

最新技術を用いた がんゲノムの解明

Exploring Cancer Genome by Sequencing

ゲノム異常はがんの原因であり、がんの治療や診断のためにはがん細胞におけるゲノム異常を解明することが重要な鍵です。本研究所は肝臓がん全ゲノム異常解読等がんゲノム解読について世界最先端の研究成果を発表しました。また世界の研究機関が連携してがんゲノムカタログを作製するコンソーシアムに日本の代表機関として参加しています。

高速シーケンス技術によるがんゲノムの解明

遺伝子(ゲノム)異常はがんの原因です。ゲノム異常が経時的に蓄積していくことで、浸潤や転移を起こす進行がんに進展していく多段階発がんモデルが提唱されており、がんの治療や診断のためにはがんにおけるゲノム異常を解明していくことが重要な鍵です(図1)。がんで起こっているゲノム異常は、特定の細胞において後天的に獲得されたもので、子孫には遺伝しません。

最新のシーケンス技術によって、がんのゲノム全体を解読し、その異常を全て決定することが可能になりました(図2)。世界のがん研究機関が連携してがんゲノムカタログを作製するコンソーシアムが開始され、国立がん研究センターは日本の代表機関として参加しています。こうした研究を進めるためには、大量の情報解析を行う大型計算機(スーパーコンピュータ)も必要です。本研究所では高速シーケンスと情報解析技術の連携により、肝臓がん全ゲノム解読など世界最先端の研究成果を発表しています(図3)。

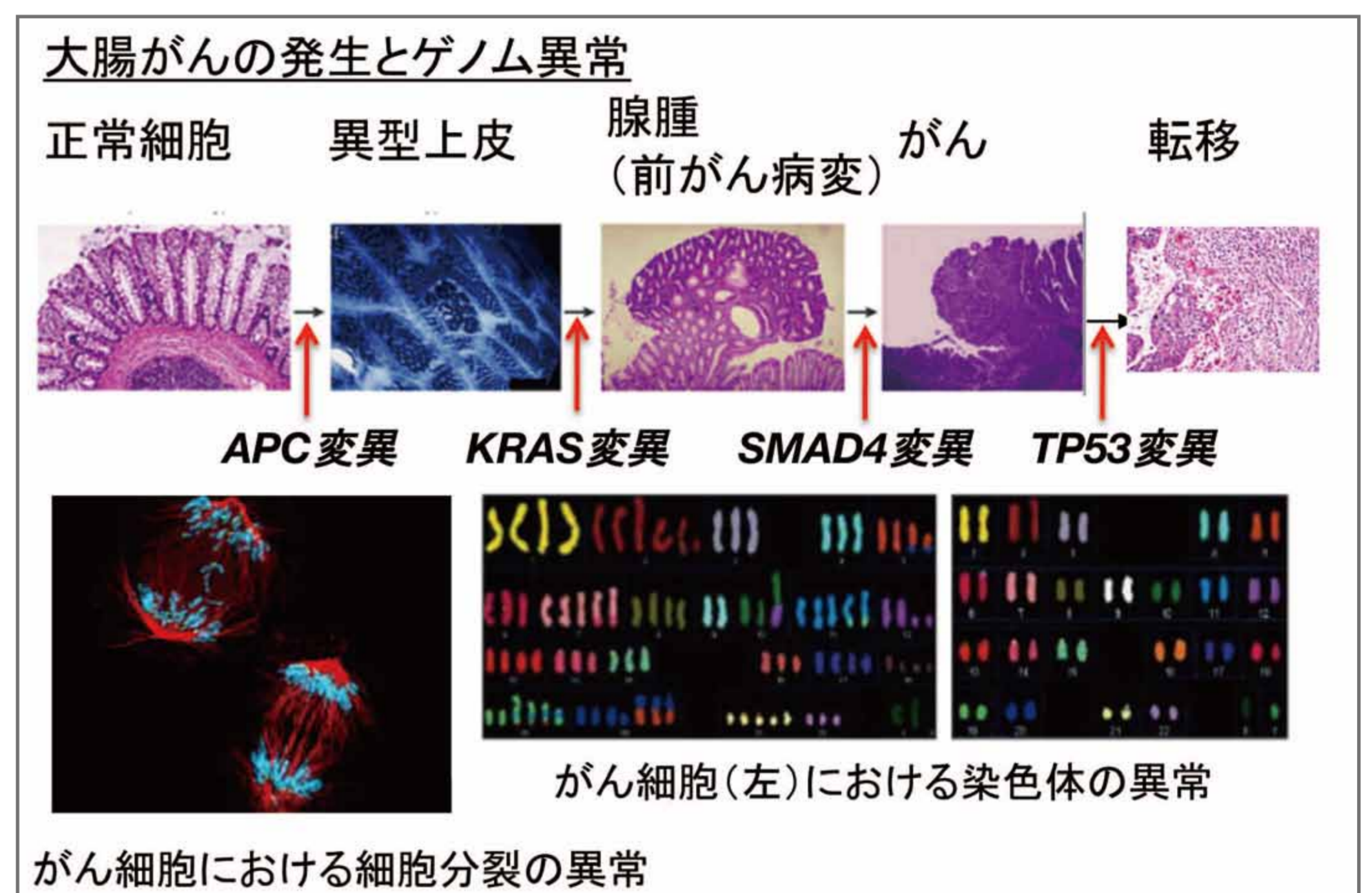


図1:ゲノム異常の蓄積ががんの原因

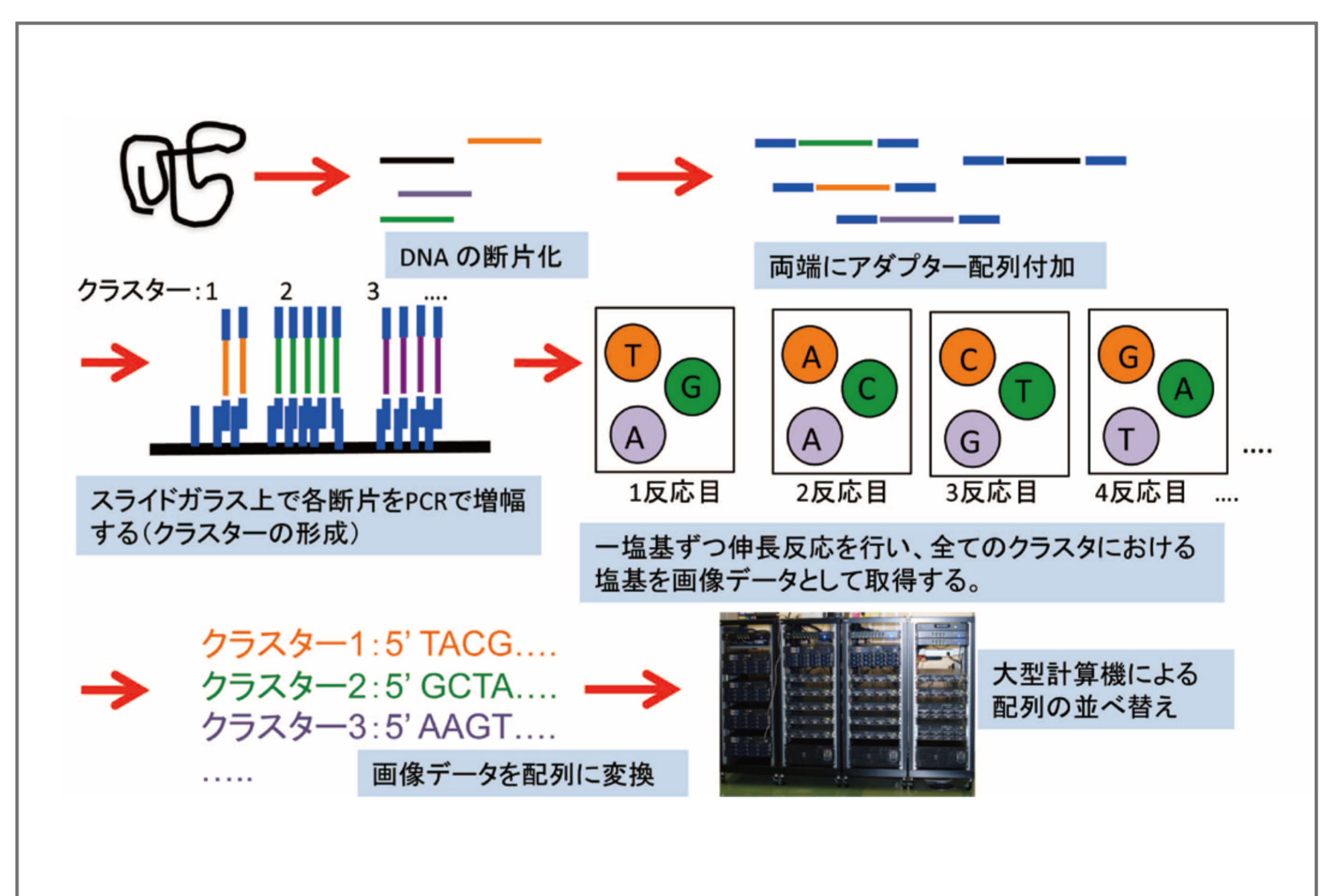


図2:高速シーケンスのしくみ



図3:国立がん研究センターにおけるがんゲノム解読研究