

千葉県がんセンターとかずさ DNA 研究所の連携協定 ～ゲノム情報を活用した先端がん研究による地域がん医療への貢献～

平成 29 年 1 月 25 日
千葉県がんセンター
公益財団法人 かずさ DNA 研究所

千葉県がんセンターと公益財団法人かずさ DNA 研究所は、地域がん医療への貢献を目的として、がん研究に関する連携協定を締結します。

協定内容としては、千葉県がんセンターに併設された千葉県がんセンター研究所とかずさ DNA 研究所において、がんの治療、診断や予防への橋渡しになる研究を促進するために、ゲノム情報を活用した先端がん研究を行います。

1. 両施設の概要

◇ 千葉県がんセンター（研究所）

県立のがん専門公設試験研究機関として、がん医療に携わる千葉県がんセンターとともに千葉県の総合がんセンターの一翼を担い、基礎研究の他、臨床試験研究、創薬開発事業、バイオバンク*1 事業やゲノムコホート*2 事業など多方面からがん研究を進めています。

◇ 公益財団法人かずさ DNA 研究所

DNA に刻まれた「生命の設計図」である遺伝情報を解読し、細胞の中でさまざまな働きをしている遺伝子*3 についての研究を行い、ゲノム情報を活用した有用植物の育種技術法の開発や DNA 構造解析*4 に特化したヒトの健康問題の解決に向けた研究の他、希少疾患の遺伝学的検査などを行っています。

2. 締結に至った背景

◇ 現在、日本人の 2 人に 1 人ががんにかかり、3 人に 1 人ががんで死亡すると言われていますが、がんがどのように生じるのか、分子レベルでの研究はこの 40 年間で飛躍的に進みました。がんは細胞が無秩序に増殖する病気であり、遺伝情報をもつ DNA（デオキシリボ核酸）に変異が入り、そこからつくられるたんぱく質が本来の働きをせずに、細胞のがん化や転移などの原因となる場合があります。がんをはじめとした様々な遺伝的な疾患の解明を目指して、1990 年に「ヒトゲノム計画」と呼ばれる国際協力プロジェクトが始まり、2003 年にはヒトゲノム配列の完成版が発表されました。現在では、次世代シーケンサー*6 の開発など DNA 解析技術がさらに進歩し、個々人のゲノム配列が比較的簡単に解析できるようになり、個別化医療に向けて膨大なデータが蓄積されてきています。このような背景の中で、ヒトゲノムに関するビッグデータのがん臨床応用に向けた利用の動きが国内外で加速しています。ヒトゲノム解析を基礎とした層別化医療や個別化医療*5 に向けて、個々人のゲノム配列の違いと疾患との

関係性を調べる研究が世界中で進められ、予防、診断や治療方針の決定にゲノム情報が活用されようとしています。

こうした最先端のがん研究を先駆けて千葉県内で進めるために、千葉県がんセンターとかずさ DNA 研究所が包括的な連携・協力を行い、県民へ研究成果の還元と地域がん医療への貢献を目指します。

3. ゲノム医療*7に関する国内外の動向

これまでの医療は「平均的な患者」を対象としてデザインされ、すべての患者に有効な治療法とは言えません。この「従来型医療」に対して、個々人のゲノム情報を活用し、遺伝要因による個人の違いを考慮した医療を「ゲノム医療」と呼び、ゲノム解析技術や情報通信技術などが著しく進展したことも相まって、世界中で「ゲノム医療」の実現に向けた取り組みが進んでいます。がんのゲノム解析は 2006 年に米国で「The Cancer Genome Atlas(TCGA)」が開始され、英国では、2012 年 12 月に、希少疾患やがん患者の全ゲノム配列を解読する「The 100,000 Genomes Project」が開始され、さらに米国では、2015 年 1 月に、遺伝要因、環境要因や生活スタイルに関する個人ごとの違いを考慮した疾患の予防や治療法の確立を目指した「Precision Medicine Initiative」の中で 100 万人のコホート研究（カルテ情報、遺伝子情報、生活環境・生活習慣情報や行動データなど）が開始され、「より精度の高い個別化医療」に活用するための取り組みが行われています。

海外に遅れをとりながらも、国内では、ゲノム医療を実現するための取り組みが関係府省・関係機関の連携により進められており、第一回目の「ゲノム医療実現推進協議会」が 2015 年 1 月に開催されました。オールジャパン体制での取り組みの強化を図り、ゲノム情報等を用いた国民の健康に資する医療の実現に向けた具体的な方向性が示されようとしています。

4. 連携・協力で行う共同研究等の内容

このような「ゲノム医療」に関する国内外の急激な動きを受けて、県内のがん対策の中核的な役割を果たす千葉県がんセンターと先端ゲノム研究を進めているかずさ DNA 研究所が相互補完的な役割分担に基づく共同研究を行うことにより、ゲノム情報を活用した先端がん研究による地域がん医療への貢献を目指し、以下のような活動を行います。

(1) ゲノム情報を活用したがん診断や予防の実現に向けた研究

- ・がん患者の血液から、がんに関係する遺伝子を簡便に検出する方法を開発し、がんの早期発見につなげる研究
- ・1 万人以上の県民の DNA を収集し、がんになりやすい人がもつ遺伝子を分析し、がんの予備軍に対して生活習慣の改善などを促すための研究
- ・それぞれの治療法で、その治療に効果を示す患者の体質を調べ、患者の体質に合わせた治療を行う個別化治療の研究

(2) 千葉県におけるゲノム医療実現に向けたネットワーク形成への取り組み

- (3) 人材交流によるゲノム医療実践のための研究者育成
- (4) 共同での外部研究資金の獲得（両研究所の活動の更なる推進のために、共同での外部資金獲得に向けての提案を積極的に行っていきます。）

両研究所だけの連携に留まらず、これらの共同研究活動を通じて千葉県内の医学研究機関・医療機関とのネットワークの拡大と強化を実現し、千葉県から我が国のゲノム医療を牽引する活動を展開していきます。

5. 期待される地域がん医療への貢献

がんの治療法は急速に進歩しており、がんになっても約70%の方は5年以上生存できるようになっています。治療法の進歩により、肺がん、大腸がん、胃がんといったがんの種類ではなく、個々の患者でその人のがんに関わっている遺伝子を探し出し、診断したうえで、治療法を選択する層別化治療や個別化治療が行われるようになっていきます。一部のがんの遺伝子に関しては実際に遺伝子診断が保険で行われていますが、すべてのがん患者の遺伝子には対応していません。また、がんになる前に予防することや、まだがんが小さいうちに治療することができれば、がんは怖い病気ではありませんし、高額な治療費もかかりません。千葉県民ががんで苦しむことが無いよう、我々は地域がん医療へ貢献します。がんになりやすい人を見つけがん検診を受けていただくことや、がんがひどくなる前に治療をしていただく、がんになっても遺伝子の種類からその人に合った治療法を受けていただく、またがんを治療した後も再発しないかを迅速に的確に見つける診断を受けていただける、そしてたとえ再発したとしても適切な治療が受けられる、そのようながん医療を提供するために千葉県がんセンターとかずさDNA研究所は、他の機関と協力して「力を合わせてがんに打ち克つ千葉」を実現するよう貢献していくこととしました。

6. 補足

▶ 千葉県がんセンター

千葉県がんセンターは、県のがん対策の中心的役割を果たすために建設され、国内3番目のがんセンターとして1972年11月に開設されました。がん診療を行う「医療局」と、がんの予防・診断・治療法の開発を目指した「研究局」（2013年4月より研究所に名称変更）があり、総合がんセンターとして地域のがん医療とがん行政に貢献しています。所在地は千葉県千葉市で、病院長は永田松夫です。

▶ 公益財団法人かずさDNA研究所

1991年に財団法人（2012年に公益財団法人となる）として設立され、1994年に開所した研究所で、遺伝物質の本体であるDNAの構造の解析研究、DNAの構造の解析技術に関する研究、DNAの機能およびその応用に関する研究、ならびにDNAに関するデータなどの蓄積・提供などを行うことにより、新しい産業分野の創出や産業構造の高度化、科学技術の振興を促し、人類の福祉に貢献することを目的としています。所在地は千葉県木更津市で、理事長は大石道夫です。

7. 用語説明

1) バイオバンク

生物の組織、細胞、血液、尿や DNA 等の試料を収集して保管する施設をバイオバンクと呼びます。一般的には研究目的でヒト由来の試料を扱う施設が多く、試料提供者には研究等の使用目的や使用範囲などを十分に説明し、提供者の同意を受けて試料を収集します。

2) ゲノムコホート

コホート研究とは、例えば、がんと喫煙の関係を調べる目的で無作為に選んだある年齢の男性 1000 人に対してこれまでの喫煙経験を確認し、その後 10 年間で喫煙の有無やがんの発生があったかどうかを調査するような、ある共通の要因をもった個人の集団と疾患の関係性を調べるもので、さらにゲノム情報を加味したものをゲノムコホートと呼びます。

3) 遺伝子

DNA 上の「一つのタンパク質の設計図」に相当する部分を「遺伝子」とよんでいます。ヒトの DNA には、約 2 万個の遺伝子が並んでいることになり、そのなかには臓器や血液など「からだ」を造っているタンパク質の遺伝子をはじめ、疾病や老化に係わる遺伝子、免疫や記憶に係わる遺伝子、さらには DNA に書かれた暗号を解読する装置の遺伝子などが含まれています。

4) DNA 構造解析

生物が自己と同じものを複製するために細胞から細胞へ、親から子へ伝えているゲノム DNA やタンパク質の配列を暗号化している遺伝子の全塩基配列を解読することを DNA 構造解析といいます。ゲノム DNA の解析では、生物の全遺伝子の構造や発現制御の情報が一挙に解読されることとなります。しかしゲノム DNA の塩基数は細菌のものでも数百万個もあるので、解析を進めるのは大変な作業です。ヒトゲノムのような 30 億個もある DNA の解析には、技術的なブレークスルーと、膨大なデータ処理のための基礎研究の発展も欠かせませんでした。

5) 層別化医療や個別化医療

「層別化医療」は、診断による疾患のリスクや治療に対する反応などをもとに患者をサブグループに分類した上で、特定のサブグループの患者に効果的な治療法を開発し、適切な治療を行うことを目指します。一方、「個別化医療」は個人レベルでの分類を目指し、個人の遺伝情報をもとに個人の体質や病状をよく知った上での個別診断と、治療に影響すると考えられる環境要因（生活習慣、仕事、人生観など）を考慮して少しでも個人の状況に応じた医療を提供しようとするものです。例えば、同じ薬を同じ量服用しても、個人によってその効果に差があり副作用が出たりする

のは、遺伝子上に「一塩基多型*8」に代表されるような塩基配列のわずかな個人差によるものと考えられており、この一塩基多型などを解析することで、個人の体質にあった健康管理や医薬品の処方を行おうというものです。

6) 次世代シーケンサー

DNA を構成する 4 種類の塩基の並び方を調べる方法を「シーケンシング」と言い、その解析装置を「シーケンサー」と呼びます。1977 年に DNA の配列を調べる方法が開発されましたが、近年、DNA の配列を「より速く、より多く、より安く」解析する機器の開発が進展し、従来の方法とは異なる原理で高効率に DNA 配列の解析を行う装置を「次世代シーケンサー」と呼びます。ヒトゲノム計画では 13 年かかったヒト全ゲノム解析は、次世代シーケンサーを用いると 5 人分の全ゲノムデータを 10 日間で取得できます。

7) ゲノム医療

ゲノム配列は個々人で異なり多様性を生み出すことから、ゲノム情報を利用したゲノム医療は、個別化医療の要として位置付けられます。つまり、ゲノム医療は個人のゲノム情報をもとに各個人の体質や病状に合わせて行う医療で、具体的には、質と信頼性の担保されたゲノム検査結果等をはじめとした種々の医療情報を用いて診断を行い、最も有効な治療、予防及び発症予測を国民に提供することを言います。

8) 一塩基多型

遺伝子の本体は DNA で、4 種類の塩基と言う化学物質が暗号文字となって、二重らせんとして連なっています。個々人を比較した時に、この塩基の並び方が 1 カ所異なる場所を「一塩基多型」と言い、ヒトゲノム配列には 1000 塩基に 1 個程度の割合で存在し、日本人には日本人特有の一塩基多型があると考えられています。ヒトは、遺伝子の塩基配列に基づき、様々なタンパク質を体内で合成していますが、一塩基多型によって、特定のタンパク質が作れなかったり、他人と違うものが作られたりします。これが顔つきや体形などの個人差、民族差ももたらすと言われています。また、アルコール耐性の差や煙草による毒性の出現頻度、薬剤感受性の違いや肥満傾向など病気のかかりやすさや薬の効き方に関係することから、個別化医療の観点から最も注目を浴びています。

<参考>

千葉県がんセンター研究所

URL <http://www.pref.chiba.lg.jp/gan/kenkyujo/index.html>

かずさ DNA 研究所

URL <http://www.kazusa.or.jp>