



医療機関名	てすと
検査ID番号	GD00000001
患者名	様
生年月日	年 月 日
性別	男性 女性

作成日：2015年11月4日

検査機関：ジェネシス遺伝学研究所

お問い合わせ先電話番号：0438 - 38 - 6416

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素	
胃がん	PLCE1 10	2274223	AA	AG	GG	1.00	生体膜の主要成分であるリン脂質を加水分解する酵素の一つ、ホスホリパーゼCエプシロン1 (PLCE1) という蛋白質をコードする遺伝子です。細胞内で情報伝達をする機能があり、胃がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-	
			60%	36%	4%				
			1.00	1.34	1.80				
	PSCA 8	2294008	CC	CT	TT	1.00			前立腺幹細胞抗原 (PSCA) という蛋白質をコードする遺伝子です。胃粘膜上皮細胞の増殖をコントロールする機能があり、スキルス胃がんの発症リスクに関与すると考えられています。
			13%	50%	37%				
			1.00	1.31	1.72				
大腸がん	C11orf92 11	3802842	AA	AC	CC	1.16	大腸がんに関連する機能未知の蛋白質をコードします。大腸がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-	
			44%	49%	7%				
			1.00	1.11	1.23				
	15q13 15	4779584	CC	CT	TT	1.00			染色体15番目の長腕15q13という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。大腸がんの発症リスクに関与すると考えられています。
			4%	33%	63%				
			1.00	1.12	1.25				
	8q24(rs6983267) 8	6983267	TT	TG	GG	1.00	染色体8番目の長腕8q24という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。大腸がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
			51%	40%	9%				
			1.00	1.18	1.39				
	SMAD7 18	4939827	CC	CT	TT	1.00		SMAD7という蛋白質をコードする遺伝子です。細胞の分化・増殖をコントロールするTGF-シグナル伝達を担う機能があり、大腸がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			71%	24%	5%				
			1.00	1.12	1.25				
10p14 10	10795668	GG	GA	AA	1.00	染色体10番目の短腕10p14という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。大腸がんの発症リスクに関与すると考えられています。			
		37%	49%	14%					
		1.00	1.12	1.25					
20p12 20	961253	CC	CA	AA	1.00		染色体20番目の短腕20p12という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。大腸がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
		66%	31%	3%					
		1.00	1.12	1.25					

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素		
大腸がん	14q22 14	4444235	TT	TC	CC	1.16	染色体14番目の長腕14q22という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。大腸がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-		
			25%	40%	35%					
			1.00	1.12	1.25					
	8q23 8	16892766	CC	CA	AA	1.16			染色体8番目の長腕8q23という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。大腸がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			0%	0%	100%					
			1.00	1.27	1.61					
肺がん	AGPHD1 15	8034191	TT	TC	CC	1.14	コラーゲンの構成要素であるヒドロキシリジンをリン酸化する酵素の一つ、AGPHD1という蛋白質をコードする遺伝子です。コラーゲン繊維の生成を担う機能があり、肺がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-		
			98%	2%	0%					
			1.00	1.23	1.51					
	CHRNA3 15	1051730	CC	CT	TT	1.14			CHRNA3という蛋白質をコードする遺伝子です。ニコチン性アセチルコリン受容体の一つで、肺がんの発症リスクに関与する考えられています。	
			98%	2%	0%					
			1.00	1.33	1.77					
	CLPTM1L 5	401681	CC	CT	TT	1.14	CLPTM1Lという蛋白質をコードする遺伝子です。口腔顎顔面の発生やアポトーシスを担う機能があり、膀胱がんの発症リスクに関与する考えられています。			
			40%	52%	8%					
			1.00	1.19	1.42					
	膵臓がん	CLPTM1L 5	401681	CC	CT	TT		1.94	CLPTM1Lという蛋白質をコードする遺伝子です。口腔顎顔面の発生やアポトーシスを担う機能があり、膀胱がんの発症リスクに関与する考えられています。	-
				40%	52%	8%				
				1.00	1.90	3.61				
NR5A2 1		3790844	CC	CT	TT	1.94	NR5A2という蛋白質をコードする遺伝子です。核内受容体的一种で、細胞核内での転写調節機能があり、膵臓がんに関与する考えられています。			
			44%	42%	14%					
			1.00	1.30	1.69					
13q22 13		9543325	TT	TC	CC	1.94		染色体13番目の長腕13q22という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在する考えられています。膵臓がんの発症リスクに関与する考えられています。		
			39%	38%	23%					
			1.00	1.26	1.59					

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素	
膵臓がん	ABO 9	657152	GG	GT	TT	1.94	ABO血液型を決定する遺伝子領域に存在し、膵臓がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-	
			33%	58%	9%				
			1.00	1.58	2.50				
食道がん	PLCE1 10	2274223	AA	AG	GG	1.00	生体膜の主要成分であるリン脂質を加水分解する酵素の一つ、ホスホリパーゼCエプシロン1 (PLCE1) という蛋白質をコードする遺伝子です。細胞内で情報伝達をする機能があり、胃がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-	
			60%	36%	4%				
			1.00	1.34	1.80				
	HECTD4 12	2074356		CC	CT	TT		HECTD4Lという蛋白質をコードする遺伝子です。機能は未知ですが、食道がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
				61%	35%	4%			
				1.00	1.56	2.43			
	ADH7 4	1573496		GG	GC	CC		アルコール脱水素酵素の一つ、クラスIVアルコール脱水素酵素7のμあるいは とよばれるサブユニットという蛋白質をコードする遺伝子です。アルコール基をもつ化合物の代謝機能があり、食道がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
				0%	0%	100%			
				0.68	0.68	1.00			
慢性リンパ性白血病	15q23 15	7176508	GG	GA	AA	1.14	染色体15番目の長腕15q23という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。慢性リンパ性白血病の発症リスクに関与すると考えられています。	-	
			55%	37%	8%				
			1.00	1.42	2.02				
	ACOXL 2	17483466		AA	AG	GG		ACOXLという蛋白質をコードする遺伝子です。機能は不明ですが、慢性リンパ性白血病の発症リスクに関与すると考えられています。	
				100%	0%	0%			
				1.00	1.43	2.04			
	GRAMD1 B 11	735665		GG	GA	AA		GRAMD1Bという蛋白質をコードする遺伝子です。機能は不明ですが、慢性リンパ性白血病の発症リスクに関与すると考えられています。	
				99%	1%	0%			
				1.00	1.52	2.31			
	IRF4(rs872071) 6	872071		AA	AG	GG		IRF4という蛋白質をコードする遺伝子です。転写因子の一つで、B細胞の形質細胞への分化誘導機能・抗体の選別機能を担い、慢性リンパ性白血病の発症リスクに関与すると考えられています。	
				45%	49%	6%			
				1.00	1.47	2.16			

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素	
慢性リンパ性白血病	PRKD2 19	11083846	GG	GA	AA	1.14	PRKD2という蛋白質をコードする遺伝子です。蛋白質をリン酸化するプロテインキナーゼDで、細胞内の情報伝達機能があり、慢性リンパ性白血病の発症リスクに関与すると考えられています。 SP110という蛋白質をコードする遺伝子です。転写因子の一つで、白血球に特異的な核小体構成要素を指令する機能があり、慢性リンパ性白血病の発症リスクに関与すると考えられています。 染色体8番目の長腕8q24という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。 FARP2という蛋白質をコードする遺伝子です。機能は不明ですが、慢性リンパ性白血病の発症リスクに関与すると考えられています。	-	
			100%	0%	0%				
			1.00	1.35	1.82				
	SP110 2	13397985	TT	TG	GG	1.14			
				100%	0%				0%
				1.00	1.39				1.93
	8q24(rs2456449) 8	2456449	AA	AG	GG	1.14			
				33%	57%				10%
				1.00	1.26				1.59
	FARP2 2	757978	GG	GA	AA	1.14			
				86%	13%				1%
				1.00	1.46				2.13
濾胞性リンパ腫	HLA-DQB1 6	10484561	TT	TG	GG	1.58	HLA-DQB1という蛋白質をコードする遺伝子です。HLA (Human Leukocyte Antigen = ヒト白血球抗原) の一つで、組織適合性抗原(ヒトの免疫に関わる重要な分子)として機能し、濾胞性リンパ腫の発症リスクに関与すると考えられています。 C6orf15という蛋白質をコードする遺伝子です。機能は不明ですが、HLA (Human Leukocyte Antigen = ヒト白血球抗原) の近傍に存在し、濾胞性リンパ腫の発症リスクに関与すると考えられています。	-	
				88%	12%				0%
				1.00	1.95				3.80
	C6orf15 6	6457327	AA	AC	CC	1.58			
				13%	49%				38%
				1.00	1.47				2.16
ホジキンリンパ腫	MICB 6	2248462	GG	GA	AA	1.31	MICBという蛋白質をコードする遺伝子です。主要組織適合抗原(MHC)に対して、非古典的な組織適合抗原と呼ばれ、がんあるいはウイルス感染に対する免疫応答を担う機能があり、ホジキンリンパ腫の発症リスクに関与すると考えられています。 RELという蛋白質をコードする遺伝子です。免疫反応において中心的役割を果たす転写因子の一つであるNF- κ Bのシグナル伝達を担う機能があり、ホジキンリンパ腫の発症リスクに関与すると考えられています。	-	
				69%	29%				2%
				1.00	1.64				2.69
	REL 2	1432295	AA	AG	GG	1.31			
				93%	7%				0%
				1.00	1.22				1.49

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素
ホジキンリンパ腫	HLA-DRA 6	6903608	TT	TC	CC	1.31	HLA-DRAという蛋白質をコードする遺伝子です。HLA (Human Leukocyte Antigen = ヒト白血球抗原) の一つで、組織適合性抗原(ヒトの免疫に関わる重要な分子)として機能し、ホジキンリンパ腫の発症リスクに関与すると考えられています。	-
			60%	34%	6%			
			1.00	1.70	2.89			
	PVT1 8	2019960	TT	TC	CC	1.31	PVT1は蛋白質をコードせず、RNAのみコードする遺伝子です。がん遺伝子の一種で、細胞の増殖を活性化するMYC蛋白質の制御機能があり、ホジキンリンパ腫の発症リスクに関与すると考えられています。	
			73%	26%	1%			
			1.00	1.33	1.77			
	HLA-A 6	2734986	AA	AG	GG	1.31	HLA-Aという蛋白質をコードする遺伝子です。HLA (Human Leukocyte Antigen = ヒト白血球抗原) の一つで、組織適合性抗原(ヒトの免疫に関わる重要な分子)として機能し、ホジキンリンパ腫の発症リスクに関与すると考えられています。	
			99%	1%	0%			
			1.00	2.45	6.00			
	HCG9 6	6904029	AA	AG	GG	1.31	HCG9は蛋白質をコードせず、RNAのみコードする遺伝子です。機能は不明ですが、ホジキンリンパ腫の発症リスクに関与すると考えられています。	
			7%	34%	59%			
			1.00	2.17	4.71			
膀胱がん	PSCA 8	2294008	CC	CT	TT	1.12	前立腺幹細胞抗原 (PSCA) という蛋白質をコードする遺伝子です。胃粘膜上皮細胞の増殖をコントロールする機能があり、スキルス胃がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			13%	50%	37%			
			1.00	1.13	1.28			
	CLPTM1L 5	401681	TT	CT	CC	1.12	CLPTM1Lという蛋白質をコードする遺伝子です。口腔顎顔面の発生やアポトーシスを担う機能があり、膀胱がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			8%	52%	40%			
			1.00	1.11	1.23			
	TACC3 4	798766	CC	CT	TT	1.12	TACC3という蛋白質をコードする遺伝子です。機能は不明ですが、膀胱がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			71%	24%	5%			
			1.00	1.20	1.44			
	SLC14A1 18	1058396	AA	AG	GG	1.12	SLC14A1という蛋白質をコードする遺伝子です。細胞内外の物質輸送に関わるトランスポーターの一つで、尿素の輸送機能があり、膀胱がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			29%	54%	17%			
			1.00	1.16	1.35			

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素	
膀胱がん	CBX6 22	1014971	GG	GA	AA	1.12	CBX6という蛋白質をコードする遺伝子です。機能は不明ですが、膀胱がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-	
			36%	51%	13%				
			1.00	1.18	1.39				
	CCNE1 19	8102137	TT	TC	CC	1.12			CCNE1という蛋白質をコードする遺伝子です。細胞周期に応じて発現量が変動し、細胞増殖を進行させる機能があるサイクリン蛋白質の一つで、膀胱がんの発症リスクに関与すると考えられています。
			85%	14%	1%				
			1.00	1.13	1.28				
	NAT2 8	1495741	GG	GA	AA	1.12			薬物代謝酵素の一つ、N - アセチルトランスフェラーゼ2 (NAT2) という蛋白質をコードする遺伝子です。様々な物質を代謝する機能があり、膀胱がんの発症リスクに関与すると考えられています。
			41%	41%	18%				
			1.00	1.15	1.32				
	MYC 8	9642880	GG	GT	TT	1.12			MYCという蛋白質をコードする遺伝子です。がん遺伝子の一種で、細胞の増殖を活性化する機能があり、膀胱がんの発症リスクに関与すると考えられています。
			53%	33%	14%				
			1.00	1.21	1.46				
TP63 3	710521	GG	GA	AA	1.12	p63という蛋白質をコードする遺伝子です。がん抑制遺伝子の一種で、細胞の増殖・分化・アポトーシス・DNA修復をコントロールする機能があり、膀胱がんの発症リスクに関与すると考えられています。			
		6%	37%	57%					
		1.00	1.18	1.39					
口腔咽頭がん	ADH7 4	1573496	GG	GC	CC	1.00	アルコール脱水素酵素の一つ、クラスIVアルコール脱水素酵素7のμあるいは とよばれるサブユニットという蛋白質をコードする遺伝子です。アルコール基をもつ化合物の代謝機能があり、食道がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-	
			0%	0%	100%				
			0.68	0.68	1.00				
乳がん	FGFR2(rs1219648) 10	1219648	AA	AG	GG	1.03	FGFRという蛋白質をコードする遺伝子です。細胞増殖・分化を制御する受容体の一つで、乳がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-	
			46%	46%	8%				
			1.00	1.21	1.46				
	CASC16 16	3803662	CC	CT	TT	1.03			機能未知の遺伝子で、蛋白質はコードしません。がん感受性候補16 (CASC16) と呼ばれ、乳がんの発症リスクに関与すると考えられています。
			18%	45%	37%				
			1.00	1.18	1.39				

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素
乳がん	2q35 2	13387042	GG	GA	AA	1.03	染色体2番目の長腕2q35という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。乳がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			79%	19%	2%			
			1.00	1.12	1.25			
	CASP8 2	1045485	CC	CG	GG		CASP8という蛋白質をコードする遺伝子です。アポトーシスを起こす中心的役割を果たすカスパーゼの一つで、乳がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			100%	0%	0%			
			0.74	0.89	1.00			
	COX11 17	7222197	AA	AG	GG		呼吸酵素の一つ、シトクロムc酸化酵素11 (COX11) という蛋白質をコードする遺伝子です。ミトコンドリアでエネルギーを産生する機能があり、乳がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			2%	7%	91%			
			1.00	1.04	1.08			
	6q25 6	9485370	TT	TG	GG		染色体6番目の長腕6q25という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。乳がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			20%	50%	30%			
			1.00	1.10	1.21			
COMT 22	4680	AA	AG	GG		カテコールアミン類を分解する酵素の一つ、カテコール-O-メチルトランスフェラーゼ (COMT) という蛋白質をコードする遺伝子です。神経伝達物質 (ドーパミン、アドレナリンおよびノルアドレナリン) を不活化する機能があり、乳がんの発症リスクに関与する考えられています。		
		4%	38%	58%				
		0.89	1.00	1.00				
SLC4A7 3	4973768	CC	CT	TT		SLC4A7という蛋白質をコードする遺伝子です。細胞内外の物質輸送に関わるトランスポーターの一つで、重炭酸イオンを細胞に取り込みpHを調節する機能があり、乳がんの発症リスクに関与する考えられています。		
		68%	27%	5%				
		1.00	1.16	1.35				
ESR1 6	6900157	TT	TC	CC		ESR1という蛋白質をコードする遺伝子です。女性ホルモンのエストロゲン受容体 (ESR) の一つで、乳がんの発症リスクに関与する考えられています。		
		51%	37%	12%				
		1.00	1.15	1.32				
FGFR2(rs2981582) 10	2981582	CC	CT	TT		FGFRという蛋白質をコードする遺伝子です。細胞増殖・分化を制御する受容体の一つで、乳がんの発症リスクに関与する考えられています。		
		58%	37%	5%				
		1.00	1.32	1.74				

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素	
乳がん	MAP3K1 5	889312	AA	AC	CC	1.03	MAP3K1という蛋白質をコードする遺伝子です。MAPKシグナル伝達を介して細胞内で情報伝達をする機能があり、乳がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
			13%	64%	23%				
			1.00	1.13	1.28				
子宮がん	TP53 17	1042522	GG	GC	CC	1.25	p53という蛋白質をコードする遺伝子です。がん抑制遺伝子の一種で、細胞の増殖・分化・アポトーシス・DNA修復をコントロールする機能があり、子宮がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
			41%	36%	23%				
			1.00	1.25	1.25				
前立腺がん	8q24(rs6983267) 8	6983267	TT	TG	GG	1.15	染色体8番目の長腕8q24という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。大腸がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
			51%	40%	9%				
			1.00	1.18	1.39				
	CLPTM1L 5	401681	TT	CT	CC		CLPTM1Lという蛋白質をコードする遺伝子です。口腔顎顔面の発生やアポトーシスを担う機能があり、膀胱がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
				8%	52%				40%
				1.00	1.06				1.12
	ITGA6 2	12621278	AA	AG	GG		ITGA6という蛋白質をコードする遺伝子です。細胞接着分子であるインテグリンの一つで、前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
				64%	29%				7%
				1.00	1.33				1.77
	PDLIM5 4	17021918	CC	CT	TT		PDLIM5という蛋白質をコードする遺伝子です。心筋細胞の発達・神経伝達を行うシナプスの発達を担う機能があり、前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
				38%	49%				13%
				1.00	1.11				1.23
11p15 11	7127900	GG	GA	AA		染色体11番目の短腕11p15という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。			
			81%	17%				2%	
			1.00	1.22				1.49	
17q24 17	1859962	TT	TG	GG		染色体17番目の長腕17q24という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。			
			54%	44%				2%	
			1.00	1.16				1.35	

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素						
前立腺がん	19q13 19	8102476	TT	TC	CC	1.15	染色体19番目の長腕19q13という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-						
			33%	52%	15%									
			1.00	1.12	1.25									
	8p21 8	1512268	GG	GA	AA	1.15			染色体8番目の短腕8p21という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-				
			43%	40%	17%									
			1.00	1.35	1.82									
	8q24(rs10505483) 8	10505483	GG	GA	AA	1.15					染色体8番目の長腕8q24という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-		
			67%	33%	0%									
			1.00	1.73	2.99									
	8q24(rs1447295) 8	1447295	CC	CA	AA	1.15							染色体8番目の長腕8q24という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-
			64%	31%	5%									
			1.00	1.39	1.93									
JAZF1 7	10486567	AA	GA	GG	1.15	JAZF1という蛋白質をコードする遺伝子です。転写因子の一つで、前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-							
		81%	16%	3%										
		1.00	1.12	1.25										
MSMB 10	10993994	CC	CT	TT	1.15			MSMBという蛋白質をコードする遺伝子です。卵巣刺激ホルモン（FSH）の分泌量を調整するインヒビンと似たような機能があり、前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-					
		36%	45%	19%										
		1.00	1.50	2.25										
HNF1B 17	4430796	GG	GA	AA	1.15					HNF1Bという蛋白質をコードする遺伝子です。腎臓・膵臓の発生を担う機能があり、前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-			
		16%	40%	44%										
		1.00	1.17	1.37										
11q13 11	10896449	AA	AG	GG	1.15							染色体11番目の長腕11q13という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-	
		94%	6%	0%										
		1.00	1.10	1.21										

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素
前立腺がん	22q13 22	5759167	GG	GT	TT	1.15	染色体22番目の長腕22q13という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-
			33%	51%	16%			
			1.00	1.16	1.35			
	2q31 2	10207654	GG	GA	AA	1.15	染色体22番目の長腕2q31という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			7%	29%	64%			
			1.00	1.33	1.77			
	3p12 3	2660753	CC	CT	TT	1.15	染色体3番目の短腕3p12という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			55%	42%	3%			
			1.00	1.18	1.39			
	3q21 3	10934853	CC	CA	AA	1.15	染色体3番目の長腕3q21という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			22%	52%	26%			
			1.00	1.12	1.25			
4q24 4	7679673	CC	CA	AA	1.15	染色体4番目の長腕4q24という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
		2%	27%	71%				
		1.00	1.10	1.21				
8q24(rs16902104) 8	16902104	CC	CT	TT	1.15	染色体8番目の長腕8q24という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
		62%	33%	5%				
		1.00	1.21	1.46				
8q24(rs620861) 8	620861	TT	TC	CC	1.15	染色体8番目の長腕8q24という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
		17%	57%	26%				
		1.00	1.16	1.35				
8q24(rs10086908) 8	10086908	CC	CT	TT	1.15	染色体8番目の長腕8q24という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
		4%	41%	55%				
		1.00	1.13	1.28				

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素	
前立腺がん	EHBP1 2	2710646	CC	CA	AA	1.15	EHBP1という蛋白質をコードする遺伝子です。エンドサイトーシス（細胞が細胞外の物質を取り込む過程の1つ）を担う機能があり、前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-	
			91%	9%	0%				
			1.00	1.13	1.28				
	KLK3 19	2735839	AA	AG	GG	1.15	血圧降下に関するタンパク質分解酵素の一つ、カリクレイン3（KLK3）という蛋白質をコードする遺伝子です。臨床検査では前立腺特異抗原（PSA）として前立腺がんの検査に用いられています。前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
				20%	42%				38%
				1.00	1.20				1.44
	LMTK2 7	6465657	CC	CT	TT	1.15	LMTK2という蛋白質をコードする遺伝子です。チロシンキナーゼの一つで、NGF-TrkAシグナル伝達や他の細胞増殖シグナル伝達を担う機能があり、前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
				84%	16%				0%
				1.00	1.12				1.25
	NUDT11 X	5945572	GG	GA	AA	1.15	ポリリン酸を加水分解する酵素の一つ、NUDT11という蛋白質をコードする遺伝子です。選択的にイノシトール二リン酸を加水分解する機能があり、前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
				87%	9%				4%
				1.00	1.23				1.51
SLC22A3 6	9364554	CC	CT	TT	1.15	SLC22A3という蛋白質をコードする遺伝子です。細胞内外の物質輸送に関わるトランスポーターの一つで、有機イオンの輸送機能があり、前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。			
			48%	40%			12%		
			1.00	1.17			1.37		
卵巣がん	HOXD-AS1 2	2072590	GG	GT	TT	1.17	機能未知の遺伝子で、蛋白質はコードしません。卵巣がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
			65%	34%	1%				
			1.00	1.13	1.28				
	9p22 9	3814113	CC	CT	TT	1.17	染色体9番目の短腕9p22という領域に存在し、遺伝子は特定に至っていませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。卵巣がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
				1%	40%			59%	
				1.00	1.21			1.46	
精巣がん	DMRT1 9	755383	CC	CT	TT	1.84	DMRT1という蛋白質をコードする遺伝子です。生殖腺・生殖細胞の分化や制御に関わる転写因子の一つで、精巣がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
			12%	51%	37%				
			1.00	1.50	2.25				

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素
精巣がん	TERT 5	2736100	TT	TG	GG	1.84	TERTという蛋白質をコードする遺伝子です。染色体の末端にあり、ほころびを防ぐ役割を持つテロメアという6塩基の繰り返しを保存する、テロメラーゼの活性に不可欠です。腫瘍でのTERTの発現は、腫瘍の悪性度と予後に関連があります。精巣がんの発症リスクに関与すると考えられています。 BAK1という蛋白質をコードする遺伝子です。アポトーシス調節因子の一つで、精巣がんの発症リスクに関与すると考えられています。 KITLGという蛋白質をコードする遺伝子です。胎生期では生殖細胞・神経細胞の発達、造血機能を担う機能があり、精巣がんの発症リスクに関与すると考えられています。 SPRY4という蛋白質をコードする遺伝子です。MAPKシグナル伝達を阻害する機能があり、精巣がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-
			39%	45%	16%			
			1.00	1.33	1.77			
	BAK1 6	210138	AA	AG	GG	1.00		
			35%	49%	16%			
			1.00	1.50	2.25			
	KITLG 12	995030	AA	AG	GG	1.00		
			22%	44%	34%			
			1.00	2.55	6.50			
	SPRY4 5	4624820	GG	GA	AA	1.00		
			58%	33%	9%			
			1.00	1.37	1.88			
骨髄異形成/ 骨髄増殖性腫瘍	JAK2(rs12340895) 9	12340895	CC	CG	GG	1.00	JAK2という蛋白質をコードする遺伝子です。細胞増殖・分化、特に免疫細胞や血球系細胞において重要な機能を果たしています。骨髄異形成/骨髄増殖性腫瘍の発症リスクに関与すると考えられています。 JAK2という蛋白質をコードする遺伝子です。細胞増殖・分化、特に免疫細胞や血球系細胞において重要な機能を果たしています。骨髄異形成/骨髄増殖性腫瘍の発症リスクに関与すると考えられています。	-
			55%	39%	6%			
			1.00	3.20	10.24			
	JAK2(rs3780374) 9	3780374	GG	GA	AA	1.00		
			54%	41%	5%			
			1.00	1.67	2.79			
脳腫瘍（神経膠腫）	TERT 5	2736100	TT	TG	GG	1.15	TERTという蛋白質をコードする遺伝子です。染色体の末端にあり、ほころびを防ぐ役割を持つテロメアという6塩基の繰り返しを保存する、テロメラーゼの活性に不可欠です。腫瘍でのTERTの発現は、腫瘍の悪性度と予後に関連があります。精巣がんの発症リスクに関与すると考えられています。 CCDC6という蛋白質をコードする遺伝子です。レチノイン酸（ビタミンA誘導体）を調節し、神経膠芽腫細胞のアポトーシスをコントロールする機能があり、脳腫瘍（神経膠腫）の発症リスクに関与すると考えられています。	-
			39%	45%	16%			
			1.00	1.27	1.61			
	CCDC6 8	4295627	TT	TG	GG	1.00		
			60%	38%	2%			
			1.00	1.36	1.85			

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素	
脳腫瘍（神経膠腫）	CDKN2A/B 9	4977756	AA	AG	GG	1.15	CDKN2A/Bという蛋白質をコードする遺伝子です。がん抑制遺伝子の一種で、細胞の増殖・分化をコントロールする機能があり、脳腫瘍（神経膠腫）の発症リスクに関与すると考えられています。	-	
			67%	27%	6%				
			1.00	1.24	1.54				
	RTEL1 20	6010620	AA	AG	GG	1.08			RTEL1という蛋白質をコードする遺伝子です。ゲノムの安定性を維持する機能があり、脳腫瘍（神経膠腫）の30%において、この遺伝子が染色体上で増幅されています。脳腫瘍（神経膠腫）の発症リスクに関与すると考えられています。
			48%	41%	11%				
			1.00	1.28	1.64				
皮膚がん（基底細胞がん）	CLPTM1L 5	401681	TT	CT	CC	1.08	CLPTM1Lという蛋白質をコードする遺伝子です。口腔顎顔面の発生やアポトーシスを担う機能があり、膀胱がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-	
			8%	52%	40%				
			1.00	1.25	1.56				
	1p36 1	7538876	GG	GA	AA	1.08			染色体1番目の短腕1p36という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。近傍には細胞の増殖・分化をコントロールする機能を持つがん抑制遺伝子が複数個存在します。皮膚がんの発症リスクに関与すると考えられています。
			74%	26%	0%				
			1.00	1.28	1.64				
	1q42 1	801114	TT	TG	GG	1.08	染色体1番目の長腕1q42という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。近傍には細胞骨格の制御に関与するRHOU遺伝子が存在します。皮膚がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
			34%	52%	14%				
			1.00	1.28	1.64				
	7q32 7	157935	GG	GT	TT	1.08		染色体7番目の長腕7q32という領域に存在し、遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。近傍には転写因子であるKLF14 遺伝子（母方の遺伝子のみ機能）が存在します。皮膚がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			15%	48%	37%				
			1.00	1.23	1.51				
CDKN2B-AS1 9	2151280	TT	TC	CC	1.08	CDKN2B-AS1は蛋白質をコードせず、RNAのみコードする遺伝子です。細胞の増殖・分化をコントロールする機能を持つがん抑制遺伝子のような機能があり、皮膚がんの発症リスクに関与すると考えられています。			
		47%	38%	15%					
		1.00	1.19	1.42					
KRT5 12	11170164	GG	GA	AA	1.08		KRT5という蛋白質をコードする遺伝子です。KRTは髪や皮膚の細胞を形成するケラチンで、皮膚がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
		100%	0%	0%					
		1.00	1.35	1.82					

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素
甲状腺がん	MIR146A 5	2961920	CC	CA	AA	1.29	MIR146Aは蛋白質はコードせず、マイクロRNA (MIR) 146Aと呼ばれる、細胞増殖・分化・アポトーシスを担う機能性RNAをコードします。甲状腺がんに関与すると考えられています。	-
			34%	56%	10%			
			1.00	1.50	2.25			
	FOXE1 9	965513	GG	GA	AA	1.29	FOXE1という蛋白質をコードする遺伝子です。甲状腺の形態形成において重大な役割を果たす甲状腺転写因子の一つで、甲状腺がんに関与すると考えられています。	
			90%	10%	0%			
			1.00	1.75	3.06			
	NKX2-1 14	944289	CC	CT	TT	1.29	NKX2-1という蛋白質をコードする遺伝子です。肺や甲状腺の機能と器官形成において重大な役割を果たす甲状腺転写因子の一つで、甲状腺がんに関与すると考えられています。	
			44%	40%	16%			
			1.00	1.37	1.88			
腎臓がん	EPAS1 2	7579899	GG	GA	AA	1.16	EPAS1という蛋白質をコードする遺伝子です。転写因子の一つで、腎臓がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			1%	26%	73%			
			1.00	1.15	1.32			
	LOC100505834 11	7105934	AA	AG	GG	1.16	機能未知の遺伝子で、蛋白質はコードしません。腎臓がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			0%	5%	95%			
			0.69	0.69	1.00			
喉頭がん	ADH7 4	1573496	GG	GC	CC	1.00	アルコール脱水素酵素の一つ、クラスIVアルコール脱水素酵素7のμあるいは とよばれるサブユニットという蛋白質をコードする遺伝子です。アルコール基をもつ化合物の代謝機能があり、食道がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			0%	0%	100%			
			0.68	0.68	1.00			
悪性黒色腫	SLC45A2 5	16891982	CC	CG	GG	0.92	SLC45A2という蛋白質をコードする遺伝子です。細胞内外の物質輸送に関わるトランスポーターの一つで、メラニン合成調節機能があり、悪性黒色腫の発症リスクに関与すると考えられています。	
			100%	0%	0%			
			1.00	1.02	1.04			
	MC1R 16	1805008	CC	CT	TT	0.92	MC1Rという蛋白質をコードする遺伝子です。メラニン細胞刺激ホルモンの受容体でメラニン合成機能があり、悪性黒色腫の発症リスクに関与すると考えられています。	
			98%	2%	0%			
			1.00	1.55	2.40			

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素		
悪性黒色腫	TYRP1 9	1408799	TT	TC	CC	0.92	TYRP1という蛋白質をコードする遺伝子です。メラノサイトにおいてメラニン合成やメラノソーム（メラニンを合成する小器官）の形成機能があり、悪性黒色腫の発症リスクに関与すると考えられています。	-		
			98%	2%	0%					
			0.77	0.77	1.00					
神経芽細胞腫	LINC00340 6	6939340	AA	AG	GG	1.88	機能未知の遺伝子で、蛋白質はコードしません。がん感受性候補15（CASC15）とも呼ばれ、神経芽細胞腫の発症リスクに関与すると考えられています。	-		
			9%	53%	38%					
			1.00	1.37	1.88					
ユーイング肉腫	EGR2 10	224278	TT	TC	CC	1.00	EGR2という蛋白質をコードする遺伝子です。転写因子の一つで、ユーイング肉腫の発症リスクに関与すると考えられています。	-		
			48%	40%	12%					
			1.00	1.66	2.76					
	TARDBP 1	9430161	TT	TG	GG	1.00	TDP-43という蛋白質をコードする遺伝子です。転写を制御する機能があり、ユーイング肉腫の発症リスクに関与すると考えられています。	-		
					0%				9%	91%
					0.45				0.45	1.00
扁平上皮がん	SLC45A2 5	16891982	CC	CG	GG	1.00	SLC45A2という蛋白質をコードする遺伝子です。細胞内外の物質輸送に関わるトランスポーターの一つで、メラニン合成調節機能があり、悪性黒色腫の発症リスクに関与すると考えられています。	-		
			100%	0%	0%					
			1.00	2.71	7.34					
	IRF4(rs12203592) 6	12203592	CC	CT	TT	1.00	IRF4という蛋白質をコードする遺伝子です。転写因子の一つで、B細胞の形質細胞への分化誘導機能・抗体の選別機能を担い、扁平上皮がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-		
					100%				0%	0%
					1.00				1.70	2.89
子宮内膜癌	HNF1B 17	4430796	GG	GA	AA	1.32	HNF1Bという蛋白質をコードする遺伝子です。腎臓・膵臓の発生を担う機能があり、前立腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-		
			11%	42%	47%					
			1.00	1.19	1.42					
	SFPQ 1	673604	CC	CT	TT	1.00	SFPQという蛋白質をコードする遺伝子です。機能は不明ですが、子宮内膜癌の発症リスクに関与すると考えられています。	-		
					35%				52%	13%
					1.00				1.21	1.46

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素
肝臓がん	KIF1B 1	17401966	GG	GA	AA	1.38	KIF1Bという蛋白質をコードする遺伝子です。細胞内のミトコンドリアの移動に関与しており、肝臓がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-
			11%	36%	53%			
			1.00	1.64	2.69			
	MICA 6	2596542	CC	CT	TT	1.38	MICAという蛋白質をコードする遺伝子です。機能は不明ですが、免疫反応に関与していると考えられています。肝臓がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			44%	43%	13%			
			1.00	1.39	1.93			
	GRIK1 21	455804	AA	AC	CC	1.42	GRIK1という蛋白質をコードする遺伝子です。興奮性神経伝達物質L-グルタミン酸の受容体であり、肝臓がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			4%	38%	58%			
			1.00	1.19	1.42			
	HLA-DRB1 - HLA-DQA1 6	9272105	GG	GA	AA	1.28	遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に免疫担当細胞にしか発現しないHLAクラス のHLA-DRB1, HLA-DQA1遺伝子が存在するため、免疫反応に関与していると考えられています。肝臓がんの発症リスクに関与すると考えられています。	
			35%	48%	17%			
			1.00	1.28	1.64			
MTCO3P1 - HLA-DQA2 6	9275572	GG	AG	AA	1.30	遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に免疫担当細胞にしか発現しないHLAクラス のHLA-DQA2遺伝子が存在するため、免疫反応に関与していると考えられています。肝臓がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
		42%	47%	11%				
		1.00	1.30	1.69				
B細胞性非ホジキンリンパ腫	POLR1D 13	7097	TT	TC	CC	1.22	POLR1Dという蛋白質をコードする遺伝子です。転写を行うリボソームサブユニットの構成蛋白の一つとして機能し、大細胞型B細胞リンパ腫の発症リスクに関与すると考えられています。	
			39%	36%	25%			
			1.00	1.44	2.07			
	CDC42BPB 14	751837	TT	TC	CC	3.51	CDC42BPBという蛋白質をコードする遺伝子です。細胞内骨格の維持及び再構築の機能があり、大細胞型B細胞リンパ腫の発症リスクに関与すると考えられています。	
			97%	3%	0%			
			1.00	3.51	12.32			
ホジキンリンパ腫（結節硬化型） 6	HLA-DRB1, HLA-DQB1 6	204999	AA	AG	GG	1.18	遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に免疫担当細胞にしか発現しないHLAクラス のHLA-DRB1, HLA-DQB1遺伝子が存在するため、免疫反応に関与していると考えられています。結節硬化型ホジキンリンパ腫の発症リスクに関与すると考えられています。	
			84%	14%	2%			
			1.00	1.60	2.56			

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素
ホジキンリンパ腫（結節硬化型）	HLA-DRB1, HLA-DQB1 6	6903608	TT	TC	CC	1.18	遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に免疫担当細胞にしか発現しないHLAクラス のHLA-DRB1, HLA-DQB1遺伝子が存在するため、免疫反応に関与していると考えられています。結節硬化型ホジキンリンパ腫の発症リスクに関与すると考えられています。	-
			60%	34%	6%			
			1.00	1.60	2.56			
	HLA-DRB1, HLA-DQB1 6	9268528	GG	GA	AA	1.18		
			11%	43%	46%			
			0.25	0.50	1.00			
	HLA-DRB1, HLA-DQB1 6	9268542	AA	AG	GG	1.18		
			46%	43%	11%			
			1.00	1.60	2.56			
上咽頭がん	LINC00327 - TNFRSF19 13	1572072	GG	GT	TT	1.44	遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に細胞死の誘導や、胚発生に関与するTNFRSF19遺伝子が存在します。上咽頭がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-
			53%	38%	9%			
			1.00	1.19	1.42			
	ITGA9 3	189897	TT	TA	AA	1.44	ITGA9という蛋白質をコードする遺伝子です。細胞接着分子として機能し、上咽頭がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-
			77%	20%	3%			
			1.00	3.18	10.11			
	HLA-A - HCG4P4 6	2517713	GG	GT	TT	1.44	HLA (Human Leukocyte Antigen = ヒト白血球抗原) の一つで、組織適合性抗原(ヒトの免疫に関わる重要な分子)として機能し、上咽頭がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-
			0%	13%	87%			
			1.00	1.88	3.53			
	SUMO2P1 - MOG 6	29232	GG	GA	AA	1.44	遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に細胞間の接着に関与するMOG遺伝子が存在します。上咽頭がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-
			3%	45%	52%			
			1.00	1.67	2.79			
ZFP57 - ZDHHC20P 1 6	3129055	AA	AG	GG	1.44	遺伝子は特定に至っておりませんが近傍にDNAに結合して転写を調節するZFP57遺伝子が存在します。上咽頭がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-	
		31%	53%	16%				
		1.00	1.51	2.28				

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素	
上咽頭がん	MECOM 3	6774494	AA	AG	GG	1.44	MECOMという蛋白質をコードする遺伝子です。造血や細胞分化および増殖に関与する転写因子であり、腫瘍細胞増殖にも関与しています。上咽頭がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-	
			36%	44%	20%				
			1.00	1.19	1.42				
	TNFRSF19 13	9510787	AA	AG	GG	1.44			TNFRSF19という蛋白質をコードする遺伝子です。細胞死の誘導や、胚発生に関与しています。上咽頭がんの発症リスクに関与すると考えられています。
			59%	39%	2%				
			1.00	1.20	1.44				
ウィルムス腫瘍	PCBP2P3 - LDHBP3 5	1027643	CC	CT	TT	1.28	遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。ウィルムス腫瘍の発症リスクに関与すると考えられています。	-	
			90%	9%	1%				
			1.00	1.43	2.04				
	PCSK9 1	2495478	GG	GA	AA	1.28			PCSK9という蛋白質をコードする遺伝子です。LDLコレステロール受容体を分解し、細胞内のコレステロール濃度を調整する機能があり、ウィルムス腫瘍の発症リスクに関与すると考えられています。
			91%	7%	2%				
			1.00	1.40	1.96				
	DDX1 2	3755132	TT	TG	GG	1.28	DDX1という蛋白質をコードする遺伝子です。精子形成・細胞増殖・細胞分裂などの機能があり、ウィルムス腫瘍の発症リスクに関与すると考えられています。		
			60%	36%	4%				
			1.00	1.45	2.10				
	DLG2 11	790356	AA	AG	GG	1.28		DLG2という蛋白質をコードする遺伝子です。シナプス後部において神経刺激の伝達機能があり、ウィルムス腫瘍の発症リスクに関与すると考えられています。	
			3%	22%	75%				
			1.00	1.28	1.64				
DDX1 - RPLP1P5 2	807624	GG	GT	TT	1.28	遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に精子形成・細胞増殖・細胞分裂などの機能があるDDX1という遺伝子が存在します。ウィルムス腫瘍の発症リスクに関与すると考えられています。			
		5%	27%	68%					
		1.00	1.33	1.77					
多発性骨髄腫	DTNB 2	6746082	CC	CA	AA		1.29	DTNBという蛋白質をコードする遺伝子です。細胞骨格の維持や細胞外マトリックスの接続機能があり、多発性骨髄腫の発症リスクに関与すると考えられています。	-
			40%	50%	10%				
			1.00	1.29	1.66				

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素		
慢性骨髄性白血病	TUFMP1 - RPL34P31 17	4795519	AA	AC	CC	2.32	遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に原因となる遺伝子が存在すると考えられています。慢性骨髄性白血病の発症リスクが高くなると報告されています。 CCDC170という蛋白質をコードする遺伝子です。機能は明確になっていませんが、慢性骨髄性白血病の発症リスクに関与すると考えられています。	-		
			27%	50%	23%					
			1.00	1.85	3.42					
	CCDC170 6	4869742	CC	CT	TT	1.28				
			4%	34%	62%					
			1.00	1.67	2.79					
肺がん（扁平上皮がん）	SLC17A8 - NR1H4 12	12296850	GG	GA	AA	1.28	遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に神経伝達物質(グルタミン酸)やリンイオンの細胞内取り込み機能があるSLC17A8遺伝子が存在します。肺扁平上皮がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-		
			1%	20%	79%					
			1.00	1.28	1.64					
肺がん（肺腺がん）	TP63 3	10937405	TT	TC	CC	1.14			TP63という蛋白質をコードする遺伝子です。細胞がDNA損傷などのダメージを受けた際にDNA修復や、細胞死を誘導するがん抑制の機能があり、肺腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。 TERTという蛋白質をコードする遺伝子です。染色体の末端にあり、ほころびを防ぐ役割を持つテロメアという6塩基の繰り返しを保存する、テロメラーゼの活性に不可欠です。腫瘍でのTERTの発現は、腫瘍の悪性度と予後に関連があります。肺腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。 TERTという蛋白質をコードする遺伝子です。染色体の末端にあり、ほころびを防ぐ役割を持つテロメアという6塩基の繰り返しを保存する、テロメラーゼの活性に不可欠です。腫瘍でのTERTの発現は、腫瘍の悪性度と予後に関連があります。肺腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。 BTNL2という蛋白質をコードする遺伝子です。免疫関与するT細胞の増殖を抑制する機能があり、肺腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-
			7%	47%	46%					
			1.00	1.25	1.56					
	TERT 5	2736100	TT	TG	GG	1.14				
			39%	45%	16%					
			1.00	1.27	1.61					
TERT 5	2853677	AA	AG	GG	1.14					
		51%	41%	8%						
		1.00	1.41	1.99						
BTNL2 6	3817963	TT	TC	CC	1.14					
		47%	44%	9%						
		1.00	1.18	1.39						
BPTF 17	7216064	GG	GA	AA	1.14	BPTFという蛋白質をコードする遺伝子です。染色体構造を制御する機能があり、肺腺がんの発症リスクに関与すると考えられています。	-			
		5%	45%	50%						
		1.00	1.20	1.44						

項目名	遺伝子名 / 染色体番号	SNP	遺伝子型 / 人口頻度 / 発症リスク			DNAからみる発症リスク	解説	おすすめの栄養素	
肺がん（非小細胞肺がん）	PIEZO2 18	11080466	AA	AG	GG	1.17	PIEZO2という蛋白質をコードする遺伝子です。イオンチャネルの一つで圧力刺激に対して反応し、電位差を生じさせる機能があり、非小細胞肺がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
			71%	25%	4%				
			1.00	1.47	2.16				
	ERG - ETS2 21	1209950	CC	CT	TT		遺伝子は特定に至っておりませんが近傍に細胞増殖と発達、細胞死などの機能があるETS2細胞が存在します。非小細胞肺がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
				96%	4%				0%
				1.00	4.96				24.60
	EIF4E2 2	1656402	CC	CT	TT		EIF4E2という蛋白質をコードする遺伝子です。翻訳開始機能があり、非小細胞肺がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
				44%	36%				20%
				1.00	2.38				5.66
	LAMA1 18	16951095	TT	TC	CC		LAMA1という蛋白質をコードする遺伝子です。細胞同士や、細胞と外部マトリックスの接着に関与し、組織形成に重要な役割を持っています。非小細胞肺がんの発症リスクに関与すると考えられています。		
				4%	30%				66%
				1.00	1.30				1.69
XXYL1 3	2131877	AA	AG	GG		XXYL1という蛋白質をコードする遺伝子です。神経、造血、血管、体節などの様々な分化過程に機能するNotch蛋白質の正常化に関与します。非小細胞肺がんの発症リスクに関与すると考えられています。			
			34%	47%			19%		
			1.00	1.30			1.69		
DSCAM 21	9981861	TT	TC	CC		DSCAMという蛋白質をコードする遺伝子です。中枢と抹消神経系の発達に関与し、非小細胞肺がんの発症リスクに関与すると考えられています。			
			60%	37%			3%		
			1.00	1.33			1.77		