

第26回 腫瘍病理セミナー

(北信がんプロ FD 講演会)

ゲノムシーケンスによって 発がん過程を解き明かす

東京大学 医科学研究所
ゲノム医科学分野
教授 柴田 龍弘



近年のシーケンス技術革新により、様々ながんのゲノム解読が進み、重要なドライバー遺伝子の全貌が徐々に明らかになってきている。こうした研究成果と歩調を合わせて、分子標的治療薬や免疫チェックポイント阻害剤の有効性と関連するゲノム異常や変異総数といったことが報告され、ゲノム情報は個別化されたがん医療を実現するために必須なものとなった。

一方で、シーケンスコストの減少によって生み出された大量のがんゲノムデータは、上述したゲノム診断への道筋のみならず新たな方向も切り拓いている。ゲノム異常が起こる遺伝子ではなくその周囲の配列情報から数学的に抽出された変異パターン (Mutation signature) が、既知の発がん要因と密接に関連することが明らかとなり、がんゲノム情報は、化学発がんや動物モデル発がん研究の結果をヒトの検体で実証できるリソースとなり、ヒト臨床検体を起点とした未知の発がん要因の同定から予防研究へと広がる新しい研究領域が生まれつつある。本発表では、ゲノム解析によって大きく変わりつつある発がん研究について紹介したい。

- 1990年 東京大学医学部医学科 卒業
- 1994年 東京大学大学院 医学系研究科博士課程 (専攻: 病理学) 修了
- 1992年 国立がんセンター研究所 リサーチレジデント
- 1995年 米国 カリフォルニア大学アーバイン校 博士研究員
- 2003年 国立がんセンター研究所病理部 実験病理室長
- 2010年より 国立がん研究センター がんゲノミクス研究分野 分野長
- 2014年より 東京大学 医科学研究所 ゲノム医科学分野 教授

1. Alexandrov, LB, et al. Mutational signatures associated with tobacco smoking in human cancer. *Science*, 2016, 354:618-622.
2. Fujimoto A, et al. Whole genome mutational landscape and characterization of non-coding and structural mutations in liver cancer. *Nat Genet*, 2016, 48:500-9.
3. Totoki Y, et al. Trans-ancestry mutational landscape of hepatocellular carcinoma genomes. *Nat Genet*, 2014, 46:1267-73.
4. Alexandrov LB, et al. Signatures of mutational processes in human cancer. *Nature*, 2013 500:415-21.

日時：平成 29 年 10 月 11 日 (水) 18 時から
金沢医科大学 基礎研究棟 3 階大学院セミナー室
各大学・施設テレビ会議室

