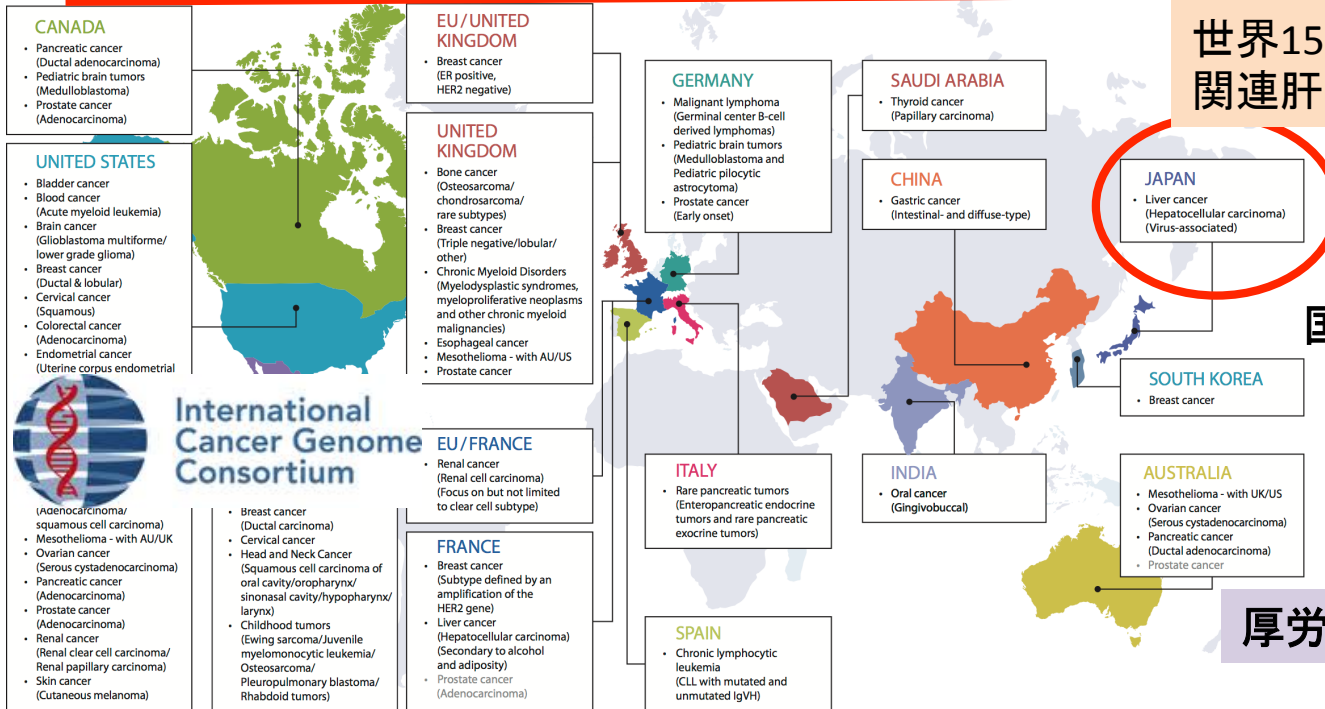


国際共同ゲノム研究への参画

世界15カ国が参加。日本は肝炎ウイルス関連肝がんを担当。



厚労省・文科省の合同国際プロジェクト

ARTICLE

doi:10.1038/natu

Signatures of mutational processes in human cancer

Ludmil B. Alexandrov¹, Serena Nik-Za-Aparicio^{3,4,5}, Sam Behjati^{1,6}, Andrew Bolli^{1,12,13}, Ake Borg¹⁴, Anne-Lise Børnhaugen¹⁵, Adam P. Butler¹, Carl Desmedt²¹, Roland Eils²², Jónunn Erla Fúrnir²³, Hiromi Hosoda²⁶, Barbara Hutter²², T. Imielinski²⁹, Natalie Jäger²², David T. Marcel Kool³⁰, Sunil R. Lakhani³³, Munshi^{35,36}, Paul A. Northcott³⁰, Marina Pajic⁷, Elli

Teague¹, Yasushi Totoki²⁶, Andrew N. J. Tutt¹⁶, Rafa Buuren⁴⁴, Laura van't Veer⁴⁷, Anne Vincent-Salomon⁴⁸, Yates¹, Australian Pancreatic Cancer Genome Initiative*, ICGC MML-Seq Consortium*, ICGC Lung Cancer Consortium*, P. Andrew Futreal¹, Ulfert McDermott^{29,39,40}, Sean M. Grimmond³⁸, Reiner Sieb⁴⁹, Shibata²⁶, Stefan M. Pfister^{30,51}, Peter J. Campbell¹.



国際共同研究により30種類・7000症例のがんゲノムデータを横断的に解析し、22種類の変異パターンを同定→新たながんの原因同定や予防研究にも重要