

# 発明の名称:乳癌サブタイプの検出方法

## 利用・用途・応用分野

乳癌サブタイプを検出する方法、及び有効な薬剤の選定法

### 目的・課題

乳癌患者に対して有効な治療を行うための乳癌サブタイプを検出する方法を提供すること、および該乳癌サブタイプに有効な医薬を提供する。

### 解決ポイント

乳癌患者の細胞組織を材料として、アレイCGH(aCGH)法により、特定染色体領域のDNAコピー数の増減を検出し、免疫組織化学的手法で確認したER及びPgRの発現状態やHER2遺伝子の発現状態との関連から予後不良タイプの乳癌で特徴的に異常を示す染色体領域を見出し本発明を完成させた。

### 研究概要・アピールポイント

乳癌への抗癌剤の有効性を左右するホルモンレセプターは、エストロゲンレセプター(ER)及びプロゲステロンレセプター(PgR)である。各ホルモンレセプター状態の乳癌組織にて、初めに染色体DNAコピー数の増減を測定することにより各ホルモンレセプターの状態を推定し、乳癌のサブタイプを検出する。乳癌は遺伝型—表現型の関係が研究され、感度良く検査される。染色体DNAコピー数の異常は染色体上の遺伝子の異常も推定できる。乳癌サブクラスを検出法により分子標的治療薬のトラスツズマブでは効果のない乳癌患者を見出すことができ、サブクラスに効果的な治療ができる。PgR-, PgR-, かつHER2遺伝子発現増幅が陰性である乳癌サブタイプの乳癌患者には、IFN $\gamma$ を含む医薬品は効果的と推定される。

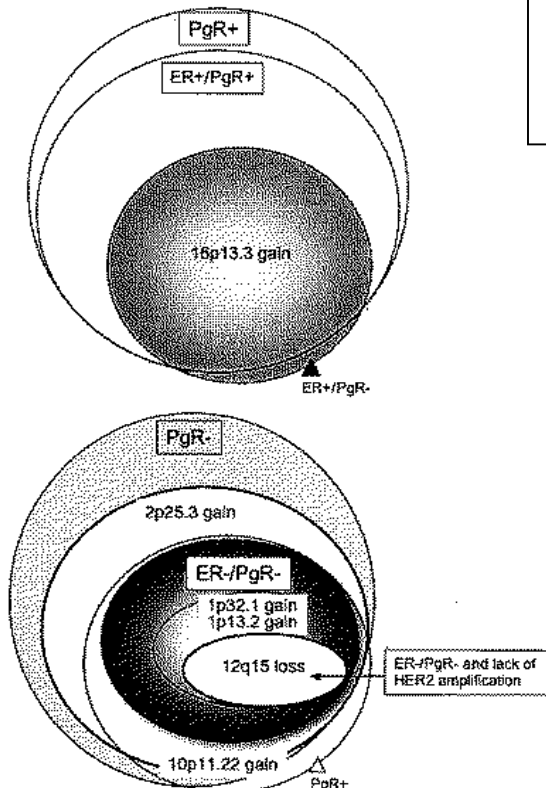


図: 特定領域のDNAコピー数多型に基づく、PgR+, PgR-それぞれのサブタイプ分類 gain, loss はDNAのコピー数の増加、減少を示す。

◆ お問い合わせ先 ◆

有限会社山口ティール・エル・オー TEL: 0836-22-9768 E-mail: tlojim@yamaguchi-u.ac.jp