メタボローム解析に基づく がんの診断法の開発

慶應義塾大学 環境情報学部 教授

曽我朋義

研究の背景

日本においては死因の第一位を30年以上がんが独占し ており、がんで死亡する国民の数は増加の一途をたどって います。現在、国民の二人に一人ががんにかかり、三人に 一人ががんで亡くなっています。これまで世界中の研究者 ががん克服のために様々な研究を行ってきましたが、ほとん ど全てのがんに対して、有効な抗がん剤の開発や治療法の 確立は未だに成功しておりません。したがって現時点では、 手遅れになる前の早期の段階でがんを発見し、いち早く治 療することが最も有効な対策であり、がんに罹かったことを 示すがんマーカーの探索が世界中で精力的に行われてい ます。

研究の成果

がんは細胞の病気であり、遺伝子の働きが狂うことによっ て正常細胞ががん細胞に変化します。そしてがん細胞に存 在する幾つかの物質は、正常細胞と比べると変化していま す。私たちは、細胞内に数千種類存在する低分子代謝物 (代謝物の総称をメタボロームと呼ぶ)が、正か負に帯電し たイオンであることに着目し、これらのイオン性代謝物を一斉 に測定できる分析法(CE-MS法)を世界に先駆けて開発

しました。この方法を用いて健常者とがん患者の血液、尿、 唾液の代謝物を一斉分析し、がん患者にのみに変動する 代謝物を探索しました。その結果、肝細胞がん患者では、血 液中のg-グルタミルジペプチド類が増加すること、また膵臓 がん、乳がん、口腔がん患者では、唾液中の幾つかの代謝 物が変動することを発見しました。

今後の展望

今回発見した代謝物マーカーの濃度を測定することによ り肝細胞がん、膵がん、乳がん、口腔がん患者を高い精度 で診断できることがわかりました。今後は早期の段階のがん の患者でも、これらの代謝物マーカーで診断が可能か検証 する予定です。さらにこの方法を他のがん腫にも応用して新 規のがんマーカーを発見し、血液や唾液測定だけで各種の がんを早期かつ簡便に発見できる診断法を開発したいと考 えています。

関連する科研費

平成22-26年度 新学術領域研究(研究領域提案型) 『システムがん』「メタボローム解析に基づくがんの代謝の 理解、診断法の開発



メタボローム測定を可能にしたCE-MS装置

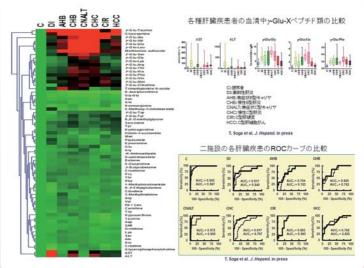


図2 各種の肝疾患患者の血液のメタボローム測定結果 健常者(C)に比べ肝臓疾患でg-グルタミルジペプチド類が増加(赤で示す)。 幾つかのg-グルタミルジペプチドを用いると肝細胞がん(HCC)を含む7種類 の肝疾患を高精度で診断できる。

(記事制作協力:日本科学未来館科学コミュニケーター 五十嵐海央)