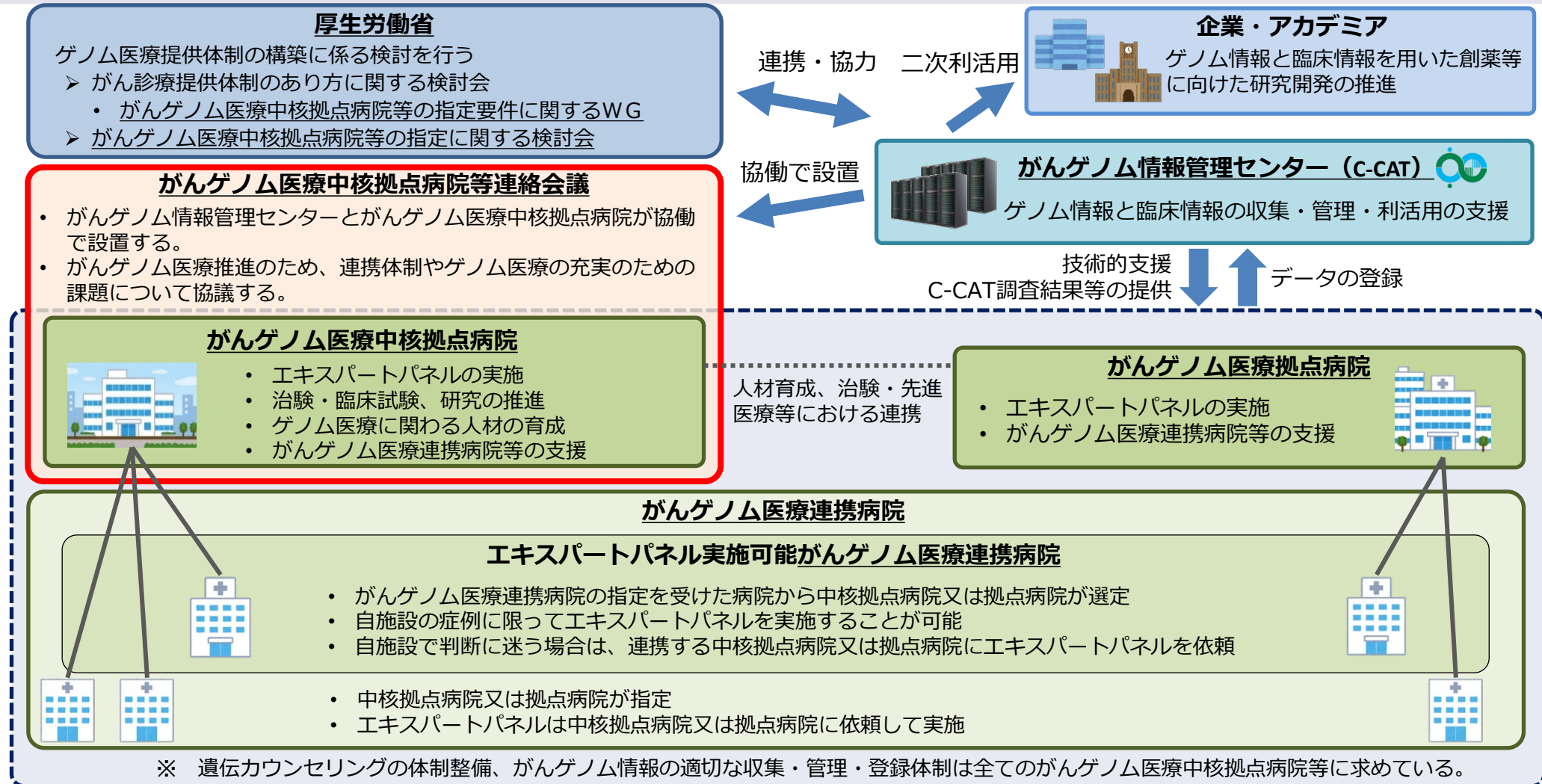


# がん遺伝子パネル検査及び C-CATデータ利活用の現状について

# がんゲノム医療提供体制（今後を含む）

- がんゲノム医療を必要とするがん患者が、全国どこにいても、がんゲノム医療を受けられる体制を構築することを目指して、がんゲノム医療中核拠点病院等の整備を進めている。
- がんゲノム医療中核拠点病院及びがんゲノム医療拠点病院は、がんゲノム医療中核拠点病院等の指定に関する検討会の意見を踏まえて厚生労働大臣が指定する。がんゲノム医療連携病院は、がんゲノム医療中核拠点病院またはがんゲノム医療拠点病院により指定される。

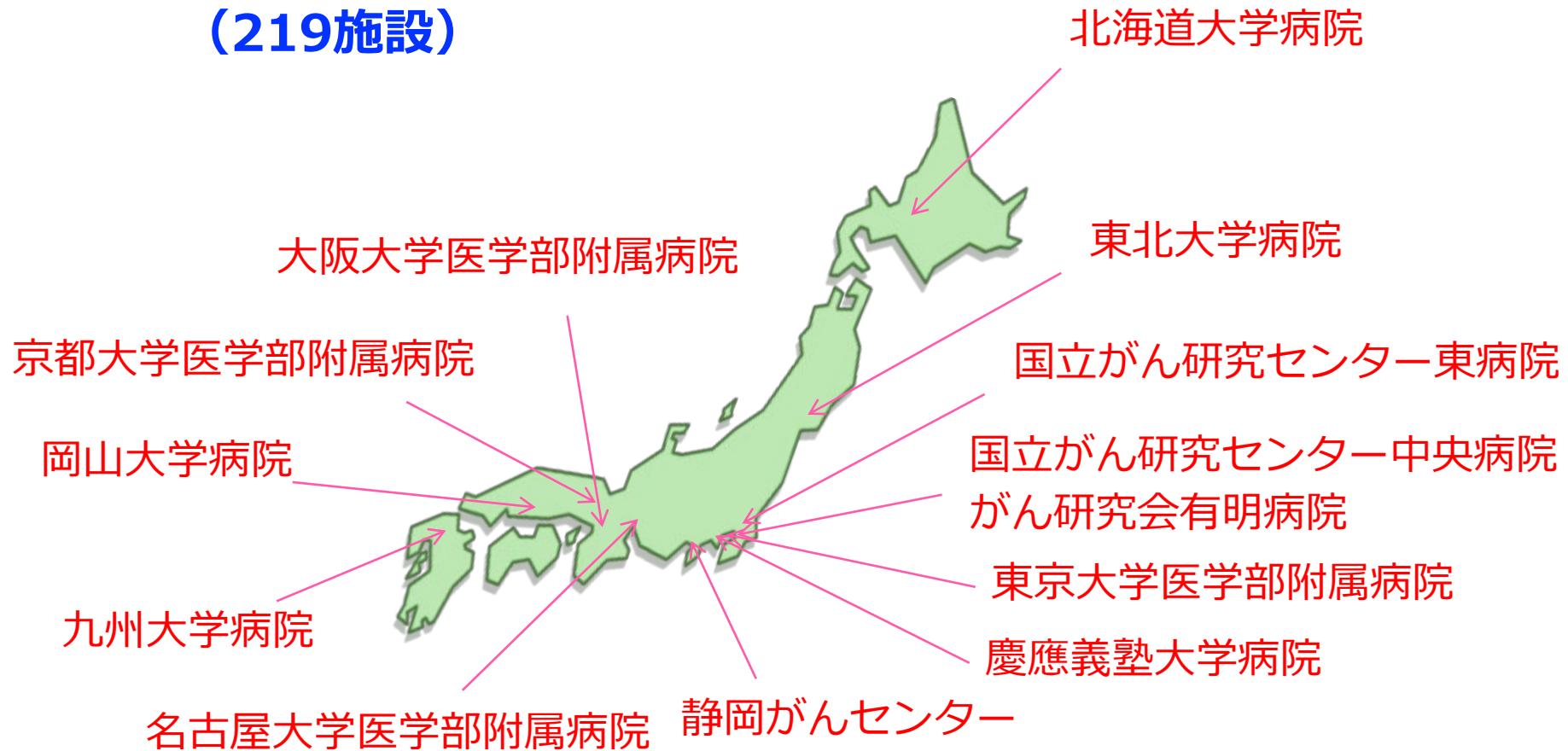


# 日本のがんゲノム医療を担う医療機関

がんゲノム医療拠点病院  
(32施設)

がんゲノム医療連携病院  
(219施設)

がんゲノム医療中核拠点病院  
(13施設)



# C-CATデータ登録数

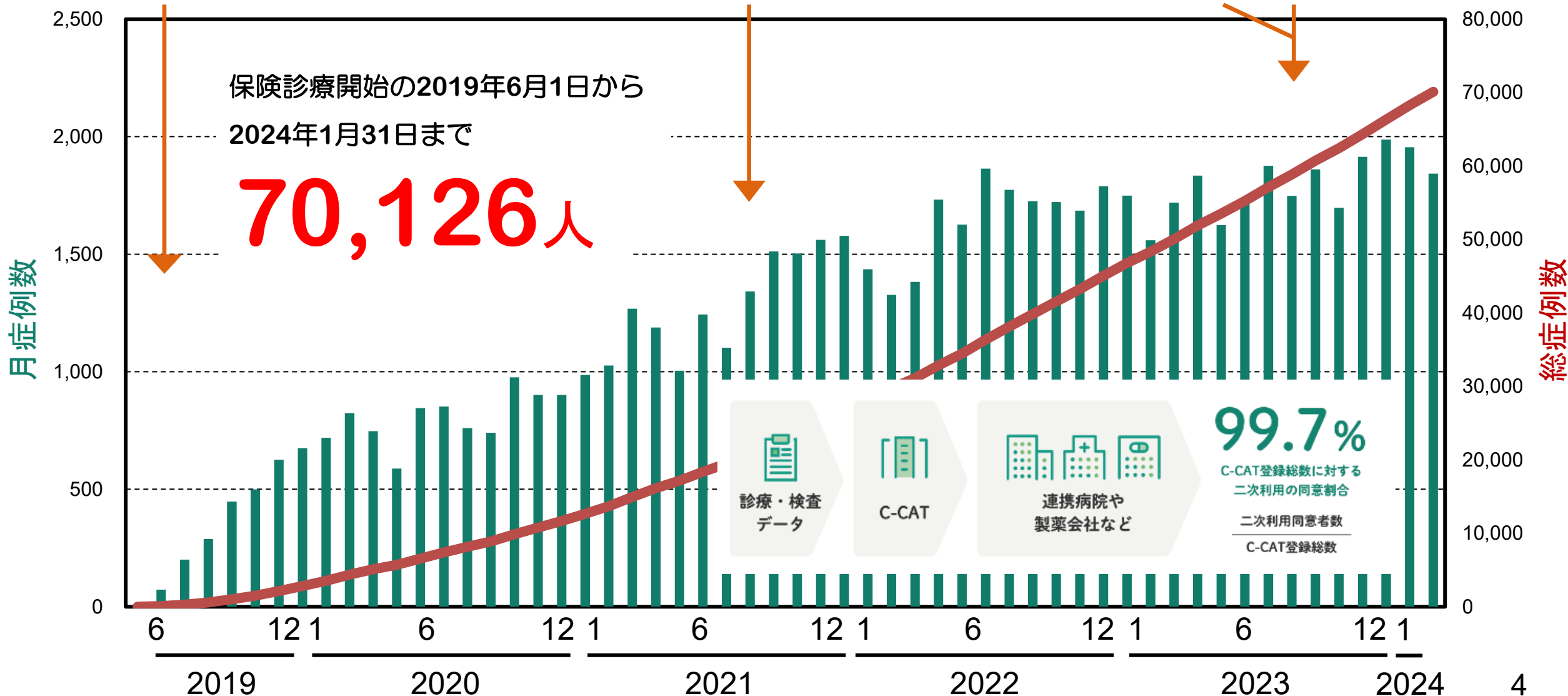
FoundationOneCDx  
+ NCCオンコパネル

FondationOne LiquidCDx

G360CDx GenMineTOP

保険診療開始の2019年6月1日から  
2024年1月31日まで

70,126人



# C-CATデータから見る遺伝子パネル検査の状況

意義	項目	通算
検査数・同意率	総数	65,672
	NOP	6,976
	F1CDx	48,343
	F1LCDx	9,773
	G360	346
	GMTop	234
	利活用同意率	99.7%
治療到達率	EP治療選択肢提示率★	38.3%※
	EP提示治療実施率★	7.4%※

意義	項目	通算
EP後 治療内訳	保険診療	3,686
	企業治験	747
	医師主導治験	239
	先進医療	9
	患者申出療養	414
	その他	202

※ 母数調整前、★ 第4期がん対策推進基本計画評価項目

# C-CATデータを利用している施設

39のがんゲノム医療病院や10の企業など86課題の研究・開発にC-CATデータが利用されている

(2023年12月時点)

	利用施設数	延べ課題数
中核拠点病院 (全13施設)	11	28
拠点病院 (全32施設)	10	17
連携病院 (全214施設)	18	26
他のアカデミア	4	5
企業	10	10

## がんゲノム医療病院

国立がん研究センター中央病院  
国立がん研究センター東病院  
東京大学医学部附属病院  
がん研究会 有明病院  
など39施設

## 他のアカデミア

国立がん研究センター研究所  
国立がん研究センターEPOC  
理化学研究所  
慶應義塾大学

## 企業

MSD  
中外製薬  
ノバルティス ファーマ  
アムジェン  
エーザイ  
日本ベーリンガーインゲルハイム  
メルクバイオファーマ  
バイエル薬品  
日本イーライリリー  
シスメックス

C-CATデータを利用した学術論文（英文誌、原著） — 2024年1月時点 —

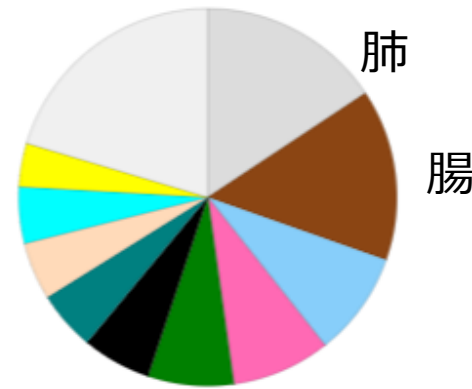
No.	論文タイトル	ジャーナル	発表年	利用代表機関
1	Comprehensive Genomic Profiling Reveals Clinical Associations in Response to Immune Therapy in Head and Neck Cancer.	<i>Cancers</i>	2022	東京医科歯科大学病院
12	The Efficacy of Immunotherapy and Clinical Utility of Comprehensive Genomic Profiling in Adenoid Cystic Carcinoma of Head and Neck.	<i>Medicina</i>	2023	
2	Selection bias due to delayed comprehensive genomic profiling in Japan.	<i>Cancer Sci J Neurooncol</i>	2023	都立駒込病院
7	PTPN11 variant may be a prognostic indicator of IDH-wildtype glioblastoma in a comprehensive genomic profiling cohort.		2023	
13	Factors predictive of second-line chemotherapy in soft tissue sarcoma: an analysis of the National Genomic Profiling Database.	<i>Cancer Sci</i>	2023	
3	Utility of molecular subtypes and genetic alterations for evaluating clinical outcomes in 1029 patients with endometrial cancer.	<i>Br J Cancer</i>	2023	国立がん研究センター中央病院
4	Genomic landscape and clinical features of rare subtypes of pancreatic cancer: analysis with the national database of Japan.	<i>J Gastroenterol</i>	2023	京都府立医科大学付属病院
10	Genomic profile and clinical features of MSI-H and TMB-high pancreatic cancers: real-world data from C-CAT database.	<i>J Gastroenterol</i>	2023	
5	Comprehensive cancer genomic profiling of liver metastasis led to the unexpected identification of colorectal cancer.	<i>Intern Med</i>	2023	熊本大学病院
6	CDK12 alterations and ARID1A mutations are predictors of poor prognosis and therapeutic targets in high-grade salivary gland carcinoma: analysis of the National Genomic Profiling Database.	<i>Jpn J Clin Oncol.</i>	2023	東京大学医学部附属病院
9	BRAF mutations and concurrent alterations in patients with soft tissue sarcoma.	<i>Genes Chr Cancer Head Neck</i>	2023	
11	TERT promoter mutation positive oral cavity carcinomas, a clinically and genetically distinct subgroup of head and neck squamous cell carcinomas.		2023	
8	Genomic characterization of thymic epithelial tumors in a real-world dataset.	<i>ESMO Open</i>	2023	順天堂大学医学部附属順天堂医院
14	Pan-cancer comparative and integrative analyses of driver alterations using Japanese and international genomic databases	<i>Cancer Discov</i>	2024	国立がん研究センター研究所 慶應大学血液内科

# C-CATとProject GENIEの比較

レポジトリ	C-CAT	AACR Project GENIE
がん種	固形がん	固形がん
例数 (2024 Feb)	<b>70k</b>	<b>172k</b>
施設数	>250	18
利活用の開始	2021-	2017-
ゲノム情報	遺伝子パネル	
診療情報		
<b>薬剤名</b>	+	-
<b>治療効果</b>	+	-
<b>有害事象</b>	+	-
<b>治療期間</b>	+	-
転帰	+	+
アカデミアの利用	可（審査あり）	可（審査なし）
企業の利用	可（審査あり）	可（審査なし）
<b>元データの利用</b>	<b>可</b>	不可
WEBサイト	<a href="https://www.ncc.go.jp/jp/c_cat/">https://www.ncc.go.jp/jp/c_cat/</a>	<a href="https://www.aacr.org/professionals/research/aacr-project-genie/news-updates/">https://www.aacr.org/professionals/research/aacr-project-genie/news-updates/</a>

# 腫瘍変異負荷が高い症例：5,634例 遺伝子パネル検査後に免疫チェックポイント阻害薬が選ばれている

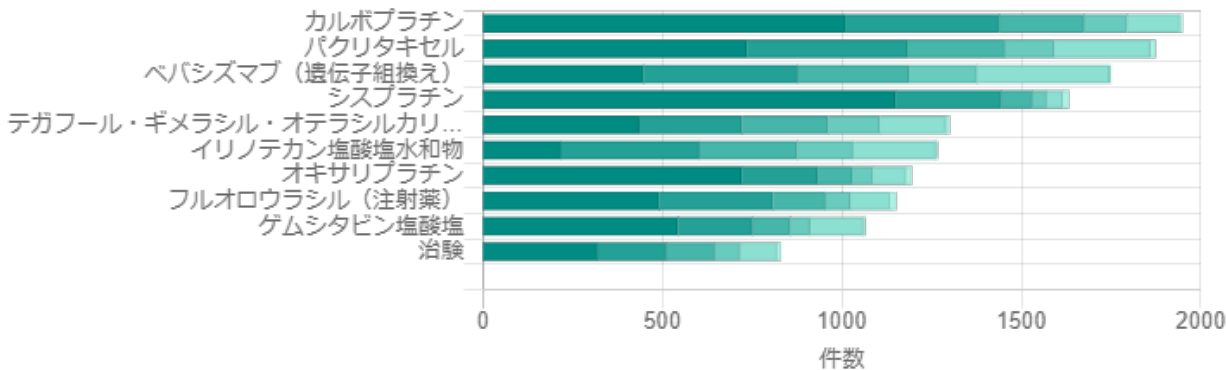
肺 腸 食道/胃 乳房 胆道 その他 子宮頸部 子宮 前立腺  
膀胱/尿路 上記以外



免疫チェックポイント阻害薬

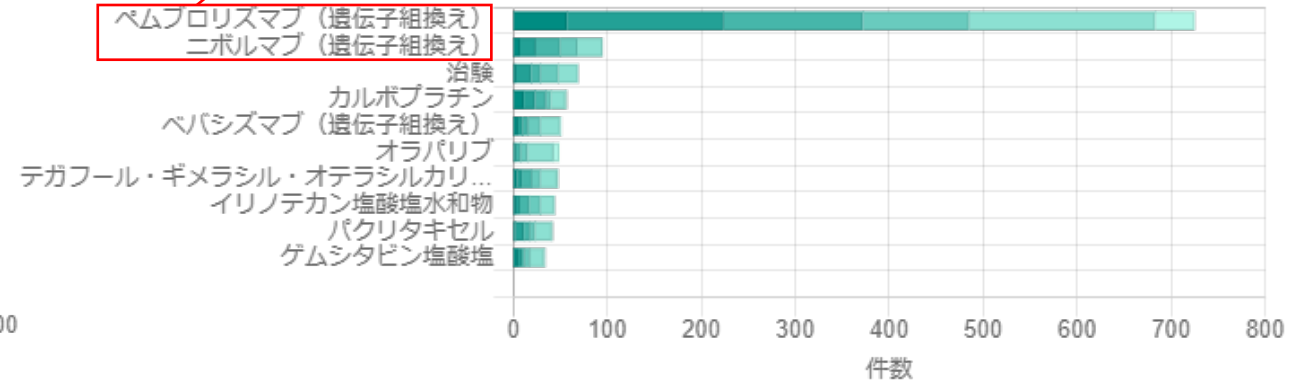
薬剤（治療ライン別-EP前）

1次 2次 3次 4次 5次以降 不明



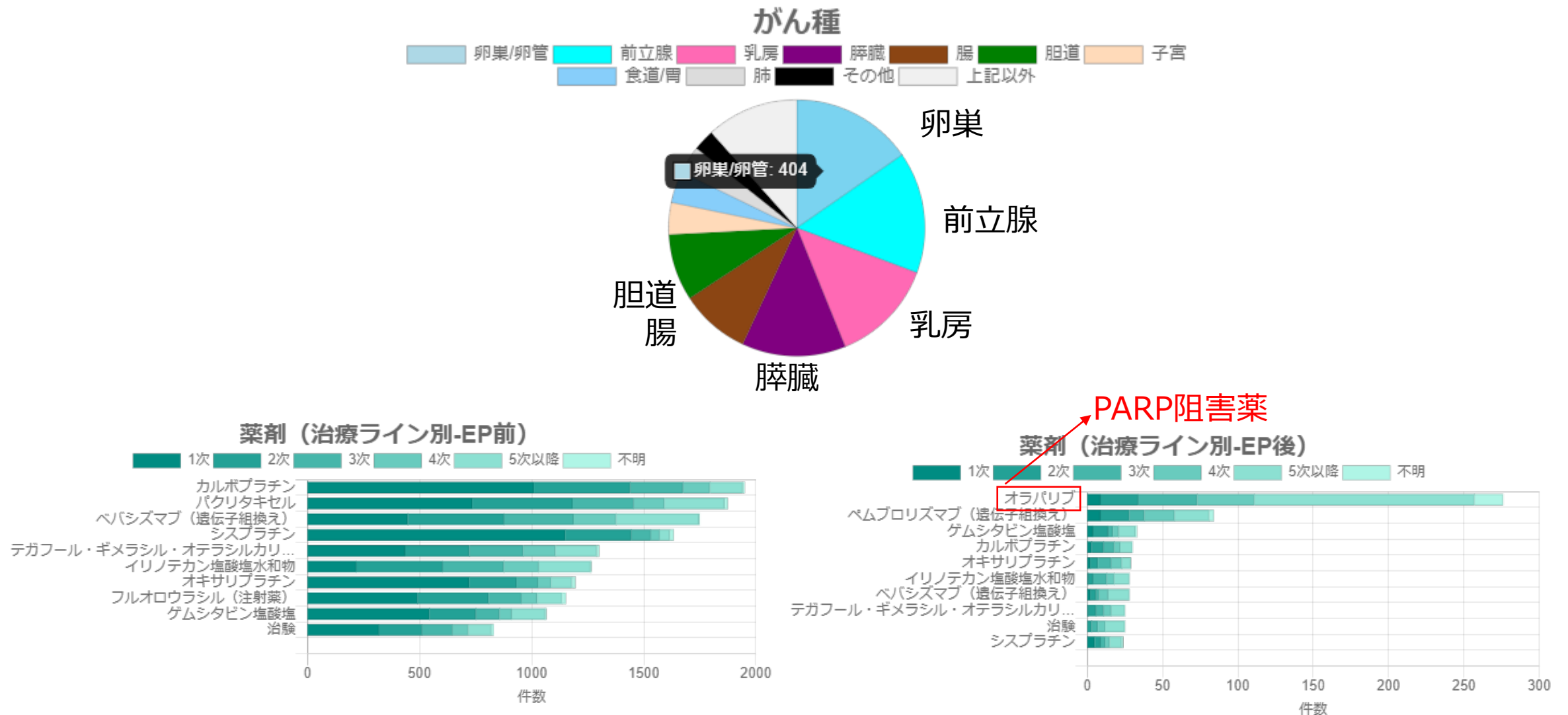
薬剤（治療ライン別-EP後）

1次 2次 3次 4次 5次以降 不明



C-CAT利活用検索ポータルで「TMB-high or TMB $\geq$ 10」で検索

# BRCA1/2病的変異症例: 2,616例 遺伝子パネル検査後にPARP阻害薬が選ばれている

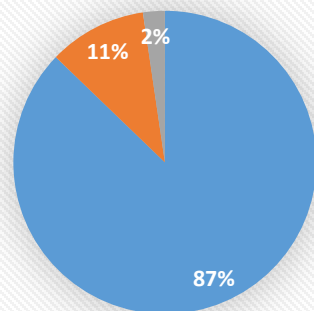


C-CAT利活用検索ポータルで「BRCA (部分一致) + エビデンスF変異」で検索

# 研究・調査に用いるC-CATデータ

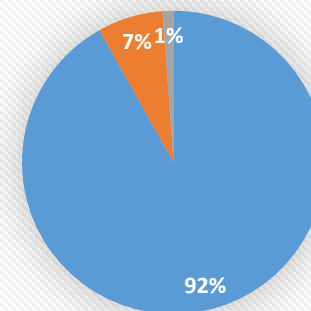
多くの利用者が遺伝子変異だけでなく、治療の情報を用いた研究・調査を行っている

EP**前**の治療情報の利用



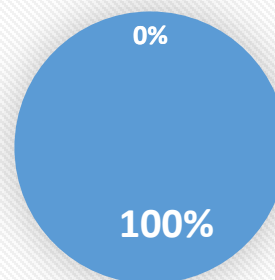
■ 有 ■ 無 ■ 不明

EP**後**の治療情報の利用



■ 有 ■ 無 ■ 不明

遺伝子変異情報の利用

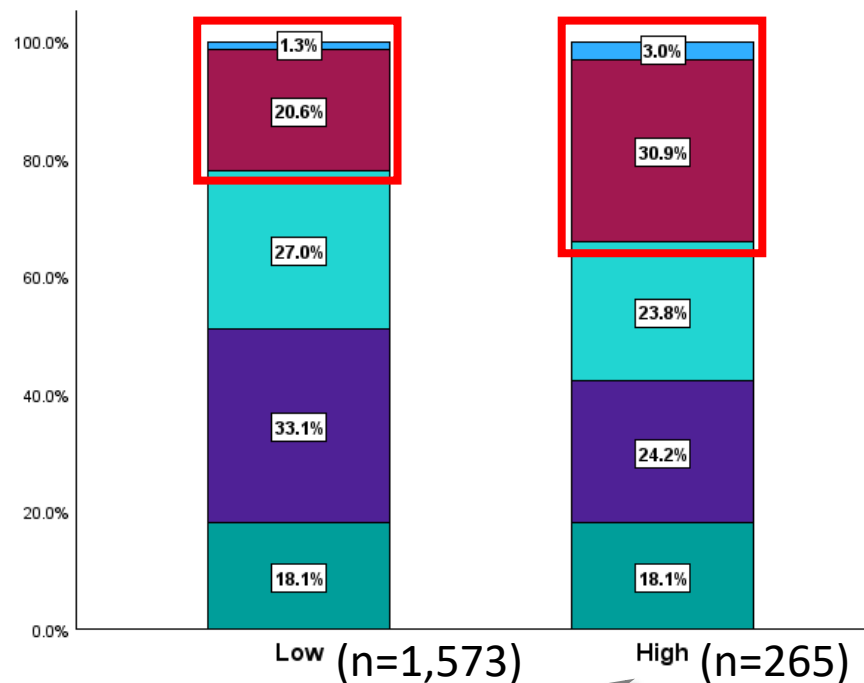


■ 有 ■ 無 ■ 不明

# C-CATデータを用いた治療バイオマーカー同定の可能性 免疫チェックポイント阻害治療の効果とTMBを例として

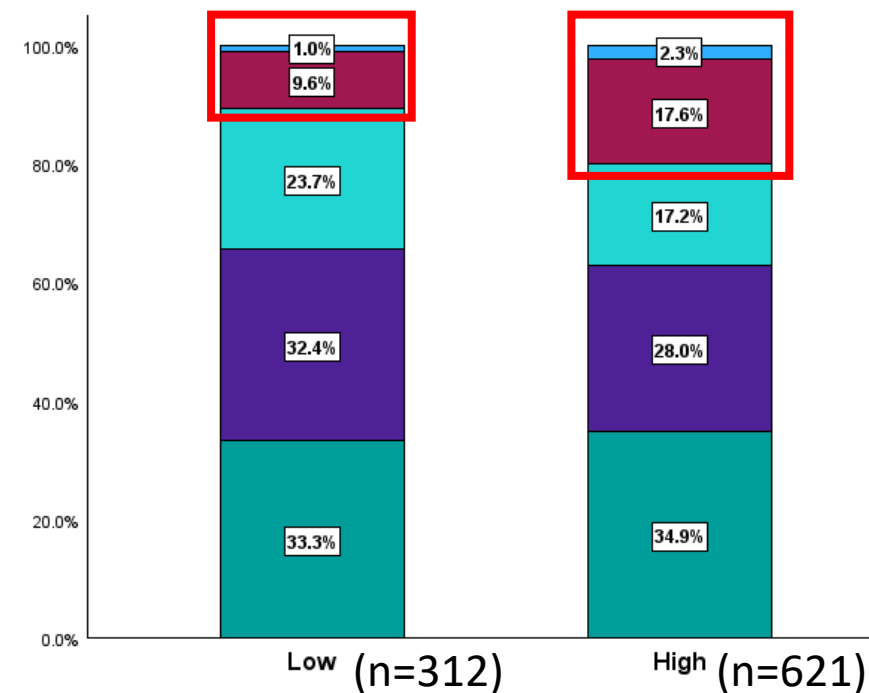
全がん  
(EP前治療)

P=1.6e-05

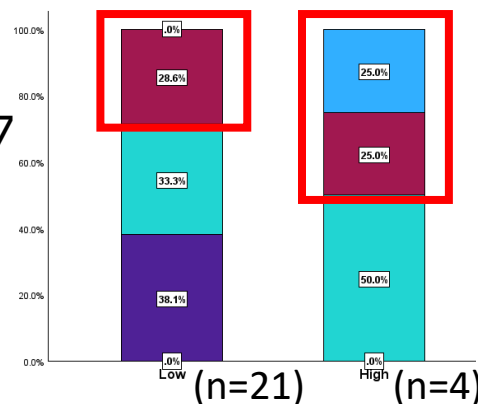


全がん  
(EP後治療)

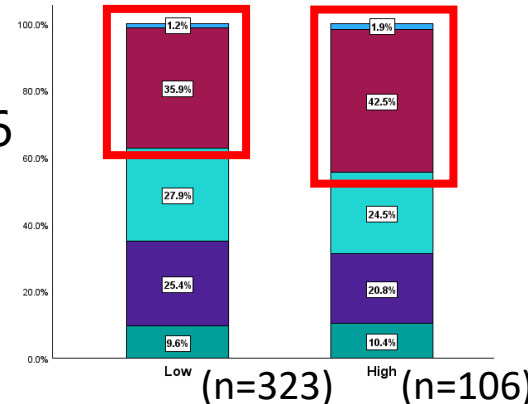
P=8.2e-05



腸管  
P=0.57



肺  
P=0.16



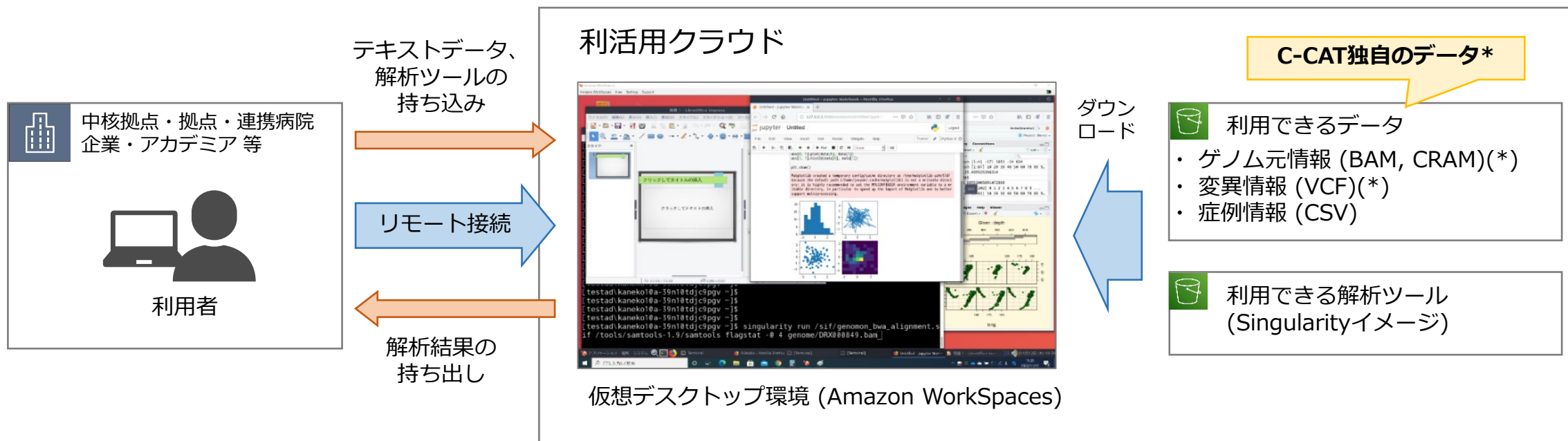
Fisher's exact test の  
P値を算出

(参考資料)

# C-CATクラウドにおけるゲノム元データ利用の開始

遺伝子パネル検査のゲノム元情報や変異コールデータを解析するための仮想デスクトップ環境  
がんゲノム医療中核拠点病院・拠点病院・連携病院、企業、アカデミア向けに提供

(\*)C-CATによる独自のパイプライン（公開）で生成したもの



仮想デスクトップ環境内にゲノム元情報や変異情報をダウンロードし、[C-CATが準備した解析ツール](#)を使って、解析を行うことができる。

[利用者自身が準備したテキストデータや解析ツール](#)を持ち込んで、ゲノム元情報や変異情報を解析する仕組みも用意されている。