



がんゲノム医療の現状と 今後の展望

間野 博行
国立がん研究センター
研究所長・がんゲノム情報管理センター長

1



遺伝子、ゲノムとは何か？



遺伝子 : Gene = タンパク質を作る単位

ヒトは約23,000種類の遺伝子を持つ

+

-ome 「全体、かたまり」を表す接尾語

II

Genome (ゲノム)

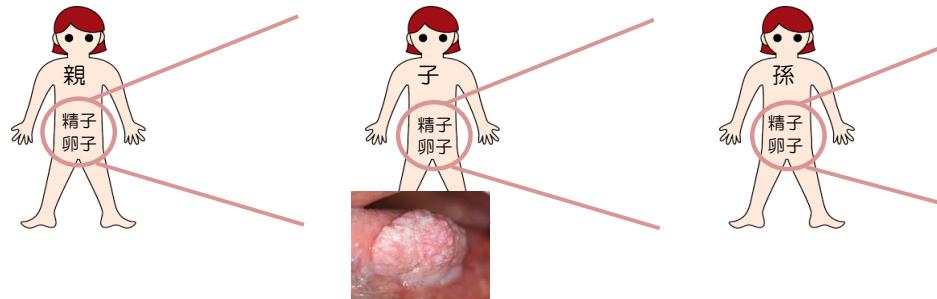
ある生物種が持つ遺伝情報総体

2



がんは遺伝子病だが遺伝病ではない

生殖細胞（精子・卵子）ゲノム { 变異 → 遺伝病
多型 → 遺伝的個性、罹患素因



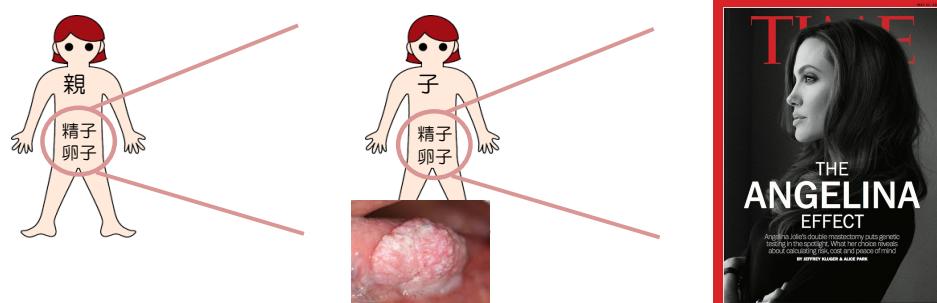
がんは体細胞（精子・卵子以外の細胞）ゲノムの後天的変異による疾患
= それ自体は子孫に伝わらない

3



生殖細胞系列ゲノム変異を介して 発がんリスクは遺伝しうる

生殖細胞（精子・卵子）ゲノム { 变異 → 遺伝病、**発がん高リスク**
多型 → 遺伝的個性、罹患素因



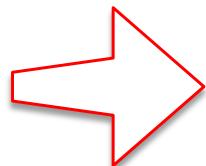
がんは体細胞（精子・卵子以外の細胞）ゲノムの後天的変異による疾患
= それ自体は子孫に伝わらない

4

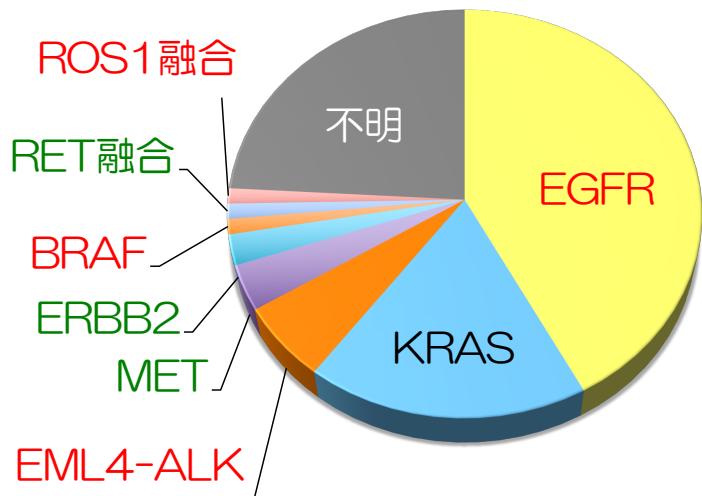


肺腺がんの治療

2004



2019



5



がんのゲノム医療

がん患者の腫瘍部および正常部の ゲノム情報を用いて
治療の最適化・予後予測・発症予防をおこなう医療行為

(未発症者も対象とすることがあり、他のオミックス情報を使うこともある)

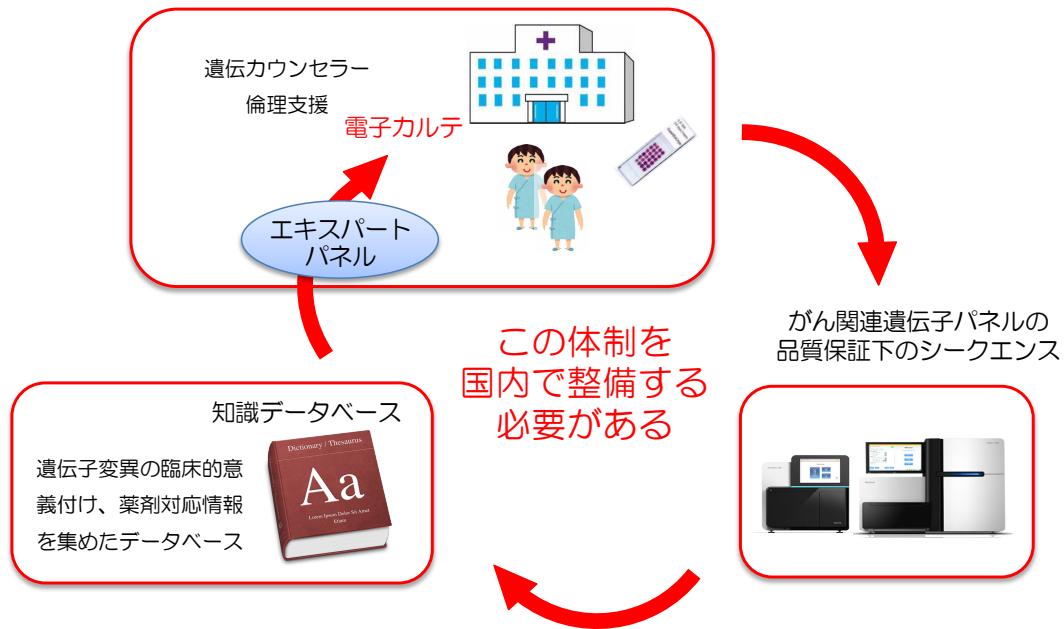
2017年3月27日 第1回がんゲノム医療推進コンソーシアム懇談会資料より改変

現実的には、保険収載薬剤・臨床試験薬剤・治験薬剤に対応する100～
数百種類の遺伝子配列を解析する「がん遺伝子パネル検査」を用いる

6



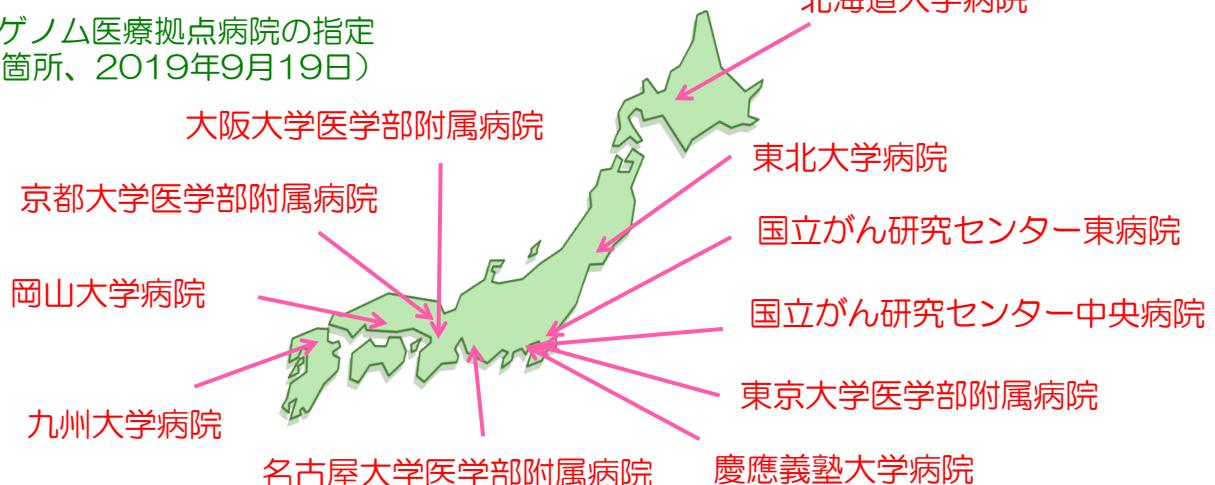
がんゲノム医療に必要な要素



がんゲノム医療中核拠点病院の指定

がんゲノム医療連携病院の公開
(156箇所、2019年4月1日)

がんゲノム医療拠点病院の指定
(34箇所、2019年9月19日)





がんゲノム情報管理センター

(Center for Cancer Genomics and Advanced Therapeutics: C-CAT)



C - C A T

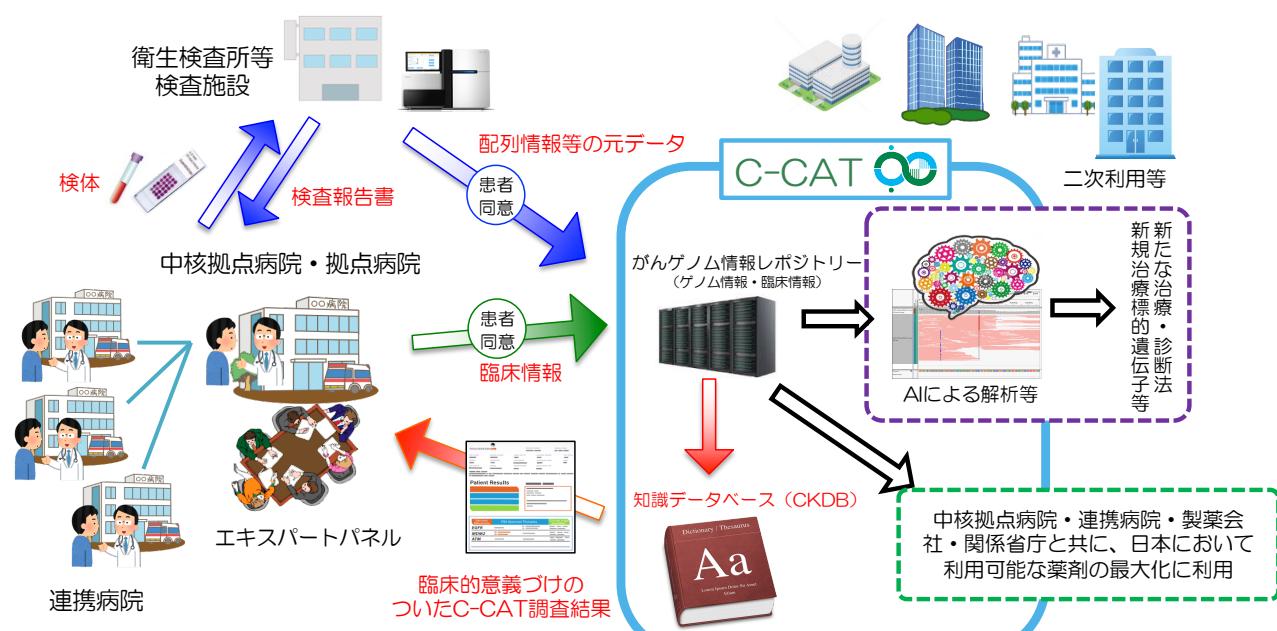
Center for Cancer Genomics and Advanced Therapeutics

- 1 がんゲノム医療の支援
- 2 情報の共有
- 3 開発研究・臨床試験の促進
- 4 全ゲノム解析の医療応用に向けた検討・人材育成

9



日本のがんゲノム医療体制



10



日本のがんゲノム医療体制で可能になること

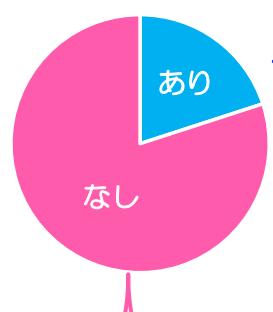
- ・患者個々のC-CAT調査結果がエキスパートパネルで利用できる
- ・パネル検査のための新しい患者申出療養制度を始め、新しい形の薬剤提供体制
- ・C-CATデータを基に新しい治験・医師主導臨床試験等を促進
- ・大学/研究所/企業などが臨床情報/ゲノムデータを使って開発研究
- ・製薬会社による臨床試験/治験を日本に誘致
- ・国のがん医療の基盤情報となる

11



がん全ゲノムシークエンスの必要性

有効な抗がん剤がある
がんは全体の2-3割程度！



遺伝子パネル検査のゲノム
医療で素早く薬を届ける

エキソン以外の領域にがんの原因の大半がある？

ヒトゲノム
30億塩基対

繰返し配列

全ゲノムシークエンス

全エクソンシークエンス

全ゲノムの1.5%

がん遺伝子パネル検査

全ゲノムの約0.02%

12



大規模全ゲノムシークエンスの必要性

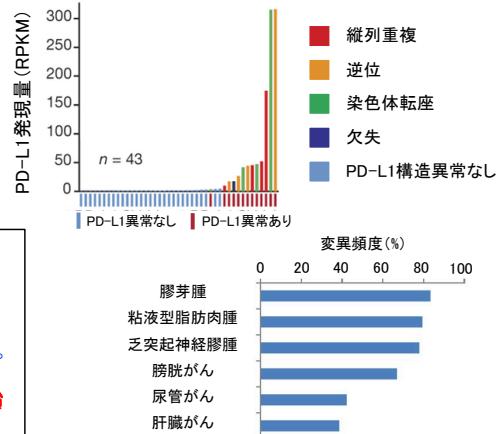
これまでのがんゲノムプロジェクト：
全エクソン(タンパクコード配列)シークエンス
米国がんゲノムプロジェクト(TCGA) 32,555例
国際がんゲノムコンソーシャム(ICGC) 24,077例

→ 全体の20%しか標的分子が見つからない
遺伝子融合が見つからない

<全ゲノムシークエンスの必要性を示す事例1>
成人T細胞白血病(ATL) の3割において、全エクソン領域以外の部分での変異が起きていることが判明！

※免疫チェックポイント分子PD-L1遺伝子の非コード領域のゲノム再構成が起き、高発現が起きている。(Nature 534:402)

⇒全ゲノムシークエンスにより、個々人の原因が判明し、状況に応じた治療が可能に！



13

<全ゲノムシークエンスの必要性を示す事例2>
膠芽腫、粘液型脂肪肉腫、膀胱がん等において、全エクソン領域以外の部分での変異が高頻度で起きていることが判明！
※細胞の不死化を可能にするテロメラーゼ（染色体末端を延長する酵素）遺伝子プロモーター領域の変異が生じ、テロメラーゼの高発現が起きている。(PNAS 110:6021)

⇒全ゲノムシークエンスにより、個々人の原因が判明し、状況に応じた治療が可能に！



日本で行う優位性



14