

# バイオインフォマティクス解析 によるがんバイオマーカー 探索の現状と今後の展望

## KEY WORDS

- バイオインフォマティクス
- がんゲノム
- 教師あり学習
- 人工知能
- 多遺伝子マーカー

The current status and future prospects of biomarker exploration for cancer by bioinformatics analysis.  
Mamoru Kato (部門長)

国立がん研究センター研究所バイオインフォマティクス部門 加藤 護

## はじめに

近年、国際がんゲノムコンソーシアム (ICGC) やがんゲノムアトラス (TCGA) などの大規模ながんゲノム・プロジェクトによって、複数がん腫・多サンプルの多彩なゲノム (オミックス) データが蓄積されるようになってきた<sup>1)</sup>。また細胞株についても Cancer Cell Line Encyclopedia, Genomics of Drug Sensitivity in Cancer, NCI-60 のような大規模プロジェクトによって、豊富なゲノムデータが蓄積されてきている<sup>2)</sup>。臨床検体のゲノムに関しては、多くのケースでステージや予後のような臨床データも付随しており、また、ゲノムが判明した細胞株に関しては、薬剤感受性を測る研究も進んでいる<sup>3)</sup>。このようなデータを活用すれば、retrospectiveではあるが、網羅的に分子マーカーを探索できよう。膨大でノイズの多いゲノムデータのなかか

ら、コンピュータによって意味のある情報を抽出する学問がバイオインフォマティクスであり、バイオインフォマティクス技術を適用することによって、そのようなデータから、偏りのない分子マーカーの探索が可能となる。

とはいえがんゲノム研究は現状、本態解明研究が主体であり、実臨床適用を主目的とした純粋な分子マーカー探索は、それに比すれば盛んでない。この背景を鑑み、ゲノムデータから分子マーカーを探索する解析手法と適用研究を紹介することは、分子マーカー探索の活性化という意味で価値がある。

本稿では、大量のゲノム (オミックス) データと臨床データや薬剤反応データとを活用して、分子マーカーを探索するバイオインフォマティクス解析の手法、それが応用された研究、そして今後の展望を紹介する。豊富な生物知識を主体に、データ解析の援用によって段階的に探索を行う研究につい