



東北大学グローバルCOE

# Network Medicine

## 創生拠点

### NM高等教育セミナー

# 柴田 龍弘 博士

(国立がん研究センター・がんゲノミクス研究分野・分野長)

## 肝炎ウイルス関連肝臓がんの 全ゲノム・トランスクリプトーム解読

2011年9月13日(火) 17時-18時30分  
医学部1号館大会議室

肝臓がんは本邦におけるがん死亡率の第3位であり、その発症には肝炎ウイルス感染が重要な危険因子となっている。我々の研究グループは、日本の代表機関として国際がんゲノムコンソーシアムに参加し、肝炎ウイルス関連肝臓がんのゲノム解読を担当している。

第1例目として、高速シーケンサー (イルミナGA2X)を用いてHCV陽性肝臓がん並びに同一患者のリンパ球の全ゲノム解読を行った。ゲノム全体で11,000個以上の体細胞変異が同定され、CT並びにTC置換が有意に多いことが判明した。また翻訳鎖と非翻訳鎖を比較した所、TC置換のみが翻訳鎖で有意に減少していることを発見した。P53やAXIN1といった既知のがん抑制遺伝子の変異に加えて、新たながん関連遺伝子の変異を同定した。塩基置換に加え、ペアエンド解読によって、様々な染色体構造異常も解析することができ、4つの融合遺伝子を含む23個の染色体再構成を同定できた。更に同一検体のRNAシーケンスを行い、同定した融合遺伝子の発現を確認すると共に、新規のがん特異的転写産物も同定できた。

新しいシーケンス技術を用いたがんゲノムの詳細な分子的解明によって、新規がん関連遺伝子、体細胞変異の特徴、染色体再構成と融合遺伝子の全貌等が明らかにできた。また腫瘍内の遺伝的多様性やがんトランスクリプトームの多様性についても解明できることが期待される。

#### 参考文献

1. Totoki, et al. High-resolution characterization of a hepatocellular carcinoma genome. *Nat Genet*, 2011, 43, 464-469.

本セミナーは医学履修課程特別セミナー等を兼ねています。受講学生は履修簿を持参し、セミナー修了後にサインを受けること。聴講は自由大歓迎です。学部生の皆さんもぜひどうぞ。

拠点リーダー 岡 芳知 / 世話人 山本 雅之 (医化学分野)  
問い合わせ先: 内線8089