研　究　概　要　集

2025

国立研究開発法人 国立がん研究センター

研究所

国立がん研究センター 研究所 研究概要集

目次

研究所長ごあいさつ …… 3

Translational Research の推進 …… 4

【分野】

分子病理分野 …… 5

細胞情報学分野 …… 6

がん進展研究分野 …… 7

がんRNA研究分野 …… 8

がん幹細胞研究分野 …… 9

がんゲノミクス研究分野 …… 10

ゲノム生物学研究分野 …… 11

脳腫瘍連携研究分野 …… 12

分子腫瘍学分野 …… 13

ゲノム解析基盤開発分野 …… 14

生物情報学分野 …… 15

がん治療学研究分野 …… 16

分子薬理研究分野 …… 17

希少がん研究分野 …… 18

腫瘍免疫研究分野 …… 19

医療AI研究開発分野 …… 20

先端バイオイメージング研究分野 …… 21

統合がん研究分野 …… 22

【独立ユニット】

分子発がん研究ユニット …… 23

基礎腫瘍学ユニット …… 24

分子遺伝学ユニット …… 25

ゲノム安定性制御研究ユニット …… 26

がん細胞システム研究ユニット …… 27

病態情報学ユニット …… 28

がん細胞内トラフィック研究ユニット …… 29

計算生命科学ユニット …… 30

がん患者病態生理研究ユニット …… 31

所長ごあいさつ

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

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

国立がん研究センター研究所は、18 の研究分野と 9 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。多様なシークエ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、また小児がんの遺伝子パネル検査法をそれぞれ確立し現在臨床的有用性を確認中です。

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）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。

国立がん研究センター
研究所　副所長
青木 一教

Translational Research（TR）の推進

国立がん研究センターでは、「有効な薬をいち早くがん患者に届ける」という使命のもと、国内外の製薬企業およびアカデミアと協働し、TR/rTRをさらに加速する目的で、 基盤的臨床研究開発コアセンター（FIOC）および Tsukiji TR board（TTRB）が組織されています。

基盤的臨床開発研究コアセンター
（FIOC：Fundamental Innovative Oncology Core）

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、研究所内に設置された組織であり、現在は以下のような活動を行っています。

1. バイオリソース（患者由来がんモデル）の開発

   抗悪性腫瘍薬の開発に用いるがんモデルとして、さまざまながん種のPDX 株、オルガノイド株、細胞株を樹立しています。また、これらを用いた薬効評価の支援も行っています。

2. コアファシリティとしての研究支援

   製薬企業やアカデミアが行う基盤／開発研究に対して、各種オミックス解析、免疫学的解析、病理学的解析、動物実験などの支援を行っています。

3. TR及びリバースTRの推進

   先端医療開発センター（EPOC）と連携し、抗悪性腫瘍薬／バイオマーカーの開発を目指した、TR（基礎から臨床への橋渡し研究）及びリバースTR（臨床から基礎への橋渡し研究）に取り組んでいます。

4. 企業/アカデミアとの連携

   上記バイオリソースと、コアファシリティとしての研究支援基盤及び解析技術を活かし、企業／アカデミアとの共同研究を積極的に推進しています。

国立がん研究センター
研究所　副所長
研究開発支援
都賀 稚香

Tsukiji TR Board (TTRB)

TTRB web site

TTRB への申込から TR 研究実施までの流れ

01 **一本化された相談窓口への TR 研究相談申込**
窓口を一本化することで，相談者自身で担当部門や研究者を探す必要がありません。

02 **相談内容に応じたメンバーと TR 研究の実施内容について検討**
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。

03 **担当研究者の決定と共同研究契約の締結**
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。

04 **築地キャンパス連携による TR 研究の実施**
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。

Tsukiji TR Board は、NCC 築地キャンパスに併設する中央病院および研究所の医師、研究者が、お互いの知識、技術、経験などを連携することで，国内外のトランスレーショナル・リサーチの活性化に寄与することを目的とした、組織横断的な枠組みです。具体的にはTR 研究が必要な製薬企業、またはアカデミアに対し、最先端の研究・技術にアクセスしやすい環境を提供し、シーズ開発を非臨床から臨床までシームレスにサポートしています。

国立がん研究センター 研究所 / 分野

分　子　病　理　分　野

分野長：谷田部 恭（Yasushi YATABE, M.D., Ph.D.）

Passion

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。

Mission

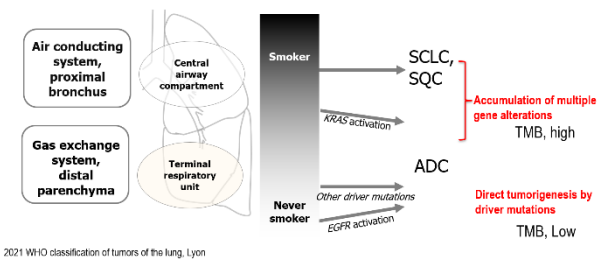
- 腫瘍の特性を規定する分子生物学的機序、疾患単位の解明
- 腫瘍早期病変の解析
- 腫瘍微小環境の形成機序と発がんとの関連探究

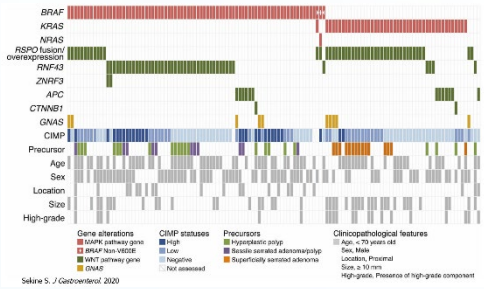
Innovation

分子病理分野のスタッフの多くは中央病院・病理診断科を兼任しており、臨床の場における病理診断の過程で生まれた問題や疑問をもとに、発がんの分子メカニズムを解析し、 幅広く腫瘍の特性に関する理解を得ることによって新たな疾患単位を同定、それら結果を診断と治療の場にfeedbackすることを目指して研究を行っています。さらに、臨床と基礎研究の双方に関わる立場から、がんゲノム医療などを通じて臨床の場で得られる多くの解析結果や基礎研究で得られた成果の実臨床への導入を進めていくことも、私達研究室の大切な使命と考え、腫瘍を以下の観点から研究しています。

1. 肺癌における分子生物学的発がん機構の解明

これまでの幅広い肺がん研究や国際共同研究を通じ、肺癌における病理診断やバイオマーカー研究をリードしてきました。ガイドライン、専門家コンセンサスなどの発表の他、 TNM 第９版に向けた新しい基準づくりやKRAS陽性肺癌の分子病態解明、実践的バイオマーカーに付いての研究などを推進しています。



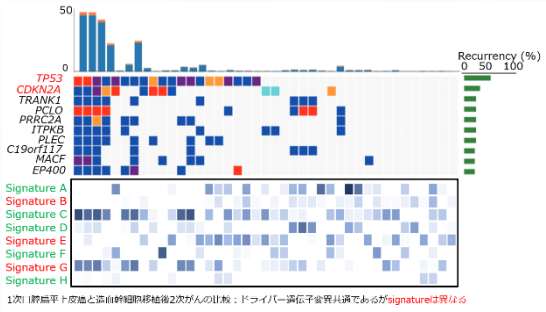


2. 消化管がん発生の遺伝子変異機序に関する研究

大腸腫瘍の中でも、鋸歯状病変を中心とした serrated pathway を発がん機序とする大腸癌の形態学的バリエーションを解析しています。また、家族性大腸癌症例を解析することで、classical pathway を遺伝学的背景とする変異での serrated pathway を経る腺腫が存在することを示すとともに、特殊な胃腺窩上皮型腫瘍を見出し、新たな疾患単位として提唱しています。

3. 頭頸部領域がんの遺伝子変異機序の解析

頭頸部扁平上皮癌はアルコール・タバコなどの要因以外に、造血幹細胞移植後の免疫抑制状態など腫瘍微小環境の違いによって生じることも知られています。これらの二次がんを対象とし、ゲノム異常解析し、頭頸部癌発生の新しいメカニズムについて検討しています。



1次（耳鼻咽喉扁平上皮癌）と造血幹細胞移植後2次がんの比較：ドライバー遺伝子変異共通でもsignatureは異なる

4. 骨軟部腫瘍のゲノム解析と発がん機構の解析

2014 年に骨軟部腫瘍ゲノムコンソーシアム（JSGC）が設立され、骨軟部腫瘍のゲノム解析を推進している。東大医科研と共同してその事務局運営に当たっている

国立がん研究センター 研究所 / 分野

細 胞 情 報 学 分 野

分野長：高阪 真路（Shinji KOHSAKA, M.D., Ph.D.）

Passion

高感度機能スクリーニング法と次世代シークエ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。

Mission

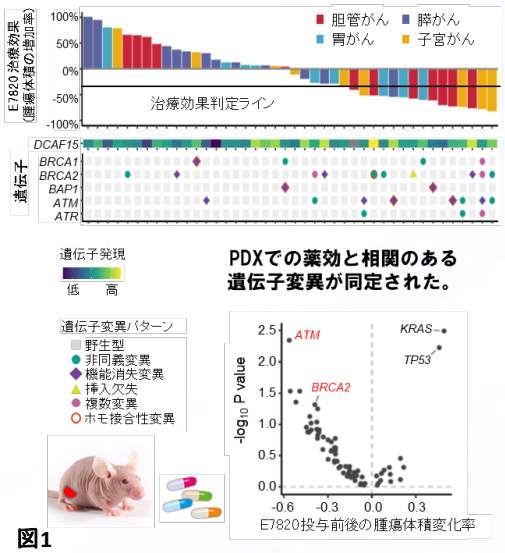
- 網羅的ゲノム解析よる発がん機構の解明と分子標的薬の開発
- ゲノム変異の臨床的意義解明のための機能解析法に関する研究
- マルチオミックス解析パイプラインの開発

Innovation

がんはゲノムの不安定性を利用して次々とランダムなゲノム変異を蓄積し、クローン進化を繰り返して発症すると考えられます。このような多様性に富んだがんの特効薬を開発するためには、個々のがんにおける本質的な発がん原因分子を同定し、それを標的とする薬剤を開発することが有効であると考えられます。そこで私たちは、患者検体の網羅的なゲノム解析を行い、発がん機構の解明と新規標的の同定を目指しています。例えば、患者由来のがん組織を免疫不全マウスに移植した患者由来組織移植（PDX）モデルを大規模に用いて、標的タンパク質分解誘導薬のがん種横断的な薬効評価を行いました。さらに、PDXの全エクソンシークエンスを行い、*BRCA*や*ATM*遺伝子変異が有効性予測バイオマーカーであることを同定しました（NPJ Precis Oncol. 8:117）。

また私たちは、がんゲノム医療の実用化にも積極的に取り組んでいます。ゲノム医療では、発がん関連遺伝子の配列異常を次世代シークエンサーを用いて調べますが、臨床試料からDNAとRNAの両方を抽出して解析する独自の遺伝子パネル検査「TOPパネル」を開発しました。これを用いて、ほぼ全ての固形腫瘍のがん関連遺伝子異常を一度の解析で明らかにすることが可能です。さらに血液中を流れる遊離核酸や循環腫瘍細胞を用いたリキッドバイオプシーへの応用も行っています。またこうして見つかる無数の遺伝子変異のどれが発がんに寄与するのか、薬剤耐性の原因なのかをハイスループットに解析する独自の手法の開発に成功しました（図2、Sci Transl Med 9:eaan6556）。本手法を様々ながん関連遺伝子の1000種類以上の意義不明変異に応用したところ、それらの多くが発がんに関わっていることが明らかになりました（Nat Commun 11:2573）。

大規模PDX薬効評価とゲノム解析



PDXでの薬効と相関のある遺伝子変異が同定された。

図1

遺伝子変異のハイスループット解析法

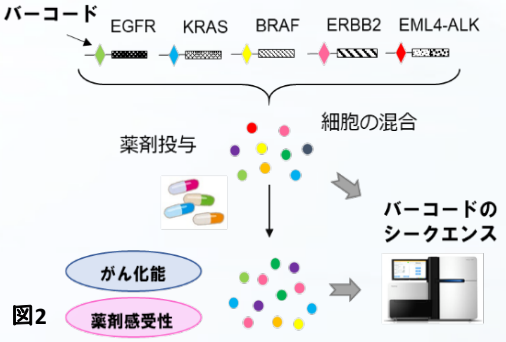


図2

さらに私たちは、バイオインフォマティクスを駆使して疾患の原因遺伝子の同定や発がん機構の解明を行っています。近年は様々な解析ツールが開発されて容易に使える恵まれた環境ではありますが、自分たちが考えている仮説を捉えるための適切なツールがあるとは限りません。実現できそうなツールが無ければ作成する！をモットーに研究を進めています。例えば、アレル別のコピー数解析ツール（in-house）や、FFPEエラー除去ツールMicroSEC（Commun Biol 4:1396）、ゲノム医療における融合遺伝子検出ツール（Cancer Sci 110:1464）、その他解析に役立つラボ秘伝の虎の巻(!?)など、ウエットだけでなくドライ技術も高めてがん基礎研究の発展を試みています。

国立がん研究センター 研究所 / 分野

がん進展研究分野

分野長：吉田 健一（Kennichi YOSHIDA, M.D., Ph.D.）

Passion

がんを発症する以前の正常組織、前がん病変やがんに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。

Mission

- がんを発症する以前の正常組織にみられるゲノム異常の解析
- 新規技術を用いたがんのゲノム解析

Innovation

1. がんを発症する以前の正常組織にみられるゲノム異常の解析

がんは遺伝子異常により起こる疾患ですが、がんを発症する以前の正常組織においても遺伝子異常が加齢や環境因子により蓄積しており、発がんの直接の原因として知られているドライバー遺伝子変異も獲得されていることが様々な臓器について報告されています。そのため、早期の発がんメカニズムの解明のためにはがんを発生する以前の正常組織における遺伝子異常を理解することが重要だと考えられます。

これまでに当研究室は、正常気管支上皮細胞では加齢や喫煙により遺伝子変異が蓄積し（**図1**）、*TP53*や*NOTCH1*などの肺癌と共通するドライバー変異がすでに獲得されていること（**図2**）を報告しました（Yoshida et al., ***Nature.*** 2020）。

今後さらに様々な臓器における正常組織にみられるゲノム異常やその環境因子や遺伝学的背景との関係について研究を進めていきたいと考えています。

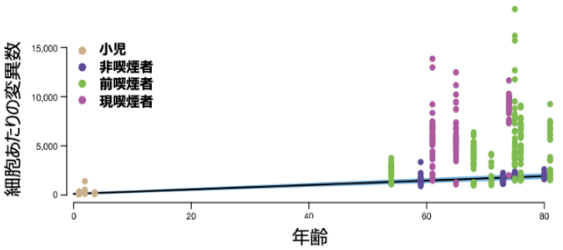


図1　正常気管支上皮細胞に蓄積する遺伝子変異数

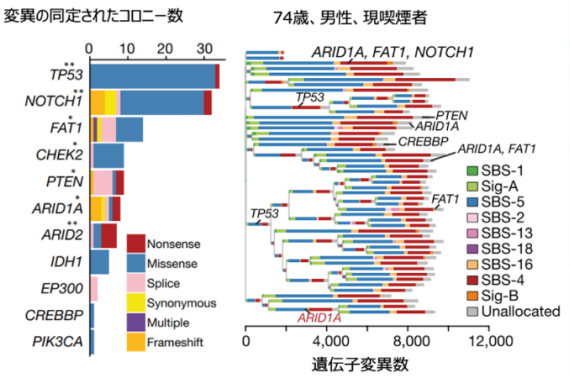


図2　正常気管支上皮細胞にみられるドライバー変異

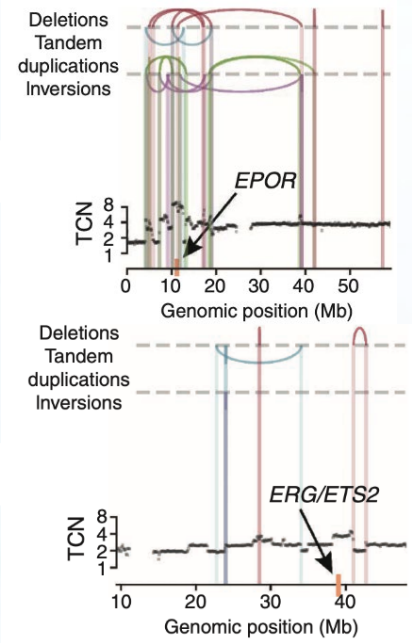


図3　AELにおけるドライバー染色体構造異常

2. 新規技術を用いたがんのゲノム解析

これまで当研究室では高速シーケンサーを用いたゲノム解析により、骨髄異形成症候群（MDS）におけるRNAスプライシング因子の遺伝子変異の同定（**図3**、Yoshida et al., ***Nature***. 2011）やDown症候群に合併する急性巨核芽急性白血病（DS-AMKL）におけるコヒーシン複合体の遺伝子変異の同定（Yoshida et al., ***Nature Genetics***. 2013）などに貢献してきました。また、全ゲノム解析により急性赤芽球性白血病（AEL）における*EPOR*、*ERG*などの新規ドライバー遺伝子を標的とした複雑な染色体構造異常を同定しました（図3、Takeda, Yoshida et al., ***Blood Cancer Discov***. 2022）

今後も全ゲノムシーケンスなど最新のゲノム解析技術を用いて、まだ解析が不十分であるがん種、従来解析が難しかった腫瘍、希少がんや胚細胞性の遺伝学的背景を持った腫瘍などについて、原因となる遺伝子異常の解明に取り組みたい、将来的な診断法や治療法の開発へとつなげたいと考えています。

国立がん研究センター 研究所 / 分野

がんRNA研究分野

分野長：吉見 昭秀（Akihide YOSHIMI, M.D., Ph.D.）

Passion

新しいテクノロジー（long-read sequence/single cell sequence/空間解析）を用いた、臨床応用につながる研究開発、mRNAワクチン・核酸医薬開発により、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。

Mission

- RNA スプライシング異常を持つがんの病態解明と治療法開発
- 異分野融合による新規解析技術の開発・創薬研究・バイオマーカー創出

Cancer RNA Research
The Decoding Team

Innovation

RNA スプライシングの異常はがん全体の約30%にみられることが最近わかり、新しいがんのHallmarkとして注目を集めています。こうした重要性にも関わらず、スプライシング異常を中心とした「がんの RNA 異常」分野の研究はまだ始まったばかりで、創薬標的やバイオマーカーの同定、発がん機序の解明など、取り組むべき課題は山積みです。私たちは RNA 異常を持つがん患者さんに、より優しい検査・優れた治療法をお届けするべく、国内外の研究室と協力して研究に取り組んでいます。

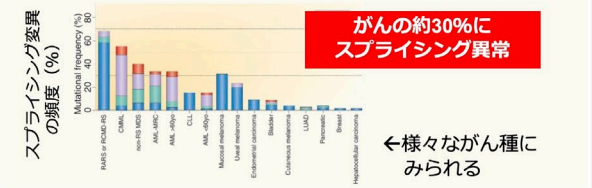
【研究実績】

1. 白血病でスプライシング異常とDNAメチル化亢進が協調を発見。（Yoshimi A, et al. Nature 2019）
2. 全がんスプライシング解析により、慢性リンパ性白血病で SF3B1 変異が MYC/BCL2 を活性化させることを報告。（Liu Z, Yoshimi A, et al. Cancer Discovery 2020）
3. ALK受容体の構造をベルギーゲント大学のチームと解明。（De Munck S, et al. Nature 2021）
4. 新規臨床グレードスプライシング阻害剤を開発（Seiler M, Yoshimi A, et al. Nature Medicine 2018）
5. 23万件のRNA-seq解析によりSplicing-associated variantを同定。（Shiraishi Y, et al. Nature Communications, 2022）
6. 膀胱がんのMulti-Omics解析によりFGFR3異常と腫瘍免疫微小環境の関係を解明（Komura K, et al. Mol Cancer 2023）

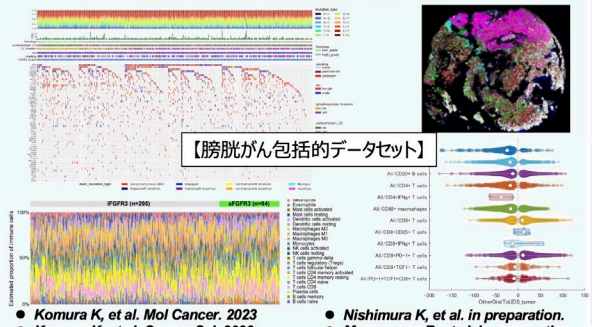
スプライシング異常を含むRNA異常に着目したがんの病態解明と治療法開発への展開

スプライシング異常はがんの新しいHallmark

"RNAスプライシング"＝未熟なRNAからイントロンを除去

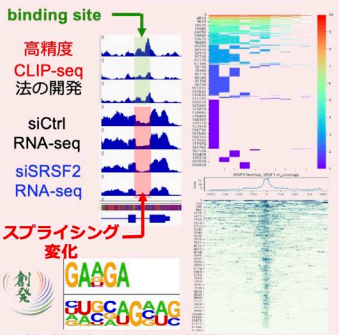


次世代シークエンスと空間解析のオミクスによる腫瘍微小環境の解析と治療法の開発



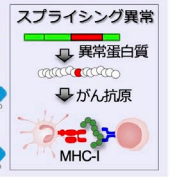
- Komura K, et al. Mol Cancer. 2023
- Komura K, et al. Cancer Sci. 2023
- Nishimura K, et al. npj Precis Oncol. 2024
- Maenosono R, et al. in revision.
- Nishimura K, et al. in preparation.
- Maenosono R, et al. in preparation.
- Sakamoto M, et al. in preparation.

高精度CLIP-seqによるスプライシング制御機構の解明と治療標的の同定



- Yoshimi A, et al. Nature 2019
- Liu Z, Yoshimi A, et al. Cancer Discov. 2020
- Yoshida M, et al. in preparation.
- AMED 創薬基盤推進研究事業

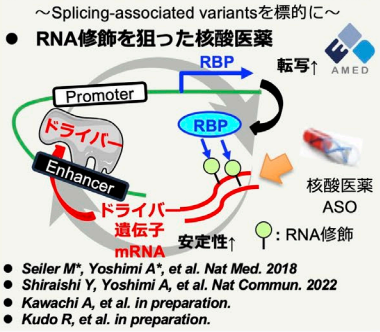
スプライシング異常によるネオアンチゲン産生に着目した治療開発



Supported by
- AMED 革新的がん医療実用化研究事業
- AMED 創薬基盤推進研究事業

RNAを標的にした治療開発

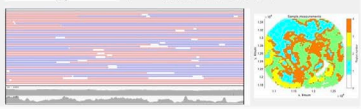
- スプライシング阻害剤の前臨床試験
- スプライシングと相性のいい核酸医薬
  ～Splicing-associated variantsを標的に～
- RNA修飾を狙った核酸医薬



- Seiler M*, Yoshimi A*, et al. Nat Med. 2018
- Shiraishi Y, Yoshimi A, et al. Nat Commun. 2022
- Kawachi A, et al. in preparation.
- Kudo R, et al. in preparation.

Advanced technologies we have

- Single cell splicing analysis
- Long-read NGS
- 超高精度seCLIP-seq
- 空間解析
- マルチオミクス



⇨RNA異常を標的にしたがん創薬

国立がん研究センター 研究所 / 分野

がん幹細胞研究分野

分野長：増富 健吉（Kenkichi MASUTOMI, M.D., Ph.D.）

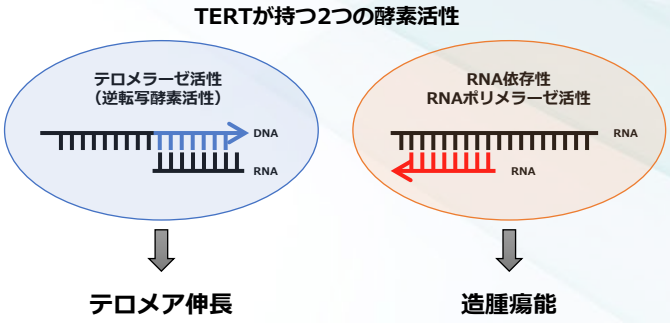
Passion

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、がん幹細胞との関連性を解明する。

Mission

- RNA 依存性 RNA ポリメラーゼ活性の生化学、および、がん幹細胞の維持における役割の解明
- RNA 依存性 RNA ポリメラーゼ活性阻害剤による新規がん治療法開発

Innovation

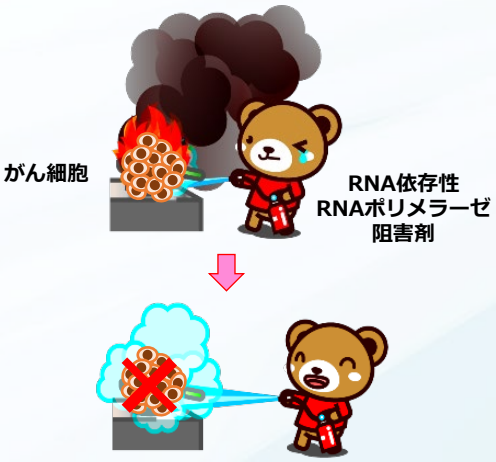


がんは、正常な細胞において、がん化を促進する癌遺伝子やがん化を抑制する癌抑制遺伝子の異常が、複数積み重なって発症することが知られています。約 20 年前から、テロメラーゼとして知られる TERT 遺伝子の異常発現が、がんの発生・増殖に関わることが明らかになっていました。テロメラーゼとは、遺伝子情報が記されている染色体 DNA の安定性に重要な酵素であり、細胞の老化や不死化あるいは幹細胞の維持に深く関わっています。

TERT は、正常な細胞では、様々な細胞に分化する能力を持つ幹細胞や生殖細胞など、限られた細胞でしか作られていません。一方、無限増殖するがん細胞では、TERT の異常な増加が起こり、不死化を獲得していることが知られています。しかし、TERT によるがんの発生・増殖の詳細なメカニズムは、まだ明らかになっていません。

私たちは、TERT が“テロメラーゼ”としての機能以外に、“RNA 依存性 RNA ポリメラーゼ”としても機能することを発見しました（***Nature*** 2009, ***PNAS*** 2012, ***Mol Cell Biol*** 2014, ***Mol Cell Biol*** 2016）。TERT のRNA依存性RNAポリメラーゼ活性は、肝臓がんや膵臓がんのうちでも悪性度が高いものほど活発であり、その機能を保持するスイッチとして TERTタンパク質のリン酸化が重要であることを明らかにしました。さらに、TERT の RNA 依存性 RNA ポリメラーゼとしての酵素活性が、腫瘍形成を促進することを明らかにしました（***Nat Commun*** 2020, ***J Pathol*** 2022）。

一方で、これまで、どのような RNA に対して、TERT が RNA 依存性RNAポリメラーゼ活性を示すのか、また、それが如何にして発がんに寄与するのか明らかになっておりませんでした。最近、我々はその標的となるRNAを同定し、このRNAに対するRNA 依存性 RNA ポリメラーゼ活性が、がん細胞のゲノム安定性に寄与し、腫瘍形成を促進することを明らかにしました（***Nat Cell Biol.*** 2024）。現在、 RNA 依存性 RNA ポリメラーゼ活性によるゲノム安定性維持機構の詳細な解析を進めています。



また、TERT の RNA 依存性 RNA ポリメラーゼ活性を阻害した際に、効率的にがん細胞が死滅することを発見しました。現在、TERT の持つ RNA 依存性 RNA ポリメラーゼの機能を、特異的に阻害する薬の開発を進めています。TERT の異常発現が、がんの発生・増殖に重要であることが知られているいくつかのがん種で、新たな治療方法の開発を進めています。

国立がん研究センター 研究所 / 分野

がんゲノミクス研究分野

分野長：柴田 龍弘（Tatsuhiro SHIBATA, M.D., Ph.D.）

Passion

病理組織学的知識を基盤とし、アジアの難治がん（肝・胆・胃など） や希少がん（肉腫・成人T細胞白血病・小児腫瘍等） を研究対象として、がんゲノム・エピゲノム・遺伝子発現の包括的解析を進めている。

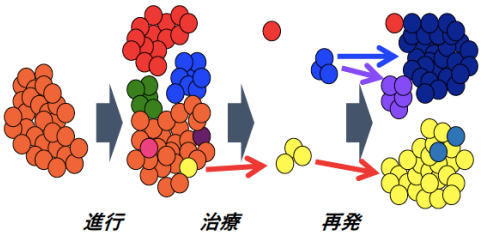
Mission

- 国際連携を含めた大規模ながんゲノム解読
- ゲノム解析の臨床応用と次のゲノム医療への展開
- がんゲノム・エピゲノム情報解析手法開発

Innovation

【がんゲノム：進化しつづける強靭なエコシステムの原動力】

がんとは、ゲノム異常の発生・蓄積により誕生した腫瘍細胞が、更にゲノムを変えながら、治療を含めた様々な環境変化へ適応するためにクローン進化を続ける疾患と捉えられます。がん細胞のゲノムは時空間的に変化し、周囲微小環境も巻き込みながら、適応における局所最適化を目指す多様なクローン集団で形成されるロバストなエコシステムを駆動する原動力となっています（実験医学増刊号 Vol. 32, 2014、実験医学増刊号 Vol. 36, No.2, 2018）。



【自己中心的な非自己性：腫瘍免疫とがんゲノム】

一方でゲノム異常の蓄積に伴い、がん細胞では正常細胞からかけ離れた「非自己性」が増強されています。こうした非自己性を保有した細胞は本来ならば宿主免疫機構によって監視・除去されるはずですが、がんは更なるゲノム改変や免疫環境編集により免疫監視を回避するといった、いわば「自己中心的な非自己性」と言うべきユニークな特質を持っています。（実験医学 Vol. 35, No.4, 2017）

【本研究分野が目指すもの】

がんゲノミクス研究分野は、病理組織学的知識を基盤としながら、第2・第3世代高速シークエンサー等最新のゲノム解析技術を駆使し、本邦やアジアで重要な難治がん（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。

同時に国際がんゲノム研究共同体（International Cancer Genome Consortium: ICGC-ARGO）や、がん変異シグネチャー解析国際プロジェクト（Mutographs project in Cancer Grand Challenge）に日本の代表グループとして参加するなど、国際的な貢献も果たしています。

新たながん関連遺伝子の同定や免疫微小環境までを視野に入れた新規治療標的・バイオマーカーの同定、変異シグネチャー解析による発がん要因の推定、がんゲノム多様性の全体像解明といった研究によって、がんの病態を分子遺伝学的に理解し、全ゲノム情報を活用したがんの個別化医療（治療・診断・予防）やがんの多様性の克服に向けた新たな突破口を開くことを目的として研究を進めています。

国立がん研究センター 研究所 / 分野

ゲノム生物学研究分野

分野長：河野 隆志（Takashi KOHNO, Ph.D.）

Passion

がん細胞やがん罹患者のゲノムを把握し、その生物学的意義・特徴を明らかにすることで、個別化医療を実現するためのがん予防・診断・治療の標的となるシーズ（種）を同定することを目的としています。

Mission

- RETキナーゼ、NCCオンコパネル検査など、がん医療シーズの実装
- 全ゲノム・RNAシークエンス解析による新規治療・予防標的遺伝子の同定

Innovation

ゲノム生物学研究分野では、がん細胞やがん患者のゲノム変化を把握し、その意義を明らかにすることで、肺・乳・婦人科・消化器がん等のゲノム医療を推進するためのシーズを同定しています。

私たちはRETキナーゼ遺伝子融合が肺腺がんの2%に存在することを発見し、また、治療により生じる耐性変異の分子機構や耐性克服薬剤を明らかにすることで、RETキナーゼ阻害剤を用いた肺がん治療法の実装(セルパカチニブ2021.12月保険収載)に貢献しました (1-3)。また、NCCオンコパネル検査の保険収載(2019.6月)を主導し、がんゲノム医療の基盤を作りました (4,5)。また、当ラボは、アジア人に多いEGFR遺伝子変異陽性の多段階発がんメカニズムの解明、肺腺がんへのなりやすさを規定する遺伝要因の同定、受動喫煙による変異誘発機構等、がんの予防や高危険群の把握につながる成果を発出してきました (6-8)。

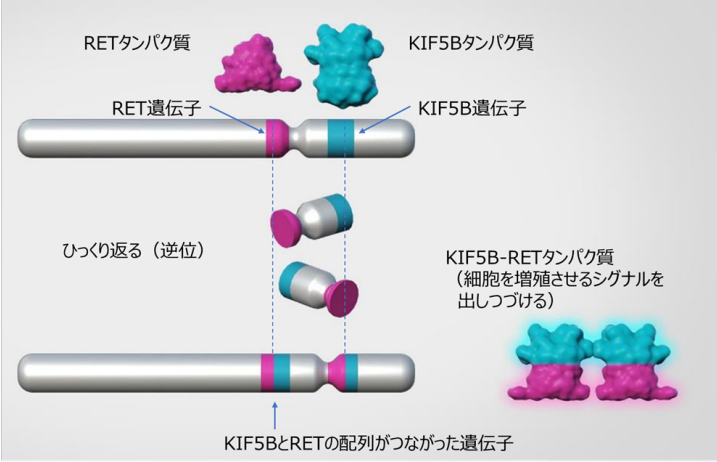
現在は、肺がんや乳・婦人科・消化器がんなど様々ながんについて、全ゲノムシークエンスやRNAシークエンスのプロファイルに基づいた、がんゲノム医療の更なる発展を目指した研究を行っています (9)。

がんゲノム医療の推進

治療標的の同定
- RET融合遺伝子の同定
- RET阻害剤の実装

がんゲノム医療の推進
- NCCオンコパネル検査の実装
- 子宮がんの母子移行の証明

発がんリスク因子の解明
- EGFR肺がんリスクと遺伝子多型
- 受動喫煙による肺発がん機構



【論文発表】

1. Kohno T et al. KIF5B-RET fusions in lung adenocarcinoma. ***Nat Med***, 2012.
2. Nakaoku T et al. A secondary RET mutation in the activation loop conferring resistance to vandetanib. ***Nat Comm***, 2018.
3. Tabata J et al. Novel calcium-binding ablating mutations induce constitutive RET activity and drive tumorigenesis. ***Cancer Res***, 2022.
4. Sunami K et al. Feasibility and utility of a panel testing for 114 cancer-associated genes in a clinical setting. ***Cancer Sci***, 2019.
5. Arakawa A et al. Vaginal transmission of cancer from mothers with cervical cancer to infants. ***N Engl J Med***, 2021.
6. Shiraishi K et al. A genome-wide association study identifies two new susceptibility loci for lung ADC in the Japanese population. ***Nat Genet***, 2012.
7. Shiraishi K et al. Association of variations in HLA class II and other loci with susceptibility to EGFR-mutated lung adenocarcinoma. ***Nat Comm***, 2016.
8. Mochizuki A et al. Passive smoking-induced mutagenesis as a promoter of lung carcinogenesis. ***J Thorac Oncol***, 2024.
9. Haga Y et al. Whole-genome sequencing reveals the molecular implications of the stepwise progression of lung adenocarcinoma. ***Nat Comm***, 2023.

国立がん研究センター 研究所 / 分野

脳腫瘍連携研究分野

分野長：鈴木 啓道（Hiromichi SUZUKI, M.D., Ph.D.）

Passion

悪性脳腫瘍を中心に固形腫瘍に対し、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クエンスデータを用いた研究を行っています。

Mission

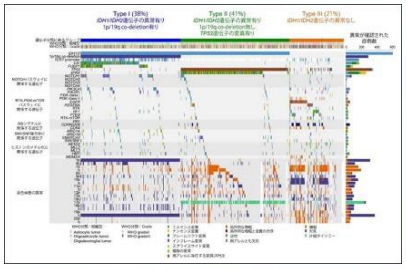
- 脳腫瘍に対する全ゲノム解析を含めた分子機構の解明
- 髄芽腫における U1 snRNA 変異のメカニズムの解明
- マルチオミックス解析を用いた悪性神経膠腫の腫瘍内多様性・治療抵抗性の解明
- 脳腫瘍に対する分子診断と診断法の開発
- さまざまな固形腫瘍に対するマルチオミクス解析を用いた病態解明

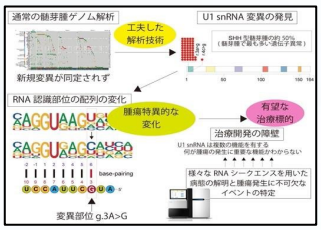
Innovation

当研究室では大規模シークエンスデータとスーパーコンピューターを用いて脳腫瘍を中心とした固形腫瘍の病態の解明を進めていきます。変異解析のみならず、マルチオミクス解析や、一細胞シークエンスなどを用いて治療抵抗性の解明や新規の異常を探索していきます。

1.脳腫瘍に対する全ゲノム解析を含めた分子機構の解明

我々は神経膠腫や髄芽腫の全ゲノム解析を行い、WHO脳腫瘍分類にも使用されている成果を報告してきました(Suzuki, H. et al. Nat Genet ,2015) 。現在は、希少がんに対する全ゲノム解析を行う日本の国家プロジェクトの一角を担っており、脳腫瘍班の代表研究機関として世界最大規模の脳腫瘍コホートの全ゲノム解析を行っています。



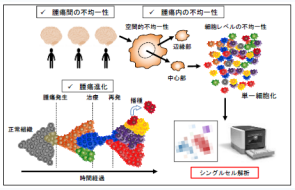


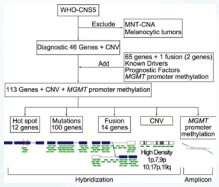
2. 髄芽腫におけるU1 snRNA変異のメカニズムの解明

髄芽腫は小児において最も頻度の高い悪性脳腫瘍です。シークエンスデータを工夫して解析をすることで、髄芽腫で見逃されていたU1 snRNAの変異が高頻度に生じていることを発見しました。このU1 snRNA変異がどのように髄芽腫の発生に関わるのかを解明するための様々な種類のRNAシークエンスを組み合わせた基礎研究を勧めています。(Suzuki, H. et al. Nature, 2019)

3.マルチオミックス解析を用いた悪性神経膠腫の腫瘍内多様性・治療抵抗性の解明

神経膠腫の内部では腫瘍細胞、血管内皮、免疫細胞などが混在しています。この腫瘍内多様性は、治療抵抗性の要因として注目されています。私たちは、最先端のシングルセル解析技術を用いて一細胞レベルで神経膠腫の遺伝子発現やエピジェネティックな変化をマルチオミクスに解析し、神経膠腫の病態の解明を行っています。



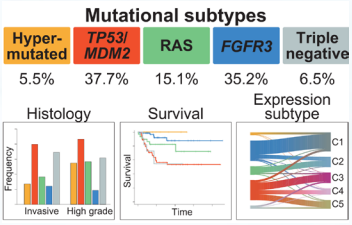


4.脳腫瘍に対する分子診断と診断法の開発

現在の脳腫瘍の診断には遺伝子の異常などの結果を含めて診断する分子診断が必要です。そのため、我々は脳腫瘍の分子診断を行う手法の開発を行っております。開発した診断方法を用いて、臨床実装できる体制の構築を目指しております。

5.さまざまな固形腫瘍に対するマルチオミクス解析を用いた病態解明

これまで私たちは腎がん、尿路上皮癌、副腎腫瘍、網膜芽細胞腫などに対してその病態を解明すべく網羅的な遺伝子異常解析を行ってきております。変異解析だけではなくマルチオミクス解析を含めて病態の解明・非侵襲的スクリーニングの検証などを行っています。



国立がん研究センター 研究所 / 分野

分 子 腫 瘍 学 分 野

分野長：片岡 圭亮（Keisuke KATAOKA, M.D., Ph.D.）

Passion

がんの遺伝子異常の全体像を解明し、創薬標的やバイオマーカーとなり得る新規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。

Mission

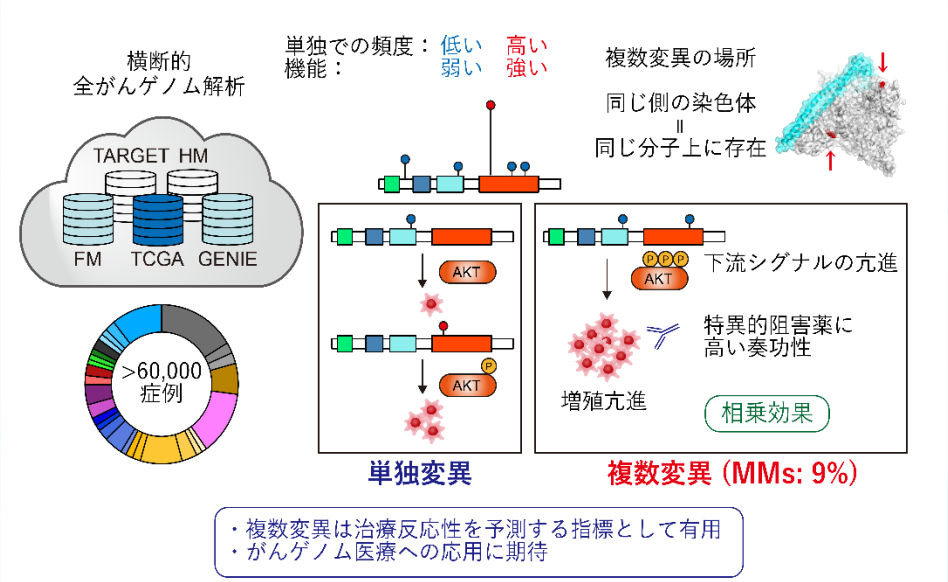
- 全がん解析による新規の遺伝子異常の探索
- 遺伝子異常が免疫病態に与える影響の解析
- 造血器腫瘍分野における臨床シーケンス基盤の構築

Innovation

近年、次世代シーケンス技術の発達により、様々な悪性腫瘍において遺伝子異常の全体像が明らかとなってきました。そのような中で、我々は造血器腫瘍を中心として網羅的な遺伝子解析に取り組んでおり、世界に先駆けて、成人T細胞白血病リンパ腫などの遺伝子異常の全体像を解明し、その臨床的意義を明らかにしてきました（K Kataoka, Nat Genet. 2015; K Kataoka, Blood. 2018）。最近では、高深度全ゲノム解析により構造異常や非コード変異も含めた異常を解明しました（Y Kogure, Blood. 2022）。

さらに、その結果に基づいて、がん横断的な解析（全がん解析）を行い、免疫チェックポイント阻害剤の標的として注目されているPD-L1遺伝子のゲノム異常が様々な悪性腫瘍に存在し、がん免疫からの回避に関与することを明らかにしてきました（右図, K Kataoka, Nature. 2016）。最近では、mRNAや100を超える細胞表面マーカー、T/B細胞受容体レパトアを単一細胞から同時測定可能なマルチオミクスシングルセル解析を開発し、ウイルスによる多段階発がん分子機構を明らかにしました（J Koya J, Blood Cancer Discov. 2021）。さらに多数例の全がん解析を通じて、がん遺伝子における複数変異が相乗的にがん化を促進するという新たな発がん機構を解明しました（Y Saito, Nature. 2020; 図）。

このように、我々は次世代シーケンスにより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、分子生物学的手法や動物モデルなどを駆使することにより、がんの分子病態を理解することを目指しています。さらに、臨床（研究）と連携して同定された遺伝子異常の臨床的な意義の確立や、臨床シーケンスなどを含めた個別化医療への応用に取り組んでいます。



国立がん研究センター 研究所 / 分野

ゲノム解析基盤開発分野

分野長：白石 友一（Yuichi SHIRAISHI, Ph.D.）

Passion

情報技術を駆使して「がんゲノムのダークマター領域の解読をする」、「新しい知識獲得の形を模索する」ことを目指します。

Mission

- がんゲノムの再構成・解釈のためのアルゴリズム・ソフトウェア開発
- 大規模ゲノムデータ解析基盤の開発
- がんゲノム医療への貢献

Innovation

最近の高速データ処理技術の進歩により、がんの多様な変異を網羅的に調べることが可能になりました。同時に、膨大なデータの中から正確に異常を見つけ出すソフトウェアの開発と、大量の情報を効率的に処理する情報解析プラットフォームの重要性が格段に高まっています。 当研究室では、機械学習、クラウド、LLM（Large Language Model）など最先端の情報技術を駆使して、ゲノム解析の情報解析基盤を開発し、さらにがんゲノムを深く理解することを目指しています。

1: がんゲノムの再構成・解釈のための情報解析基盤開発

これまでにベイズ統計理論などを用いた後天的変異の検出（EBCall, Shiraishi et al., Nucleic Acids Research, 2013）、スプライシング変異の探索（SAVNet, Shiraishi et al., Genome Research 2018; PCAWG Transcriptome Core Group et al., Nature, 2020）、機械学習に基づく変異のパターンマイニング（Shiraishi et al. PLoS Genetics, 2015）など、がんゲノム解析のための様々なアルゴリズム・ソフトウェアの開発を行ってきました。

近年では、ロングリードシークエンスデータを用いた非常に複雑な形式の構造異常の検出ソフトウェアの開発を進めています（Shiraishi et al., Nucleic Acids Research, 2023; Nakamura et al., npj Genomic Medicine, 2024）。また、セントロメアなどこれまでほとんど未解明だったゲノム領域（ダークマター領域）の解読を世界に先駆けて進めています。

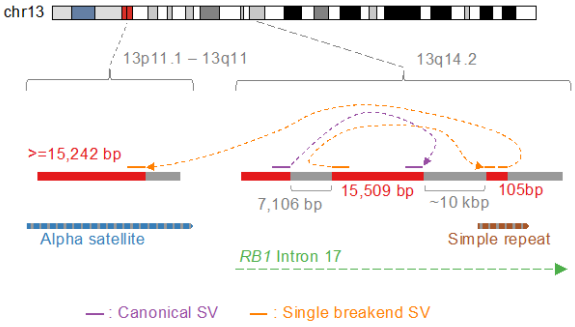


図1: ロングリード解析により検出された複雑な構造異常 (Nucleic Acids Research, 2023)

2: 大規模公共データ解析からの知識発見

ゲノム医療の実装が進む中、研究だけでなく医療においても様々なオミクス解析が盛んに行われています。これによりオミクスデータの蓄積が加速度的に進み、その効率的な活用について世界中で議論が進められています。我々は、大規模データから自律駆動的に知識を獲得するシステムを開発し、科学・医療にイノベーションをもたらすことを目指しています。具体的には、数十万検体規模のトランスクリプトームデータを用いた新たな病的変異のスクリーニング法を開発し（Shiraishi et al., Nature Communications, 2022; Iida et al., Nature Communications, 2025）、これらの医療応用を共同研究者と進めています。また、LLMを通じて新しい研究の形を模索しています。

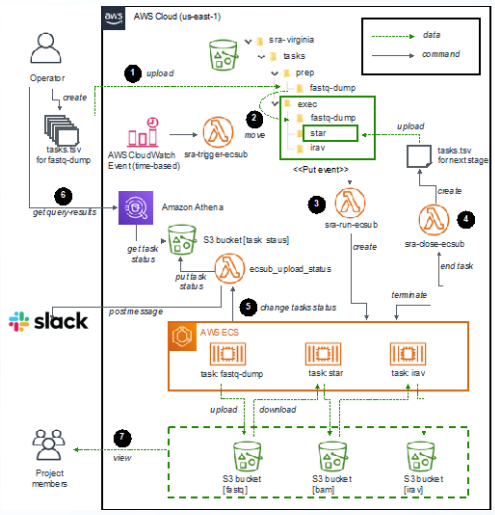


図2: クラウド上の大規模トランスクリプトーム解析基盤（Nature Communication, 2022).

国立がん研究センター 研究所 / 分野

生 物 情 報 学 分 野

分野長：加藤 護（Mamoru KATO, Ph.D.）

Passion

生物学と情報学が融合した、新興の学問分野です。専らコンピュータによる実験データ分析を通して、生物の研究をする学問分野です。

Mission

- **がんゲノム医療のバイオインフォマティクス**
- **数値シミュレーションによる未来のがんゲノム医療の開拓**
- **がんゲノム学のデータマイニングと生物情報学技術の開発**

Innovation

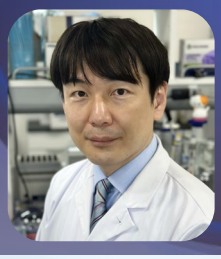
本研究室の名前は”生物情報学”分野、生物情報学はカタカナ英語で言えば、“バイオインフォマティクス”です。”バイオ”と”インフォマティクス”、すなわち生物学と情報学が融合した、新興の学問分野です。専らコンピュータによる実験データ分析を通して、生物の研究をする学問分野です。当研究室では、がんを中心対象に、生物情報学を基礎から応用まで展開しています。

1. がんゲノム医療のバイオインフォマティクスでは、がんゲノム医療に必要な様々な生物情報学技術を研究します。現在のがんゲノム医療は遺伝子数が数百の遺伝子パネル検査が主流ですが、全ゲノムのがんゲノム医療に向けた情報処理技術の開発や、遺伝子異常検出ソフトウェアの人工知能化、様々な種類のがんゲノム検査のデータを標準化するデータフォーマット—CATS format をがんゲノム情報管理センターと協力して策定し、そのデータを扱うプログラム— catstools を開発したりしています。

2. がんゲノム医療で遺伝子異常が検出されたら分子標的薬の適用へと進みますが、必ずしも奏功するとは限りません。患者さんごとの奏功をより精確に予測するために、ちょうど天気予報の数値シミュレーション予報にたとえられるような、コンピュータの中でがん細胞を仮想的に培養し、シミュレーションによって奏効を予測する新しいタイプのがんゲノム医療を研究しています。

3. 実験研究室との共同研究も強く促進しています。実験研究室が産出する大量のがんデータを分析して新発見をするデータマイニング的研究や、実験研究室が開発した新技術データを機械学習の観点を取り入れて処理する生物情報学技術の開発を行っています。

研究をしていると通例、臨床実用の視点を失いがちになりますが、当研究室は臨床実用の視点を常に心に留めながら研究していく、ユニークな生物情報学の研究室です。臨床実用を念頭に置きながら、批判を恐れず独自の研究テーマを育て、一方、本流に乗る共同研究を進めています。最新の実験技術や解析技術を積極的に取り入れながら、世界的な視点の中で新しいがんのバイオインフォマティクスを創り出していきたいと考えています。



国立がん研究センター 研究所 / 分野

がん治療学研究分野

分野長：荻原 秀明（Hideaki OGIWARA, Ph.D.）

Passion

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。

Mission

- 難治性がんの遺伝子異常に基づいたがん治療法の開発
- 小児がん・若年性がんのがん治療法の開発

Innovation

がん治療学研究分野では「薬でがんを治す」ことを目指した研究に取り組んでいます。

がんの最大の特徴である遺伝子異常に着目し、それぞれのがん患者さんに特徴的な遺伝子異常に基づいた個別化がん治療法を開発することを目指しています。 私たちの研究室では、３つのステップを踏んで、がん治療法の開発を目指しています。

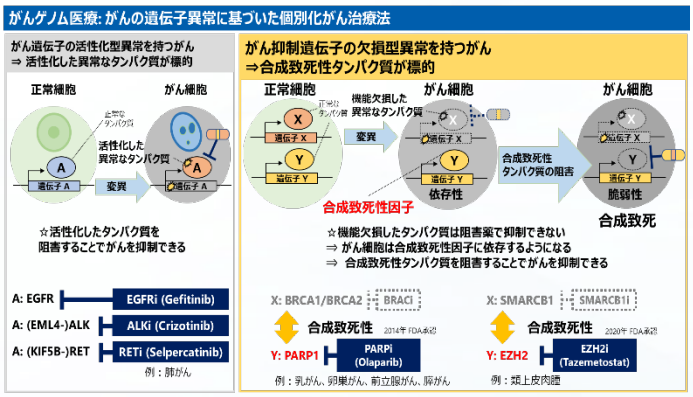
① ある遺伝子異常をもつがんに有望な治療標的分子を見つけます。
② その標的分子を阻害したときのがん抑制分子メカニズムを明らかにします。
③ 製薬会社と協力して創薬開発を行い、臨床応用を目指します。

がん遺伝子の活性化型変異のあるがんを持つ患者さんには個別化治療が実用化されていますが、実際にはがん患者さん中でも一部の方にしか該当しません。一方で、がん抑制遺伝子などの欠損型遺伝子異常のあるがん患者さんを対象とした個別化治療の実用化は遅れています。

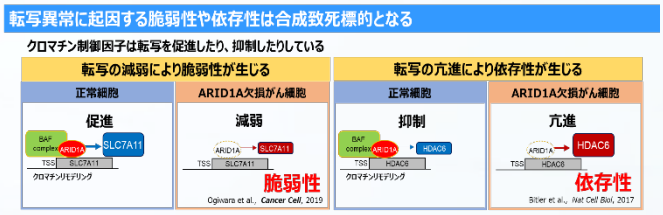
クロマチン制御因子はクロマチン構造を変換することによって、転写を介した発生、分化に関与するだけでなく、DNA修復、DNA複製、染色体分配を介した染色体の安定性にも関与します。

がん細胞においてクロマチン制御遺伝子が欠損することで、脆弱性や依存性が生じます。つまり、それが弱点となるのです。その弱点を薬で阻害することでがんを抑えることができるようになります。このように正常細胞とがん細胞の違いを見つけ出すことで、有望ながん治療法の確立につながるのです。

私たちは、がんの欠損型遺伝子異常に基づいて、がん特有の弱点を見つけだし、どうして弱点になっているかのメカニズムを解明することで、科学的根拠に基づいた個別化がん治療法の開発を目指しています。そのためには、がんの弱点を突くための阻害薬の創薬開発が重要になってきますので、製薬会社と共同で創薬開発も行っています。最終的な目標は、臨床応用を実現化し、がんを薬で治すことを目指しています。



Sasaki and Ogiwara. *Cancer Science*, 2020



正常細胞とがん細胞の違い ＝ 選択的な治療法を見つけ出すためのヒント

正常細胞	がん細胞
遺伝子正常 ⇒細胞機能の恒常性維持	クロマチン制御遺伝子の破綻 ⇒転写・DNA修復・DNA複製・染色体分配等の細胞機能の破綻 ⇒脆弱性・依存性＝"治療標的"

【主な研究業績】

Oike, Ogiwara et al., ***Cancer Res***, 2013
Ogiwara et al., ***Cancer Discov***, 2016
Ogiwara et al., ***Cancer Cell***, 2019

国立がん研究センター 研究所 / 分野

分 子 薬 理 研 究 分 野

分野長：濱田 哲暢（Akinobu HAMADA, Ph.D.）

Passion

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。

Mission

- 質量分析技術を用いた抗体医薬品の血中濃度測定法の開発
- 医薬品開発における分子イメージング技術利用に関する研究
- PDx モデルを用いた創薬研究手法の開発

Innovation

創薬研究プロセスにおける薬効評価・薬物動態学・臨床薬理学は、基礎から臨床を繋ぐ橋渡しに重要な役目を持ち、重要な研究分野の一つです。抗がん剤開発においても臨床薬理は動物実験とヒトでの臨床試験(第I相試験)へ繋ぐ重要な研究であり、薬物動態と薬力学作用との相関解析、有効性が期待される濃度の推定、薬物代謝あるいは薬物輸送タンパク同定、など臨床薬理・薬物動態研究は、創薬開発に大きなインパクトを与えます。

薬物動態試験では、生体内の薬物の動きを知るために、薬物濃度の分析手法構築が重要です。投与した薬剤が適切に標的組織に到達しているかどうかは血液検査(血中濃度)だけでは判断できません。本研究室では、薬物イメージング技術を構築し、抗がん剤のミクロレベルでの生体分布情報を見えるようにする技術を開発しています。この技術を活用し、創薬開発試験における抗がん剤の投与量の最適化、Proof of concept評価への臨床応用を目指しています。また、患者さんから採取された腫瘍組織を用いた移植モデル(PDXモデル)を構築し、ヒトで抗がん剤の効果を見る前にPDXモデルで評価を行うなど、PDXモデルを用いた新たな創薬開発研究にも取り組んでいます。このように、当研究室では抗がん剤から見たがんの分子メカニズムの解明と、創薬開発研究の基盤整備、創薬開発の推進に取り組んでいます。

STEP 1
- 質量分析イメージング・PID技術を応用し、薬物イメージングを実施
- 染色・定量方法の標準作業化
- 標的となるPDXを作成

STEP 2
定量性：細胞・組織当たりの薬物濃度の解析
汎用性：組織構造と薬物分布の同時観察
信頼性：PDXの樹立はGLPに準拠

STEP 3
腫瘍内薬物動態と抗腫瘍効果
- NCC患者検体・PDX株を用いた標的タンパクの発現評価（モデルの信頼性の検証）
- PDXモデルにて薬理作用が弱い場合、「No-go」と判断
- 薬理試験・薬物動態試験は、GLP準拠施設にて実施可能（一部委託）

STEP 4
臨床試験（早期）の実施
- PDXのドナーとなった患者を早期臨床試験へリクルート（非臨床と臨床の比較）
- 薬剤投与後、バイオプシーを行い、薬剤分布の違いを患者とPDXと比較
- 遺伝子解析・オミックス解析は、ALL NCCの研究者と実施

国立がん研究センター 研究所 / 分野

希 少 が ん 研 究 分 野

分野長：近藤 格（Tadashi KONDO, Ph.D.）

Passion

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。

Mission

- 希少がんの研究基盤の構築
- 特定の希少がんの研究
- リバース・イノベーション

Innovation

希少がんとは、「年間発生数が人口10万人あたり6例未満の悪性腫瘍」と定義されています。症例数が少ないことに起因する様々な診療および受療上の課題が希少がんには存在します。標準的な診断法や治療法の確立、研究開発や臨床試験の推進、診療体制の整備、などが希少がんにおいて重要な課題です。

希少がんはその名称とは裏腹に、希少ではありません。「希少がん」とは発生頻度によって定義されるがんなので、200種類近いがんが希少がんとみなされています。その結果、個々の希少がんの患者数は少ないのですが、全体としてみると膨大な数の患者さんが希少がんを患っておられます。たとえば、日本では新しく診断される全がんの約15％が希少がんに分類されています。したがって、希少がんの研究とは、どのがんよりも多くの患者さんを対象とする社会的に重要な研究であると言えます。

我々のとっている３つのアプローチについてご紹介します。

【希少がん全般に通じる研究：研究基盤の構築】

希少がんでは、臨床検体が得難いことに起因して、研究に必要な基本的なツールが整備されていません。その結果として治療法の開発や基礎研究が遅れがちです。たとえば、患者由来がんモデルは新しい治療法の開発に必須のツールですが、希少がんでは入手できることが稀です。我々は、希少がんの研究に必要な研究基盤として患者由来がんモデルを構築し、リクエストに応じて研究者や企業に使用していただいています。その過程で得られるモデル系構築のノウハウを一般化し、希少がん研究の推進に役立てたいと考えています。

【特定の希少がんの研究：バイオマーカー開発】

抗がん剤の適応など治療方針の決定に有用なバイオマーカーの開発を行っています。具体的には、プロテオゲノミクスを通じて得られる分子背景のデータをもとに、治療奏効性・抵抗性に関わる分子の同定を進めています。そのような活動の一環として、International Cancer Proteogenomics Consortium (ICPC)に参加しています。ICPCでは日本は肉腫を担当することになっており、データ共有を進めることによって国際的な共同研究体制を構築しようとしています。

【リバース・イノベーション】

「臨床検体が得難く研究が進まない」という問題は希少がんに限ったことではありません。メジャーながんであっても、分子背景を元に層別化すればいつかは希少なフラクションに行きつきます。その状況では、希少がん研究のノウハウが役立つでしょう。私たちは他のがんに応用することも念頭に置きつつ、さまざまな技術やアプリケーションを開発しています。

国立がん研究センター 研究所 / 分野

腫 瘍 免 疫 研 究 分 野

分野長：西川 博嘉（Hiroyoshi NISHIKAWA, M.D., Ph.D.）

Passion

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研究～TRを進めています。

Mission

- がん免疫療法の免疫モニタリングに基づく抗腫瘍免疫応答の本態解明
- 治療反応性を予測する精度の高いバイオマーカーの同定と実用化
- 固形腫瘍内で長期の有効性を示す新規CAR/TCRT細胞療法の開発

Innovation

【がん免疫療法の免疫モニタリングに基づく抗腫瘍免疫応答の本態解明】

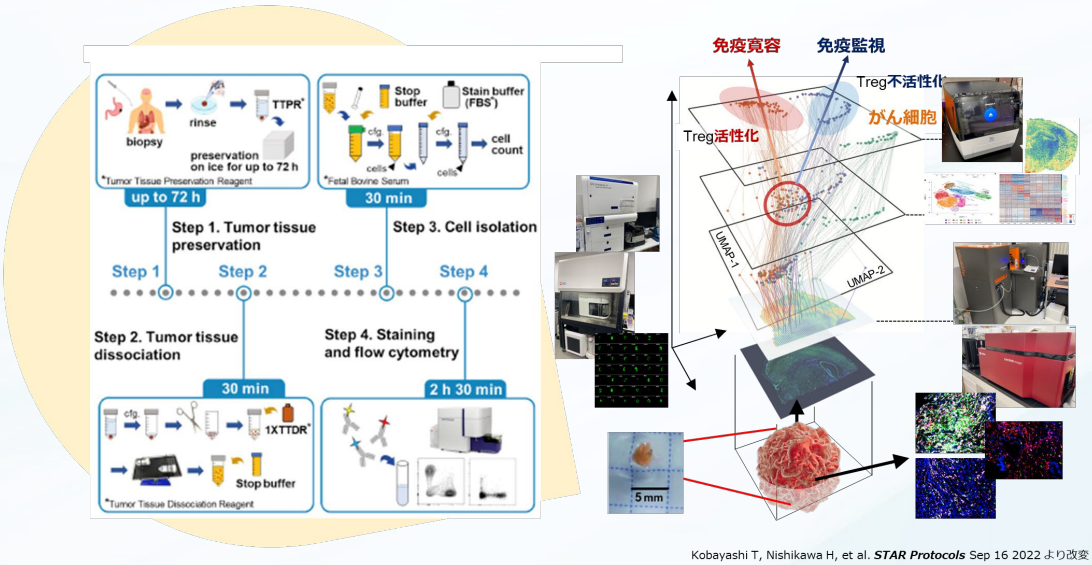
腫瘍免疫研究分野では、がん免疫療法前後の腫瘍、リンパ節、末梢血など臨床検体を、マルチカラーフローサイトメトリー、マスサイトメトリー、イメージングマスサイトメトリー、プロテインアレイなど独自の網羅的免疫モニタリングパイプラインを用いて解析を行っています (図)。これまでの研究で、がん免疫の本態解明や多くのがん免疫療法耐性のメカニズム解明、有効性を予測する精度の高いバイオマーカーの同定が実現しており、がんプレシジョンメディシンや新規免疫創薬を可能とするものとして重要な知見となっています。

【マウスを用いた抗腫瘍免疫応答の解析】

がん微小環境におけるがん免疫応答の時間的・空間的な作用機序を明らかにするため、がん患者の免疫モニタリングで明らかになった特定の分子および細胞の機能を、野生型・遺伝子改変マウスを用いて詳細に解析しています。また、透明化マウスを用い、腫瘍環境内への免疫細胞の浸潤、機能発揮、持続を可視化し、さらなる腫瘍免疫の本態解明に取り組んでいます。

【固形腫瘍内で長期に作用する新規細胞免疫療法の開発】

上記研究で得られたがん免疫療法耐性機序を治療標的として、有効に固形腫瘍内へ浸潤、活性化、長期に維持されるキメラ抗原受容体 (CAR)/T細胞受容体 (TCR)遺伝子改変T細胞療法の開発を行っています。現在、これらのT細胞療法のFirst-in-human trialにむけた非臨床試験と治験実施体制の整備も進めています。



Kobayashi T, Nishikawa H, et al. ***STAR Protocols*** Sep 16 2022 より改変

国立がん研究センター 研究所 / 分野

医療ＡＩ研究開発分野

分野長：浜本 隆二（Ryuji HAMAMOTO, Ph.D.）

Passion

最新の人工知能技術を用いて新規がん診断システムや個別化医療実現支援システム、新規創薬設計システムの開発研究を行っています。

Mission

- 実臨床応用を志向した AI 搭載医療機器の開発
- がんの統合的理解のための機械学習を用いたマルチオミックス解析
- 医療 AI 研究開発基盤としての統合データベースシステムの構築

Innovation

近年深層学習を中心とした機械学習技術の進歩、安価で性能の高いGPUが開発されたこと、また公共データベースの拡充によりビッグデータの利活用が可能になってきたことなどを理由に、人工知能（AI）技術への期待が高まっております。実際、空港の顔認証や自動翻訳、また自動運転など社会において幅広くAI技術は既に活用されております。医療分野も例外ではなく、米国FDAより承認されたAI搭載医療機器プログラムは1000種類を超え、本邦においても、我々の研究成果を含め複数のAI搭載医療機器プログラムが薬事承認を受けております。その潜在能力の高さからAI研究開発に関しては、米国や中国などの世界列強国が鎬を削って研究開発を進めており、その競争は年々激化しております。

我が国においても、2016年１月に閣議決定された第5期科学技術基本計画の中で、Society 5.0という目標とすべき新しい社会のコンセプトが発表され、その目標達成に向けてAI技術を基盤技術として活用していくことが明文化されており、政府の方針としてAI開発は重点領域の一つとして認識されております。このような状況下、我々は日本国内に先駆けて、2016年に大型医療AI研究開発プロジェクト“人工知能を活用した統合的ながん医療システムの開発”プロジェクトを開始いたしました。本研究プロジェクトはJSTの戦略的創造推進事業CRESTの1課題として推進され、2018年からは内閣府主導の官民投資拡大プログラム（PRISM）がアドオンされるとともに、2023年からは内閣府主導のBRIDGE事業という形で現在に至っております。この間に、世界的にも早い段階でAIを用いたリアルタイム内視鏡診断サポートシステムを開発し、またAI解析を志向した大規模な肺がん統合データベースを構築するなど、複数の重要な研究成果を発表して参りました。

特にAIを用いたリアルタイム内視鏡診断サポートシステムを2020年に管理医療機器（Class II）として薬事承認を取得する等、これまで複数の成果を既に臨床応用しております（ *日本：薬事承認取得-３件、薬機法に基づく認証取得-１件、 *欧州：CEマークの取得-２件）。

我々が大切にしておりますのは、“研究のための研究”に陥ることなく、常に“患者さんのための研究”を行うことで、質の高い国際誌に原著論文を発表すると同時に、実臨床応用を大変重要視しております。

国立がん研究センター 研究所 / 分野

先端バイオイメージング研究分野

分野長：鈴木健一（Kenichi Suzuki, Ph.D.）

Passion

生細胞中のがん遺伝子産物や受容体を１分子ずつ観察し、それらのはたらく仕組みを解明し、新しい治療法開発へつなげようとしています。

Mission

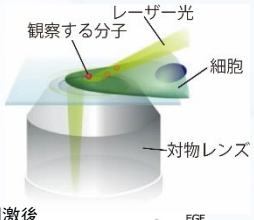
- １分子・超解像顕微鏡観察によるがん遺伝子産物のシグナル伝達機構の解明
- 脂質ラフトや液ー液相分離などのシグナル伝達場の可視化解析
- がん細胞由来細胞外小胞による標的細胞改変機構の解明
- 新しい光学顕微鏡システムの開発

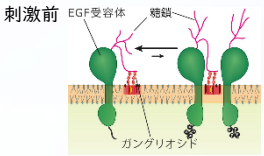
Innovation

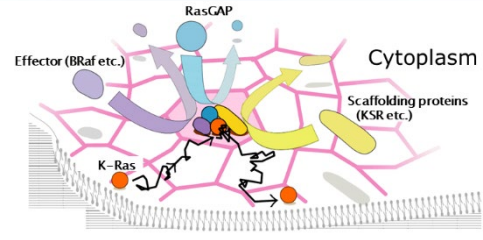
細胞内分子は熱運動しており、ランダムに起こる分子間相互作用は1秒以下しか続きません。我々は、多数分子を観察し、その平均値求めるのではなく、１分子の挙動を追跡し、分子がいつ、どこで、どのくらいの頻度ではたらくかを観察しています（Tanaka et al., Nat. Methods, 2010; Suzuki et al., Nat Chem. Biol, 2012; Komura et al., Nat Chem Biol. 2016; Morise et al., Nat. Commun., 2019; Kemmoku et al., Nat. Commun., 2024; Hirosawa et al., Nat. Commun., 2025）。特に生細胞中のがん関連遺伝子産物を多色同時で超高速１分子・超解像顕微鏡観察することで、起きている事象の本質的理解を試みています。

1）１分子・超解像顕微鏡観察によるがん遺伝子産物のシグナル伝達・制御機構の解明

受容体型チロシンキナーゼからRasなどのがん遺伝子産物へのシグナル伝達場を直接可視化することにより、そのメカニズムの解明を試みています。例えば、K-Rasは活性化後、細胞膜内層の特定の脂質ドメイン内でクラスター形成し、下流のRafやRasGAPのリクルートを受けることを発見しました。また、EGF受容体は、その細胞外ドメインと糖脂質との糖鎖相互作用により、活性化抑制されることを見出しました。生細胞膜上、分子レベルでのシグナル伝達・制御機構の解明を試みています。





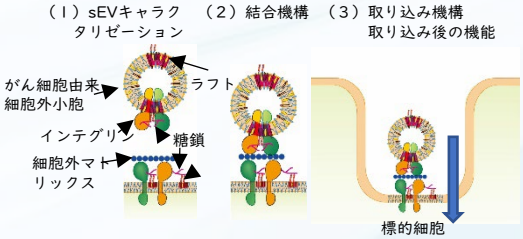


2）脂質ラフトや液ー液相分離などのシグナル伝達場の可視化解析

細胞内では分子間相互作用を促進するために、脂質ラフトや液-液相分離などの構造が形成され、細胞のがん化や抗がん剤の薬効の鍵となっているとも言われていますが、それらは極めて小さく動的構造を持つため、実体がよく分かっていません。我々は、高精度1分子・超解像顕微鏡観察技術を用いて、これら構造を解明しています。

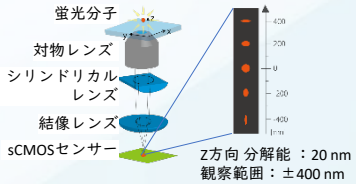
3）がん細胞由来細胞外小胞による標的細胞の改変機構の解明

がん細胞から放出された細胞外小胞が、他臓器の細胞内に取り込まれた後、その細胞の周りにはがん細胞が転移しやすい環境が形成されると言われています。しかし、細胞外小胞が標的細胞膜に結合し、取り込まれ、機能する機構はよく分かっていません。我々は、１粒子・超解像顕微鏡観察により、この機構の解明を試みています。



4）新しい光学顕微鏡システムの開発

１分子・超解像動画観察の３次元化や高精度・高速化を試みています。これにより、細胞内のより多種の分子と構造物との相互作用やその変化を追跡できます。



国立がん研究センター 研究所 / 分野

統 合 が ん 研 究 分 野

分野長：鵜飼 知嵩（TOMOTAKA UGAI, M.D., Ph.D.）

Passion

単一細胞レベルから集団レベルまでのデータを用いて、がんのスペクトラムを研究し、がんの個別化予防、個別化医療に資するエビデンスを創出しています。近年、先進国を中心に罹患率が増加し注目を集めている若年発症のがんの病因解明に特に注力しています。

Mission

- 様々な環境要因や内因性因子が、がんを含む様々な疾患のリスクに与える影響の分子生物学的背景を解明
- がんの病因解明、個別化治療、個別化予防法の開発

Innovation

【ビッグデータを用いたがんの記述疫学、分析疫学研究】

統合がん分野では、ハーバード公衆衛生大学院との共同研究として、国際的ながんの疫学データベースを活用し、がんの罹患率、死亡率の国際的な動向を調べています。さらにフレッドハッチンソンがんセンターとの共同研究では、13,000人以上の大腸がん症例を対象に、がんの危険因子の詳細な検討を行っています。

【がんの腫瘍特性の解析】

がんの腫瘍特性を調べるため、ハーバードや国内外のラボと連携し、がんの体細胞変異／エピジェネティクスの変化だけでなく、がん微小環境における腫瘍環境内への免疫細胞の浸潤や腫瘍のマイクロバイオームなどの解析を行っています。

【統合がん研究】

上記研究で得られたがんの腫瘍特性のデータを大規模な疫学データベースに統合し、食事、生活習慣、薬物、環境要因、社会経済的要因などの影響で、がんが前がん病変から悪性新生物へどのように進化するのかを包括的に調べる統合がん研究を行っています。我々のアプローチにより環境要因や内因性因子とがんの分子生物学的プロファイルの関係を明らかにすることは、これまで基礎研究でしか示されてこなかった現象が、実際に大規模なヒト集団でも認められるを示すことができ、発がんメカニズムの解明およびがん予防法の開発に大きく貢献します。統合がん研究分野では、異分野の統合による新しい研究分野の開拓を使命としており、志を共にして下さる研究者の参加を歓迎します。

統合がん研究分野の三本の柱

がんスペクトラム理論

国際記述疫学	分析疫学	分子疫学
罹患率 / 死亡率動向 × 年齢 病理分類 × 人種 / 社会経済的因子 / 環境要因	罹患リスク /生存率解析 × SNPs / 宿主免疫 /食事 / 生活 / 環境要因 × 腫瘍因子	体細胞変異 × 腫瘍微小環境（マイクロバイオーム、腫瘍浸潤性免疫細胞など） × 臨床、疫学的因子

↓

がんの要因、予防法、治療法の解明

【論文発表】

- Ugai T et al. Is early-onset cancer an emerging global epidemic? Current evidence and future implications. Nat Rev Clin Oncol. 2022 Oct;19(10):656-673.
- Lee H, … Ugai T. The Cancer Spectrum Theory. Cancer Discov. 2024 Apr 4;14(4):589-593.
- Ugai S, … Ugai T. Long-term yogurt intake and colorectal cancer incidence subclassified by Bifidobacterium abundance in tumor. Gut Microbes. In press.
- Ugai T et al. Molecular Characteristics of Early-Onset Colorectal Cancer According to Detailed Anatomical Locations. Am J Gastroenterol. 2023 Apr 1;118(4):712-726.

国立がん研究センター 研究所 / 独立ユニット

分子発がん研究ユニット

独立ユニット長：土屋 直人（Naoto TSUCHIYA, Ph.D.）

Passion

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。

Mission

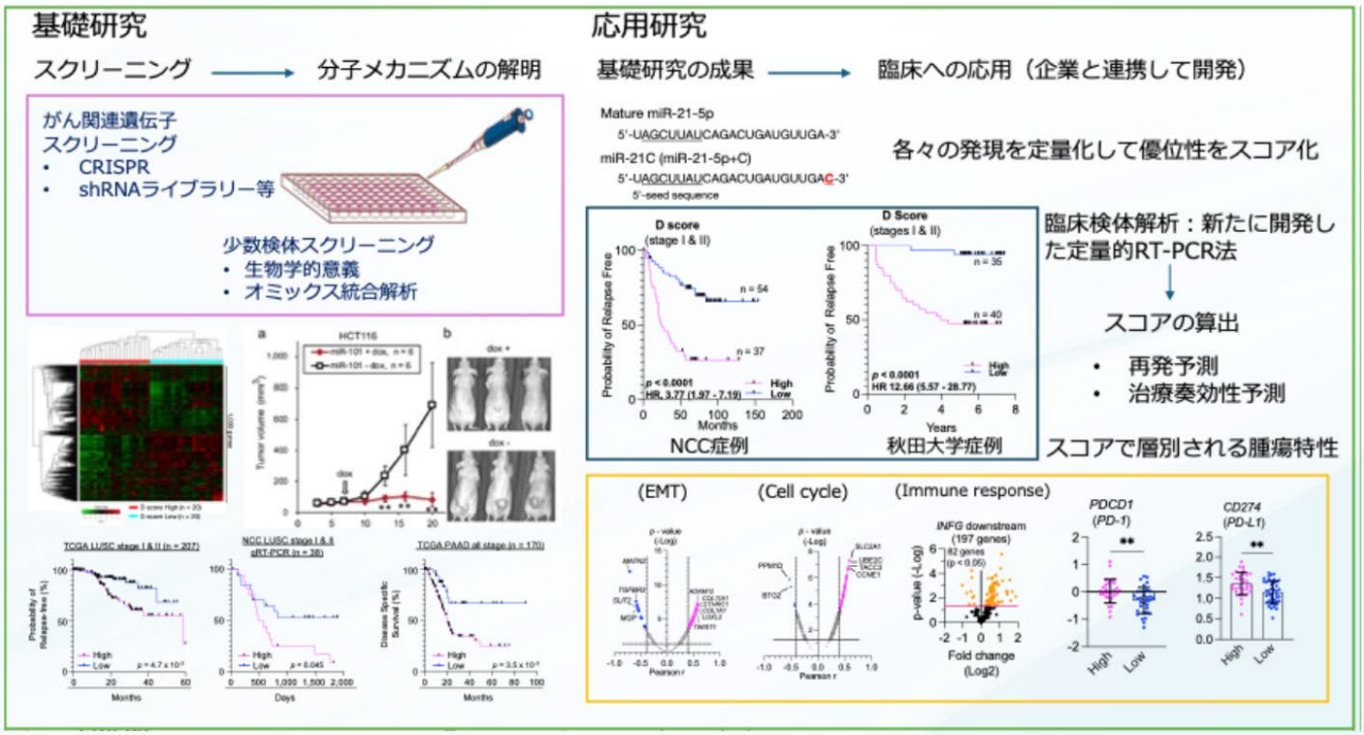
- マイクロ RNA 構造多様性による細胞内ネットワークの制御機構
- マイクロ RNA による腫瘍微小環境制御と転移誘発機構の解析
- マイクロ RNA によるがん診断バイオマーカーの開発

Innovation

私たちのゲノム中には数千を超えるタンパク質非コード RNA の情報が書き込まれています。それらは、個体の正常な発生に必須の機能を有しています。その機能異常は、がんを始めとした様々なヒト疾患の誘発と密接に関連しています

当研究ユニットでは、マイクロ RNA と呼ばれる小分子 RNA を研究題材としています。正常細胞の中で形成される複雑な分子ネットワークの制御には、マイクロ RNA の正確な機能が必要ですが、がん細胞の中ではそれらの機能異常が生じています。私たちはマイクロ RNA が支配する細胞内ネットワークを理解することで、がん細胞を知ることに挑戦しています。研究成果は、新しいがん治療法の開発に貢献できると考えています。

マイクロRNAは、細胞内生合成過程で構造多様性が生じ、多くの構造アイソフォームが産生されることがわかっています。これらアイソフォームと機能との関連は明らかになっていません。当研究室では、マイクロRNAの構造アイソフォームの合成異常が、がんの悪性形質を規定する重要な要因であることを明らかにしました。また、その分子メカニズムとして、癌胎児抗原であるIGF2BP3が深く関連することを見出し、がん細胞におけるマイクロRNAの制御異常の本質を明らかにする基盤的研究を実施しています。その成果は、がん悪性化における遺伝子発現異常のメカニズム理解から、診断薬・治療薬の開発へとつながる可能性を秘めています。



国立がん研究センター 研究所 / 独立ユニット

基礎腫瘍学ユニット

独立ユニット長：大木 理恵子（Rieko Ohki, Ph.D.）

Passion

がん抑制遺伝子 p53 は、がんにおける最も重要な遺伝子の一つです。p53 遺伝子の研究はがんの本態解明とその臨床応用に大きく貢献します。

Mission

最も有名で、最も高頻度にがんで遺伝子異常が生じる、がん抑制遺伝子 p53 の新規機能を解明し、がん治療と診断に役立てます。

Innovation

【がん抑制遺伝子 p53 とその標的遺伝子の機能解明】

基礎腫瘍学ユニットでは、がん抑制遺伝子 p53 について精力的に研究を進めています。p53 はがんに関わる最も重要な遺伝子と言っても過言ではなく、半数のがんは p53 が変異していることが知られています。P53 欠損マウスは非常にがんができやすく、半年以内に75%が死んでしまうといえば、その重要性がわかるかと思います。p53 は転写因子であり、受けたストレスの強さに応じて様々な遺伝子の転写を活性化します。細胞周期を止めて過剰な増殖を防いだり、あまりに強いストレスの場合にはアポトーシスにより細胞を死滅させるように指令し、がん化リスクをもとから断つように働きます。技術進展により、マイクロアレイによる遺伝子発現解析や、p53 タンパク質と結合しているDNAの解析といった網羅的解析が可能となり、p53 によって制御される遺伝子群を同定することができました。なにしろ有名な p53 ですので同様な解析を行う研究者は世界中に多数いる状況の中で、私たちはその時点では機能未知だった遺伝子群に着目し、その機能解析にチャレンジしたことにより、p53 に関する研究で世界をリードすることができました。（参考文献：大木理恵子企画『知らせざるp53の肖像』実験医学Vol.35 No.14、Cell, Vol. 136, pp. 535-550, 2009、PNAS, Vol. 122, No. 6, e2413126122, 2025 など）

【新たに発見したがん抑制遺伝子 PHLDA3】

p53 標的遺伝子の網羅的探索で見つかった PHLDA3 について紹介します。p53 はがん「抑制」遺伝子ですが、反対にがん化を「促進」する「がん遺伝子」も多数存在しています。常にがん抑制遺伝子が優勢に働いていれば良いわけではなく、過剰ながん抑制は細胞増殖を止め過ぎたりアポトーシスを誘導させすぎたりで人体にとって有害な場合もあります。つまり、がん遺伝子とがん抑制遺伝子の働きが適度に拮抗している状態が細胞にとって健全な状態と言えるでしょう。私達は、p53 によって発現誘導される PHLDA3 タンパク質が、がん遺伝子Aktが作ったタンパク質のがん促進機能を阻害することで、がん化シグナルを制御していることを明らかにしました。また p53 の変異があるときには PHLDA3 が発現せず、Akt を抑えきれなくなり細胞ががん化することから、PHLDA3 ががん抑制的に働くことを実証しました。さらに、がんの半数は p53 に変異があると先ほど述べましたが、p53 に変異のないもう半数のがんの中には、PHLDA3 機能が失われているがん種もあることがわかってきました。

この発見は、アップル社の創業者スティーブ・ジョブズが命を落とした膵臓がんに鍵がありました。インスリンなどのホルモンを分泌する膵臓のランゲルハンス島ががん化するときには、そこでは PHLDA3 遺伝子は機能しておらず、Akt が優勢となってしまい、そのような患者さんの予後は良くありませんでした 。また、PHLDA3 欠損マウスを作製すると、がん化には至らぬもののランゲルハンス島の異常増殖が観察されました。PHLDA3 機能が失われることとがん化促進の関係は、膵臓だけではなく、肺、大腸といった臓器の内分泌組織にも見られ、普遍性があることが分かってきています。これらの結果から、私たちは PHLDA3 が様々な内分泌組織由来のがんのがん抑制遺伝子であると考えています。（参考文献： PNAS, 111 (23), E2404-E2413, 2014 ）

国立がん研究センター 研究所 / 独立ユニット

分 子 遺 伝 学 ユ ニ ッ ト

独立ユニット長：武田 はるな（Haruna TAKEDA, Ph.D.）

Passion

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、がんを制御する分子メカニズムに迫ります。

Mission

- 大腸がん転移を促進するがん微小環境を理解し、治療標的探索を行う
- 炎症や高脂肪食摂取が促進する大腸がん悪性化メカニズムを解明し、予防法を確立する
- がん細胞の代謝特性に着目した新規治療法開発を行う

Innovation

私たちは大腸がんを対象として新規治療法や予防法の確立を目的として研究を行なっています。独自の Sleeping Beauty (SB) トランスポゾンを用いた生体内スクリーニング法により、多数の大腸がん関連遺伝子(Nat Genet, 2015)や、胃がん関連遺伝子(PNAS, 2016)を同定してきました。このアプローチは、ヒトのがんで変異の認められる遺伝子を高確率で同定できる手法です（図１）。

最近では、大腸炎モデルでSBスクリーニングを行い、炎症微小環境においては細胞の可塑性に起因する悪性化メカニズムが機能することを示しました（ Nat Commun, 2023； BMC Cancer, 2025） 。この過程で、大腸がんの自然転移モデルの作成に成功し、現在は、このモデルを利用し最先端の発現解析技術を用いた標的探索に挑んでいます（図２）。

また、世界的に肥満人口が増加傾向にあることから、肥満と大腸がんの関連について分子レベルで明らかにするために、肥満モデルを作成しSBスクリーニングを行なっています。

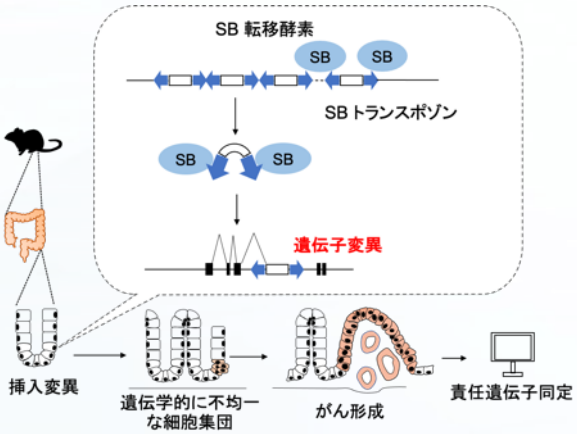


図1. SBトランスポゾンスクリーニング

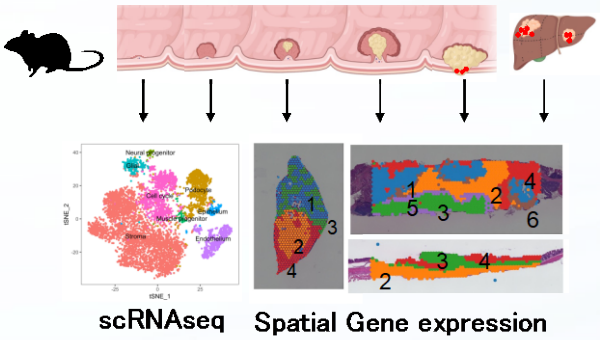


図2. 転移モデルを利用した転移巣特異的マーカーの同定

さらに、大腸がん細胞株の中には代謝経路に脆弱性もつものがあることを網羅的CRISPRノックアウトスクリーニングにより見出しており、これらの独自の知見をもとに新規治療法確立へ結びつけたいと考えています。

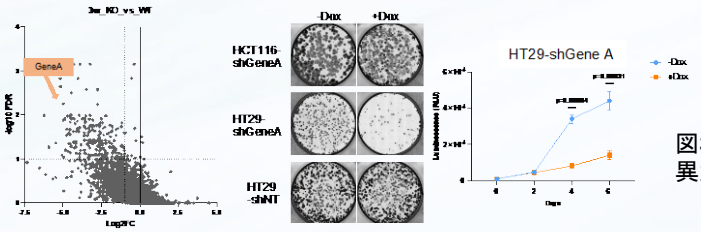


図3. 代謝関連遺伝子をノックダウンするとAPC変異大腸がん細胞株で増殖抑制がかかりやすい

国立がん研究センター 研究所 / 独立ユニット

ゲノム安定性制御研究ユニット

独立ユニット長：吉岡 研一（Ken-ichi YOSHIOKA, Ph.D.）

Passion

殆どのがんはゲノム不安定性に伴って発症しているため、ゲノム安定性制御により、予防が可能と期待されます。我々はゲノム不安定性を解明し、新規がんの予防法の創出を目指します。

Mission

- ゲノム不安定性の高リスク状態の特定とそのリスク要因の解析
- ゲノム不安定性の高リスク状態の誘導・制御機構の解析
- ゲノム安定性制御を作用点としたがん予防法の開発

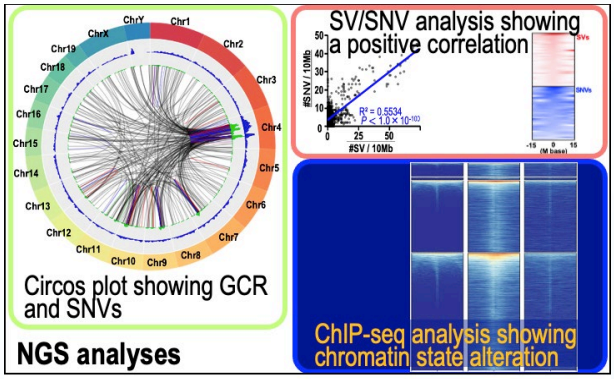
Innovation

従来、『がんは、複製過程でランダムに入る変異が、不運にも“がんドライバー遺伝子”に入った場合に進行する』と捉えられ、『がんは不運の疾患で予防は困難』とされてきました。実際、現在世界的に、主ながん予防対策は二次予防（早期発見・治療）です。しかし、最近の研究知見からは、『殆どはゲノム不安定性に起因して誘導されている』と考えられるため、実際は、『これらのがんは、ゲノム安定性制御による“がん予防”が可能である』と考えられます。我々は、ゲノム安定性制御を作用点とした“がん予防法”の創出を目指しています。

ゲノム不安定性に伴って、DNA 修復エラーや複製エラーに起因した“染色体再編や変異”が誘導されます。しかし、『殆どのがんは、ゲノム不安定性に伴う発症にも関わらず、DNA 修復能の欠損は見当たらない』ため、長く、『どの様に染色体再編や変異が生じるのか？』との疑問がありました。我々は in vitro 解析系を構築し、(1) ゲノム不安定性の影響とそのリスク要因、(2) ゲノム安定性の制御機構を解析しています。

【ゲノム不安定性の影響とそのリスク要因】

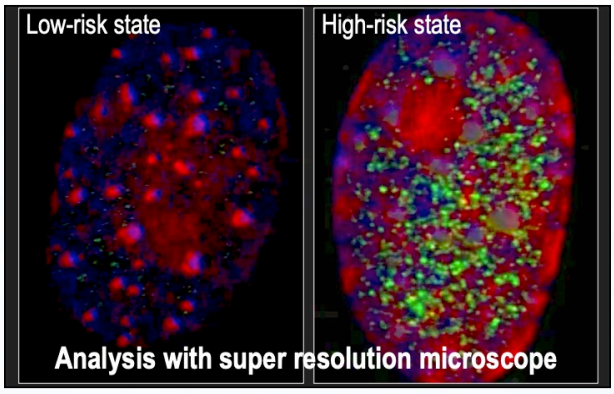
これまでに、『細胞に老化様の表現系が現れる背景で、複製ストレスに伴って蓄積した DNA 損傷に起因し、ゲノム不安定性が誘導される（Cancer Sci. 2021, 112: 515）』こと、『ゲノム不安定性に伴い、防御機能（ARF/p53 経路など）の破綻した細胞のクローン進化が誘導される（Nature Com. 2019, 10: 3925）』こと、『このリスクは外的ストレス（放射線ばく露など）によって促進する（iScience 2021, 24: 102313）』こと等を明確にしてきました。現在、UV損傷等の外的ストレス、細胞老化との関係、エピゲノム状態変化の影響などを解析しています。



【ゲノム安定性の制御機構】

これまでに、『高リスク状態でも、一過的なDNA修復能の活性化機構が存在する（Cell Rep. 2015, 13: 2728）』こと、『一部のポリフェノール（がん予防効果が指摘されている）は、ゲノム安定性保持を促進する効果を示す（Sci. Rep. 2020, 10: 5388）』こと等を見出しました。

現在、ゲノム安定性制御を作用点とした“がん予防薬・サプリメント”の創出を目指し、ゲノム安定性制御に資する成分のスクリーニング、さらに、その作用機序を解析し、動物モデルによる“がん予防効果の検証”を進めています。また、リスク診断マーカーの探索も進めています。



国立がん研究センター 研究所 / 独立ユニット

がん細胞システム研究ユニット

独立ユニット長：関根 圭輔（Keisuke SEKINE, Ph.D.）

Passion

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。

Mission

- 難治がん患者由来オルガノイド培養系の構築
- 患者由来がんオルガノイドを用いた人為的がん組織培養系の構築
- 人為的がん組織培養系を用いたがん細胞社会の解明と治療法開発

Innovation

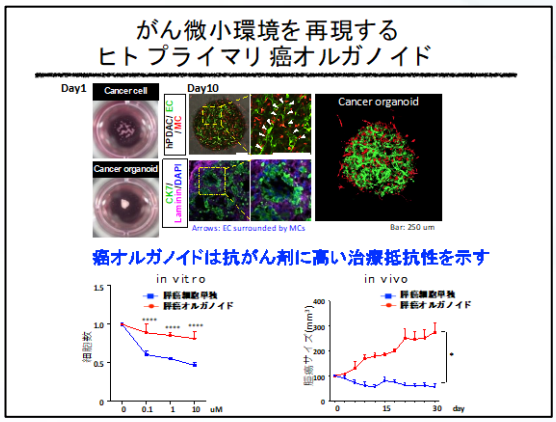
【背景】

難治癌の一つである膵癌は5 年生存率は約10%、切除例の術後治療群においても約20%と様々な癌の中でも特に予後不良なことで知られています。これは膵癌は早期発見が困難であること、抗がん剤が効きにくく、転移しやすいことなどが要因と考えられています。さらに、膵癌を含め癌全体の患者数は増加傾向にあり、難治癌の特性を理解し膵癌を含む難治癌の治療法開発につなげることは喫緊の課題となっています。

【がん患者検体を用いた人為的がん組織培養系の構築】

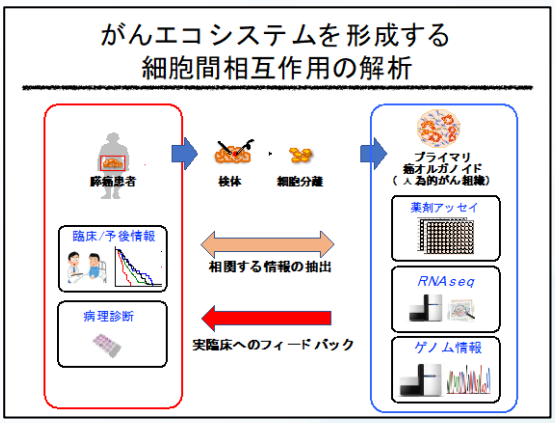
癌の薬剤感受性はin vitro とin vivo で大きく異なることが知られており、有効な抗癌剤が開発されていない要因の一つとされています。近年、癌の間質を構成する間葉系細胞や血管内皮細胞が、癌の治療抵抗性に大きなインパクトを持つことが明らかとなっており、in vitro においてこれらがん微小環境を再現が重要であると考えました。

そこで、これまでに間質を伴う正常組織の人為的再構成法（Nature, 2013, Nature 2017 等）を基盤とし、日本人膵癌患者より分離したプライマリ癌細胞を用いて、がん微小環境を再現可能なヒトプライマリ癌オルガノイド作製法を開発してきました。



【人為的がん組織培養系を用いたがん細胞社会の解明と治療法開発】

私たちはがん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。ヒトオルガノイド培養技術やシングルセルレベルの網羅的遺伝子発現解析技術、遺伝子改変技術などを用いて、癌細胞と癌を取り巻く様々な間質細胞により構成されるがん細胞社会をin vitro で再現し、その個々の細胞の動態や相互作用、転移メカニズムの解明を進めています。このため癌患者手術検体からプライマリ癌細胞を樹立し、癌間質との相互作用の解析、薬剤応答試験、遺伝子発現解析やゲノム解析等を行っています。また、動物個体内(in vivo)や患者検体の解析およびin vitro との比較検討も進めています。



以上のように、がんの基礎研究を通じて、実際のがん患者さんの救命に役立ちたいと考えています。

国立がん研究センター 研究所 / 独立ユニット

病態情報学ユニット

独立ユニット長：山本 雄介（Yusuke YAMAMOTO, Ph.D.）

Passion

遺伝子導入による発がんモデルや患者由来細胞の初代培養によるがんの多様性や微小環境に注目した研究を行っています。

Mission

- がん遺伝子異常に基づいたがん治療薬の探索研究
- シングル細胞発現解析によるがんの本態解明および治療標的の探索
- miRNAとexosomeによるがん悪性化機構解明、診断・治療への応用

Innovation

病態情報学ユニットでは、がん細胞の多様性や腫瘍内の微小環境の解明を目指して研究を行っています。

がん病態がそうであるように、がん細胞の顔つきも複雑かつ多様性に満ちています。このような、がん細胞の特性を理解するためには、多方面からのアプローチが必要不可欠であり、そのための日々の技術革新と想像豊かな研究の発想が求められています。具体的には、生体イメージング、シングル細胞発現解析、化合物ライブラリーによるスクリーニング、組織幹細胞培養技術を用いており、これらの領域で蓄積した経験を基礎に、常に新しく面白い分野の開拓にチャレンジしています。

1. がん遺伝子異常に基づいたがん治療薬の探索研究

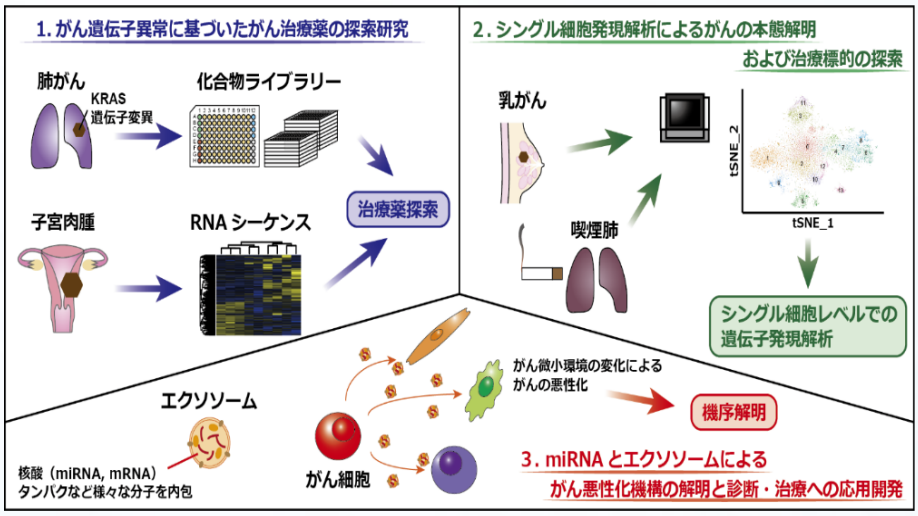
特定の遺伝子変異をもったがんや治療法の少ない希少ながんに対する新規の治療標的の探索を行っています。KRAS 変異を持つ肺がん細胞に対して選択的に抗腫瘍効果を示す薬剤の同定（Cancer Lett. 2019; JCI Insight. 2021）や希少がんである子宮肉腫に対する新規の治療薬の検証（Clin Cancer Res. 2022）を行ってきました。

2. シングル細胞発現解析によるがん本態解明および治療標的の探索

シングル細胞レベルでの遺伝子発現解析を行うことで、腫瘍内の細胞の多様性やがん微小環境に含まれている細胞の解析を行っています。対象としては、乳がんの薬剤耐性機構（Cancer Res. 2019）や早期がんの多様性の解析（Cancer Res. 2022）、喫煙による肺組織影響の検討（Cancer Res Commun. 2023）や炎症疾患（ARJCMB. 2022）についての解析を行ってきました。

3. miRNAとエクソソームによるがん悪性化機構の解明と診断・治療への応用開発

細胞外小胞エクソソームによる細胞間コミュニケーションが疾患に与える影響が注目されています。これまでにがん細胞が分泌するエクソソームの機能解析や（Nat Commun. 2017; Oncogene. 2019）、その分泌のメカニズムの解明（Sci Adv. 2020; Cell Rep. 2024）を目指した研究を進めてきています。



国立がん研究センター 研究所 / 独立ユニット

がん細胞内トラフィック研究ユニット

独立ユニット長：小幡 裕希（Yuuki OBATA, Ph.D.）

Passion

がん細胞内のシグナル分子の細胞内局在を視てみると、正常細胞のそれと驚くほど異なります。その違いの意義や、その原因となる分子メカニズム、輸送パスウェイの解明を試み、その理解に基づいた治療薬の基盤的開発をおこなっています。

Mission

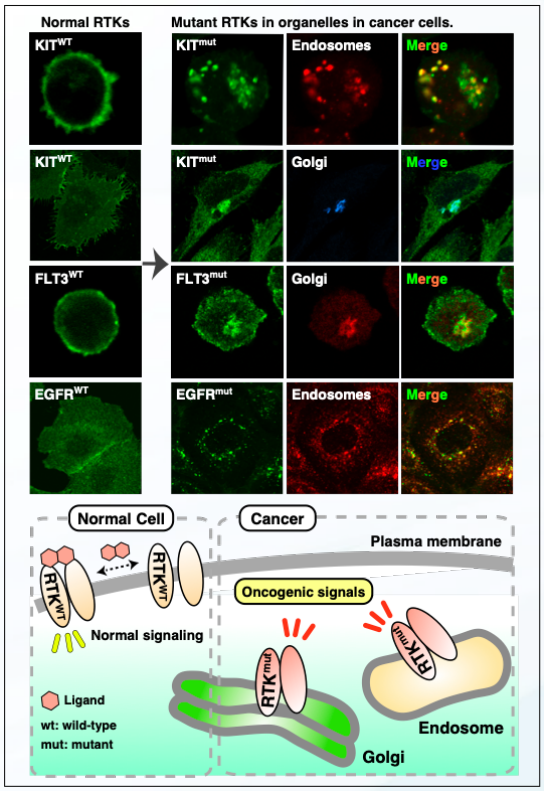
- がん細胞内における増殖指令 (シグナル) の発信源の同定
- がん細胞特有の細胞内輸送 (トラフィック) の分子メカニズム解明
- 細胞内トラフィックマシナリーを標的とした新規標的治療薬の基盤的開発

Innovation

「がん発症の原因となる遺伝子産物は、細胞内のどこで悪さをしているのか？」 については、ブラックボックスに包まれてきました。例えば、正常細胞の野生型レセプターキナーゼは細胞膜でリガンド刺激をシグナル伝達するため、同様に、がんを引き起こすその変異体も細胞膜に局在し、悪さをしていると考えられてきました。しかしながら、それらがん原性レセプターの細胞内分布を可視化すると、予想外に、小胞体, ゴルジ体, エンドソーム, リソソームといった「細胞内小器官 (オルガネラ)」に集積し、そこからシグナル発信していました。調べた限りは、変異シグナル分子の細胞内局在は、正常型のそれと明らかに異なります。すなわち、変異シグナル分子の局在異常およびオルガネラシグナルは、がん細胞に特徴的であり、本ユニットは、その原因となる分子メカニズムを明らかにし、その理解を新機序の治療薬開発の一助としたいと考えています。

(1) 変異シグナル分子の局在異常

これまでに、KITやFLT3等のチロシンキナーゼ変異体が、マスト細胞腫, 白血病, 消化管間質細胞腫 (GIST) ではエンドソーム系やゴルジ体に異常局在し、オルガネラがシグナルの場となることを発見しました (*Nature Commun.* 2014; *Oncogene,* 2017; *Cell Commun. Signal. 2019*; *Sci. Rep.* 2021; 右図)。現在、他のがん種 (肺腺がん, 大腸がん, 骨髄腫等) の原因となる変異分子について、興味深い局在を見出しており、波及的展開を試みています。



(2) 局在異常の原因となる分子メカニズムの解明

オリジナルのスクリーニング法を構築し、がん細胞を特徴づける「変異分子の局在異常」の原因となるマシナリーの解明を試みています (*Cell Rep.* 2023; *bioRxiv,* 2025)。原因分子群の機能から、変異シグナル分子の細胞内移動のパスウェイ予測をおこないます。

(3) 異常局在の抑制による新規シグナル阻害戦術の開発

これまでに、悪さをする場所に移行させないことが、がんシグナル発信の抑制に繋がることを報告しました (*PLoS ONE,* 2017; *Cancer Lett.* 2018; *Cell Commun. Signal.* 2019; *JBC,* 2024)。また、開発中の分子標的薬が、オルガネラでの変異分子の安定性破綻を誘導するという分子メカニズムを発見しました (*BJC,* 2020; *IJC, 2023*)。すなわち、シグナルの場であるオルガネラでのシグナル発信の理解が、新機序の治療薬開発に寄与するものと期待されます。

現在、上記 (2) で発見した局在異常の原因分子に対する低分子インヒビターが、変異分子のオルガネラからのリリースを介したシグナル阻害効果を有することを見出しており、標的薬としての基盤的開発を試みています。

国立がん研究センター 研究所 / 独立ユニット

計算生命科学ユニット

独立ユニット長：小嶋 泰弘（Yasuhiro KOJIMA, Ph.D.）

Passion

次々と登場する最先端オミクス観測データに対し、機械学習技術や数理モデリングを統合した革新的な情報解析技術開発を行い、がんの進展におけるオミクスプロファイルの時空間動態を捉え、新規創薬標的の探索等、がん医療への貢献を目指します。

Mission

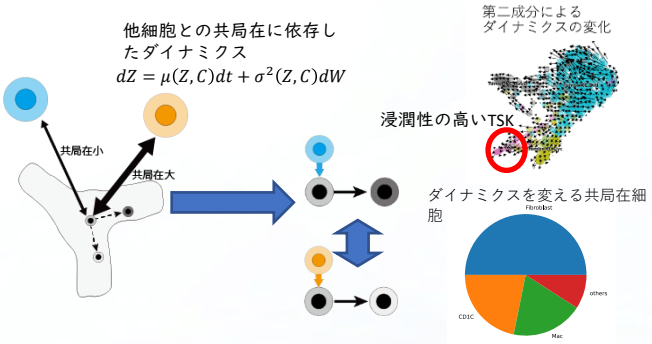
- 最先端オミクス観測に対するデータ解析技術の開発
- がんの悪性化を担う細胞間相互作用のデータ駆動的探索
- がんの進展におけるオミクス時空間ダイナミクスの解明

Innovation

当研究室では、一細胞・空間オミクス解析をはじめとする最先端のオミクス観測技術に対する情報解析技術の開発を行っています。近年発展の著しい深層学習技術などのデータ駆動型アプローチに対して、生命現象の深い洞察に基づく数理モデリングの技術を融合することにより、これまでにない革新的な解析技術の創出を行います。これにより腫瘍進展の背後にある網羅的分子プロファイルの時空間動態を捉えることができ、腫瘍微小環境下で悪性化を決定づける細胞間相互作用の抽出等、がん医療に貢献する生物学的発見を目指します。

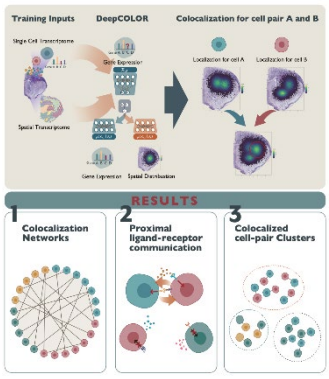
1. 深層生成モデルによる細胞状態ダイナミクスの推定

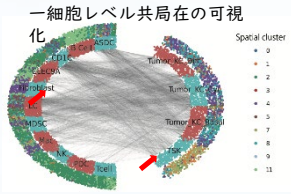
一細胞トランスクリプトーム観測をはじめとしたオミクス観測の大部分は侵襲的であり、スナップショット観測のみが得られます。我々は、スプライシング数理モデルと深層生成モデルの統合により、細胞状態の確率的なダイナミクスを復元するための方法論を開発しています。悪性度の高い腫瘍細胞が生成する過程で働く分子機構の探索等、細胞の状態遷移の分子機構が解明され、がん進展を阻止する分子介入の提案を目指します。

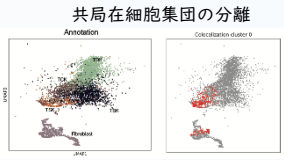


2. 一細胞レベルの共局在解析による細胞間相互作用の解明

細胞間の相互作用とその分子機構を捉えることは、がん治療の標的探索において重要な課題です。我々は、空間的な解像度をもつトランスクリプトーム観測と一細胞トランスクリプトーム観測とを深層生成モデルを用いて統合することで、細胞間の共局在関係と相互作用分子機構の推定を行う解析手法を開発しました。細胞間相互作用を空間オミクスからデータ駆動的に解明する方法論の開発を通して、がん治療の標的となりうる相互作用を網羅的に捉えます。

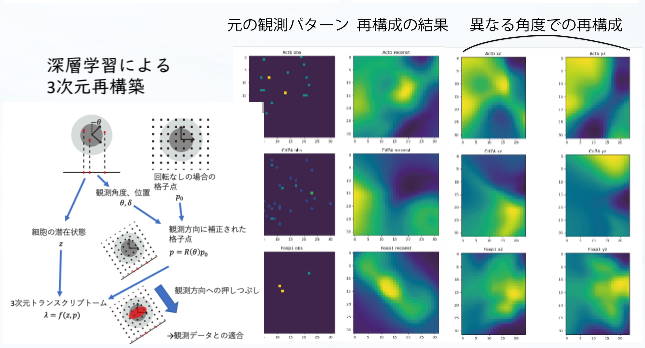






3. 細胞内オミクス観測に対する情報解析技術の開発

近年、空間オミクス観測の解像度が大幅に改善し、細胞内部の分子プロファイルの網羅的空間分布が取得可能になりつつあります。一方で、Subcellular解像度のオミクスプロファイルを扱える情報解析技術は、まだほとんど登場していません。我々は、このような観測データに対して、深層学習技術の活用により、立体的な空間パターンの再構築技術などの開発を行っています。これにより液-液相分離等により生じる細胞内部のコンパートメントの分子プロファイルを解明します。



国立がん研究センター 研究所 / 独立ユニット

がん患者病態生理研究ユニット

ユニット長：南雲 康行（Yasuyuki Nagumo, Ph.D.）

Passion

個々のがん患者が、がんとの共生に向けたQOL向上に視点を設け、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に複雑ながん病態を明らかにする研究を展開しています。

Mission

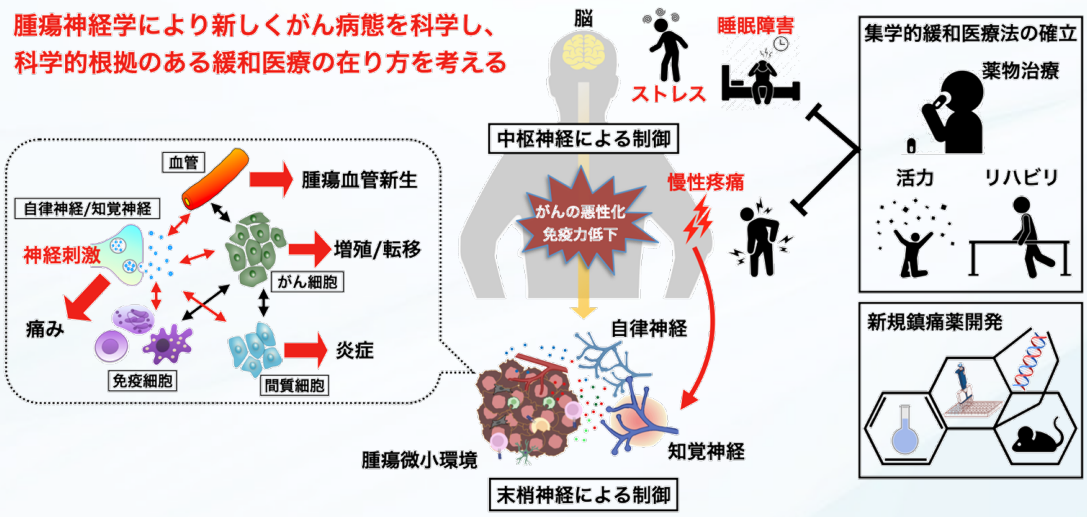
- 腫瘍神経科学を基盤とする脳－末梢接続を介した神経－ 免疫－腫瘍連関の解析
- 包括的がん支持療法の基盤となる疾患複合型がん病態の研究
- 痛みを緩和するための副作用安全性の高い新しい非麻薬性鎮痛薬の開発研究

Innovation

近年のがん治療の向上により、がんサバイバー人口が年々増加していることから、がんとの共生社会を実現するためのがん支持療法およびがん緩和医療の確立は、がん根絶治療の確立に並行して、強く求められています。がん患者の背景には、疼痛疾患、睡眠障害、糖尿病、運動障害、認知障害など、複合型の非がん性病態を発症している例も多く、がん以外の基礎疾患の影響を科学的に理解することは、有効ながん治療および良質ながん支持療法を進めていく上で大変重要です。当ユニットでは、こうした疾患複合型がん病態の（基礎）研究を展開することで、がんとの共生による患者個々のQOL向上を目指した次世代型の包括的がん支持療法およびがん緩和医療の確立を目指しています。

一方、近年、「腫瘍神経学」や「疼痛腫瘍学」という新しい学問が生まれ、神経によるがんの制御機構に関する基礎的な知見が散見されるようになってきました。がん細胞は、周囲の免疫細胞、間質細胞、血管細胞と相互作用しながら成長することは周知の事実ですが、それだけではなく、がん細胞が、腫瘍微小環境で末梢神経細胞 (自律神経や知覚神経) と直接的な相互作用を行うことにより、栄養を取り込み、自身の成長や転移のために利用している可能性が考えられています。実際に、知覚神経の過敏応答を伴った激しい痛みを治療することは、抗腫瘍免疫を高め、がん治療を手助けすることが大規模臨床試験により明らかにされ、本ユニットでも基礎研究と臨床研究の融合により立証しています。

さらには、「病は気から」という諺のように、脳の機能変容によるがんの修飾機構も次第に明らかになってきています。このように、がん病態の本質を理解するためには、“神経系”の関与を除いて語ることはできません。本ユニットでは、「腫瘍神経学」と「疼痛腫瘍学」 という新しい学問により、“神経” の視点から「がん病態」を包括的に解明し、科学的根拠に基づいた新しい緩和医療の確立を目指して日々研究に取り組んでいます。



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