

プ ラ ザ

第 55 回医科学フォーラム
The 55th Medical Science Forum (MSF)

大 平 達 夫¹⁾ 黒 田 雅 彦²⁾
Tatsuo OHIRA¹⁾, Masahiko KURODA²⁾

オーガナイザー

¹⁾東京医科大学呼吸器・甲状腺外科学分野

²⁾東京医科大学分子病理学分野

第 55 回医科学フォーラムは、2017 年 2 月 22 日 (水) 午後 6 時半より東京医科大学病院新教育研究棟 3 階大教室で開催された。今回のテーマは、クリニカルシーケンスに関する話題を取り上げた。1900 年に米国を中心にヒトゲノムプロジェクトが開始され、ヒトの遺伝子解析を 15 年間で完成する計画が開始された。技術の進歩により、予定より 2 年早い 2003 年に完成版が公開された。このヒトゲノムプロジェクトでは、技術改革も目的とされていたが、近年は、コンピュータの進歩も伴い、シーケンスは高速化し、次世代シーケンサーと呼ばれる高速高精度なシーケンスを可能とする機械が開発された。30 億米ドルという巨額と 13 年という長い年月を要した全ゲノム解析は、現在では、1,000 米ドルで数日間という短期間での解析が可能となった。シーケンス技術の進歩が、臨床現場での応用につながるものと期待されている。今回のフォーラムでは、近畿大学 ゲノム生物学教室 講師 坂井 和子にクリニカルシーケンスとリキッドバイオプシー I というタイトルで講演していただいた。近畿大学ゲノム生物学教室には、次世代シーケンサーを 6 台有しており、肺癌の遺伝子解析を中心に消化器癌、乳癌など様々な癌の領域での網羅的な解析を行っている。肺癌では、単一遺伝子異常が発癌・増殖の主因となるドライバー遺伝子として、はじめに EGFR

遺伝子変異が報告された。RGFR 遺伝子変異には分子標的治療薬が有効であり、その後も ALK 融合遺伝子、Ros-1 遺伝子など肺腺癌では多くのドライバー遺伝子が報告されている。対応する分子標的治療薬の開発も進み、今後、様々なドライバー遺伝子の解析が必要となる。それぞれを調べていくには、気管支鏡下生検材料などの小さな検体では、複数の遺伝子変異を解析するには、検体が足りなくなる。そのため、次世代シーケンサーを用いて遺伝子解析を網羅的に行うことが期待されている。坂井先生は、次世代シーケンサーの解析で多くの経験がある。また、検体採取が容易で、heterogeneity が問題とならない血液でのリキッドバイオプシーの可能性について検討している。血液での解析精度を検討す



る目的で、当院と共同研究を行い、手術検体と血液での遺伝子異常解析を行った結果を報告した。血液での解析は、手術対象となるような早期の肺癌では、検出力が低く、腫瘍量の増加に伴い、検出できるようになることが示された。

西尾教授からは、今後のクリニカルシーケンスの臨床応用のための方向性および戦略が示された。次世代シーケンサーを用いて、網羅的な遺伝子解析を行い、治療に結び付けていく計画が示された。

会の終了後には、病院 6 階カフェテリアにおいて懇親会が行われ、坂井先生、西尾先生を囲み、和やかな雰囲気の中で、研究に関する熱心なディスカッションの続きが行われた。今後、東京医科大学でも医科学フォーラムから発展して、基礎と臨床の融合した臨床に役立つ研究がさらに進むことが期待された。

(文責 大平達夫)