

1 国際がんゲノムコンソーシアムでのゲノム解析の成果と今後の方向性

柴田 龍弘

国立がん研究センター研究所 がんゲノミクス研究分野

シーケンス技術革新と分子標的治療の躍進を背景として、国際協調の下で進めるがんゲノム解読プロジェクトが提案され、国際がんゲノムコンソーシアム (International Cancer Genome Consortium: ICGC) という形で 2008 年に正式に発足した。この国際プロジェクトは、50 種類のがんについてそれぞれ 500 症例における詳細かつ網羅的なゲノム異常 (突然変異・染色体構造異常・発現異常・エピゲノム異常) データベースを構築・公開し、治療開発を含めたがん研究を促進するといった壮大な計画である。日本からは、国立がん研究センターならびに理化学研究所が共同で、創立当初から参加し、肝炎ウイルス関連肝臓がんのプロジェクトを進めている。

2013 年 10 月現在 15 の国と地域が参加し、60 を超えるプロジェクトが開始されている。解析されたゲノムデータは迅速にデータベースに登録され、すでに 8,000 例を超えるサンプルのデータが公開されている。ICGC グループからは、Chromothripsis や Kataegis といった新しいがんゲノム像 (Cell 2011) やがんにおける突然変異パターンの包括的な同定 (Nature 2013)、X 染色体

における変異蓄積 (Cell 2013) といった発がんにおける新たな概念や、各がん種における重要なゲノム異常が報告され、がんゲノム研究の牽引役となっている。日本からは、肝炎ウイルス陽性肝がんの全ゲノム解読 (Nat Genet 2011, 2012) によってクロマチン制御分子の異常を報告する等、肝がんゲノム異常の全体像解明に向けて研究を進めている。

ICGC では希少がんあるいはサブタイプに関する国際協力も推進しており、これまで単施設では治療開発が進まなかったがんについても、強力に推進している。その結果、希少がんを含め全てのプロジェクトが終了した時点で、ICGC には人類共通の財産となるべき膨大ながんゲノムデータが蓄積されることとなる。こうしたがんゲノムビッグデータを共有・活用して、新たながん研究を進めていくために必要な情報解析の国際標準化や基盤構築 (Global Alliance) が現在進められている。また、シーケンスによるデータ規格化が可能にしたがん種あるいは人種横断的な比較解析も進められており、国際協力によるゲノムデータ駆動型の全く新たながん研究と発見が今後期待される。