

乳がんの個別・迅速診断技術が開発された

◆乳がん患者の個別医療に役立つ遺伝子データベースが構築された

2018年10月、理化学研究所をはじめとする研究グループは、日本人の遺伝性乳がんの病的バリエーションデータベースを構築したと発表した。病的バリエーションとは、疾患発症の原因となるDNAの配列の個人の間の違いをいう。

乳がんには、11個の原因遺伝子があることが知られている。これらの遺伝子の病的バリエーションについては、すでに米国国立生物工学情報センターが提供するClinVarなどのデータベースがあるが、病的バリエーションは人種によって大きく異なるため、日本人独自のデータベース構築が必要であった。

研究グループは、11の原因遺伝子について、日本人の乳がん患者群7,051人および対照群11,241人のDNAを解析した。その結果、244個の病的バリエーションを同定するとともに、日本人に多い病的バリエーション、遺伝子ごとの乳がんのリスク、病的バリエーションを持つ人の臨床的特徴などを明らかにした。

今後は、日本の乳がん患者一人一人に合った治療を行うことができるように、このデータベースをどのように活用するかが重要となる。

◆乳がん手術を適切に迅速に行うための診断法が開発された

理化学研究所らの研究グループは、新しい手術中のがん診断技術を開発したと2018年11月に発表した。研究グループは、これまで、がん細胞ではアクロレインという物質が多量に発生していること、アクロレインは蛍光基を持つアジドプローブと有機合成反応し、細胞を1細胞単位で蛍光標識できることを明らかにしてきた。

現在、手術中の検査には、病理学的診断が利用されているが、1回の検査に40分程度かかっている。また、病理医の数が非常に少ないことも問題となっている。

今回、研究グループは、乳がんの手術中に摘出した組織でこの有機合成反応を行うことにより、5分で97%の高感度でがん細胞の有無を判別し、さらにさまざまな種類の乳がんを識別することに成功した。今後、乳がんの切除範囲を迅速・簡易・安価に判断する診断技術として活用されることが期待できる。 【松村晴雄】