일병원 내분비연구실 , 내과[1]

인체내에서 생성되거나 외부에서 투여된 estradiol은 hydroxylation과정을 거쳐서 체내 대사된다. Estradiol hydroxylation의 80%는 Cytochrome P450 3A4가 관여함이 보고되고 있으며, Cytochrome P450 3A4의 효소 활성도는 개인차가 큰 것으로 보고되고 있다. 효소 활성도의 차이는 Cytochrome P450 3A4 유전자 내에 존재하는 SNPs와 연관성이 있다고 보고되고 있다. 따라서 저자 등은 Cytochrome P450 3A4 유전자 내에 존재하는 현재까지 밝혀진 총 22개의 SNPs를 효율적으로 조사하기 위한 방법으로, 결핵균의 유전체 염기서열 일부를 응용한 Zip-Code olinucleotide Microarray chip을 개발하였다. 저자등이 개발한 Zip-Code olinucleotide Microarray chip의 장점은 동시에 다수의 SNPs에 대한 검출이 가능하며, Cytochrome P450 3A4 유전자 내의 SNPs의 판독에 이용한 결과 민감도와 특이도가 매우 높은 것으로 나타나서, Cytochrome P450 3A4 유전자 내에 존재하는 SNPs를 판독하는데 있어 Zip-Code olinucleotide Microarray chip이 유용하게 사용될 수 있을 것으로 사료된다.