

がんリスク 遺伝子で予測

乳房・卵巣・前立腺

英ケンブリッジ大などの国際チームは、ヒトの設計図に当たる全遺伝情報(ゲノム)から、乳房、卵巣、前立腺のがんになるリスクを予測できる遺伝子配列のわずかな違い(SNP)を特定した。「リスクが高い」とわかった人には頻繁にがん検診の受診を勧めるなど、早期発見や予防に生かす狙いだ。

27日付米科学誌ネイチャー・ジェネティクス(電子版)に発表された論文によると、欧州を中心とする34カ国のチームは、がん患者と健康な人10万人ずつのゲノムを調べ、乳がんでは41カ所、卵巣がんでは8カ所、前立腺がんでは26カ所、がんになるリスクを高める配列の違いが起きる場所があることを確かめた。

がんのリスクを高める配列の違いはこれまでも見つかっているが、がんが多い特定の家系に特有のものなどが多

配列の違い特定 健診導入に道

い。今回見つかった配列の違いは、生まれつきの比較的ありふれたもので、1カ所だけ見ると高まるリスクは数%程度。しかし、複数が組み合わさるとリスクは最高で4・7倍まで増加していた。

欧米人の結果をまとめた研究だが、アジア人でも、乳がんでは、そのうちの半分ほどは同様の配列の違いが確認されているという。

これらの配列の違いは血液検査で調べられ、費用は急激に下がっている。将来、健康診断の一部に導入すれば、がんリスクの高い人を見つけて、がん検診の受診や生活習慣の改善を勧めたりできる。

日本から研究に参加した愛知県がんセンターの松尾恵太郎・分子疫学部長は「さらに研究を進めて、配列の違いが起きる場所をより多く見つけていけば、自分の遺伝情報が持つリスクを知って予防に生かすことができるようになる」と話す。(月舘彰子)