

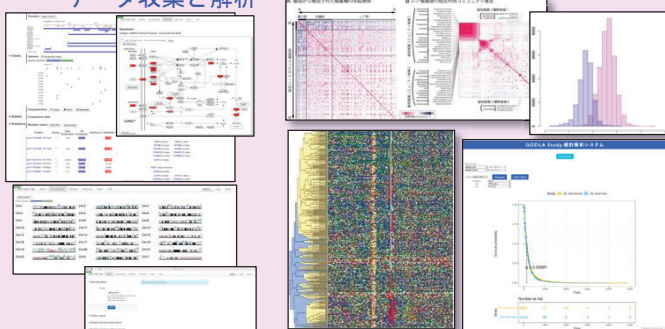
がん研究を支える分子生物学 ～クリニカルシーケンスとデータサイエンス～

国立がん研究センター先端医療開発センター トランスレーショナルインフォマティクス分野

大規模解析データからの情報抽出



現在、臨床情報・生化学情報・ゲノム情報など多種多様なデータが大量に蓄積されてきています。データが巨大になればなるほどデータ整理技術とそこから意味のある情報を抽出する技術が重要な役割を果たします。これらの技術の集合体である**バイオインフォマティクス**を利用することで**がんのメカニズム解明と個別化医療実現**を目指します。



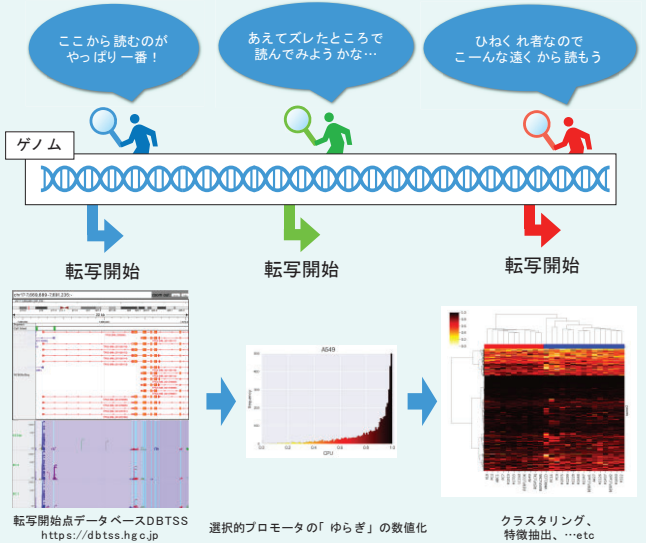
データベースの例

情報抽出の例

トランスレーショナルインフォマティクス分野では医学・生物学・情報学の知識を結合し、研究成果を臨床応用につなげることを目指しています。

新たなるがんの個性、複数の転写開始領域の研究

これまでは、基本的に1つの遺伝子には1つの転写が始まる領域(プロモータ)が対応すると考えられていました。ところが近年の研究で、多くの遺伝子はこのプロモータを複数持つことがわかってきました。この複数のプロモータを**選択的プロモータ**と呼び、最近では発がんとの関連性も示唆されてきています。我々の研究室では、この選択的プロモータの「ゆらぎ」を数値化し、網羅的な解析によってゲノム全体でのその発生メカニズムやがんとの関わりをより詳しく研究しております。



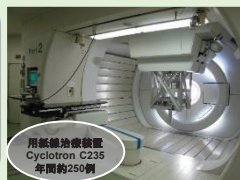
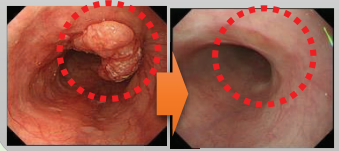
転写開始点データベースDBTSS <https://dbtss.hg.c.jp>

選択的プロモータの「ゆらぎ」の数値化

クラスタリング、特徴抽出、…etc

放射線部門

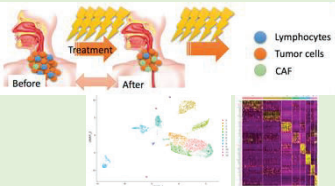
放射線治療は不可欠にがんを治せる唯一の治療!



用放射線治療装置 Cyclotron C235 年間約250例



CT、放射線治療装置を用いた細胞実験



陽子線や放射線によるがん免疫応答が治療に生かせるように研究しています!

がん組織の中身がわかる1細胞解析

プライバシーは厳重に守られています
—研究に参加される皆様へ—



患者さんのサンプルを使った遺伝子・ゲノムの研究は、国の定めた指針に従い、国立がん研究センターの研究倫理審査委員会が承認してはじめて行われます。サンプルを提供していただく患者さんの権利、プライバシーの保護は優先されています。

細菌叢—新たながん治療薬分野の可能性—

近年、腸内細菌叢とがんとの関係が明らかになってきています。そこで私たちはがんの遺伝子解析プロジェクトであるMONSTAR-SCREENの臓器横断的な症例を含む大規模データを対象とした腸内細菌叢のメタゲノム解析により、腸内に存在する細菌分類群の多様性や、その機能と癌の関係性を明らかにし、細菌を介した発癌メカニズムや、薬剤の有効性と腸内細菌の関連性の解明を目指しています。

