戦略的イノベーション創造プログラム(SIP)第2期「AIホスピタルによる高度診断・治療システム」

サブテーマC SIPAIH22C03 「AI技術の支援を取り入れたリキッドバイオプシーによる超高精度 がん診断システムの標準化・実装化」

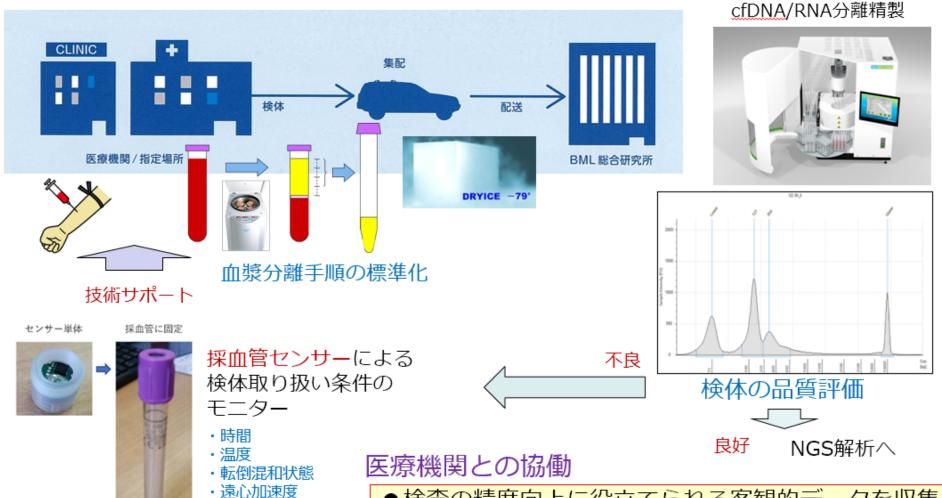
成果発表シンポジウム2022 プロジェクト成果報告



株式会社ビー・エム・エル 公益財団法人 がん研究会

1. 採血後の血漿分取手順の標準化

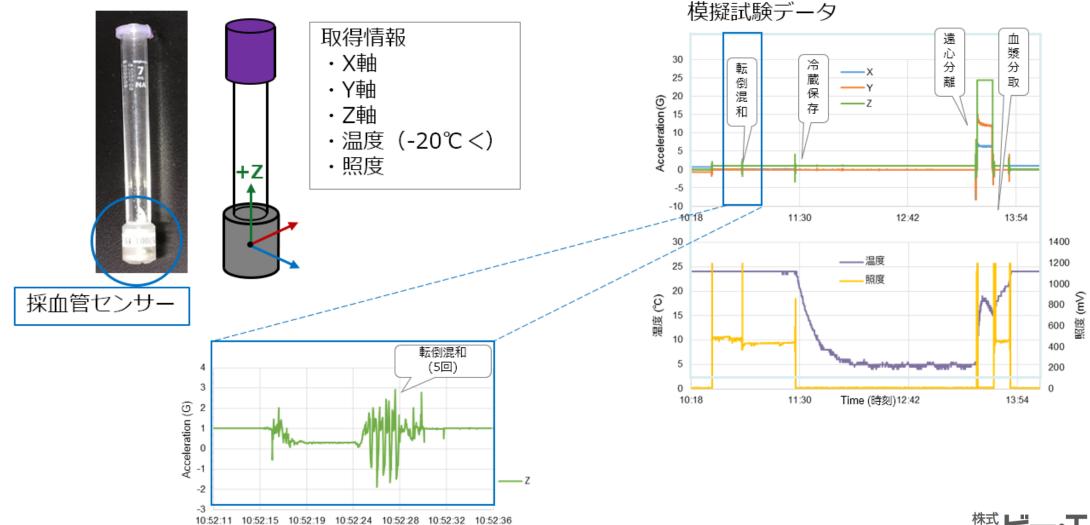
- ・標準作業手順書(SOP)の作成
- ・採血管センサーの考案、プロトタイプの製造、特許申請
- 2. 血漿検体の保管条件、搬送体制の確立
 - ・初期からの評価協力施設: 札幌医科大学病院、北海道大学病院
 - · 実地検証施設: 仙台厚生病院、東北大学病院、金沢大学病院、徳島大学病院
- 3. 分離精製したcfDNA・RNAの品質評価
 - ・日本IBMとの連携によりAIプログラムを開発
- 4. 異なる種類のセルフリーサンプル(血漿 vs 血清)での解析結果の評価
 - Serum vs plasma samples (Pittella-Silva F, et al., Clin Chem. 66(7):946-957, 2020)



- ●検査の精度向上に役立てられる客観的データを収集
- ●分析前工程の標準作業手順書(SOP)を作成
- ●推奨するSOPを広く医療機関に提供

採血管センサーの開発

市販の真空採血管(EDTA管2タイプ)の底部に着脱でき、採血時からの経過時間、転倒混和度合い、保存温度、遠心分離と凍結保管まで所要時間などをモニターできるデバイスを開発



株式ピー・エム・エル

AIによるcfDNAの品質評価プログラムの開発(日本IBM社と連携)

• がん研とBMLで個々にcfDNAの電気泳動波形を分類し、AIに機械学習

初回分類 (双方の認識が合わない分類もあり)

<--- BML →

↑ OK NG 合計
OK 839 92 931
NG 11 69 80
合計 850 161 1,011



最終分類 (両者で相談して最終的な分類を確定)

OK	837
NG	174
合計	1,011

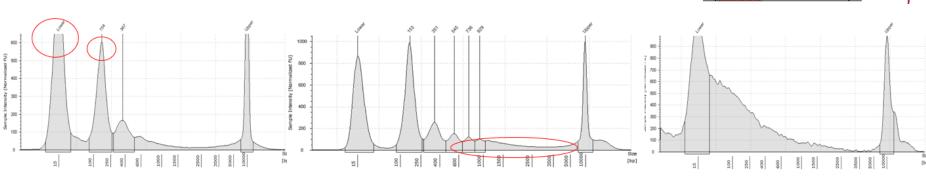
この分類結果を AIに機械学習

• 実際に下記のような例をNGとして分類

cfDNAの量が少ない

高分子DNAのコンタミ

<u>明らかな異常</u> (cfDNAのピーク無し)



《最終年度》

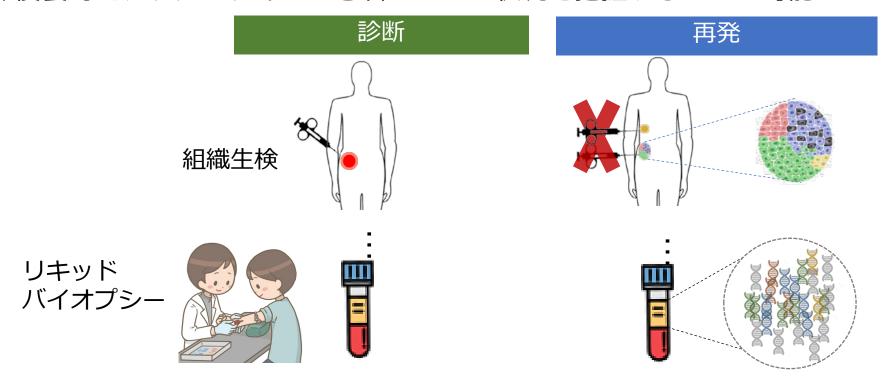
リキッドバイオプシー 検査を実施するラボで 広く利用できる品質判定 アプリを作成する。

組織生検の課題(=リキッドバイオプシーの重要性)

- ・患者によって組織生検ができないことがある
- ・再発時、複数回の組織生検は困難(現実的ではない)

リキッドバイオプシーは

・非侵襲的で、リアルタイムに患者のがんの状況を把握することが可能





- 年間1,000検体以上のNGSによるリキッドバイオプシー解析処理システムの構築
- リキッドバイオプシーに関わる報告

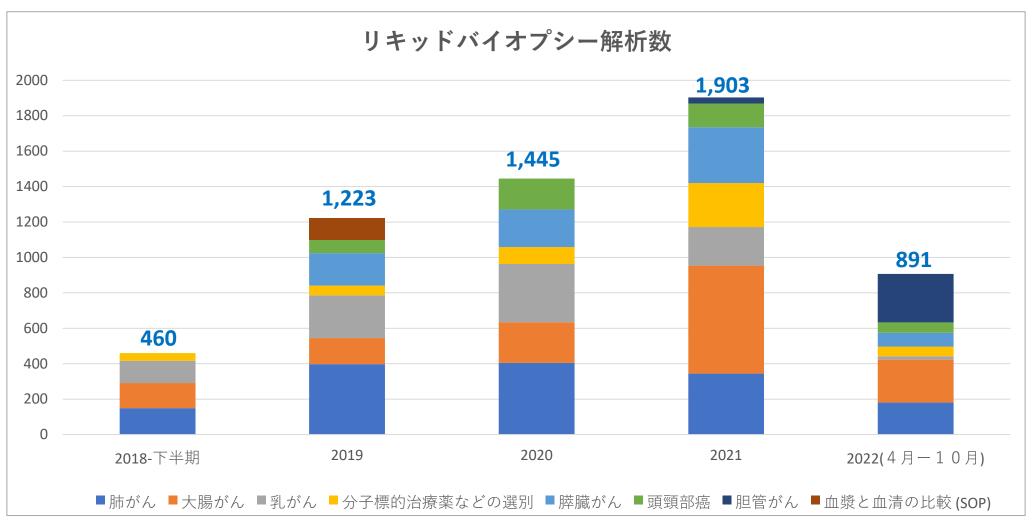
論文発表:13、国際学会での発表:13、国内学会での発表:15

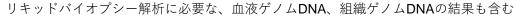
【主な報告】

- 1. リキッドバイオプシーのNGS解析において、クローン性造血は偽陽性の原因となり得る (Chan HT, et al., Cancers (Basel). 12(8):2277, 2020)
- 2. がん治療におけるリキッドバイオプシーの臨床的有用性
 - ・様々な固形がんでのctDNA検出率 (Chan HT, et al., Mol Oncol. 14(8):1719-1730, 2020; Chin YM, et al., Cancer Sci. 112(1):454-464, 2021; Watanabe K et al., Int J Mol Sci., In Press.)
 - 治療反応性を確認するためのctDNAモニタリング
 (Chin YM, et al., Cancer Sci. 113(5):1808-1820, 2022.)
 - ・再発の早期発見のためのMRD検出
 - ・リキッドバイオプシーによる分子プロファイリング (Low SK, et al., Transl Lung Cancer Res. 11(5):711-721., 2022.)



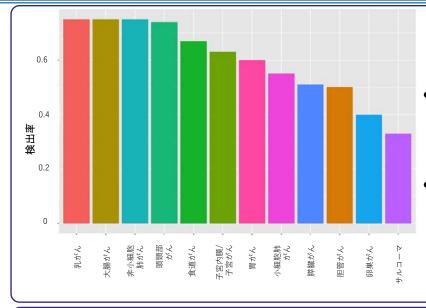
臨床検体の大規模リキッドバイオプシー解析とAIによる統合解析プロジェクト進捗状況





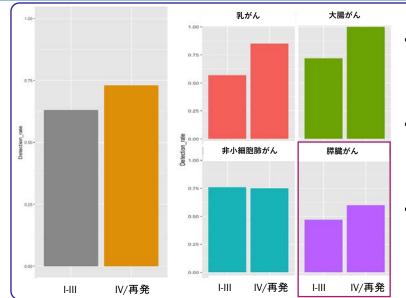


様々な固形がんにおけるctDNA検出率(JFCR)



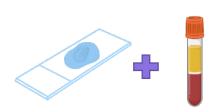
Detection rate: 33.3-75.1%

- Detection rate of ctDNA varies among different solid tumors
- Depends on panel coverage, tumor biological properties such as tumor shedding

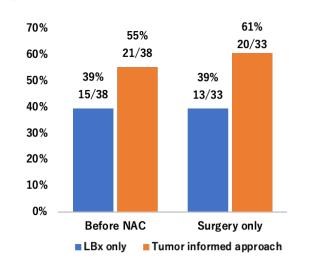


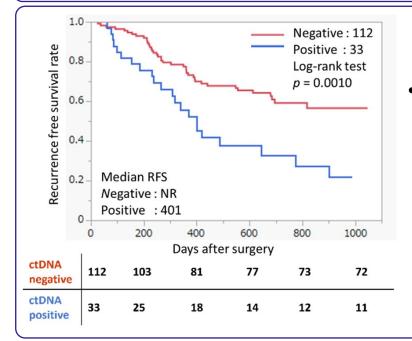
- ctDNA detection is higher among non-resectable patients (Stage IV/Recurrence)
- Lung cancer: similar detection rate between stage I-III and IV/Recurrence
- Pancreatic cancer: Even stage IV/Recurrence, the detection rate is about 60%.

Tumor-informed approach improves ctDNA detection rate in resectable pancreatic cancer



 Reference to tumor genomic profiling increase detection confidence of low allele frequency ctDNA in liquid biopsy



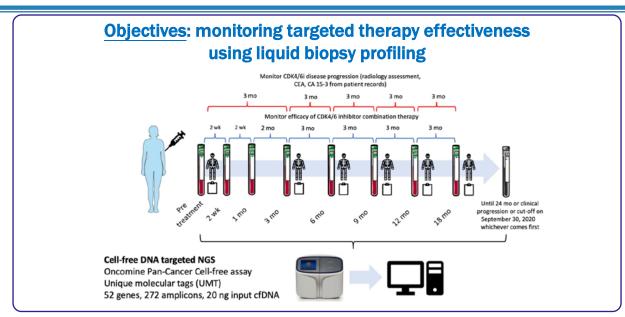


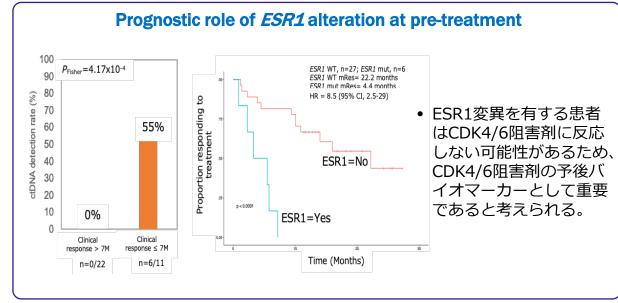
 ctDNA detected in liquid biopsy based on tumor-informed approach associated with poor prognosis of pancreatic cancer

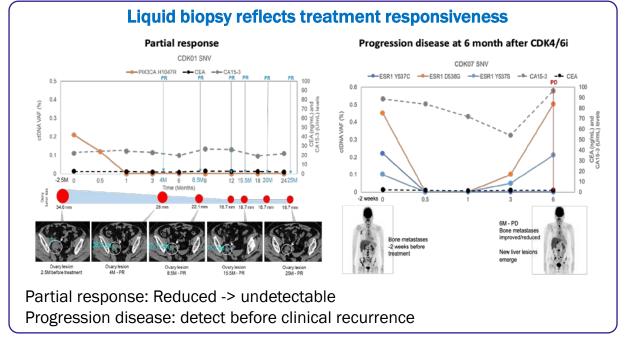
Watanabe K et al., Int J Mol Sci., In Press.

Watanabe K et al., Int J Mol Sci., In Press.

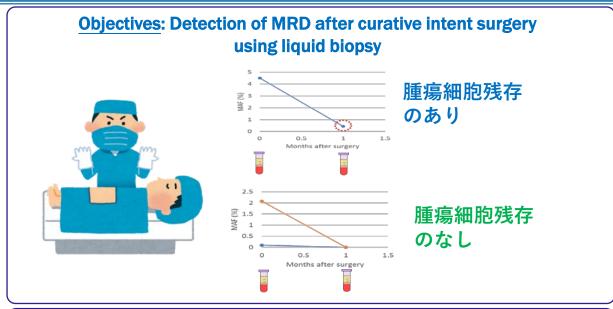
治療反応性を確認するためのctDNAモニタリング(JFCR)

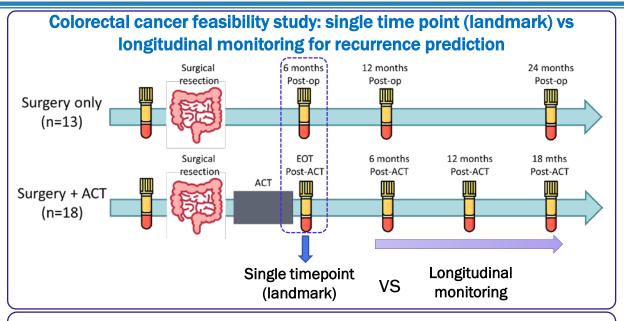


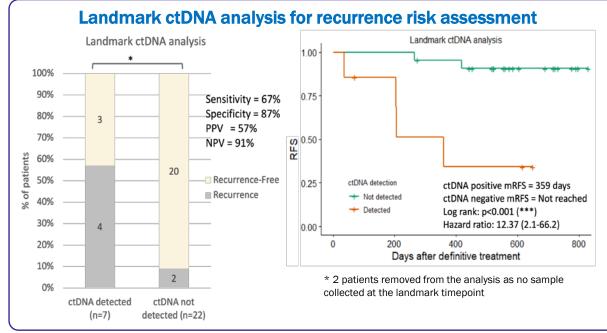


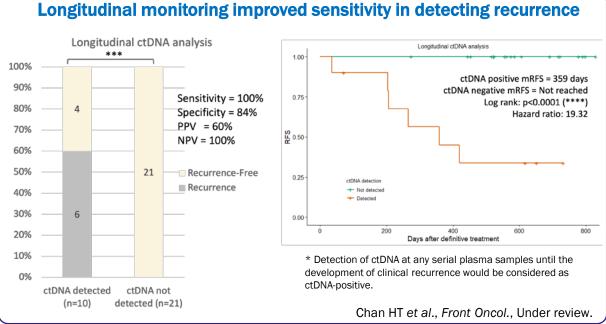


再発の早期発見のためのMRD検出 (JFCR)









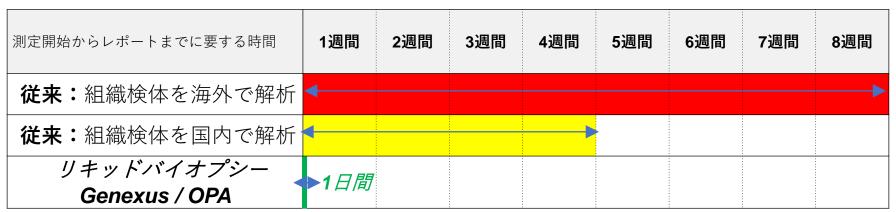
Genexus NGS system & Oncomine Precision Assay: 新型全自動シークエンサーによるビッグデータ解析

ターンアラウンドタイム

- ✓ 全自動化により僅か1日 (検体採取 → レポート)
- ✔ 臨床医へ迅速に情報を提供



僅か 1 日のターンアラウンド時間 (測定開始からレポートまでに要する時間)



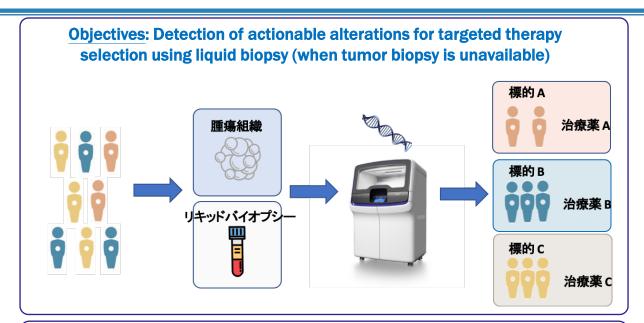
検査後直ちに投薬が可能 早期治療に貢献!



(EGFR, fusions (ALK, RET),

KRAS, BRAF, ERBB2, MET): 47/119, 39%,

patients



CDKN2A

Feasibility study: liquid biopsy profiling of lung cancer using Genexus Integrative system VS

Alteration detection in 119 NSCLC patients

Alteration detection in 119 NSCLC patients

Available of the patients of the patie

<u>cancer-focused panel)+</u>
<u>Genexus Integrative system</u>
Automated, TAT within a day

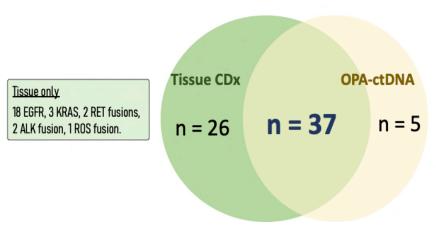
Oncomine Precision assay (55

SOC Clinical Diagnostic Test:

- (1) EGFR mutation screening: Cobas EGFR test
- (2) ALK fusion assessment with ALK-IHC
- (3) Oncomine Dx target test (9 major genes; EGFR, ALK, ROS1, BRAF, MET, KRAS, ERBB2, NTRK and RET)

59% (37/63) of genomic alterations detected from tumor tissues were concordantly detected from plasma cfTNA

17 EGFR, 14 KRAS, 2 BRAF, 1 ERBB2, 2 ALK fusion, 1 RET fusion.



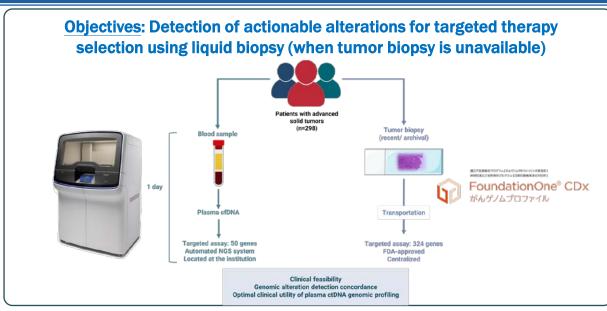
ctTNA only

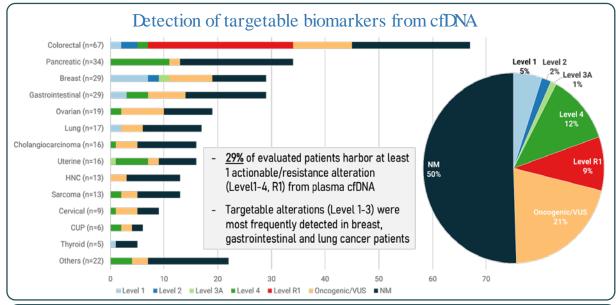
3 KRAS, 1 EGFR, 1 MET

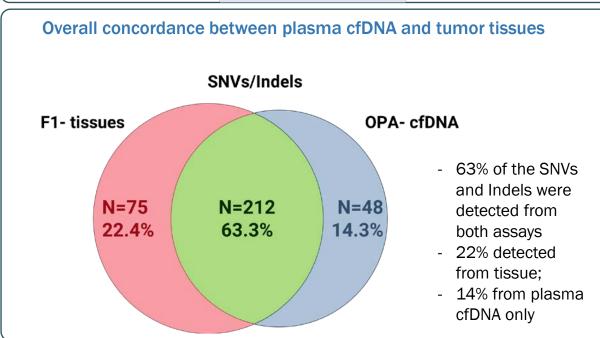
- Clonal-hematopoiesis related mutations
- 2. Tumor heterogeneity

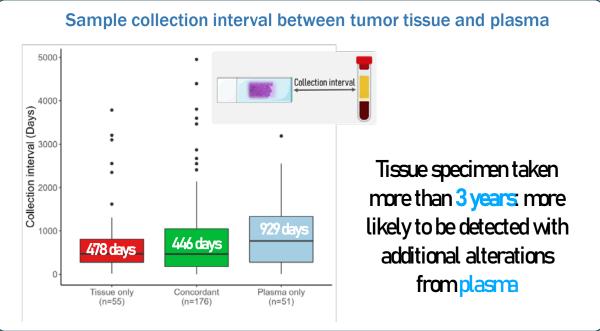
EGFR p.1858R, KRAS p.G12C and MET p.D1028N were on level 1 evidence based on OncoKB Therapeutic Level of Evidence V2.

Low SK, et al., Transl Lung Cancer Res. 11(5):711-721., 2022









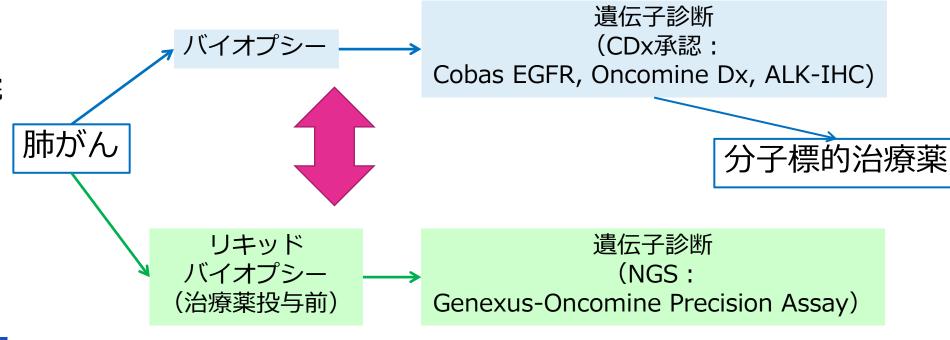
【目的】

進行期の非小細胞肺がんの診断・初回治療が予定される症例において血漿検体を用いたNGS解析により 分子標的薬治療の導入根拠となるドライバー遺伝子を検出可能かについて検証する

【共同研究施設】

- ・がん研究会有明病院
- ・仙台厚生病院
- · 東北大学病院
- ・北海道大学病院
- ・金沢大学病院
- ・徳島大学病院

予定登録患者数 500-700





Pre-analytical SOPを提供

- 各参加機関での血漿分離条件の均一化
- 3ML 検体保管と中央ラボまでの搬送条件(温度/時間)の均一化

【参考1】遠心分離後の採血管

血漿

バフィーコート

赤血球

[3) 参照]

[4) 参照]

cfDNA/cfRNA検査のためのサンプル調製手順

《1検体あたりに必要な資材》



① EDTA採血管:2本

ベノジェクトII 真空採血管 EDTA-2Na 7mL (テルモ cat No, VP-NA070K)

② 遠沈管 (15mL): 2本

Eppendorf Conical Tubes 15mL(エッペンドルフ cat No.0030122151)

遠沈管スーパーシールキャップ 15mL (イナ・オプティカ cat No.3131-345)

《サンプル調製手順》

1) 採血

指定のEDTA採血管を2本使用します。 採血後、直ちに4-5回 ゆっくりと充分に転倒混和します。

2) 遠心分離操作

2)-1

採血・転倒混和後、室温30分以内 若しくは冷蔵2時間以内に 以下の条件にて遠心分離操作 を行い血漿を分離します。 2000×g, 10分間, 4℃



分離した界面を揺らさないように慎重に 遠心分離器から採血管を取出してください。 遠心後、

全血は血漿・バフィーコート・赤血球の 各層に分離されています。「参考1参照]

3)血漿の分取



ピペットや滅菌スポイトを用いて血漿を分取しま す。この際、バフィーコートの混入を避けるため、 **血漿の分取には細心の注意を払い、バフィーコー** トとの境界から0.5-1.0cmまでを限度として分取 を行ってください。「参考2参照]



3) -2

分取した血漿は指定の遠沈管に移してください。 この際、同じ検体は1本にまとめてください。



4) バフィーコートの分取

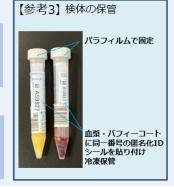


ピペットや滅菌スポイトを用いてバフィーコート を吸い込まない程度に余剰の血漿を分取し 廃棄します。



4) -2

約0.5mLのバフィーコートを含む画分を分取し、 指定の遠沈管に移してください。この際、同じ検 体は1本にまとめてください。



5) サンプルの凍結

3)、4)で血漿および血球細胞を分取した遠沈管は、それぞれの蓋をパラフィルムで固定した後、 検体提出まで-80℃の保管庫にて凍結保存してください。「参考3参照]