

# 発明の名称:大腸癌の予後予測方法

利用・用途・応用分野

無料開放特許

大腸癌の診断、予後の予測

目的・課題

近年、特定の遺伝子のメチル化や発現の増大／減少に着目して癌の診断や予測をする技術が開発されてきたが、既存の腫瘍マーカー検出による精度を凌駕するものはなく、また癌の予後を適切に予測できるものではない。特に大腸癌の予後を特異的に予測可能な手法の開発が望まれている。

大腸癌の予後・進展と高い相関を持つ遺伝子発現の増大を指標とする大腸癌の予後の予測方法を開発する。

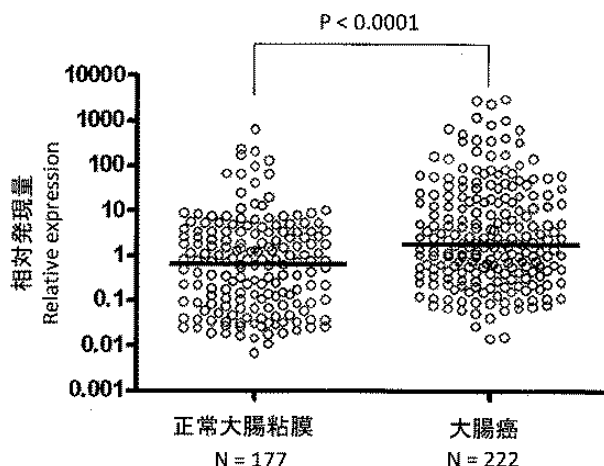
解決ポイント

大腸癌の予後が予測でき、かつ癌組織だけではなく癌周辺組織でも発現の変動があるマーカー遺伝子の探索を進めてきた。その結果、TWIST1遺伝子及び／またはEZH2遺伝子が大腸癌の予後予測マーカーとして目的に適合した性質を有することを見出した。

研究概要・アピールポイント

本大腸癌の予後予測方法を利用することで、同一人の正常大腸粘膜と腫瘍におけるTWIST1遺伝子及び／またはEZH2遺伝子の発現を比較し、予後を正確に予測することが可能となる。本発明のマーカーは、癌患者の癌組織そのものだけでなく正常組織においても予後の予測に利用可能という点が特質であり、癌切除後の検査でも予後を予測するという点でこれまでのマーカーには無い利点である。発現量の検出は、常法であるTaqman法(Roche Diagnostics, CH)で、TWIST1遺伝子及び／またはEZH2遺伝子の発現を正常大腸粘膜と腫瘍組織とを対象にして行うので、簡便、安価で再現性に優れた大腸癌診断を小さな施設でも行うことが可能となる。

図1:大腸癌患者の正常大腸粘膜と大腸癌組織におけるTWIST1遺伝子の発現量比較



◆ 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