



仙波 憲太郎  
SEMBA, Kentaro

理工学術院 教授  
Faculty of Science and Engineering  
Professor

理学博士  
Ph.D.

#### 略歴

1988年 東京大学理学系研究科博士課程修了、同年 東京大学医科学研究所助手

1994年 東京大学医科学研究所助教授を経て2007年から早稲田大学生命医科学科教授

#### 所属

先進理工学部  
生命医科学科  
大学院先進理工学研究科  
生命医科学専攻

#### Affiliation

Department of Life Science and  
Medical Bioscience

ksemba@waseda.jp

## がん細胞の特性を制御する遺伝子の探索と機能解析

Identification and molecular characterization of cancer-associated genes

Key Word | がん、遺伝子増幅、ゲノミクス  
Cancer, Gene amplification, Genomics

がんの発生と転移のメカニズムの解明は、がんの予防と治療の向上を可能にする副作用のない治療薬や早期がんを検出する診断薬の開発はきわめて重要な問題である。我々は、診断や治療に役立つ遺伝子を発見することを目標とし、ゲノミクスの手法を用いて発がんや悪性化に関わる原因遺伝子を同定し、分子細胞生物学的手法により発がんの分子基盤を研究している。具体的には、がん細胞の遺伝子増幅に着目して、遺伝子増幅領域から発癌過程に関わる候補遺伝子を抽出し、各種のin vitro, in vivoの評価系を用いてその機能を解析している。

Development of effective and side effect-free anti-cancer therapeutic and diagnostic drugs is very important to improve the quality of life (QOL) of cancer patients. We have so far collected gene expression data of approximately 130 cancer cell lines. Using a genomic approach to the data sets, we are extracting candidate cancer-associated genes through comprehensive analysis of abnormal chromosomes with gene amplification in cancer, and are assessing the function of those candidates using several in vitro and in vivo screening systems. For this purpose, we are also developing several viral vectors that are suitable for tissue-specific and drug-inducible gene expression.

