

## 特別講演

企画 包括的がん治療談話会（乳腺腫瘍科担当）・後援 埼玉医科大学卒後教育部門

平成17年11月13日 於 埼玉医科大学第四講堂

## 「乳癌の病理診断と遺伝子・染色体異常」について

津田 均

(防衛医科大学校 第二病理)

近年わが国の乳癌患者の増加に伴い、検査室における乳腺病理診断の重要性が強調されている。良悪性の診断もさる事ながら、癌の悪性度診断も重要である。病理学的異型度(グレード)は乳癌細胞の悪性度を表す1つの指標であるが、同じ乳癌でもグレードの低い癌と高い癌では臨床的ふるまいもずいぶん異なっている。一方グレードの低い癌には高頻度に見られる分子変化は少なく、第16染色体長腕欠失や第1染色体長腕過剰など限られている。臨床医として知っておかなければならない情報であり、乳腺腫瘍科の卒前教育では十分に講義できなかった事項である。そのほか、リンパ節転移、組織型、静脈浸潤、リンパ管浸潤などが悪性度の指標として注目されている。そのほか最近の癌の自然史の研究では、癌細胞の悪性度は浸潤癌になる前の非浸潤癌の状態でおおまかに決定されているようである。

乳癌の組織像は密接に遺伝子、染色体変化と関連し、グレードの高い癌にHER-2遺伝子増幅、p53変異など多くの分子変化が蓄積している。HER-2遺伝子増幅の検査法は免疫組織学的方法が保険適応を受けている。そのほかFISH,CISH法などがあるが、カットオフ値などの設定に大きく左右される。p53については臨床応用されていない。現在、埼玉医科大学においても乳腺腫瘍科と病理との共同研究を行い、Aurora-A遺伝子異常について検索中であるが、BRCA1, BRCA2などの異常に加えて、インテグリン、VEGFRなどの発現も重要とされる。また、最近では北米においてOncotype DXと呼ばれるRT-PCR法を用いた遺伝子検索で予後と治療予測を行う研究が進んでいる。埼玉医科大学においても癌の遺伝子情報を用いた新しい治療法の開発をおこなっている。

(文責 佐伯俊昭)