

NCCRI

National Cancer Center Research Institute



国立がん研究センター
研究所

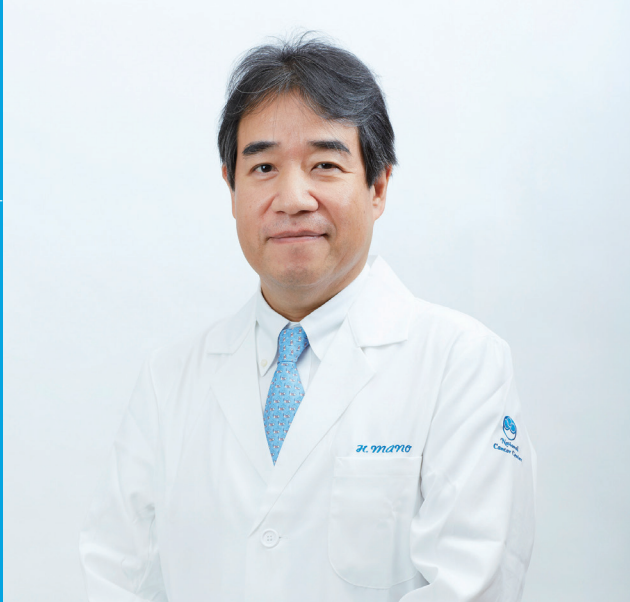
National Cancer Center Research Institute

所長ごあいさつ

Greetings from the Director

国立研究開発法人
国立がん研究センター
研究所
所長
間野 博行

National Cancer Center
Research Institute
Director
Hiroyuki Mano



国立がん研究センター研究所は、17の研究分野と10の独立ユニットに加えて、センター全体の共通基盤組織としての基盤的臨床開発研究コアセンターを備え、スタッフと大学院生、研究補助員など総数350名を超える国内最大級のがん研究施設です。極めて独創的な基礎研究から、実際の治療薬・診断薬の開発研究まで、当研究所はセンター内の他部署と連携して幅広い活動を行っています。多様なシーケンサー群と独自のバイオインフォマティクス開発によるがんゲノム解析では既に多くの成果を上げており、その発見を基にした薬剤開発・臨床試験もセンターの両病院と連携して行っています。また、がんゲノム医療の要素技術開発にも注力しており、我が国初のがん遺伝子パネル検査「OncoGuide™ NCC オンコパネルシステム」を開発し保険収載を実現しただけでなく、オールジャパンの開発体制で造血器悪性腫瘍の遺伝子パネル検査法を開発し、実用化に向けて大きく前進しました。さらに、バイオリソースの拡充にも取り組んでおり、既に600種類以上の患者腫瘍組織移植（Patient-Derived Xenograft：PDX）マウスや約3万種類の新鮮凍結腫瘍組織バイオバンクが整備されています。これらを有効に活用して国内外のアカデミア・企業と共同研究を展開してまいります。

The National Cancer Center Research Institute is one of the largest cancer research institutions in Japan, with over 350 staff, including postgraduate students and research assistants. The Institute covers 17 research areas with 10 independent units, as well as the Fundamental Innovative Oncology Core, established as a common platform serving the entire Center. From highly original basic research to the development of therapeutic and diagnostic drugs, the Institute conducts a wide range of activities in collaboration with other units within the Center. Through a variety of sequencers and the development of unique bioinformatics, the Institute has a proven track record in cancer genome analysis. Based on these discoveries, we develop drugs and conduct clinical trials with the two hospitals of the Center. As part of the development of specific technologies for cancer genomic medicine, we developed OncoGuide™ NCC Oncopanel System, Japan's first cancer gene panel test, which is now covered by national health insurance. Currently, we are confirming the clinical usefulness of the genetic panel test for hematopoietic malignancy, which we developed and prepared with partners throughout the nation. Our bioresources are continually expanding, with over 600 patient-derived xenograft mice and over 30,000 fresh-frozen tumor tissues in our biobank. Utilizing these resources, we will conduct joint research with academia and industries in Japan and overseas.



使命・活動目標

Mission / Activity Goal

がんの本態を明らかにし、がんの撲滅を目指す

Elucidating the Etiology of Cancer, Aiming at Eradication of the Disease

いま、がん医療は大きな変革期を迎えようとしています。次々と新たな治療薬が登場する一方、一人一人の患者の腫瘍のゲノム情報に基づいた個別化療法の求められています。このような新しいがん研究・がん医療の世界の潮流を、我が国がリードしていけるように、当研究所は以下の課題に重点的に取り組みます。

Cancer medicine is currently undergoing a revolution. While new therapeutic drugs emerge one after another, there is a growing need for personalized therapy based on genomic information of each patient's tumor. To help Japan lead such global trends in new cancer research and medicine, the Institute is focusing on the following issues.

新しい治療法・診断法の開発

Developing New Therapeutic and Diagnostic Methods

がんがなぜ発生するのかは今でも多くの例で不明です。それを解き明かすことなくしては、有効ながんの治療薬開発は困難でしょう。ゲノム・エピゲノム・プロテオーム・メタボロームなど最新の技術を駆使したがん細胞解析に加え、独創的なアプローチによるがん細胞の特性解明研究を行い、発がん機構の理解から治療法・診断法の開発までを一貫して強力に進めてまいります。

The exact pathological mechanism of cancer is still unknown in many cases. Without unraveling this enigma, it will be difficult to develop effective cancer drugs. In addition to cancer cell analysis that makes full use of the latest genomic, epigenomic, proteomic, and metabolomic technologies, we will consistently press forward with research to elucidate the characteristics of cancer cells with original approaches, exploring subjects ranging from the understanding of carcinogenic mechanism to the development of therapeutic and diagnostic methods.

ゲノム医療体制の構築

Advancing Cancer Genomic Medicine

例えば同じ「肺がん」であっても、腫瘍それぞれのゲノム変異は多岐にわたります。また同じ薬剤を使っても副作用の出方は患者によって大きく異なります。そのため、これからのがん医療においてはゲノム情報などを利用して治療法の最適化を行う必要があります。さらには、がんになりやすい遺伝子異常が分かれば、新しい形のがん予防も可能になると期待されます。我が国において、誰もが安心して有効ながん治療を受けられるために、こういった新しいがん診断・治療システムを構築し発信してまいります。

Take lung cancer as an example; even though so named collectively, various types of genomic mutations are observed in its tumors. Upon using the same drug, adverse drug reactions vary greatly from patient to patient. Thus, future cancer medicine needs to optimize therapies according to genomic and other information. Furthermore, identification of cancer-prone genetic aberrations is expected to lead to new forms of cancer prevention. We will build and communicate such new cancer diagnostic and treatment systems so that every patient in Japan can receive effective cancer treatment with peace of mind.

2023 年度の主な成果

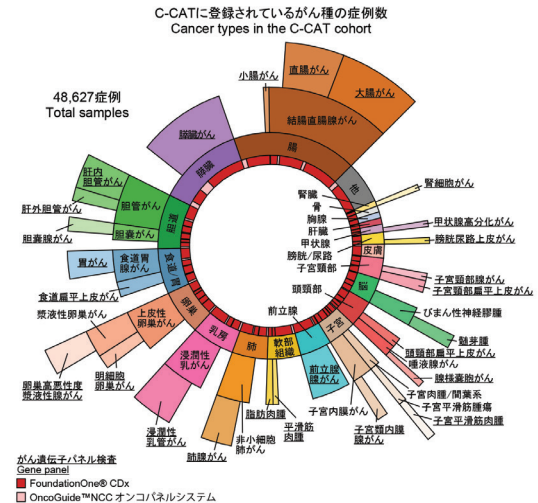
Major Achievements in FY2023

日本人のがんゲノム異常の全体像を解明—約 5 万例のがん遺伝子パネル検査データを解析—

Pan-Cancer Comparative and Integrative Analyses of Driver Alterations Using Japanese and International Genomic Databases

本研究では、がんゲノム情報管理センターに蓄積された約 5 万例のがん遺伝子パネル検査データを解析し、日本人におけるがんゲノム異常の全体像を解明しました。治療薬の標的となる、または、治療薬の効果予測できるゲノム異常がある症例の割合を評価することで、日本におけるがん種ごとのがん遺伝子パネル検査の臨床的有用性を明らかにしました。また、米国の遺伝子パネル検査データと比較することで、多数のがん種において TP53 遺伝子変異頻度が高いなどの日本人のがんゲノム異常の特徴を見出しました。さらに、米国のゲノムデータと統合的に解析することで、エピゲノム制御因子変異が共存しやすく、がんの生存に有利に働くことを解明しました。

Using 48,627 samples from the Center for Cancer Genomics and Advanced Therapeutics (C-CAT), this study provides a comprehensive landscape of driver alterations and their clinical significance in Japanese patients. Comparisons with White patients revealed high TP53 mutation frequencies in Asian patients across multiple cancer types. Multicohort data integration revealed the cooccurrence of multiple mutations in epigenetic regulators which coordinately cause transcriptional and phenotypic changes. Our analyses dissect various genetic properties and provide valuable resources for precision medicine in cancer.



分子腫瘍学分野 分野長
Chief, Division of Molecular Oncology
片岡 圭亮 Keisuke Kataoka

本研究は、日本のがんゲノム医療、創薬や臨床試験の基盤となる重要な研究であり、日本人がん患者さんに向けた診断と治療戦略の最適化が必要であることを示唆しています。

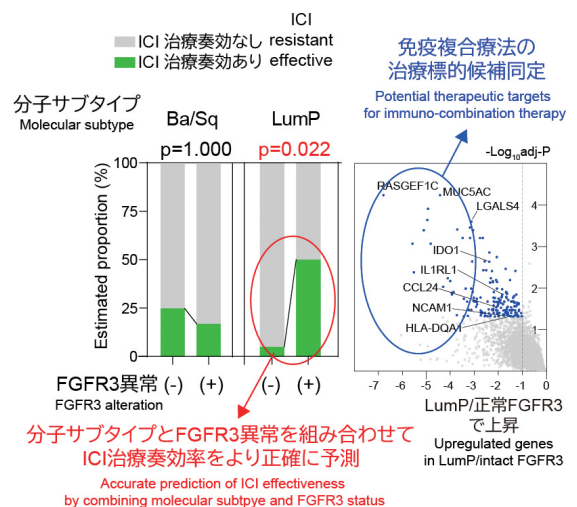
This study serves as a foundation for cancer genomic medicine, drug discovery, and clinical trials in Japan, highlighting the need for optimized diagnostic and therapeutic strategies tailored to Japanese cancer patients.

膀胱がんの FGFR3 異常が腫瘍免疫微小環境と免疫療法の効果に与える影響を解明～大規模膀胱がんコホート解析で新規治療標的の同定に期待～

The impact of FGFR3 abnormalities in bladder cancer on the tumor immune microenvironment and the efficacy of immunotherapy

大規模な膀胱がんコホート解析から、FGFR3 遺伝子の異常を持つ症例では腫瘍免疫微小環境に多様性があること、そして免疫チェックポイント阻害薬 (ICI) が特に効果的なタイプが存在することが明らかになりました。特に管腔乳頭サブタイプ (LumP) では、FGFR3 異常がある症例の方が、ない症例より ICI の治療奏効率が優れていることが確認されました。膀胱がんの分子サブタイプと FGFR3 異常を組み合わせることで、膀胱がんに対する ICI 治療の奏効率をより正確に予測できるようになると考えられます。

From a large-scale cohort analysis of bladder cancer (BC), it has become clear that cases with FGFR3 genetic alterations exhibit diversity in the tumor immune microenvironment, and that certain types are particularly responsive to immune checkpoint inhibitors (ICIs). For the luminal papillary subtype (LumP), cases with FGFR3 alterations show superior treatment efficacy with ICIs compared to those without such alterations. By combining of BC molecular subtypes and FGFR3 alterations, the effectiveness of ICI treatment for BC can be more accurately predicted.



がん RNA 研究分野 分野長
Chief, Division of Cancer RNA Research
吉見 昭秀 Akihide Yoshimi

治療効果の予測が難しい ICI ですが、本研究により膀胱がんでは一段確度の高い予測が可能になりました。また分子サブタイプと FGFR3 異常の組み合わせによって、治療標的候補の同定や、組み合わせに応じた免疫複合療法の開発が進むことが期待できます。

Although predicting the efficacy of ICI is challenging, this study has made it possible to predict with greater accuracy in BC. Additionally, by combining molecular subtypes and FGFR3 alterations, it is expected that identification of therapeutic targets and the development of tailored immuno-combination therapies will advance.

全ゲノム解析により胃がんの新たな発がん機構を解明

Whole genome analysis reveals a new carcinogenic mechanism for gastric cancer.

がんにおける遺伝子異常は、大きく点突然変異に代表される塩基置換と、染色体転座などに代表される染色体構造異常に分類できます。胃がんは消化器がんの中でも染色体構造異常の多いがんであるが、その全体像は明らかになっていませんでした。臨床情報が付随した胃がんの大規模な全ゲノム解析により、胃がんの特徴的な6種類の染色体構造異常シグネチャー (RS1 から6) を発見し、各シグネチャーで特徴づけられる7つのサブグループを同定しました。また新たな発がん機構として染色体外DNAが胃がんの発生に寄与していることを初めて明らかにしました。

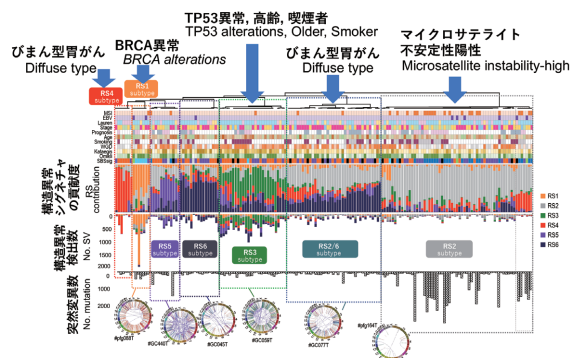
Gastric cancer is one of the most common gastrointestinal cancers with high levels of chromosomal structural aberrations, but the overall picture is not clear. Through large-scale whole genome analysis of gastric cancer with accompanying clinical information, six chromosomal structural aberration signatures (RS1-6) characteristic of gastric cancer were discovered. As a new carcinogenic mechanism, we also demonstrated for the first time that extrachromosomal DNA contributes to the development of gastric cancer.



がんゲノミクス研究分野 分野長
Chief, Division of Cancer Genomics
柴田 龍弘 Tatsuhiko Shibata

本研究成果は胃がんの予防・診断・治療開発の基盤となることが期待されます。とりわけ染色体外DNAは胃がんの新たな治療標的や分子マーカーとなる可能性があり、がん遺伝子パネル検査では検出できないことから、今後全ゲノム解析を活用した新たな検査法の開発が期待されます。

The results of this research are expected to form the basis for the development of prevention, diagnosis and treatment of gastric cancer. In particular, extrachromosomal DNA has the potential to become a new therapeutic target and molecular marker for gastric cancer.



子宮がん肉腫でトラスツズマブ デルクステカンによる抗HER2療法の有効性を確認 PDXモデルでの効果予測とも一致し希少がんの治療開発への道を開く

Efficacy of Anti-HER2 Therapy with Trastuzumab Deluxecan in Uterine Carcinosarcoma Consistent with PDX-model predictions of efficacy, paving the way for the development of treatments for rare cancers.

子宮がん肉腫は子宮体がんの中でも抗がん薬の効果が得られづらい予後不良な組織型です。国立がん研究センター中央病院 腫瘍内科のグループは子宮がん肉腫に対する抗HER2抗体薬複合体トラスツズマブ デルクステカン (T-DXd) の医師主導治験 (STATICE 試験) を実施しました。並行して我々は埼玉医科大学国際医療センター婦人科腫瘍科と共同で、PDXモデルを用いたT-DXdの薬効評価を実施しました。この結果、STATICE試験では子宮がん肉腫に対するT-DXdの高い効果が確認されました。さらにPDXモデルが作製できた6人のうち、2人の患者さんは実際にSTATICE試験に参加され、臨床効果とPDXでの腫瘍縮小効果が良好に相関することが確認されました。

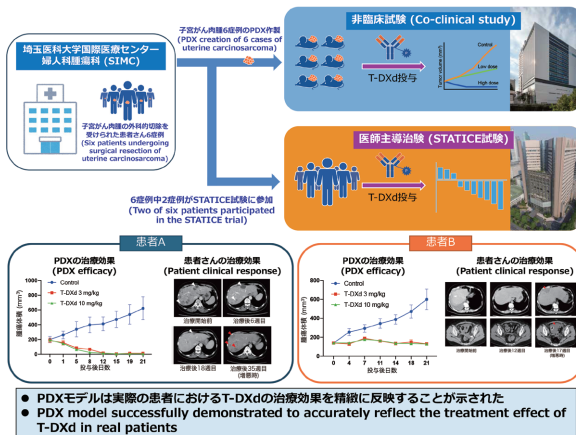
Uterine carcinosarcoma (UCS) is a poor prognosis histological type of uterine cancer that is unlikely to respond to anticancer drugs. The group of Department of Medical Oncology, National Cancer Center Hospital has conducted an investigator-initiated clinical trial (STATICE trial) of the anti-HER2 antibody-drug conjugate trastuzumab deruxtecan (T-DXd) for UCS. In parallel, we collaborated with the Department of Gynecologic Oncology at Saitama Medical University International Medical Center to evaluate the efficacy of T-DXd in UCS-PDX models. As a result, the STATICE trial confirmed the high efficacy of T-DXd against UCS. Furthermore, two of the six patients for whom PDX models could be created actually participated in the STATICE trial, confirming a good correlation between clinical efficacy and antitumor effect with PDX.



分子薬理研究分野 分野長
Chief, Division of Molecular Pharmacology
濱田 哲暢 Akinobu Hamada

PDXモデルが実際の患者さんの治療効果を精緻に反映することが確認されたうえ、患者さんの少ない希少がんではPDXモデルを有効活用することで臨床効果を予測できる可能性を示すことができました。国立がん研究センターではJ-PDXライブラリーも構築し、PDXモデルを用いた創薬開発を進めてまいります。

The results of this study confirmed that the PDX model accurately reflects the treatment efficacy in actual patients, and also demonstrated the possibility of predicting clinical efficacy by effectively utilizing the PDX model in rare cancers where the number of patients is small. The National Cancer Center will also construct the J-PDX library and promote drug discovery and development using the PDX model.



J-PDX ライブラリー HP は右の
二次元コードからご覧いただけます。
Please access the J-PDX libraries
website by clicking the 2D code on
the right.



OUR RESEARCH FOCUS



国立がん研究センター研究所ではどのような研究を行っていて、その研究がどのように役立っているのかを、研究者自ら発信するコラムです。

This is a column in which the researchers themselves explain what kind of research is being conducted at the National Cancer Center Research Institute and how their research is contributing to medical care.



幅の広い研究領域～分野の紹介～

A Wide Spectrum of Research Areas ~Divisions~

研究所では、基礎研究で得られた成果をもとに、新たな創薬や診断薬開発を可能とする革新的な医療シーズの創出に資する研究を強力に推進することをミッションとしています。

がんを早期に発見するための革新的な技術を開発し、効果的ながん治療の実現に貢献する独創性の高いシーズを継続して創出し続けています。研究所の豊富な実績に裏付けられた技術と質の高い基礎研究の成果を融合して、個体内における多様ながんの特性の統合的な理解を進めています。

The mission of the institute is to strongly promote research that contributes to the creation of innovative medical seeds that enable the development of new drug discovery and diagnostics based on the results obtained from basic research. The Institute develops innovative technologies for the early detection of cancer and continues to create highly original seeds that contribute to the realization of effective cancer treatment. By integrating technologies backed by the Institute's rich experience with the results of high-quality basic research, we are advancing an integrated understanding of the characteristics of diverse cancers within individuals.

分子病理分野

Division of Molecular Pathology

中央病院病理診断科と密接に連携し、診断の過程で生まれてきた疑問をもとに、遺伝子変化を診断に役立てる研究や、診断に役立つ遺伝子異常を見いだす研究を行っています。

Working closely with the Department of Pathology and Clinical Laboratories at Central Hospital, we conduct research to put genetic changes to practical use in diagnosis and research to find genetic abnormalities useful in diagnosis, based on questions raised in the process of diagnosis.

細胞情報学分野

Division of Cellular Signaling

高感度機能スクリーニング法と次世代シーケンサー解析とを組み合わせたアプローチによって、ヒト腫瘍の発生メカニズムを解明し、新たな分子標的治療法を開発することを目指しています。

Through an approach combining high-sensitivity functional screening with next-generation sequencing analysis, we aim to elucidate the development mechanism of human tumors and develop novel molecular targeted therapies.

がん進展研究分野

Division of Cancer Evolution

がんを発症する以前の正常組織、前がん病変やがんを獲得された遺伝子異常の解析を通じて、どのようにがんが発症し、さらに進展するのかを研究しています。

Thorough analyses of genetic alterations acquired in normal tissues, precancerous lesions and cancers, we are studying the genetic mechanisms of cancer development and progression.

がんRNA研究分野

Division of Cancer RNA Research

スプライシング解析や分子生物学的手法、動物モデル、臨床と連携した研究・前臨床試験などを駆使して、RNA異常を持つがん患者さんに、検査・治療法をお届けすることを目指します。

Splicing analysis and molecular biological methods, animal splicing analysis, molecular biology methods, animal models, and clinical and preclinical studies. We aim to deliver tests and treatments to cancer patients with RNA abnormalities.

がん幹細胞研究分野

Division of Cancer Stem Cell

世界に先駆け独自に見いだした酵素活性であるRNA依存性RNAポリメラーゼ活性とがん幹細胞の関連を解明することを目指した研究を進めています。

We conduct research aimed at elucidating the relationship between RNA-dependent RNA polymerase activity, an enzyme activity that we discovered for the first time in the world, and cancer stem cells.

がんゲノムクス研究分野

Division of Cancer Genomics

病理組織学的知識を基盤としながら、アジアで重要な難治性がん（肝臓がん・胆道がん・胃がん等）や希少がん（肉腫・成人T細胞白血病・小児腫瘍等）を主要な研究対象として、がんゲノム・エピゲノム・遺伝子発現の包括的な解析を進めています。

Based on histopathological knowledge, we conduct a comprehensive analysis of cancer genome, epigenome, and gene expression, mainly targeting intractable cancers (e.g., liver cancer, biliary tract cancer, gastric cancer) and rare cancers (e.g., sarcoma, adult T-cell leukemia, pediatric tumors), which are particularly important in Asia.

ゲノム生物学研究分野

Division of Genome Biology

RET 遺伝子融合の発見と橋渡し、NCC オンコパネル遺伝子パネルの薬事承認・保険収載など、がん個別化医療を推進するための予防・診断・治療の標的となる新規シーズ（種）の同定を進めています。

This division is identifying novel targets (seeds) for prevention, diagnosis, and treatment to promote cancer genomic medicine, including the discovery and translation of RET gene fusion as well as implementation of the NCC Oncopanel gene panel.

脳腫瘍連携研究分野

Division of Brain Tumor Translational Research

悪性脳腫瘍がなぜ生じてくるのか、なぜ治療が効かないのかといった特徴を理解し、新しい治療の開発へつなげようと日々シーケンズデータを用いた研究を行っています。

Our researchers sequence several types of malignant tumors to reveal how these tumors form and why some of the tumors are refractory to current therapies. We are working on the sequencing analysis of brain tumors to lead to the development of novel therapies.

研究概要集

Research Outline

ホームページよりPDFがダウンロードいただけます。ぜひご覧ください。
PDF downloadable from the website; we hope you will find it usefulite.

日本語



English



若手研究者・医師・学生のための オープンキャンパス

Open Campus for young researchers, physicians and students

毎年4月頃に開催し、研究室訪問や連携大学院制度などについて紹介しています。

The Open Campus is held every April and includes a lab visit tour and an introduction of the cooperative graduate school systems.



分子腫瘍学分野

Division of Molecular Oncology

がんの遺伝子異常の全体像を解明することによって、創薬標的やバイオマーカーとなり得る新規のがん関連遺伝子を同定すること、および、同定された遺伝子異常に基づいて、がんの分子病態を理解することを目指しています。

By elucidating the overall picture of genetic abnormalities in cancer, we aim to identify novel cancer-related genes that are potential drug discovery targets and biomarkers. We hope to understand the molecular pathology of cancer, based on the identified genetic abnormalities.

生物情報学分野

Division of Bioinformatics

本分野では、専らコンピュータによる実験データ分析によって、生物の研究をしています。がんゲノム学・がんゲノム医療で大きな役割を果たしています。

We study biology through computational analysis of experimental data. We play a substantial role in cancer genomics and cancer genome medicine.

分子薬理研究分野

Division of Molecular Pharmacology

医薬品開発における基礎から臨床をつなぐ橋渡しに重要な役目を持ち、実地医療における育薬研究においても重要な研究分野です。

Clinical pharmacology connects the gap between medical practice and laboratory science, especially in drug development.

腫瘍免疫研究分野

Division of Cancer Immunology

基礎免疫学、ゲノム科学、代謝学など各種のオミクス解析を統合することで、がん微小環境での抗腫瘍免疫応答の本態を解明し、新たながん免疫療法の開発に向けた基礎的研究を進めています。

By integrating various omics analyses such as basic immunology, genomics, and metabolism, we are elucidating the true nature of antitumor immune responses in the cancer microenvironment while conducting basic research for the development of new cancer immunotherapies.

先端バイオイメーjing研究分野

Division of Advanced Bioimaging

生細胞上の受容体、信号分子、膜構造などを多色同時に1分子・超解像イメージングして、細胞のがん化に至るシグナル伝達や分子機構などの解明を目指しています。

We aim to elucidate signaling mechanisms that lead to the oncogenesis of cells at the molecular level by simultaneously performing multicolor single-molecule and super-resolution imaging of receptors, signaling molecules, membrane structures, and other structures in living cells.

ゲノム解析基盤開発分野

Division of Genome Analysis Platform Development

実用的ながんゲノムシーケンス解析パイプライン、それに付随する後天的変異の検出や、構造異常の検出ツールの開発を行っています。

We have been developing a practical cancer genome sequencing pipeline and accompanying tools for detecting acquired mutations.

がん治療学研究分野

Division of Cancer Therapeutics

遺伝子異常に着目し、がん患者さん一人一人に特徴的な遺伝子異常に基づいた最適な治療標的を見つけ出すことで、最適ながん治療法を開発することを目指しています。

We aim to develop optimal cancer therapies by focusing on genetic abnormalities and finding optimal therapeutic targets based on genetic abnormalities characteristic of each cancer patient.

希少がん研究分野

Division of Rare Cancer Research

肉腫、GIST、神経内分泌腫瘍、脳腫瘍などの希少がんを対象として、診断や治療最適化のためのバイオマーカーおよび創薬標的の探索を行っています。

We explore biomarkers and drug discovery targets for diagnosis and therapeutic optimization in rare cancers such as sarcoma, GIST, neuroendocrine tumors, and brain tumors.

医療AI研究開発分野

Division of Medical AI Research and Development

国立がん研究センター中央病院の先生方と密に連携しながら、実臨床応用を目指した医療AI研究開発を推進しております。質の高い国際学術誌に論文発表を行うとともに、研究成果をがん患者さんに届けることが当研究室の使命と考えております。

In close collaboration with physicians at the National Cancer Center Hospital, we are promoting medical AI research and development for clinical application. The mission of our laboratory is to publish papers in high quality international journals and to deliver the results of our research to cancer patients.

幅の広い研究領域～独立ユニットの紹介～

A Wide Spectrum of Research Areas ~Independent Research Unit~

独立ユニットとは、分野と同様に国立がん研究センターのミッションを果たすことを目的として、比較的少人数ながら独立して研究開発を行っている研究室です。

Independent research units are laboratories with a relatively small number of members that conduct research and development independently for the purpose of fulfilling the mission of the National Cancer Center as well as the Divisions

分子発がん研究ユニット

Laboratory of Molecular Carcinogenesis

マイクロ RNA に着目し、その機能を知ることで、発がんの分子メカニズムを理解し、新たながん治療法や診断法に資する基盤的研究を行っています。

By focusing on microRNAs and knowing their functions, we develop an understanding of the molecular mechanisms of carcinogenesis while conducting basic research that contributes to new cancer therapies and diagnostic methods.

基礎腫瘍学ユニット

Laboratory of Fundamental Oncology

最も有名ながん抑制遺伝子である p53 の新機能の解明を進め、p53 シグナル経路を標的とした新規がん治療法・診断法の開発を目指して、精力的に研究を進めています。

We are actively conducting research to elucidate the new functions of the well-known tumor suppressor gene p53, and to develop novel cancer therapies and diagnostic methods targeting the p53 signaling pathway.

分子遺伝学ユニット

Laboratory of Molecular Genetics

遺伝子改変マウスやトランスポゾン、CRISPR-Cas9 などの遺伝学的アプローチを利用して、がんを制御する分子メカニズムに迫ります。

Using genetic approaches such as genetically modified mice, transposons, and CRISPR-Cas9, we explore the molecular mechanisms that regulate cancer.

ゲノム安定性制御研究ユニット

Laboratory of Genome Stability Maintenance

ゲノム不安定性の誘導機構、その制御機構には未だに不明な点が多く、ゲノム安定性・不安定性の制御機構の解明を目指しています。

There are still many uncertainties about the mechanism for inducing genomic instability and regulating genome stability. We aim to elucidate the regulatory mechanism of genome stability maintenance.

がん細胞システム研究ユニット

Laboratory of Cancer Cell Systems

オルガノイド技術を中心に細胞生物学的アプローチから、がん細胞社会の解明と新規治療法の開発を目指して研究を進めています。

Through a cellular biology approach focusing on organoid technology, we conduct research aiming at elucidating the cancer cell society and developing novel therapies.

ゲノムストレス応答学ユニット

Laboratory of Genome Stress Signaling

DNA 複製ストレスに着目し「なぜがんが発生するのか？」という問いに挑戦し、これらから得られる情報をもとに「がんの弱点」を見つけ出し、新しい治療法の開発を目指しています。

Focusing on DNA replication stress, we are challenging the question, "What causes cancer?" Based on information obtained from these studies, we aim to discover the weaknesses of cancer and develop new treatments.

病態情報学ユニット

Laboratory of Integrative Oncology

シングル細胞発現解析によるがん細胞の多様性や腫瘍内の微小環境の解明、細胞外小胞エクソソームに着目した細胞間相互作用の理解を目指して研究を行っています。

Our research aims to elucidate the cancer cell diversity and the microenvironment based on single-cell RNA-seq, and to understand cell-cell interactions via extracellular vesicles.

がん細胞内トラフィック研究ユニット

Laboratory of Intracellular Traffic & Oncology

「がん発症の原因となる遺伝子産物は、細胞内のどこで[・][・][・]る[・][・][・]さ[・][・][・]をしているのか？」については、ブラックボックスに包まれてきました。がん細胞内イメージングにより、増殖シグナルの発信源を突き止め、その理解に基づく治療薬の基盤の開発に取り組んでいます。

Where do cancer-causing mutant proteins cause growth signaling? By intracellular imaging, we investigate the subcellular localization of oncogenic mutants and develop a novel strategy for inhibition of growth signaling through blocking the intracellular trafficking.

計算生命科学ユニット

Laboratory of Computational Life Science

細胞・空間オミクス観測に対する情報解析技術の開発を行なっております。機械学習、数理モデルの融合により、がんの進展プロセスの時空間的な理解と制御を目指します。

We are developing computational methodologies for single cell or spatial omics observations. By integrating machine learning and mathematical modeling, we aim to understand and control the cancer progression process in space and time.

がん患者病態生理研究ユニット

Laboratory of Cancer Pathophysiology

がん患者さん個々のがんとの共生における QOL 向上に視点を設けた次世代型のがん支持療法およびがん緩和医療の確立のための包括的がん病態（基礎）研究を中心に展開しています。

We focus on comprehensive cancer pathology (basic) research to establish next-generation supportive cancer therapy and palliative cancer care with a view to improving the QOL of individual cancer patients living with their cancers.

基盤的臨床開発研究コアセンター (FIOC) 新たながんの治療法・診断法の研究開発を支援

Fundamental Innovative Oncology Core : FIOC

Supporting the development of new cancer therapeutic and diagnostic methods



FIOC
Web site

FIOC は基礎研究と臨床との橋渡しを推進することを目的に設置された組織で動物実験施設・RI 実験施設、研究支援機能を有する部門及び連携支援室から構成されています。国内外のアカデミアや企業と連携してトランスレーショナルリサーチ (TR) 及びリバース TR を実施し、がんの新しい治療法・診断法の開発と実用化を支援しています。FIOC のホームページには技術支援メニューの詳細のほか、FIOC の概要をまとめたパンフレットも掲載しています。右上の二次元コードからアクセスください。

FIOC is a research organization that promotes translational research (TR) and reverse TR and supports the development and practical application of new therapeutic and diagnostic methods. The FIOC consists of Central Animal Division, Central Radioisotope Division, Office of Research Coordination and 10 departments that provides specialized technologies. We also facilitate collaborative work with multiple private sector organizations outside the NCC.

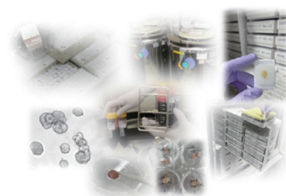
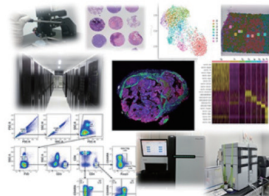
Our website provides details on the technical assistance menu, the FIOC website also includes a pamphlet outlining FIOC. Please access the website by clicking the 2D code on the upper right of this page.

専門的かつ豊富な解析技術とバイオリソース

Expert and extensive analytical techniques and bioresources

1. 研究支援 Analytical technologies of FIOC

- ゲノム・情報解析 Genomic・bioinformatics analysis
- 薬物動態解析 Pharmacokinetic analysis
- 病理解析 Pathological analysis
- 免疫解析 Immunological analysis
- プロテオーム解析 Proteome analysis
- 動物モデル解析 Animal model analysis



2. バイオリソース Bioresource

- 日本人がん患者由来の J-PDX (Japanese patient-derived xenograft) ライブラリー
Japanese cancer patient derived J-PDX Japanese patient-derived xenograft library
- 国立がん研究センターバイオバンク National Cancer Center Biobank

3. FIOC の解析技術・バイオリソースの活用 Utilization of FIOC's analytical technologies and bioresources

- 企業及びアカデミアへの研究支援 Analytical technologies for companies and academia

FIOC の有する様々な解析技術やバイオリソースを活かし、企業やアカデミアでの創薬開発及び実用化研究を支援しています。
例：生体試料（患者血液、腫瘍組織切片など）、樹立細胞株、PDX モデルを活用した非臨床試験の実施、開発候補薬剤のバイオマーカー探索等を行っています。

By utilizing the analytical techniques and bioresources of FIOC, we support new cancer drug development and practical application with companies and academia. We also conduct many collaborative research projects with them.

Example: We perform non-clinical trials using the J-PDX library and discovered biomarkers for candidate drugs.

- 革新的がん研究支援室 (PRIMO) 技術支援スキーム

Practical Research for Innovative Cancer Control Management Office (PRIMO) Technical Support Scheme

PRIMO と連携し、AMED 革新的がん医療実用化研究事業に採択された研究課題に対して、共同研究として技術支援を行っています。
例：1) 若手研究者に対する、新規治療薬の抗腫瘍メカニズム解明を目的とした、検体の免疫プロファイル解析を行っています。
2) J-PDX ライブラリーを用いた、がん種横断的な薬剤スクリーニングによる、開発対象がん種の絞り込みをしています。

FIOC is also collaborating with PRIMO to provide joint research and technical support for the Japan Agency for Medical Research and Development (AMED) Practical Research for Innovative Cancer Control project (Kakushingan project).

Example: 1) In collaboration with young researcher, we perform the immunological analysis to elucidate anti-tumor mechanisms of a new drug.
2) We have implemented a drug screening test that uses the J-PDX library across cancer types to select target cancer types for a clinical trial.

研究支援までの流れ

Workflow to research supports

FIOC の研究支援を希望される方は、研究所 連携支援室までご連絡ください。
右の二次元コードでもメールにアクセスできます。

Please Contact to Office of Research Coordination.
You can also access your email with the 2D code on the right.

fioc-renkei@ml.res.ncc.go.jp



FIOC による多彩な研究支援

Various Research Support by FIOC

動物実験施設 / がんモデル開発部門

Central Animal Division/Cancer Model Development

がん研究に必要な不可欠な実験動物の維持管理を行うとともに、遺伝子変異マウスの体外受精・系統保存・個体化などの発生工学技術の支援を行っています。また、ゲノム編集による遺伝子変異マウスの作製および新規の支援技術の開発に取り組んでいます。

We maintain and manage laboratory animals essential for cancer research, while providing technical support for embryo engineering such as in vitro fertilization and cryopreservation of genetically modified mouse strains. We are also involved in generating gene-modified mice through genome editing and developing novel supporting technologies.

バイオバンク部門

Biobank and Tissue Resource

バイオバンクでは、1) 患者さんから提供を受けた血液、2) 診断・検査に使われた組織や、3) それらに付随する診療情報などを整理、保管し、それらの試料を提供することで幅広いがんおよびがん以外の医学研究に役立てています。

The biobank collects, stores and organizes the following biological samples: 1) blood donated by patients, 2) tissues used for diagnosis and testing, and 3) associated clinical information. These samples are used for cancer and non-cancer research.

プロテオーム解析部門

Proteomics

質量分析やタンパク質アレイを用いたタンパク質の量や機能を俯瞰的に解析する技術を開発し、タンパク質レベルでがんの本質に迫り、治療法の開発に繋がります。

Our lab develops advanced techniques to comprehensively analyze protein quantity and function using mass spectrometry and protein arrays. We aim to uncover the essence of cancer at the protein level, contributing to the development of innovative treatments.

創薬標的・シーズ探索部門

Department of Translational Oncology

がん細胞の増殖や転移に関与する異常な遺伝子に対して設計可能な、核酸医薬の開発を行っています。がん転移モデルマウスを利用して、核酸医薬の薬効評価やドラッグデリバリーシステムの検討および研究所内外の研究支援を行っています。がん患者の転移巣由来がん細胞株の樹立、特性解析及び創薬標的の探索も行っています。

We are developing nucleic acid medicine that can be designed to target abnormal genes involved in the proliferation and metastasis of cancer cells. Using cancer metastasis model mice, we evaluate the efficacy of nucleic acid medicine, develop the drug delivery systems, and provide support for research both inside and outside the institute. We also establish and characterize cancer cell lines derived from metastatic lesions in cancer patients, and search for drug discovery targets.

病理解析部門

Analytical Pathology

バイオバンクと連携し、あらゆる種類の腫瘍についての共同研究が可能です。また、病理形態学を基盤としているため、腫瘍学における腫瘍の位置づけや腫瘍細胞の組織内での空間的広がりについて適切な助言、共同研究を行います。また、分子病理学的技術をもとにした技術支援も行います。

In cooperation with biobanks, we are able to conduct collaborative research on all kinds of tumors. In addition, based on pathological morphology, we provide appropriate advice and collaborative research on the positioning of tumors in oncology and the spatial spread of tumor cells within tissues. We also provide technical support based on molecular pathology techniques.

免疫ゲノム解析部門

Immuno-genomic medicine

免疫ゲノム解析部門は2024年4月から始動致しました。当部門では、生検などの微小腫瘍組織を用いた免疫細胞プロファイルおよび機能・位置情報を中心に解析を行っており、国立がん研究センター内の臨床科・研究分野をはじめ、アカデミアや企業からの依頼に応じて免疫学的トランスレーショナル研究の解析支援を行います。

Department of Immuno-genomic Medicine focuses on the analysis of immune cell profiles, immune cell functions and their spatial information using biopsy specimens and other small size tumor tissues. We provide analytical support for immunological translational research in response to requests from clinical and research departments within the National Cancer Center, as well as from academia and industry.

R I 実験施設

Central Radioisotope Division

放射線等のゲノムストレスによるDNA修復、DNA損傷応答のメカニズム研究や中央病院・EPOC等と連携し、がんの次世代型放射線治療法として注目されている中性子捕捉療法(BNCT)やα線放出核種の生物影響についての研究を行っています。

We have focused on the study of molecular mechanisms of cellular responses such as DNA damage signaling, DNA repair, and apoptosis pathway after DNA damage, including by irradiation. Through collaboration with NCC Hospital and EPOC, we conducted preclinical research as well as basic and translational studies of the accelerator-based boron neutron capture therapy (BNCT) systems, and of the alpha ray-emitting nuclides for biological/medical use.

臨床ゲノム解析部門

Clinical Genomics

バイオバンク部門との連携を通して、ワンストップサービスによる臨床検体を用いたゲノム・トランスクリプトーム・メチル化解析を実施し、臨床医や基礎研究者の研究支援を実施しています。

In collaboration with the Department of Biobank, we perform genome, transcriptome, and methylation analyses using clinical specimens through a one-stop service to support clinicians and basic researchers in their research.

バイオインフォマティクス部門

Bioinformatics

当部門では、実験研究室が産出するデータのバイオインフォマティクス分析を、共同研究として行っています。ご希望の方は、FIOC 連携支援室へご連絡ください。

Our department offers the supports of the bioinformatics analysis of data produced by experimental laboratories as collaborative research projects. Please contact FIOC Office of Research Coordination if you are interested in this service.

薬効試験部門

Pharmacology and Therapeutics

患者腫瘍移植(PDX)モデルは、腫瘍の組織構造が患者さん腫瘍の組織構造と近似しており、腫瘍の不均一性が保たれ、遺伝子異常が維持されるという特性があり、臨床効果の予測能が高いと言われています。薬効試験部門では、PDXモデルを用いてがん種横断的な大規模薬剤スクリーニングを行い、臨床試験に移行する薬剤の選択とがん種の最適化に向けた研究を行っています。

Patient-derived xenograft (PDX) models are characterized by their close approximation to the tissue structure of patient tumors, maintenance of tumor heterogeneity, and preservation of genetic variations. These models are said to have a high predictive ability for clinical efficacy. The Department of Pharmacology and Therapeutics conducts large-scale drug screening across various cancer types using PDX models. Our research focuses on selecting drugs for clinical trials and optimizing them for specific cancer types.

免疫創薬部門

Immune Medicine

製薬企業やアカデミアが主導する臨床試験の付随研究として、末梢血やがん組織の免疫学的解析を実施し、バイオマーカーの探索や新薬の免疫学的機序の解明に関わる研究を支援しています。また、がんの免疫微環境の分子基盤を明らかにし、新たな診断・治療法開発や、治療抵抗性のメカニズム解明も進めています。

In collaboration with pharmaceutical companies and academia, we support the immunological analyses in translational research to explore biomarkers and antitumor mechanisms of immune therapies. In addition, we develop novel therapeutic strategies based on the elucidation of molecular basis in an immune-suppressive tumor microenvironment, and drug resistance mechanisms.

連携支援室

Research Coordination

連携支援室は、基盤的臨床開発研究コアセンター(FIOC)の部門及び実験施設間の連携を強化し、FIOCの有する解析技術及びバイオリソースを活用した橋渡し研究(TR)/リバースTRを推進します。また、FIOCの研究支援及びバイオリソースに関する相談窓口として、お役立ちたいと考えております。

The Office of Research Coordination strengthens collaboration among departments and experimental facilities of the Fundamental Innovative Oncology Core (FIOC) and promotes translational research (TR)/reverse TR using techniques and bioresources of FIOC. We would like to be of service to you the inquiry counter regarding research supports and bioresources.

トランスレーショナルリサーチの推進

Promoting Translational Research



Tsukiji TR Board
Web site

研究所は、中央病院・東病院・先端医療開発センター・がんゲノム情報管理センター等とともに、製薬企業やアカデミアとの連携による基礎と臨床の橋渡し研究を積極的に推進しています。

The Institute, together with the Hospital, East Hospital, Exploratory Oncology Research & Clinical Trial Center, Center for Cancer Genomics and Advanced Therapeutics, and others, is actively promoting translational research (TR) in collaboration with pharmaceutical companies and academia.

Tsukiji TR Board とは？

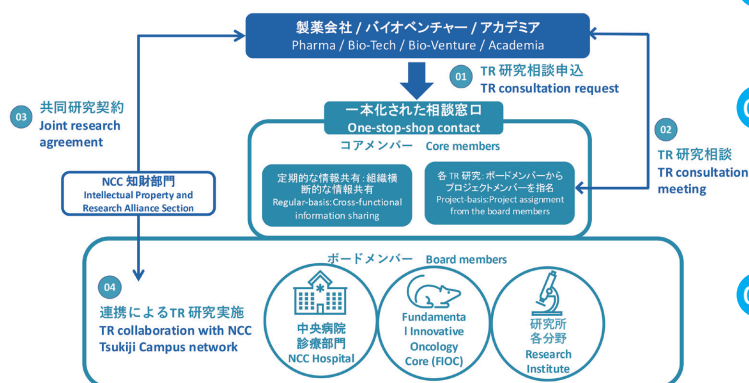
What is the Tsukiji TR Board?

Tsukiji TR Board は、築地キャンパスのトランスレーショナルリサーチ (TR) を活性化すること、及び製薬企業・アカデミアへの築地 TR 研究体制の“見える化”、“易アクセス化”を目的に、中央病院と研究所が一体となって進めている新たな TR 研究の枠組みです。Tsukiji TR Board の取り扱う TR 研究は、製薬企業との TR 研究を主とし、アカデミアとの TR 研究も対象としています。

The Tsukiji TR Board is a new framework for TR where Hospital and the Institute jointly work to invigorate TR on the Tsukiji Campus, making the Tsukiji TR research system “visible and accessible” to pharmaceutical companies and academia. The Tsukiji TR Board focuses mainly on TR with pharmaceutical companies and covers TR with academia.

シームレスなトランスレーショナルリサーチ実施までの流れ

Seamless flow to translational research(TR)



Tsukiji TR Board はシームレスな TR 研究実施体制を提供します。
Tsukiji TR Board provides a seamless TR research implementation system.

- 01 相談支援は一本化された窓口で対応**
Drop a request to one-stop-shop contact for your TR consultation
相談者ご自身で担当部門や研究者を探す必要がありません。
The one-stop-shop contact is ready for your easy access, then you don't need to seek out appropriate researchers/physicians by yourselves.
- 02 TR 研究相談は組織横断的なコアメンバーで**
Have a TR consultation meeting with pre-assigned researchers/physicians
相談申込は組織横断的なコアメンバーで円滑に情報共有されます。また、TR 研究の内容に応じて適切なボードメンバーを限定して指名することで、TR 相談内容の機密性は関係者のみに保たれます。
Every TR consultation request is shared within the core members in a timely manner, then appropriate researchers/physicians should be pre-assigned from the board members. Confidentiality could be maintained within only limited attendees thus.
- 03 担当研究者の決定と共同研究契約の締結**
Conclude a joint research agreement
合意された実施内容に応じて担当研究者を決定し、NCC 知財部門を通じて、相談者および担当研究者の間で共同研究契約を締結します。
Having an agreement of TR plan at the consultation meeting, a joint research agreement would be concluded between customers and researchers/physicians in charge via NCC IP and Research Alliance Section.
- 04 築地キャンパス連携を生かした TR 研究を実施**
Conduct TR study in collaboration across functions in NCC Tsukiji campus
中央病院診療部門、基盤的臨床開発研究コアセンター、研究所各分野で連携しながら、TR 研究を実施します。
Conduct TR study effectively in collaboration with NCC clinical department, Fundamental Innovative Oncology Core and NCCRI research divisions.

アクティビティ説明会 Activity Briefing Session

Tsukiji TR Board 主催で、毎年 12 月頃、主として企業の方を対象として、研究所や中央病院・東病院の最新の研究成果や解析技術・バイオリソースを紹介しています。また、情報の秘匿性を保った形で、企業と各研究室の個別面談の機会を設けて、共同研究への展開を支援しています。興味がある方は、Tsukiji TR Board の HP をご覧ください。

Organized by the Tsukiji TR Board, this annual event is held around December each year, mainly for companies to introduce the latest research results, analytical techniques, and bioresources from the laboratories and the Hospital and Hospital East. The Board also provides opportunities for individual meetings between companies and the laboratories in a manner that preserves the confidentiality of information and supports the development of joint research. If you are interested, please visit the homepage of the Tsukiji TR Board.

企業との共同研究実績 (2017 年 10 月～ 2024 年 6 月)

Collaborative Research project with Companies (October 2017 - June 2024)

国内外問わず様々な企業との共同研究を実施しています。

Tsukiji TR board conducts joint research with various companies both domestically and internationally.

国内 Japan	製薬・診断薬・医療機器企業 Pharmaceutical, diagnostics and medical device companies	15 社
国外 Outside of Japan	製薬企業 Pharmaceutical	7 社

国内外 22 社と 51 課題を実施
51 projects with 22 companies

共同研究の内訳

breakdown of collaborative research

● 治験付随研究 Co-clinical study	24 課題	● 基礎研究 Basic research	15 課題
▷ 医師主導治験 Investigator-initiated trial	20 課題	△ 薬剤の作用機序 Action mechanism of drug	9 課題
▷ 企業治験 Sponsor-initiated trial	4 課題	△ 創薬標的探索 Exploration of drug target	3 課題
● 薬剤開発 (非臨床試験) Drug development (Non-clinical study)	12 課題	△ 診断法開発 Development of diagnostics	3 課題



施設紹介

Facilities

国立がん研究センターは、最先端のがん研究、がん医療開発、がん診療の中心的な役割を担う機関として期待されています。研究所では、がんの基礎研究や新しい治療法や診断法の開発を目指した応用研究を行っています。研究棟は2017年に竣工され、最先端の研究施設が整備されています。

The National Cancer Center is expected to play a central role in cutting-edge cancer research, cancer medicine development, and cancer treatments. The Institute conducts basic research on cancer and applied research aimed at developing new therapeutic and diagnostic methods. The research building was completed in 2017 with state-of-the-art research facilities in place.

ゲノム解析室 Section of Genome Analysis Platform

がんゲノム解析はがん研究を発展させる大きな原動力です。さまざまな種類の次世代シーケンサーを保有し、がんのゲノム配列を解読することにより、がんの原因を調べています。

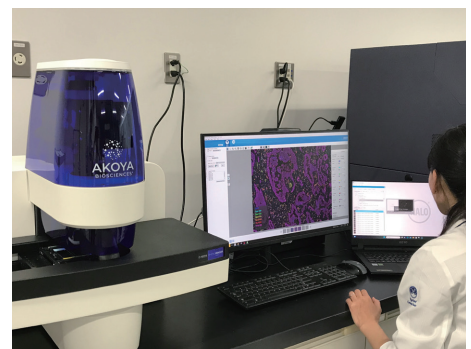
Cancer genomic analysis is a major driver of cancer research. This Section has various types of next-generation sequencers to investigate the causes of cancer by decoding the genomic sequence of cancer.



共通機器室 Common Equipment Room

4階は共通機器フロアでさまざまな研究用解析機器が設置されています。

This room is located on the 4th floor, where a variety of research analysis equipment is installed.



一般実験室 General Laboratories

8階から13階には一般実験室があり、実験を行うベンチとデータのまとめなどを行うデスクスペースに分かれています。実験室のすぐ横にはラボサポートがあり、測定機器やフリーザーなどが置かれています。

The building's 8th to 13 floors house general laboratories, each of which is divided into benches for experimentation and desk spaces for data compilation. Adjacent to each laboratory is Lab Support where necessities such as measuring instruments and freezers are.



バイオバンク Biobank

血液や組織などの試料（検体）とそれに付随する診療情報などを保管し、医学研究に活用しています。

The Biobank stores specimens (samples) such as blood and tissues and related medical information, making them available for use in medical research.



試料収集実績（2024年6月末日現在）

Collected Samples (as of June 30, 2024)

■病理凍結組織 Pathological frozen tissues

症例数：31,537 症例
Cases : 31,537 patients
検体数：132,739 バイアル
Samples : 132,739 vials

■研究用採血血液 Blood collected for research

症例数・血漿：123,754 症例
Cases Plasma : 123,754 patients
・DNA：123,820 症例
DNA : 123,820 patients
・RNA 抽出用 lysate：119,367 症例
Lysate for RNA extraction : 119,367 patients
検体数・血漿：584,834 バイアル
Samples Plasma : 584,834 vials
・DNA：495,305 バイアル
DNA : 495,305 vials
・RNA 抽出用 lysate：120,390 バイアル
Lysate for RNA extraction : 120,390 vials

動物飼育室 Animal Husbandry Room

がん研究において、実験動物を用いた解析は重要です。個別換気ケージシステムが各飼育室に設置され、極めて高い衛生環境の下で飼育管理されています。蛍光や発光を利用して、生体内でがん細胞の転移などの様子を観察することも可能です。



Analysis using laboratory animals is indispensable in cancer research. An individually ventilated cage system is installed in each husbandry room, where the animals are kept in an extremely high hygienic environment. It is also possible to observe the metastasis of cancer cells in vivo using fluorescence and luminescence.

サーバーーム Server Room

がんゲノム解析を含むさまざまなデータを統合的に解析するため、高性能の解析サーバ、大容量のデータサーバを保有し、がん研究を支えています。



In order to analyze various data, including cancer genomic analysis, in an integrated manner, high-performance analysis servers and high-capacity data servers are in place to support cancer research.

AI 解析 AI Analysis

人工知能（AI）をがん医療に応用する研究も進んでいます。AI による内視鏡診断を行うことで、早期大腸がんを正確に検知することが可能になってきました。



Research is also underway to apply artificial intelligence (AI) to cancer medicine. AI-enhanced endoscopic diagnosis has enabled us to accurately detect early-stage colorectal cancer.

大会議室・セミナールーム Conference Hall and Seminar Rooms

1 階には大会議室とセミナールームがあり、講演会、セミナーなどが行われています。若手研究セミナーが定期的に開催され、優秀者には所長賞が贈られます。



The 1st floor houses facilities such as a conference hall and seminar rooms, where lectures, seminars, and other meetings are held. Seminars for young researchers are held regularly, and the Director's Award is handed to particularly outstanding presentations.

共同研究を希望される方

CONTACT

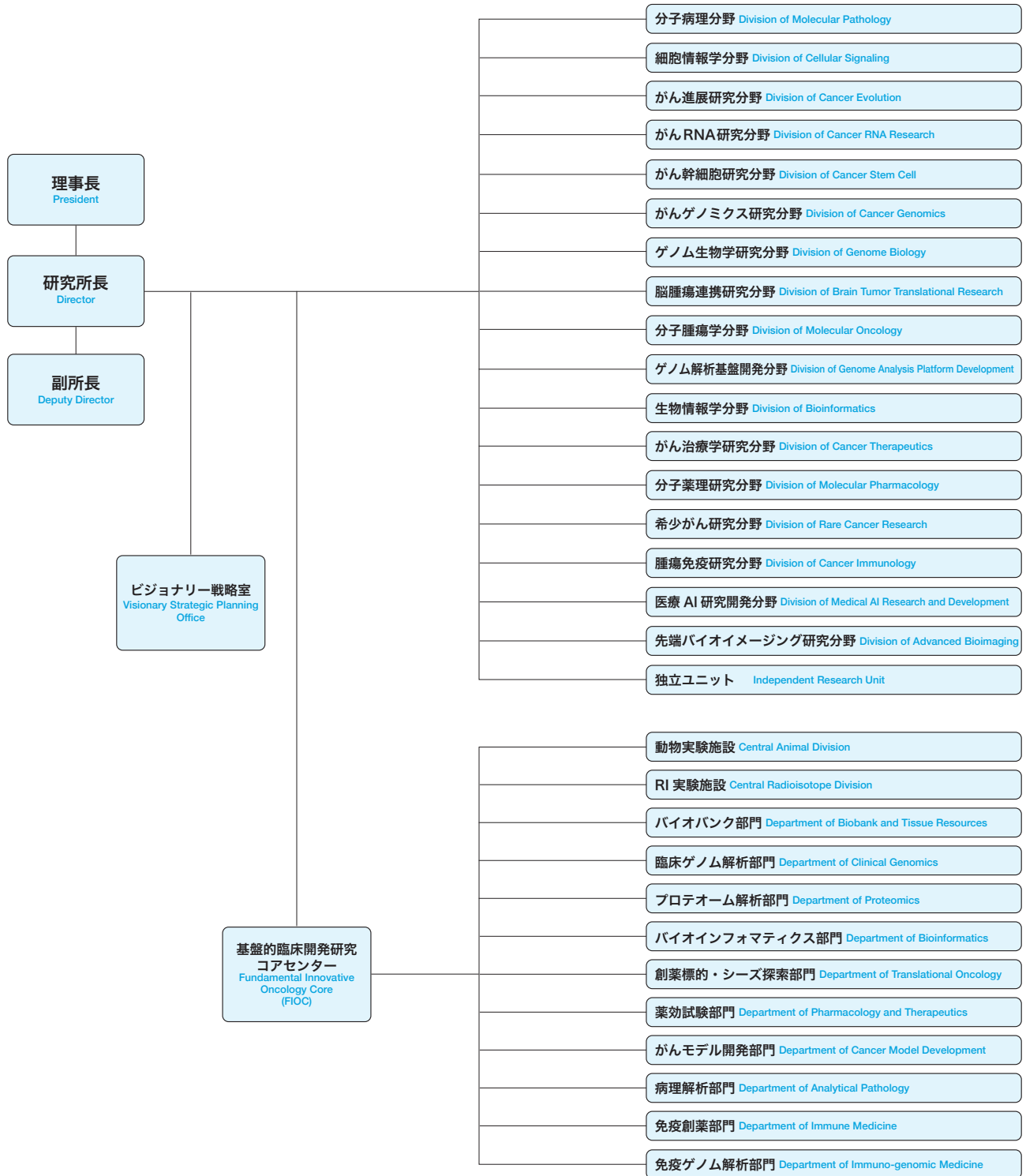
研究所では、基礎研究から、TR 研究、さらには開発研究にいたるまで、画期的な発見、成果を目指した幅広い共同研究を行っています。

研究支援センター研究管理部産学連携・知財戦略室までご連絡ください。

The institute is conducting various types of collaborative researches including basic, translational and developmental research. Please contact us by E-mail.

産学連携・知財戦略室 Research Alliance and Intellectual Property Section / E-mail : alliance@ml.res.ncc.go.jp





ホームページと SNS のご紹介

Web site & Official X account

Web site

日本語



English



X

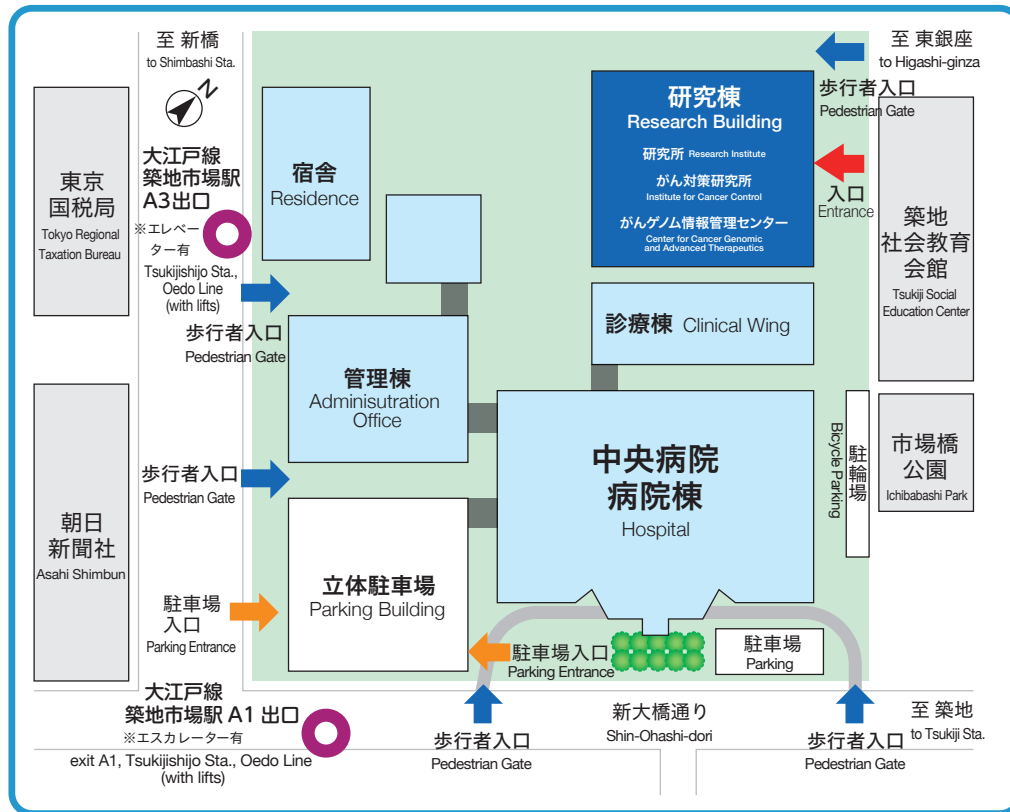
研究所の研究活動やイベントをご紹介します。

Our official X account will introduce the research activities and events of the institute.



Access & Map

築地キャンパス Tsukiji Campus



Map



- 電車
都営地下鉄 大江戸線「築地市場駅」
A1・A3 出口から徒歩 1 分
東京メトロ日比谷線「築地駅」2 番出口、
または「東銀座駅」6 番出口から徒歩 5 分
都営地下鉄浅草線「東銀座駅」
6 番出口から徒歩 5 分
- バス
業 10/ 都 03/ 都 04/ 都 05-1/ 都 05-2 (都営)
「築地三丁目バス停」から徒歩 5 分
市 01 (都営)
「国立がん研究センター前バス停」から徒歩 3 分
- 駐車場
394 台 (30 分まで無料)
- Train
Oedo Line "Tsukijishijyo Station" 1 minute walk from Exit A1 or A3
Hibiya Line "Tsukiji Station" 5 minute walk from Exit 2
Hibiya Line "Higashi-ginza Station" 5 minute walk from Exit 6
Asakusa Line "Higashi-ginza Station" 5 minute walk from Exit 6
- Toei Bus
5 min walk from "Tsukiji San-chome" bus stop
3 min walk from "National Cancer Center" bus stop
- Parking
for 394 (free of charge up to 30 minutes)

国立研究開発法人
国立がん研究センター研究所
National Cancer Center Research Institute

〒104-0045 東京都中央区築地 5-1-1
TEL.03-3542-2511 (代表電話)
<https://www.ncc.go.jp/jp/ri/>

5-1-1 Tsukiji, Chuo-ku,
Tokyo 104-0045, Japan
Phone:+81-3-3542-2511
<https://www.ncc.go.jp/en/ri/>



国立がん研究センター 研究所
National Cancer Center Research Institute