

厚生労働科学研究委託費（革新的がん医療実用化研究事業）
委託業務成果報告（業務項目）

「ゲノム情報で規定される超高リスク群の診断と、層別化・個別化予防のためのエビデンス構築をめざした臨床観察研究」における
遺伝学的検査とゲノム網羅的解析の分担、登録データベース構築に関する研究
担当責任者 菅野康吉 栃木県立がんセンター研究所 技幹

研究要旨 次世代シーケンサーを使用するターゲットシーケンス解析の際に、ゲノムの広範な領域に生じた欠失等の異常を解析する場合の感度、特異性は不明であり、従来の MLPA 法による解析の併用が必要となることが想定されていた。今回、ゲノム欠失の有無が明らかなサンプルを用いた予備的検討によりターゲットシーケンス解析でも、ゲノム欠失等の異常をスクリーニング可能であることが明らかとなった。その結果、最初のスクリーニング検査から NGS による解析を実施する方法の実現可能性が期待される。多施設共同研究のプロトコールが 2014 年 12 月に当院の IRB で承認後、多施設間で遺伝子検査に伴うサンプルの運搬と検体処理等を円滑に進めるための作業手順を決定し、さらに連結可能匿名化された症例の登録情報、臨床情報、家系情報、遺伝情報を管理するためのデータベースの構築作業を進めている。

A. 研究目的

遺伝性腫瘍の診療では、受診者の既往歴と家族歴から遺伝的リスク評価を実施し、その結果により既知の遺伝性腫瘍の原因遺伝子について遺伝子検査を実施し、検査結果をクライアントや家族に伝え、必要に応じてサーベイランス等の予防対策が行われる。本研究では成人に発症する遺伝性腫瘍の多施設共同臨床観察研究を行い、我が国における遺伝子型-表現型関連に関する情報の集積・分析と、ゲノム網羅的解析による未知の原因遺伝子・修飾遺伝子の探索を行う。これらの知見に基づき、個々の遺伝性腫瘍あるいはそれが疑われる症例・家系を的確に捕捉・診断・説明（遺伝カウンセリング）する方法と、個別化された予防医療の確立に貢献することを目的とする。

B. 研究方法

本年度は以下の研究を行った。

1) 次世代シーケンサー(NGS)を用いたターゲットシーケンス解析を実施する際、全エキソンのシーケンス解析と同時にゲノムの比較的広範な領域に生じた欠失あるいは重複等の構造異常を検出するための予備的検討を行った。これまでに Multiplex Ligation-dependent Probe Amplification (MLPA)法による解析でリンチ症候群（遺伝性非ポリポーシス大腸がん：HNPCC）の原因遺伝子である MSH2 遺伝子にゲノム欠失を認めた 3 例および MLH1 遺伝子にゲノム欠失を認めた 4 例とこれに

正常対照 3 例を加えた 10 例を illumina 社の次世代シーケンサーである MiSeq を用いて遺伝性腫瘍の原因遺伝子として報告されている 94 遺伝子を対象にターゲットシーケンス解析を実施した。

MSH2 のゲノム欠失の評価には、MLH1 にゲノム欠失を認めた 4 例も正常対照に加え、逆に MLH1 のゲノム欠失の評価には MSH2 にゲノム欠失を認めた 3 例を正常対照に加えて比較検討した。

2) 多施設共同研究の実施に際して、事務局として症例登録と検体の送付、報告書作成等の業務の作業手順の検討を行った。

3) 登録症例の遺伝情報、臨床情報、家系情報を含めたデータベースの構築を行った。

（倫理面への配慮）

本研究は、『ヒトゲノム・遺伝子解析研究に関する倫理指針』（文部科学省、厚生労働省、経済産業省）『遺伝学的検査に関するガイドライン』（遺伝医学関連 10 学会）および『医療における遺伝学的検査・診断に関するガイドライン』（日本医学会）等を遵守して行われる。

C. 研究結果

1) 対象は MSH2 の Exon9,10 の欠失 1 例、Exon7-14 の欠失 2 例、MLH1 遺伝子の Exon5 の欠失 2 例、Exon4-19 の欠失 2 例、ゲノム欠失を認めない 3 例の合計 10 例である。MSH2 遺伝子および MLH1 遺伝子の各 exon の read 数あるいは平均 coverage 数の

比較からゲノム欠失の検出感度を検討した。各遺伝子の read 数および coverage 数の合計に対する各 exon の read 数あるいは平均 coverage 数の比率を比較したところ、1カ所あるいは2カ所のエクソンが欠失した場合の read 数および平均 coverage 数は、欠失例では非欠失例に比べて有意に減少していた ($p < 0.01$)。全エクソンの過半数以上に及ぶ大領域欠失を認めた症例では、欠失部位の exon の read 数あるいは平均 coverage 数の減少は非欠失例に比べ軽度であり、逆に保持されている少数の exon の read 数あるいは平均 coverage 数の増加として検出された ($p < 0.01$)。

2) 国立がん研究センターで承認されたプロトコールを多施設共同研究として実施するため、栃木県立がんセンターの臨床研究審査委員会に申請し、2014年12月11日付けで承認された。

3) 多施設共同研究に登録された症例について、連結可能匿名化された状態で臨床情報、家系情報、遺伝情報を統合し、管理するためのデータベースを構築中である。

D. 考察

1) リンチ症候群 (遺伝性非ポリポーシス大腸がん: HNPCC) の主要な原因遺伝子である MSH2 および MLH1 の解析では、ゲノムの欠失あるいは重複等の構造異常が各 exon 毎の PCR/direct sequencing 法で異常が認められなかった症例の 10-20% で認められ、RT-PCR 法で exon skip として検出されるか、あるいは MLPA 法によって診断されている。このようなゲノムの比較的大きな領域の構造異常は Lynch 症候群以外の遺伝性腫瘍の原因遺伝子でも報告されており、各 exon 毎の PCR 法/direct sequencing 法による解析では検出されないことから、通常の遺伝子検査の盲点となっており、NGS による解析をルーチン検査として使用する場合にも同様の問題が生じる。今回の検討で NGS を最初のスクリーニング検査として利用できる可能性が明らかとなったことは有意義な知見である。さらに、今回のターゲットシーケンスでは遺伝性腫瘍の原因となるその他の遺伝子の解析も行われているため、適当な解析プログラムを開発することによって、その他の遺伝子についても、各エクソンのコピー数の定量が可能となる事が期待される。今回の検討では十分な read 数および coverage 数を得るため 10 症例を対象に解析したが、本機種では最大 24 症例の同時解析が可能である。その場合、1 症例あたりの解析コストの低減が可能となるが、同時にコピー数の検出感度の低下が危惧される。In silico のシミュレーションでは、対象症例

数が2倍に増加した場合、サンプル毎の read 数あるいは coverage 数は半分となる。その場合の 95% 信頼区間は 1.41 倍程度に増加するものの、解析の精度には影響を与えないものと推定された。

2) 多施設共同研究の開始に際して、各参加施設からの検体の送付等に関する標準作業手順の作成を進めている。本研究では従来の PCR/direct sequencing 法に加え、NGS による遺伝子変異のターゲットシーケンスと末梢血をピューロマイシン処理後に抽出したリンパ球より抽出した RNA を鋳型とする RT-PCR/direct sequencing 法による解析を計画している。末梢血のピューロマイシン処理により蛋白質合成が阻害され、ナンセンス変異を有する mRNA の分解が阻害される結果、病的変異の検出能の向上が期待される。本法はこれまでミスマッチ修復遺伝子の病的変異の検出に利用されていたが、今後はその他の原因遺伝子変異のスクリーニングにも応用する予定である。

3) 多施設共同研究に登録された検体について、症例登録から登録例の臨床情報、家系情報と遺伝子検査の結果を入力するためのデータベースを構築している。

E. 結論

今回の実験に使用したターゲットシーケンス法では、94 種類の遺伝性腫瘍の原因遺伝子のシーケンスが可能であり、高いスループットが期待される。しかし、ゲノムの広範な領域に生じたエクソンの欠失等の異常を解析する場合の感度、特異性は不明であり、従来の MLPA 法による解析の併用が必要となることが想定されていた。今回の検討によりターゲットシーケンス解析でも、ゲノム欠失等の異常をスクリーニング可能であることが明らかとなり、最初のスクリーニング検査から NGS による解析を実施する方法の実現の可能性が期待される。

その他、多施設共同研究のプロトコールが 2014 年 12 月に IRB で承認され、多施設間で遺伝子検査に伴うサンプルの運搬と検体処理等を円滑に進めるための作業手順の決定、連結可能匿名化された症例の臨床情報、家系情報、遺伝情報を管理するためのデータベースの構築等の作業が進められた。

F. 健康危険情報

なし

G. 研究発表

1. 論文発表

1. Tanakaya K, Furukawa Y, Nakamura Y, Hirata K, Tomita N, Tamura K, Sugano K, Ishioka C, Yoshida T, Ishida H, Watanabe T, Sugihara K. Relationship between smoking and multiple colorectal cancers in patients with Japanese Lynch syndrome: a cross-sectional study conducted by the Japanese Society for Cancer of the Colon and Rectum.
2. Jpn J Clin Oncol. 45:307-10, 2015.
3. Miyakura Y, Tahara M, Lefor AT, Yasuda Y, Sugano K. Haplotype defined by the MLH1-93G/A polymorphism is associated with MLH1 promoter hypermethylation in sporadic colorectal cancers. BMC Res Notes. 7:835, 2015.
4. Yamaguchi T, Furukawa Y, Nakamura Y, Matsubara N, Ishikawa H, Arai M, Tomita N, Tamura K, Sugano K, Ishioka C, Yoshida T, Moriya Y, Ishida H, Watanabe T, Sugihara K. Comparison of clinical features between suspected familial colorectal cancer type X and Lynch syndrome in Japanese patients with colorectal cancer: a cross-sectional study conducted by the Japanese Society for Cancer of the Colon and Rectum. Jpn J Clin Oncol. 45:153-9, 2015.
5. 菅野康吉：家族性腫瘍コーディネーター・家族性腫瘍カウンセラー(FCC)制度の歩みと今後。家族性腫瘍 15: 16-20, 2015.
6. 菅野康吉：遺伝カウンセリング・遺伝子検査；乳癌診療アプリケーションノート。株式会社南山堂；2014年7月15日 96-101

2. 学会発表

1. 田原 真紀子、井上 剛志、佐藤 太、宮倉 安幸、堀江 久永、安田 是和、菅野 康吉：Rad51は大腸癌において topoisomeraseI 阻害剤の感受性予測マーカーおよび癌治療のターゲットとなる第 34 回日本分子腫瘍マーカー研究会（平成 26 年 9 月 24 日）（横浜）
2. Makiko Tahara, Takeshi Inoue, Yasuyuki Miyakura, Hisanaga Horie, Yoshikazu Yasuda, Kokichi Sugano: Poly (ADP-ribose) polymerase inhibitor olaparib (AZD2281) potentiates SN-38 cytotoxicity

in colon cancer cells. 第 73 回日本癌学会学術総会（平成 26 年 9 月 25 日）（横浜）

3. Sugano K, Saitou S, Sekine S, Nakajima T, Ushiyama M, Yoshida T: Germline PMS2 mutations detected by long RT-PCR/direct sequencing analysis using puromycin-treated blood samples. 第 73 回日本癌学会学術総会（平成 26 年 9 月 26 日）（横浜）
4. 菅野 康吉、斎藤 伸哉、高橋 雅博、松岡 千咲、青木 幸恵、牧島 恵子、田中屋 宏爾、中島 健、牛尼 美年子、吉田 輝彦：遺伝性腫瘍の発症前診断とサーベイランスおよび予防的介入。日本人類遺伝学会第 59 回大会、日本遺伝子診療学会第 21 回大会 平成 26 年 11 月 21 日（東京）
5. 中島 健、関根 茂樹、中島 好美、坂本 琢、松本 美野里、松田 尚久、菅野 康吉、牛尼 美年子、吉田 輝彦、斎藤 豊：リンチ症候群の拾い上げとその後の内視鏡検査によるサーベイランスの実際。日本人類遺伝学会第 59 回大会、日本遺伝子診療学会第 21 回大会 平成 26 年 11 月 21 日（東京）
6. 平沢 晃、増田 健太、赤羽 智子、片岡 史夫、富永 英一郎、阪埜 浩司、進 伸幸、菅野康吉、小崎 健次郎、青木 大輔：BRCA1/2 遺伝子変異保持者に対するリスク低減卵巣卵管切除術。日本人類遺伝学会第 59 回大会、日本遺伝子診療学会第 21 回大会 平成 26 年 11 月 21 日（東京）
7. 鈴木 茂伸、吉田 輝彦、牛尼 美年子、菅野 康吉：網膜芽細胞腫の早期発見と遺伝子検査の意義。日本人類遺伝学会第 59 回大会、日本遺伝子診療学会第 21 回大会 平成 26 年 11 月 21 日（東京）
8. 菅野康吉：がん家系症候群（リンチ症候群）の沿革と周縁および現代的意義。第 1 回リンチ症候群研究会 平成 26 年 11 月 29 日（東京）
9. 菅野康吉：家族性腫瘍の診療と研究 2015 -発症前診断、サーベイランス、予防的介入-。第 20 回信州遺伝子診療研究会 平成 27 年 1 月 30 日（松本）

H. 知的財産権の出願・登録状況（予定を含む）
なし

厚生労働科学研究依託費（革新的がん医療実用化研究事業）
委託業務成果報告（業務項目）

「ゲノム情報で規定される超高リスク群の診断と、層別化・個別化予防のための
エビデンス構築をめざした臨床観察研究」における
若年性・家族集積性胃がんの解析

担当責任者 梶村春彦 浜松医科大学 教授

研究要旨： ゲノム情報で規定される超高リスク群として、若年胃がん及び家族集積性胃がんの収集と解析を行った。今年度は、すでに解析済みの Exon 3 のコピー数変異などがみられる症例について、ゲノムワイドにコピー数を検出する Cytoscan というシステムが動くかどうかを確認し、十分に検出可能であることがわかった。また、あらたな CDH1 の変異として p.(Arg63Ter) を発見した(京都大学小杉・堀松と共同)。

A. 研究目的

胃がんの家族集積は遺伝的に規定されているものが存在することは世界的にも有名であり、もっとも頻度の高いものは CDH1 の生殖細胞系列の点突然変異である。我が国は、背景となる胃がんの頻度が極めて高いために、環境要因の集積による家族内発症のかげに、遺伝性の胃がんの同定が遅れた。近年ようやく、本邦でも生殖細胞系列の遺伝的变化による若年発症や、家族性発症が見いだされるようになった。とくに、点突然変異ではなく、普通の塩基配列決定の操作では見逃してしまう、exon 単位のコピー数の変化や、de novo の発生などが知られるようになった。本担当の目的は、本班により機動的に収集された家族集積性・若年性の胃がんについて、生殖細胞系列の変異を、コピー数異常を含めて検索することを目的とする。とくに、コピー数については、全ゲノム領域をカバーする Cytoscan を用いて、CDH1 以外の遺伝子領域を探索する。

B. 研究方法

DNA は、CDH1 全エクソンを挟む PCR を行い、Sanger 法で塩基配列をきめる。つぎに MLPA (multiplex ligation dependent probe amplification) 法にて CDH1 の全エクソンのコピー数の変化をみる。コントロールには、健康長寿者の DNA などを用いる。そのあと、Affymetrix の Cytoscan にて、全ゲノム範囲のコピー数変化をみる。

そのあと、本研究組織のリソースで、次世代シーケンスを試みる。上記の candidate gene の CDH1 以外の遺伝子（第一期エクソーム解析ででてきた候補遺伝子も含む）について同様の作業をするか、コストと DNA 量に応じて決める。

C. 研究結果

本組織により早くも 1 例家族集積性の胃がんの生殖細胞系列の変化を発見した。本例は親族のキャリアーの早期発見—救命につながった（堀松・小杉ら）。ひきつづき、とくに CDH1 の変化がみられない例について検索を続行している。

D. 考察

我が国での、遺伝性胃がんの把握の遅れの大きな一因は、現場の臨床医に、遺伝性の認識が少ないこともあると言われてきたが、次第に本組織のメンバーを通じて、症例の存在自体の認識が広まってくると思われる。とくに今回、はじめて早期発見に役立ち、本邦の高い内視鏡・胃がん手術のレベルを考えると、遺伝性の胃がんがそれによる若年・壮年における死をふせぐことが出来る実例になる。

E. 結論

遺伝性胃がんの生殖細胞系列の変化の同定によ

り、胃がん集積家系の未発症例を早期発見できることができ、引き続き、CDH1 以外の原因遺伝子の探索もつづけ、遺伝的に規定される超高リスク群の同定とそれにもとづく癌死の予防に役立てたい。

F. 健康危険情報

とくになし

G. 研究発表

1. 論文発表

1. Kuroda S, Suzuki S, Kurita A, Muraki M, Aoshima Y, Tanioka F, Sugimura H. Cytological Features of a Variant NUT Midline Carcinoma of the Lung Harboring the NSD3-NUT Fusion Gene: A Case Report and Literature Review. *Case Rep Pathol*. 2015;2015:572951. doi: 10.1155/2015/572951. Epub 2015 Jan 19.
2. Sugimura H. Editorial: TCGA output and practice of gastric cancer. *Translational Gastrointestinal Cancer* 4(2) 115-117, 2015,
3. Gurzu S, Kadar Z, Sugimura H, Bara T, Bara T Jr, Halmaciu I, Jung I. Gastric cancer in young vs old Romanian patients: immunoprofile with emphasis on maspin and mena protein reactivity. *APMIS*. 2015 ;123(3):223-33.
4. Yamada H, Sakamoto H, Sugimura H. Commentary: Sexy Small Copy Numbers in Hereditary Gastric Carcinogenesis. *J of Gastrointestinal & Digestive System* 4:205. doi: 10.4172/2161-069X.1000205
5. Suzuki S, Kurabe N, Ohnishi I, Yasuda K, Aoshima Y, Naito M, Tanioka F, Sugimura H. NSD3-NUT-expressing midline carcinoma of the lung: First characterization of primary cancer tissue. *Pathol Res Pract*. 2014 pii:S0344-0338(14)00311-2. doi:10.1016/j.prp.2014.10.013.
6. Nishizawa D, Fukuda K, Kasai S, Ogai Y, Hasegawa J, Sato N, Yamada H, Tanioka F, Sugimura H, Hayashida M, Ikeda K. Association between KCNJ6 (GIRK2) gene polymorphism rs2835859 and post-operative analgesia, pain sensitivity, and nicotine dependence. *J Pharmacol Sci*. 2014;126(3):253-63.
7. Tajima S, Kurabe N, Okudela K, Yajima K, Takahashi T, Neyatani H, Sugimura H, Koda K. Extensive goblet cell metaplasia of the peripheral lung may harbor precancerous molecular changes: comparison of two cases. *Pathol Int*. 2014 Oct;64(10):533-8.
8. Goto M, Shinmura K, Matsushima Y, Ishino K, Yamada H, Totsuka Y, Matsuda T, Nakagama H, Sugimura H. Human DNA glycosylase enzyme TDG repairs thymine mispaired with exocyclic etheno-DNA adducts. *Free Radic Biol Med*. 2014 ;76:136-46.
9. Du C, Kurabe N, Matsushima Y, Suzuki M, Kahyo T, Ohnishi I, Tanioka F, Tajima S, Goto M, Yamada H, Tao H, Shinmura K, Konno H, Sugimura H. Robust quantitative assessments of cytosine modifications and changes in the expressions of related enzymes in gastric cancer. *Gastric Cancer*. 2014 Aug 7. [Epub ahead of print] PMID: 25098926 [PubMed - as supplied by publisher]
10. Shinmura K, Kurabe N, Goto M, Yamada H, Natsume H, Konno H, Sugimura H. PLK4 overexpression and its effect on centrosome regulation and chromosome stability in human gastric cancer. *Mol Biol Rep*. 2014;41(10):6635-44.
11. Tajima S, Mochizuki R, Sugimura H, Hoshi S. Radiation-induced breast angiosarcoma with a confirmative feature of c-MYC amplification. *Jpn J Clin Oncol*. 2014 ;44(7):702-3.
12. Shinmura K, Kahyo T, Kato H, Igarashi H, Matsuura S, Nakamura S, Kurachi K, Nakamura T, Ogawa H, Funai K, Tanahashi M, Niwa H, Sugimura H. RSPO fusion transcripts in colorectal cancer in Japanese population. *Mol Biol Rep*. 2014;41(8):5375-84.
13. Shinmura K, Goto M, Tao H, Kato H, Suzuki R, Nakamura S, Matsuda T, Yin G, Morita M, Kono S, Sugimura H. Impaired 8-hydroxyguanine repair activity of MUTYH variant p.Arg109Trp found in a Japanese patient with early-onset colorectal cancer. *Oxid Med Cell Longev*. 2014;2014:617351.
14. Harada M, Kotake Y, Ohhata T, Kitagawa K,

Niida H, Matsuura S, Funai K, Sugimura H, Suda T, Kitagawa M. YB-1 promotes transcription of cyclin D1 in human non-small-cell lung cancers. Genes Cells. 2014;19(6):504-16.

15. Suzuki S, Kurabe N, Minato H, Ohkubo A, Ohnishi I, Tanioka F, Sugimura H. A rare Japanese case with a NUT midline carcinoma in the nasal cavity: a case report with immunohistochemical and genetic analyses. Pathol Res Pract. 2014 Jun;210(6):383-8.

2. 学会発表

1. Nobuya Kurabe, Toshio Nakamura, Kiyotaka Kurachi, Tomoaki Kahyo, Kazuya Shinmura, Mitsutoshi Setou, Haruhiko Sugimura. Human colorectal cancer marker PC(16:0/16:1) induces cell growth by activating Akt and Erk pathways. The 105th AACR Annual Meeting April 7, 2014, San Diego, USA
2. 梶村春彦. ヒト腫瘍の原因について病理はなにができるか. 103 回日本病理学会総会 シンポジウム 1 腫瘍病理学の真髄 2014 年 4 月 24 日、広島
3. Haruhiko Sugimura. DNA adductomics in human tissue: a clue toward the origin of human cancer? 4th Asian Conference on Environmental Mutagens(India), Dec.12, 2014, Kokata, India

H. 知的所有権その他

なし

厚生労働科学研究委託費（革新的がん医療実用化研究事業）
委託業務成果報告（業務項目）

「ゲノム情報で規定される超高リスク群の診断と、層別化・個別化予防のための
エビデンス構築をめざした臨床観察研究」における
症例登録、試料・情報の収集と臨床遺伝学的・分子遺伝学的分析

担当責任者 渡邊 淳 日本医科大学付属病院 遺伝診療科

研究要旨 平成 26 年度は、ゲノム情報で規定される超高リスク群の診断と、層別化・個別化
予防のためのエビデンス構築をめざした臨床観察研究において、所属施設である日本医科大学
付属病院、国立がん研究センター東病院が症例登録、試料・情報の収集が出来る施設として構
築することを目標とした。日本医科大学においては、本研究の倫理的な側面からの検討を行い、
平成 27 年 1 月に倫理審査の承認を得た。日本医科大学付属病院遺伝診療科はがん診療センタ
ー家族性腫瘍外来も含めると年間外来数約 700 名（うち新患 200 名）となる医療機関であり、
がん診療に関わる各診療科との連携が含まれた研究が出来る基盤が整った。

A．研究目的

平成26年度は、ゲノム情報で規定される超高リスク群の診断と、層別化・個別化予防のためのエビデンス構築をめざした臨床観察研究における基盤を日本医科大学付属病院、国立がん研究センター東病院に構築することを目的とする。

両外来を合わせると平成26年は年間約700名（うち新患200名）の方が外来を受診された。

従来、診療内で行われている遺伝学的検査は、研究扱いで対応しない施設であり、『家族性・若年性のがん及び遺伝性腫瘍に関する診断と研究』の審査においては、研究内容に限局して日本医科大学遺伝子研究倫理審査委員会に申請し27年1月に承認された。

B．研究方法

日本医科大学付属病院、国立がん研究センター東病院における外来診療体制を確認し、がん超高リスク群の診断と、層別化・個別化予防を目指した研究を行うための課題を抽出した。

D．考察

医療機関により、診療体制が異なり、外来準備ならびに倫理審査については施設ごとの対応が必要と考えられた。

(倫理面への配慮)

また、本研究に関わる研究課題『家族性・若年性のがん及び遺伝性腫瘍に関する診断と研究』を日本医科大学遺伝子研究倫理審査委員会に提出し、承認された。

E．結論

国立がん研究センター東病院ならびに日本医科大学付属病院遺伝診療科、がん診療センターにおいて、がん超高リスク群の診断と層別化・個別化予防を目指した研究を行う基盤を構築した。

C．研究結果

日本医科大学付属病院は、遺伝カウンセリング部門を行う部署として、遺伝診療科とともにがん診療センターに家族性腫瘍外来を設けている。遺伝という名称に抵抗がある方、がん診療センターに直属している診療科からは、家族性腫瘍外来受診を希望される方も多い。

F．健康危険情報

特になし。

G . 研究発表

学会年会 (名古屋) 2014/9

1 . 論文発表

1. Koeda M, Watanabe A, Tsuda K, Matsumoto M, Ikeda Y, Kim W, Naing BT, Karibe H, Shimada T, Suzuki H, Matsuura M, Okubo Y. Interaction Effect between Handedness and CNTNAP2 Polymorphism (rs7794745 genotype) on Voice-specific Frontotemporal Activity in Healthy Individuals: An fMRI Study. Front. Behav. Neurosci. (in press)
2. Oyama S, Funasaka Y, Watanabe A, Takizawa T, Kawana S, Saeki H. BRAF, KIT, and NRAS mutations and expression of c-KIT, pERK and pAKT in Japanese melanoma patients. J. Dermatol. (in press)
3. 渡邊 淳. がんを対象としたエクソーム解析の実用化と倫理的課題 . 臨床病理レビュー第153号 コンパニオン診断の進展 2014-2015 (2014)
4. Ogawa R*, Watanabe A*, Naing BT, Sasaki M, Fujita A, Akaishi S, Hyakusoku H, Shimada T. (* These authors contributed equally) Associations Between Keloid Severity and Single Nucleotide Polymorphisms: Importance of rs8032158 as a Biomarker of Keloid Severity. J. Invest. Dermatol. 134:2041-2043 (2014)

2 . 学会発表

1. 渡邊 淳 . 病院における薬理遺伝学的な取り組み . (口頭・シンポジウム) 第24回日本医療薬

H . 知的財産権の出願・登録状況

1. 発明の名称 : 家族性大動脈瘤の遺伝子変異スクリーニング方法

出願番号 : 特願2009-200768
出願日 : 平成21年8月31日
公開番号 : 特開2011-050284
公開日 : 平成23年3月17日
特許番号 : 特許第5648949号
登録日 : 平成26年11月21日
権利者 : 学校法人日本医科大学
発明者 : 渡邊 淳、島田 隆

2. 発明の名称 : 低フォスファターゼ症の遺伝子変異スクリーニング方法

出願番号 : 特願2009-200612
出願日 : 平成21年8月31日
公開番号 : 特開2011-050283
公開日 : 平成23年3月17日
特許番号 : 特許第5648948号
登録日 : 平成26年11月21日
権利者 : 学校法人日本医科大学
発明者 : 渡邊 淳、島田 隆、折茂英生

厚生労働科学研究委託費（革新的がん医療実用化研究事業）
委託業務成果報告（業務項目）

「ゲノム情報で規定される超高リスク群の診断と、層別化・個別化予防のための
エビデンス構築をめざした臨床観察研究」における
遺伝性内分泌腫瘍症候群の遺伝子解析に関する研究

担当責任者 櫻井 晃洋 所属 役職 札幌医科大学医学部 遺伝医学 教授

研究要旨 多発性内分泌腫瘍症（MEN）診療の標準化実現および未知の関連遺伝子の同定を目的とし、MEN と診断された患者もしくは MEN が疑われる患者の遺伝子解析を実施した。MEN1 遺伝子および RET 遺伝子の検査実施数は MEN1 遺伝学的検査 14 例、RET 遺伝学的検査 13 例である。また遺伝学的検査の質保証の向上を目指し、遺伝学的検査精度管理の検討、他施設依頼の検査実施体制の整備、結果報告書記載方法の検討を行った。

A．研究目的

本研究では多発性内分泌腫瘍症（MEN）診療の標準化実現および未知の関連遺伝子の同定を目的とし、当院および関連施設においてMENを疑う症例を対象としたMEN1遺伝子およびRET遺伝子の遺伝学的検査の実施、症例の登録および情報更新を行った。さらに、遺伝学的検査に関する全工程において質保証のために必要な管理体制について検討することを目的とした。

B．研究方法

1) 当院症例を対象とした検査

当院症例については、遺伝カウンセリングを行い、同意取得後に採血、連結可能匿名化を行った上で遺伝学的検査を行った。MEN1遺伝学的検査ではMEN1遺伝子のexon 2-10のシーケンス解析を実施し、症例によってはMLPA法による大規模欠失の検索も行った。RET遺伝学的検査では、RET遺伝子のexon 8, 10, 11, 13, 14-16のシーケンス解析を実施した。結果の説明は、医師より文書および口頭にて説明し、その際説明用資料としてシーケンスデータとアミノ酸-コドン対応表を用いた。変異陽性症例については上記資料に加えて正常配列のシーケンスデータを用いて説明することで、変異の存在を視覚的に捉え易いよう配慮した。

遺伝学的検査の結果、MEN1あるいはMEN2と確定した当院症例については定期検査や追跡調査に伴う登録情報の更新を継続して行っている。

2) 他施設からの依頼検査

他施設の症例については次のような流れで両遺伝

学的検査を実施した。研究分担者と依頼元医師とで症例についての情報・検体輸送方法・検体受付から結果報告までの流れについて確認、検体到着後、検体および検査内容の確認、依頼元医師へ連絡し、検体および検査内容の照合、連結可能匿名化、遺伝子解析、解析終了後、依頼元医師への解析終了の連絡および結果報告書類の送付。

依頼元医師への結果報告は書面にて行い、解析結果報告書とシーケンスデータ、場合によっては参考文献を添付し送付した。

3) 遺伝学的検査の質保証向上のための環境整備

遺伝学的検査精度管理の検討(検体処理、解析機器、データ解析)、他施設依頼の検査実施体制の整備(依頼受付から結果報告までの手順書作成)、依頼元医師において理解しやすい結果報告書記載方法の検討を行った。

(倫理面への配慮)

1) 当院症例を対象とした検査

遺伝カウンセリングを実施し、文書にて同意を得た上で遺伝学的検査を実施した。採血後、連結可能匿名化を行うことで個人情報保護し、遺伝情報の結びつけは患者への結果説明時のみとした。

2) 他施設からの依頼検査

検体到着後、まず連結可能匿名化を行った。遺伝情報の管理については当院症例を対象とした遺伝学的検査と同様である。依頼元医師へは必ず書面にて結果報告を行うこととし、結果報告書類を送付した。送付時には医師、検査担当者、家族性腫瘍コーディネーターにより慎重に報告書の確認を行った。

C. 研究結果

今年度のはMEN1遺伝学的検査14例，RET遺伝学的検査13例の解析を行った．このうちMEN1遺伝子変異は9例，RET遺伝子変異は6例に認められ，MENの診断が確定した．

このうち，RET遺伝子について，これまで良性多型と考えられている塩基置換を持つ症例を経験した．Y806C変異は同一アレル上にV804M変異と併存するとMEN2Bの原因となるが，単独では病原性はないとされていた．今回解析した症例は甲状腺髄様癌を発症していたために遺伝子解析を行ったが，Y806C変異はあるがV804M変異は認められなかった．V804M以外の未知の変異が併存するために髄様癌を発症する可能性を否定するため，RET遺伝子の全領域をシーケンスしたが，他に変異はなく，これによりY806C変異が恐らく浸透率の低い甲状腺髄様癌原因遺伝子であることを明らかにした．

D. 考察

稀少疾患ではコアセンターにおいて集中的にデータを集積することが，国内における疾患の全体像を把握するのに最も有効な方法といえる．MENに関しては我々が遺伝子解析を臨床情報の収集を行うことにより，日本人患者の臨床像や遺伝学的特徴を明らかにできると考える．

今年度はこれまで病原性がないと考えられていた既知の変異が病原性であることを証明した．こうした知見は同じ変異を有する患者に対して提供する情報を一変させるとともに，血縁者への影響も及ぶことからきわめて重要なものである．

V804M+Y806C変異を有するRETタンパクは強いキナーゼ活性を有することが知られているがY806Cの活性は相対的に弱く，これまでにY806C変異単独で甲状腺髄様癌やMEN2を発症した症例は報告されていない．しかしながら，Y806アミノ酸はRETタンパクの自己リン酸化部位であり，バンデタニブに対するRETキナーゼ活性の感受性にも関与していることが知られており，今回のわれわれの結果はY806Cの病原性を証明するものであり，来年度中には論文報告の予定である．これにより，国内外の変異データベースにおける本塩基置換の臨床的意味づけは変更されることが考えられ，患者への情報も大きく変わることになる．

E. 結論

MEN患者およびMENが疑われる患者を対象に遺伝

子解析を進めた．これによりこれまで病原性がないと考えられていた塩基置換が病原性変異であることを証明した．

F. 健康危険情報

特になし。

G. 研究発表

1. 論文発表

1. Yamazaki M, Hanamura T, Ito K-i, Uchino S, Sakurai A, Komatsu M: A newly identified missense mutation in RET codon 666 is associated with the development of medullary thyroid carcinoma. *Endocr J* 61: 1141-1144, 2014.
2. 柴田有亮, 石井宏明, 武井真大, 大岩亜子, 熊谷美恵子, 山崎雅則, 佐藤吉彦, 伊藤研一, 吉澤明彦, 内野真也, 櫻井晃洋, 駒津光久: CDC73変異で診断された副甲状腺機能亢進症顎腫瘍症候群の一例．日本内分泌学会雑誌 90 suppl: 42-44, 2014.
3. 櫻井晃洋: 多発性内分泌腫瘍症と遺伝子異常．*B I O Clinica* 29: 1071-1075, 2014.

2. 学会発表

1. Katai M, Yanagibori R, Horiuchi K, Midorikawa S, Yamazaki M, Okamoto T, Sakurai A: Gender-related differences in MEN1 lesion: analysis of 560 cases from the database of the MEN Consortium of Japan. 14th International Workshop on Multiple Endocrine Neoplasia and other rare endocrine tumors Vienna, Austria, September 25-27.
2. 内野真也, 櫻井晃洋, 小杉眞司, MENコンソーシアム: 遺伝性甲状腺髄様癌の発症前診断と甲状腺全摘の時期．日本人類遺伝学会第59回大会 シンポジウム「遺伝性腫瘍の発症前診断とサーベイランスおよび予防的介入」 東京, 2014年11月20-22日

H. 知的財産権の出願・登録状況

該当なし

厚生労働科学研究委託費（革新的がん医療実用化研究事業）
委託業務成果報告（業務項目）

「ゲノム情報で規定される超高リスク群の診断と、層別化・個別化予防のための
エビデンス構築をめざした臨床観察研究」における
症例登録、試料・情報の収集と臨床遺伝学的・分子遺伝学的分析

担当責任者 青木大輔・教授・慶應義塾大学医学部産婦人科学

研究要旨 本研究は、がんの遺伝診療を実施する専門外来を持つ全国約 15 の医療機関のネットワークを基盤として、遺伝性腫瘍の遺伝診療の現場において多施設共同臨床観察研究を行い、我が国における遺伝子型-表現型関連に関する情報の集積・分析と、未知の原因遺伝子・修飾遺伝子の探索を行う。さらにこれらの知見に基づき、遺伝性腫瘍あるいはそれが疑われる症例・家系を的確に捕捉・診断・説明（遺伝カウンセリング）する方法と、個別化された予防医療の確立に貢献することを目的としている。

研究分担者は、主に婦人科関連腫瘍における遺伝性腫瘍の診療を行い、新規症例の集積とそれらの症例における既知の原因遺伝子の変異解析を進め、原因遺伝子が特定できない症例はその集積を行った。また、遺伝性乳癌卵巣癌症候群に対するリスク低減卵巣卵管摘出術を施設内倫理委員会の承認のもとで本邦において先駆的に行っており、その症例の集積及び摘出組織を用いて発癌過程における重要な遺伝子変異の解析を行い、情報を集積した。

A. 研究目的

遺伝性腫瘍は個人の発がんの固定リスクで規定される超高危険度群である。小児・若年期から生涯続く多発・重複がんリスクや血縁者への遺伝等、多くの特徴的な苦悩を抱える。我が国では保険償還される遺伝子検査はなく、個別化予防・治療のエビデンス基盤となるべき遺伝子型-表現型関連の知見の集積は未だ不十分である。また、20-30%の症例では原因変異が同定できていない。本研究において遺伝性腫瘍の遺伝診療の現場における多施設共同臨床観察研究を行い、我が国における遺伝子型-表現型関連に関する情報の集積・分析と、未知の原因遺伝子・修飾遺伝子の探索を行う。さらにこれらの知見に基づき、遺伝性腫瘍あるいはそれが疑われる症例・家系を的確に捕捉・診断・説明（遺伝カウンセリング）する方法と、個別化された予防医療の確立に貢献する。

B. 研究方法

H11年度より、厚生省（当時）がん研究助成金及びその後継の国立がん研究センターがん研究開発費等の支援により維持されている、がんの遺伝診療部門を持つ全国約15の医療機関のネットワークを基盤として、遺伝性腫瘍の「診療」と、次世代シーケンサーとデータベース構築を含めた「研究」を統

合的に行う前向きヒトゲノム・遺伝子解析研究「家族性・若年性のがん及び遺伝性腫瘍に関する診断と研究」のプロトコールを作成し、以下の研究を行う。

・遺伝子検査結果を含めた遺伝診療情報の収集、分析を行う

・既知の原因遺伝子の病的変異が確定できなかった場合は、次世代シーケンサーによる生殖細胞系列のゲノム異常の検索を行う

（倫理面への配慮）

遺伝性腫瘍の疑いで外来を受診した症例に対しては「遺伝学的検査に関するガイドライン」（遺伝医学関連10学会）、「医療における遺伝学的検査・診断に関するガイドライン」（日本医学会）、「医療介護関係事業者における個人情報適切な取扱いのためのガイドライン」（厚生労働省）に従い適切な診療を行なう。ヒトゲノム・遺伝子解析研究として実施される部分は、「ヒトゲノム・遺伝子解析研究に関する倫理指針」（文部科学省、厚生労働省、経済産業省）を遵守し、倫理委員会の承認を得た研究計画に基づき実施する。

C. 研究結果

遺伝子型-表現型に関する情報の集積・分析と未知の原因遺伝子の探索を多施設間で行うため、国立がん研究センターにおいて承認された研究プロトコルを参考にして、施設内でのプロトコル申請を進め、登録体制を整備した。同時に施設内での遺伝診療を継続し、主に婦人科関連腫瘍における遺伝性腫瘍の診療を行い、新規症例の集積とそれらの症例における既知の原因遺伝子の変異解析を進め、原因遺伝子が特定できない症例はその集積を行った。また、遺伝性乳癌卵巣癌症候群に対するリスク低減卵巣卵管摘出術を、施設内倫理委員会の承認のもとで本邦において先駆的かつ低侵襲に行っており、その症例の集積を行った。またリスク低減卵巣卵管摘出術により摘出された組織の解析を行ったところ、卵管上皮細胞におけるp53タンパクの蓄積やp53遺伝子変異を同定した。

D. 考察

遺伝性腫瘍に対する予防手術は、遺伝診療における予防医療の一つである。遺伝性乳癌卵巣癌症候群に対するリスク低減手術は、発症率の低下や全生存期間の延長が認められることから各種欧米のガイドラインでも推奨されている治療である。しかしその実施に際しては、外科的閉経に伴うリスク、生殖に関する希望、心理的側面などさまざまな問題について遺伝カウンセリングを行う必要がある。今後も症例を集積することにより個別化された予防医療へ貢献できると考える。また遺伝性腫瘍患者から摘出した非がん組織による解析は、がんの発生機序の解明や治療法の開発に役立つ資源として有効利用できると可能性がある。

E. 結論

本研究により、遺伝性腫瘍の症例を集積し、既知の原因遺伝子の変異解析、その集積をすすめることができた。また原因遺伝子が特定できない症例の集積を行い、多施設間により未知の原因遺伝子・修飾遺伝子の探索的解析を行う準備をすすめることができた。本研究は、発がん超高危険度群に対する個別化予防・治療のエビデンス構築に有用である。

F. 研究発表

1. 論文発表

増田 健太, 阪埜 浩司, 植木 有紗, 平沢 晃, 青木 大輔 【卵巣がん治療の個別化を目指す新たな局面】
遺伝性乳がん卵巣がん(HBOC)への対応 産婦人科の実際63巻7号 Page973-980(2014.07)

Hirasawa A, Masuda K, Akahane T, Ueki A, Yokota M, Tsuruta T, Nomura H,

Kataoka F, Tominaga E, Banno K, Makita K, Susumu N, Sugano K, Kosaki K, Kameyama K, Aoki D. Family history and *BRCA1/BRCA2* status among Japanese ovarian cancer patients and occult cancer in a *BRCA1* mutant case. *Jpn J Clin Oncol*. 2014 Jan;44(1):49-56.

Kobayashi Y, Masuda K, Kimura T, Nomura H, Hirasawa A, Banno K, Susumu N, Sugano K, Aoki D. A tumor of the uterine cervix with a complex histology in a Peutz-Jeghers syndrome patient with genomic deletion of the *STK11* exon 1 region. *Future Oncol*. 2014 Feb;10(2):171-7.

Nakamura K, Banno K, Yanokura M, Iida M, Adachi M, Masuda K, Ueki A, Kobayashi Y, Nomura H, Hirasawa A, Tominaga E, Aoki D. Features of ovarian cancer in Lynch syndrome (Review). *Mol Clin Oncol*. 2014 Nov;2(6):909-916.

2. 学会発表

赤羽 智子, 富永 英一郎, 平沢 晃, 片岡 史夫, 野村 弘行, 増田 健太, 阪埜 浩司, 進 伸幸, 吉村 泰典, 青木 大輔 婦人科悪性腫瘍・最近の話題 *BRCA1/2*遺伝子変異例における卵管上皮細胞のP53の特性に関する検討 第66回日本産科婦人科学会学術集会(4月18日~20日 2014年 東京)

増田 健太, 小林 佑介, 植木 有紗, 野村 弘行, 平沢 晃, 阪埜 浩司, 青木 大輔, 三須 久美子, 小崎 健次郎, 牛尼 美年子, 吉田 輝彦, 斎藤 伸哉, 菅野 康吉 Peutz-Jeghers syndrome患者に認められた *STK11* 遺伝子スプライシング異常の病的意義についての検討 第20回日本家族性腫瘍学会学術集会(6月13日~14日 2014年福島市)

中村 加奈子, 阪埜 浩司, 小林 佑介, 野村 弘行, 矢野倉 恵, 飯田 美穂, 安達 将隆, 野上 侑哉, 梅根 紀代子, 増田 健太, 植木 有紗, 山上 亘, 平沢 晃, 進 伸幸, 青木 大輔 子宮体部・卵巣同時発生重複癌におけるDNAミスマッチ修復タンパクの免疫組織化学染色による解析 第20回日本家族性腫瘍学会学術集会(6月13日~14日 2014年福島市)

安達 将隆, 阪埜 浩司, 矢野倉 恵, 飯田 美穂, 中村 加奈子, 梅根 紀代子, 野上 侑哉, 増田 健太, 植木 有紗, 木須 伊織, 山上 亘, 富永 英一郎, 進 伸幸, 青木 大輔 乳がん術後の選択的エストロゲン受容体調節薬(SERM)投与後に発症した子宮体がんの臨床病理学的特徴 第20回日本家族性腫瘍学会学術集会(6月13日~14日 2014年福島市)

中村 加奈子, 阪埜 浩司, 小林 佑介, 野村 弘行, 矢野倉 恵, 飯田 美穂, 安達 将隆, 野上 侑哉, 梅根 紀代子, 増田 健太, 植木 有紗, 山上 亘, 平沢 晃, 富永 英一郎, 進 伸幸, 青木 大輔 DNAミスマッチ修復タンパクの免疫組織化学による子宮体部・卵巣同時発生重複癌の検討 第55回日本組織細胞化学会総会・学術集会(9月27日~29日 2014年松本市)

赤羽 智子, 平沢 晃, 片岡 史夫, 増田 健太, 富永 英一郎, 阪埜 浩司, 進 伸幸, 亀山 香織, 青木 大輔 BRCA1/2遺伝子変異保持者の卵管上皮細胞におけるp53とMDM2の発現の検討 第55回日本組織細胞化学会総会・学術集会(9月27日~29日 2014年松本市)

平沢 晃, 増田 健太, 赤羽 智子, 片岡 史夫, 富永 英一郎, 阪埜 浩司, 進 伸幸, 菅野 康吉, 小崎 健次郎, 青木 大輔 BRCA1/2遺伝子変異保持者に対するリスク低減卵巣卵管切除術 第59回日本人類遺伝学会(11月19日~22日 2014年 東京)

G. 知的財産権の出願・登録状況(予定含)

1. 特許取得

なし

2. 実用新案登録

なし

3. その他

厚生労働科学研究委託費（革新的がん医療実用化研究事業）
委託業務成果報告（業務項目）

「ゲノム情報で規定される超高リスク群の診断と、層別化・個別化予防のための
エビデンス構築をめざした臨床観察研究」における
家族性膵癌に関する研究

担当責任者 森実 千種 (独)国立がん研究センター中央病院、肝胆膵内科
谷内田真一 (独)国立がん研究センター研究所 がんゲノミクス研究分野

研究要旨 家族性膵癌患者の生殖細胞系列の関連遺伝子検索を行い、本邦においても 20% 程度で BRCA 関連遺伝子の生殖細胞系変異のあることを明らかにした。

A．研究目的

家族性膵癌の実態調査を行い、我が国の遺伝診療のエビデンス基盤の一部とする。

B．研究方法

国立がん研究センター中央病院で2002年1月～2014年12月に外来受診した膵癌患者のうち家族性膵癌の定義（第一度近親に2名以上の膵癌）に合致するものの生殖細胞系変異の有無をTargeted Sequencingで検討した。

（倫理面への配慮）

本試験は国立がん研究センターの倫理審査委員会で承認を得たうえで、ヒトゲノム・遺伝子解析研究に関する倫理指針に準じて行った。研究に使用した臨床情報及び試料は、研究への利用について国立がん研究センターの包括的同意が既に得られているものである。

C．研究結果

家族性膵癌患者26例におけるTargeted-Sequencingを行い、約20%でBRCA関連遺伝子の生殖細胞系変異が認められた。

D．考察

家族性膵癌におけるBRCA関連遺伝子の生殖細胞系変異の頻度は欧米のそれと同等以上である。今回の結果を受けて、対象患者数を増やし、全エクソン解析を予定している。

E．結論

本邦においても家族性膵癌の定義に合致する膵癌患者においては20%程度でBRCA関連遺伝子の生殖細胞系変異があることが判明した。

F．健康危険情報 該当せず

G．研究発表

1. 論文発表 なし
2. 学会発表
 1. 第20回日本家族性腫瘍学会学術集会O7-5. わが国における家族性膵癌登録制度立ち上げにむけた Johns Hopkins 大学病院研修の報告 鳥嶋 雅子, 村上裕美, 高折恭一, 森実千種, 谷内田真一, 和田慶太, 水本雅巳, 鈴木雅美, 細井寛子, 小杉眞司
 2. 第12回日本臨床腫瘍学会学術集会O3-13-5. Clinical features of young patients (age≤ 40 years) with pancreatic ductal adenocarcinoma, Ohmoto A, Morizane C, Kubo E, Shimada K, Okusaka T, Yachida S
 3. 2014 Gastrointestinal Cancers Symposium abstr 199, Clinical features of young patients (below age 40) with pancreatic ductal adenocarcinoma. Ohmoto A, Morizane C, Kubo E, Shimada K, Okusaka T, Yachida S

H．知的財産権の出願・登録状況

（予定を含む。）

1. 特許取得:なし
2. 実用新案登録:なし
- 3.その他:なし

厚生労働科学研究委託費（革新的がん医療実用化研究事業）
委託業務成果報告（業務項目）

「ゲノム情報で規定される超高リスク群の診断と、層別化・個別化予防のための
エビデンス構築をめざした臨床観察研究」における
若年性肺がんに関する研究

担当責任者 白石航也 国立がん研究センターゲノム生物学研究分野

研究要旨 本研究では、39歳以下の肺腺がんを発症した症例の正常組織由来のDNAを用いて全エクソンシーケンスを実施し、浸透度の高い単一遺伝子変異が認められるかどうかを検討する。

A．研究目的

肺がんの平均発症年齢である60歳と比べて、39歳以下の肺腺がん症例は全肺がん発症の0.1%程度と非常に発症頻度が低い。恐らく一般的な肺腺がん発症とは異なる発症リスク（浸透度の高い単一遺伝子もしくは少数遺伝子の変異）が存在している可能性がある。報告されている症例数も少ないため、実際にそのような稀な遺伝子変異が胚細胞系列で起きているかどうかは不明である。しかしながら、欧米人を対象とする全ゲノム関連解析により約1%の頻度ではあるが、BRCA1遺伝子においてStop gainを伴うバリエーションが肺扁平上皮がんの発症リスクに関わることが明らかとなった。またこのバリエーションは乳がんなどの発症リスクには関与しないことから、バリエーションやがん種によって発症リスクが異なることが示されている。そこで、国立がん研究センター病院において、39歳以下で肺腺がんを発症した症例を抽出し、一部の症例について、全ゲノムシーケンスを行った。

B．研究方法

国立がん研究センター病院において、39歳以下で肺腺がんを発症した32症例に対して、全エクソンシーケンスを行った。バリエーションコールはGATKを用いて行った。一般集団におけるアレル頻度は、JPHCコホートで行われた全エクソンシーケンス193例並びに京都大学の松田文彦博士が公開している1,208検体に対する全エクソンシーケンス解析結果を参考とした。

（倫理面への配慮）

「ゲノム倫理指針」に従って、試料提供者のプライバシーを保護する。

C．研究結果・考察

今回の解析結果より、一般的に知られている浸透度の高い単一遺伝子にバリエーションが、一部の症例において認められた。しかしながら、症例数が少ないために複数の症例で同じバリエーションは認められなかった。従って今後は、多施設共同研究などを通して、多数の症例を集積し、そのバリエーションの評価を行う予定である。

D．結論

今回の全ゲノムシーケンスにより、浸透度の高い単一遺伝子にバリエーションが、一部の症例で認められた。今後は複数の症例において、同じバリエーションが認められるか検討を行う。

E．研究発表

1. 論文発表

なし

2. 学会発表

なし

F．知的財産権の出願・登録状況

なし