



第54回NM-GCOEセミナー

柴田 龍弘 先生

(国立がん研究センター がんゲノミクス研究分野・分野長)

～肝炎ウイルス関連肝臓がんの

全ゲノム・トランスクリプトーム解読～

2011.9.13
医学部1号館
大会議室

高齢化社会を迎え、がんが死因別死亡率トップを占める現在、早期診断のための診断マーカーや有効な治療法の開発が進んでいます。今回柴田先生には、最新型高速シーケンサーを用いた、C型肝炎ウイルス陽性肝臓がん症例の全ゲノム解析についてご紹介頂きました。本解析で63個の遺伝子変異と4個の融合遺伝子が同定され、特徴的な遺伝子変異のパターンがあることが分かり、肝臓がんのゲノム異常全体像が明らかになりました。これまで遺伝子変異の多様性のがんの生物学的解明や治療開発を困難にしていたことが、がん研究、がん治療は全ゲノム解析情報を基盤として新たな時代を迎えていると感じました。国際がんゲノムコンソーシアムという世界的な組織の中で柴田先生の業績は英国の乳がんの解析に次ぐ2番目の報告であり、日本がこのプロジェクトの発展に寄与していることを誇りに思うとともに、探究心と責任感、スピード感をもって貪欲に研究に取り組む先生の姿勢には多に学ぶところがあり、私自身ぜひ見習いたいと感じました。

柳下 陽子 (歯学系研究科・大学院生)



講師：柴田龍弘先生



大学院生の感想

講演内容

1. 背景 (がんにおけるゲノム異常と国際がんゲノムコンソーシアム)
2. 肝臓がん全ゲノム解析
3. 肝臓がんトランスクリプトーム解読
4. 今後のがんゲノム研究

- 全ゲノムシーケンサーの更なる解析によって、ケース毎に適した医療を提供できるようになるというお話が大変魅力的でした。癌の本質に迫る新たな戦略としても大変興味深い内容でした。
- 癌のステージごとに sequence をしていかないと変異の入る順番を考えにくいと感じた。また、研究者が必要とする研究インフラとして癌ゲノムのカタログ作成は重要と感じた。
- 国際協力が高まる中、日本の位置付けを如何に強調させて行くか課題として残る。遺伝子解読技術によりかつて考えられなかった解析が出来るようになった。但し、現在の技術は Reference 配列に照合しながらシーケンサーを読んで行くので、全く新しい配列は検出されない懸念がある。また、次世代シーケンサーを用いて遺伝子の発現の定量化が従来の microarray より正確に行われるため、非常に期待出来る技術である。
- がんにおけるトランスクリプトーム解析から、特異的な変更パターンだけでなく、コピー数や融合遺伝子の同定など、非常に多くの有意義な情報が得られることに驚いた。そうしたことから、日本がアジア人種における特異性の発見に貢献することは意義深く新規治療法を見つけるためにも、ICGC への益々の参加を期待したいと思いました。

