

株式会社東京大学 TLO

GenMineTOP がんゲノムプロファイリングシステム

【開発の背景・従来の課題】

がん遺伝子変異に対応した分子標的療法薬の普及と次世代シーケンサーの発展により、がん組織の中の多数の遺伝子の配列を同時に調べ、遺伝子変異を明らかにするがん遺伝子パネル検査が実用化されてきました。がん遺伝子パネル検査によって明らかになった遺伝子変異に応じて治療を最適化する「がんゲノム医療」を提供する体制が、日本でも 2019 年から国民皆保険の下、推進されています。我が国におけるがんゲノム医療の発展を加速させるためには、より包括的な変異情報を取得・解析するプラットフォームとしての新しい包括的がん遺伝子パネル検査の開発が望まれていました。

【開発経緯・開発体制】

本システムは、2019 年 6 月から開始した東京大学、国立がん研究センター研究所及びコニカミノルタの次世代がん遺伝子パネル検査法に関する共同研究開発の成果であり、コニカミノルタ社が東京大学より関連知財の独占的なライセンスを受けて開発された、固形がん患者の腫瘍組織検体から抽出した DNA 及び RNA、並びに同一患者由来の非腫瘍細胞から抽出した DNA を用いて遺伝子変異情報（データ）を包括的に解析するプログラムです。

【実用化した技術内容と社会的インパクト】

最大の特徴は、解析対象遺伝子数が極めて多く、かつ RNA も解析するところです。ホルマリン固定した腫瘍組織検体から抽出した DNA と RNA、そして、非腫瘍細胞（血球）由来 DNA を同時に解析することで、多種多様な遺伝子変異情報を取得可能です。がんの特性を知るためにより多くの情報が得られる GenMineTOP がんゲノムプロファイリングシステムは、臨床現場に新たな選

択肢を提供可能です。個々の患者様の状況に応じた治療方針の決定支援に必要な情報を、医療関係者を通してより多くの患者様にお届けしたいと考えています。

■ DNA 解析

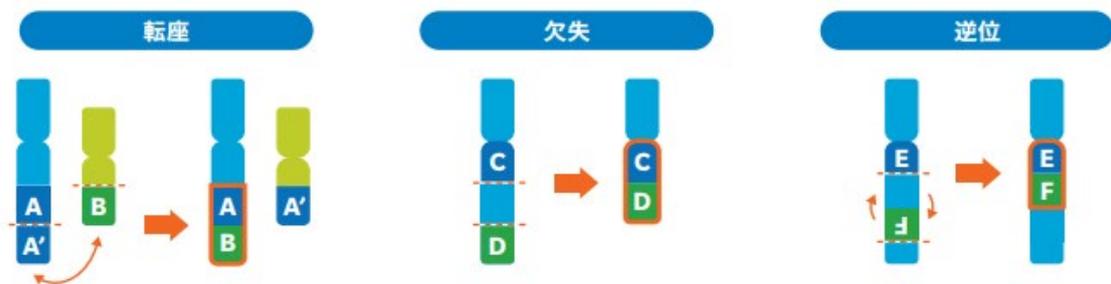
がんゲノムプロファイリング検査として最大規模の 737 がん関連遺伝子の変異を検出することができます。

■ RNA 解析

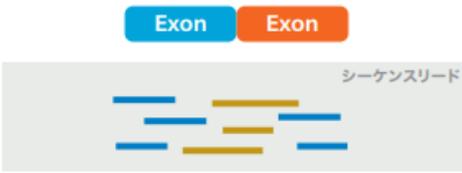
融合遺伝子やエクソンスキッピングは、DNA 解析だけでは検出が難しい場合があります。RNA を用いて解析することによりエクソンとエクソンのつながりを同定するため、融合遺伝子とエクソンスキッピングを高精度に検出できます。

融合遺伝子

染色体（DNA）の転座、欠失、逆位等の組換えの結果、複数の遺伝子が連結されて生じる新たな遺伝子を融合遺伝子と呼びます。



融合遺伝子の検出方法比較

	DNAパネル	RNAパネル
融合遺伝子	 <p>・イントロン領域が大きい場合、その全体をシーケンスすることになり解析の効率性が低くなる。</p> <p>・リピート配列があったり、GC含有率に偏りがあるとキャプチャーやマッピングが困難。</p>	 <p>・融合遺伝子転写体のエクソン結合部を検出するため効率が良く、高感度。</p> <p>・エクソン間の結合部にjunction capture法¹³を採用し、高精度検出が可能。</p>

【関連サイト（販売カタログ等の参考情報）】

コニカミノルタ REALM 株式会社製品紹介サイト

<https://www.konicaminolta.com/jp-ja/realm/genminetop/index.html>

PMDA 添付文書

https://www.info.pmda.go.jp/ygo/pack/290741/30400BZX00155000_1_01_02/

【詳細情報のお問い合わせ先】

コニカミノルタ REALM 株式会社カスタマーサービス

電話：0120-427-367

メールでのお問い合わせ：CS-JAPAN@konicaminolta.com

株式会社東京大学 TLO

電話：03-5805-7661

メールでのお問合せ：<https://todaitlo.com/contact>