

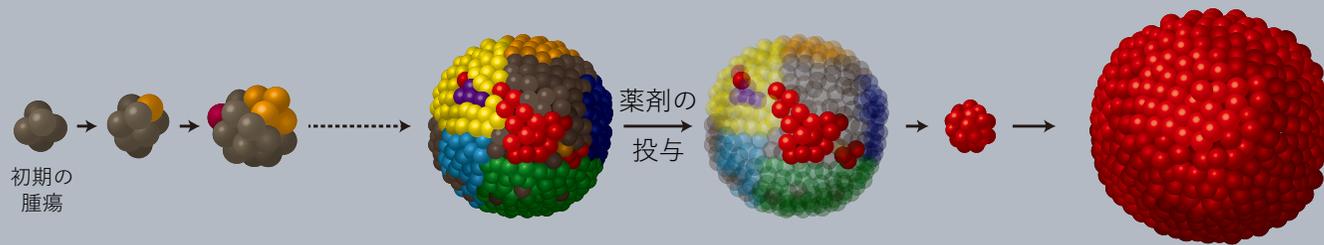
# 最良ながんの薬剤治療方針の探索

## ～ゲノム解析とシミュレーションによるがんの分子標的薬治療の最適化～

がんはゲノムの病気と呼ばれ、細胞分裂、タバコや紫外線などによって起こるゲノム変異に起因する。このゲノム変異ががん遺伝子に起こることで、細胞はがん化する。ゲノム変異はがん細胞が増殖する際にも起こり、そのため大きながんの腫瘍は様々なゲノム変異を持った多様な細胞の集団となる。そして、その中には抗がん剤や分子標的薬などの薬剤に耐性を持つがん細胞が存在することがあり、薬剤が一時的にしか効かないということが多くある。現在、薬剤耐性細胞が存在する場合の治療法について、多くの薬剤投与の方法が提案されているものの、それぞれの患者にはどの方法が最良であるかはわからない状態である。

本プロジェクトは最新手法を用いて血液からがんのゲノム情報を得ることによってがんの時系列ゲノムデータや、一万人規模の大規模ゲノムデータを解析する。これにより、がん薬剤耐性獲得の進化シミュレーションを作成し、それぞれの患者において最良の治療モデルの探索を行う。

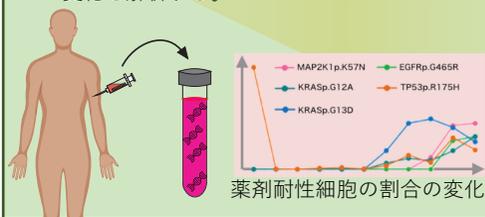
近年、がんの分子標的薬による治療において、薬剤耐性を持つがんの存在が問題となっている。



近年、様々ながん分子標的薬が開発され、がん患者の生存率は飛躍的に向上しているが、腫瘍の中には薬剤に耐性を持つ細胞が存在することがあり、薬剤が一時的にしか効果を発揮しない患者が多数存在する。

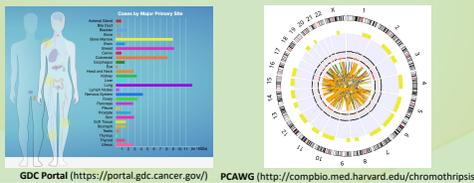
### 時系列ゲノムデータ

近年、血中に流れ出ているがん由来のDNAを解析することにより、ほとんど患者への負担なくがんのゲノム情報を取得することが可能となった。この技術を用いて治療時系列でのがんゲノムの変化を解析する。



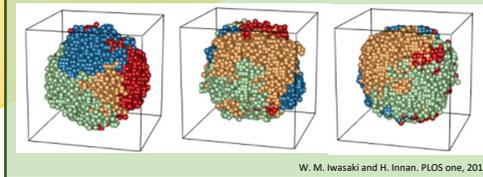
### 大規模ゲノムデータ

国際的ながんゲノムプロジェクトにより算出された大規模ながんゲノム情報が公的データベースには蓄積されている蓄積されている。本研究では1万症例以上のがんゲノムを用いて進化的解析を行うことで薬剤耐性の機構を探索。



### がんの進化シミュレーション

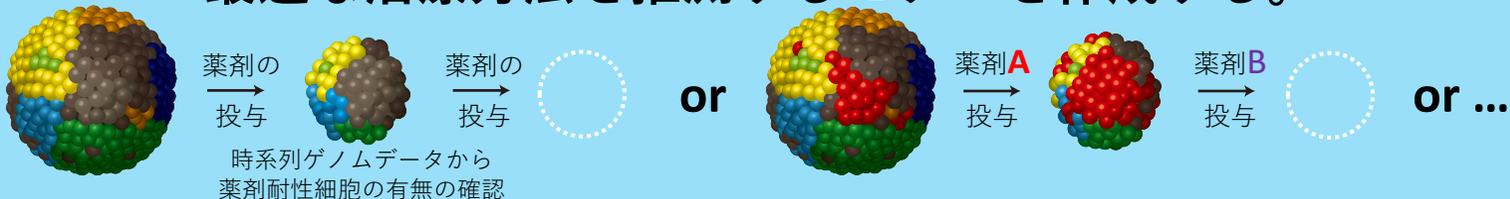
治療時系列でがんの腫瘍がどのように変化するかシミュレーションを行い、薬剤耐性細胞の有無をどの段階で判断できるか、どの治療法が最良な治療法かどうかの検討を行う。



W. M. Iwasaki and H. Inan. PLOS one, 2017

解析には医科学研究所  
ヒトゲノム解析センターの  
スーパーコンピューター  
SHIROKANEを使用

## 最適な治療方法を推測するモデルを作成する。



現在、薬剤による様々な治療方法が考えられてはいるものの、それぞれの患者でどの方法が最良であるか判断できない。本プロジェクトは新たな治療方法の開発も含め、患者ごとに最適な治療方法の提案を行えるようにすることを目標としている。

