

令和 3 年 6 月 8 日現在

機関番号：12601

研究種目：基盤研究(C)（一般）

研究期間：2017～2020

課題番号：17K07195

研究課題名（和文）がんゲノム解析で残された微小コピー数変化の検出とその意義の解明

研究課題名（英文）Focal copy number alteration and its functional role in carcinogenesis: unmet needs in cancer genome analysis

研究代表者

辰野 健二（Kenji, Tatsuno）

東京大学・先端科学技術研究センター・特任研究員

研究者番号：80775239

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 3,800,000円

研究成果の概要（和文）：従来の次世代シーケンサー（NGS）解析では検出が難しかった、がんゲノムにおける微小コピー数変化（CNA）やウイルスゲノムの組み込みを効率的に検出できる新たな解析手法を開発した。この分析を使用することで、中皮腫における多数の微小なコピー数の変化と、肝がんにおけるウイルス挿入部位を効率的に検出することが出来た。さらに中皮腫および肝がんのロングリードシーケンサーを使用した分析により、CNA領域とウイルスゲノムの組み込み部位でゲノム構造異常が生じていることを明らかにし、こうしたゲノム構造異常も、既知の一塩基変異と同様に、がん化のドライバー変異になると考えられた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

患者に最適な治療を行うプレシジョンメディシンが開始されているが、現時点では診断される遺伝子変異の種類は限られている。本研究は、これまで解析されてこなかった微小コピー数変化やウイルス挿入によるゲノム構造異常などの探索を、遺伝子パネル検査で使われる次世代シーケンサーの解析技術を応用することで可能とするものであり、がんが存在する多様な変異を逃すことなく解析することで、より精密ながん医療を実現を目指す。また、これまで未解明な部分が多かった微小なゲノム構造異常も、がん化に関連していることが明らかになり、本研究の手法を用いた解析がより詳細な発がんメカニズムの解明につながることを期待される。

研究成果の概要（英文）：We have developed a new analysis method of the next-generation sequencer (NGS) which can efficiently detect the focal copy number alterations (CNA) and viral genome integration in the cancer genome, which were difficult to detect with conventional NGS analysis. With using this analysis, we have detected a large number of focal copy number alterations in mesotheliomas and virus integration in liver cancers. Furthermore, analysis using a long-read sequencer for mesothelioma and liver cancer revealed that genomic structural abnormalities occurred at the CNA regions and the integration site of the viral genome, which could be cancer driver alterations as well as known single nucleotide variations.

研究分野：がんゲノム医学

キーワード：がんゲノム解析 CNV HBV

1. 研究開始当初の背景

がんのゲノムには、1塩基の変異から染色体の欠失や転座といった大規模な構造変化に至るまで、広範なレベルでのゲノム異常が存在する。次世代シーケンサー(NGS)など新たな技術開発により、こうした変異を網羅的、体系的に解析することが可能となり、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)などの国際的な協調体制のもとに、多様ながん種において500-1000症例規模のゲノム解析を実施するプロジェクトが進行している。こうした大規模なゲノム解析によって、多くの症例で共通して見つかる遺伝子変異、いわゆるドライバー変異の存在が明らかになる一方で、ドライバー変異が全く見つからない症例も少なからず存在する。我々は、NGSのデータの詳細な解析により多くのがんに長さ数kb-100kb程度の微小なコピー数変化が多数存在することを見出したが、こうした微小コピー数変化はその機能的役割は未解明なものが多かったが、TERT遺伝子を含む100kb程度の領域の増幅がTERTプロモータの点変異と相互排他的に存在してTERTの活性化に寄与していることを見出した。さらに我々は、TERTに隣接する遺伝子領域の微小なコピー数減少がTERTの高発現をもたらしている症例を発見し、微小コピー数変化も、がんのドライバー変異と成り得ること示した。こうした微小なコピー数変化を網羅的に検出することこれは研究開始当初の解析技術、データ解析アルゴリズムでは検出が不十分であり、新しい解析技術の開発が必要とされていた。

2. 研究の目的

次世代シーケンサーなどの新技術によってがんゲノム網羅的な解析が進み、多様ながん種においてがんの発生や進行の鍵となるドライバー変異が見つかる一方で、全ゲノムシーケンスなどによっても変異が全く見つからない症例が存在する。これは、現在のゲノム解析では検出できない、あるいは変異として注目していないゲノムの変化に原因があると考えられる。こうした変異を網羅的に解析し、これまでにゲノム変異が同定されなかった症例でのがんドライバー変異を検出することでがんの分子治療標的薬の適用を広げ、また新たなドライバー変異を探索することで、新規治療標的の発見と分子治療標的薬の開発につげる。さらに開発されたアルゴリズムを先天性やその他の遺伝性疾患に応用し、未診断疾患となっている疾患の診断、治療に貢献することが本研究の目的である。

3. 研究の方法

微小コピー数変化を網羅的に解析し、これまでのゲノム解析データを統合することで、未発見のがんのドライバー変異を同定することが第一の目的である。NGSデータからのコピー数解析は、シーケンスデータのクオリティーや配列のマッピングアルゴリズムの影響を受けるためノイズが多く、既存のCNV解析ソフトは移動平均などによってノイズを消去するために微小な領域での検出ができない。また、アレル不均衡を利用したコピー数変化の解析は解析点がヘテロSNPの領域に限られるので、解像度が低い。アレル別コピー数の解析とTotalのコピー数解析を組み合わせることにより、解像度の高い解析を実施する。一方、免疫チェックポイント阻害剤の応答予測因子として近年注目されているマイクロサテライト不安定性(MSI)を、ベセスダ基準などの限られたマーカー部位からだけでなく、エクソームシーケンスデータに多数存在するマイクロサテライト配列を網羅的に解析するアルゴリズムを開発する。データとしては我々がこれまでに解析してきた2000例以上のがんゲノムデータを利用し、プログラムの開発を行う。NGSによるコピー数解析は、リード深度のがん部、正常部の比を算出して行うが、微小領域の変化を検出しようとするときノイズの影響を受けやすい。ノイズの影響を減らすために、Segmental Duplication領域、リピート配列、をマスクしたリファレンスゲノムを利用する。

一方、肝臓ではHBウイルスのインテグレーションによりゲノム変異が生じるが、その機構を総的に解明するために、我々が開発したウイルスキャプチャーシーケンスを用いて、詳細な解析を実施する。さらに、オックスフォードナノポア社のロングリードシーケンス法を用いることで、微小なコピー数の変化領域やウイルスのインテグレーション部位でのゲノム構造異常を詳細に解析し、がん化に果たす役割を解析する。

4. 研究成果

これまでに次世代がん研究プロジェクトなどで解析したデータの集積と、米国がんゲノムアトラス(TCGA)などの公共データベースからデータの集積し、微小コピー数変化が存在する症例をスクリーニングするために、アレル別の微小領域CNVを表示できるviewerを作成した。また、新たなアルゴリズムによるCNV検出プログラムを作成し、CNVと構造異常を効率的に同定する手法を考案した。(図1)WESデータからのMSI解析では、既知のMSI-H症例での検討により、繰り返し数が高頻度に変化する約900のマイクロサテライト部位を選択し、不安定性を判定するアルゴリズムを開発した。これまでに解析した37症例の胃がんでは、6症例がマイクロサテラ

イト不安定性であると判定されたが、これらは1塩基変異の頻度が高い、いわゆるHyper Mutatorの特徴と一致し、エクソームデータからのマイクロサテライト不安定性判定も有用であることが示された(図2)

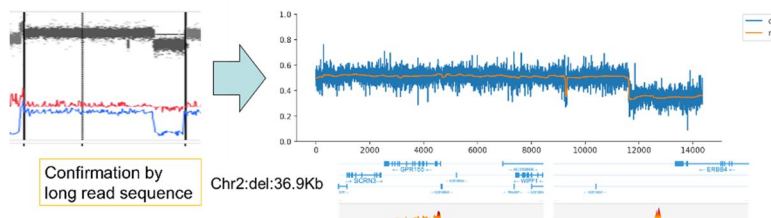


図1. アレル別コピー数表示と新規アルゴリズムによる微小CNV検出

肝がんのウイルスキャプチャーシーケンスの解析から、HBVの消失後も、HCC患者ではHBVゲノムのインテグレーションが検出されることを示し(図3)再発HBVおよびAAV2(アデノ随伴ウイルスタイプ2)のインテグレーションと癌ドライバー遺伝子の転写活性化を特定した。この結果を論文に投稿し、Clinical Cancer Research誌に掲載された。さらに、ウイルスゲノムの挿入によって引き起こされる染色体再構成を伴う染色体不安定性を確認するために、ロングリードシーケンサによる解析を実施し、ウイルスゲノム挿入によって引き起こされるゲノム構造異常を明らかにした(図4)。

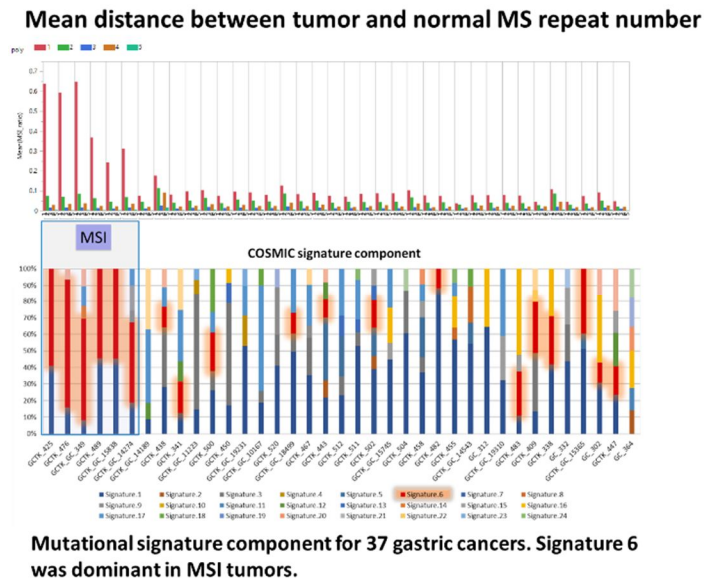


図2. NGSデータからのMSIの検出と既知のMutational Signature分類

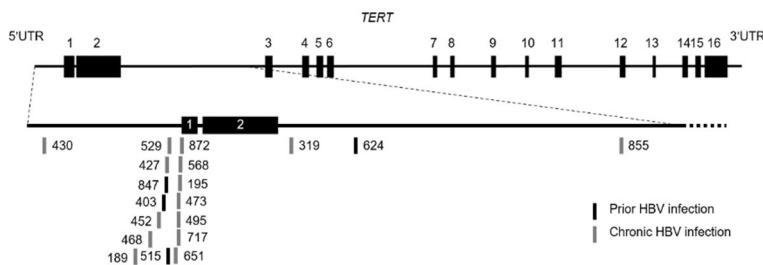


図3. HBV既感染症例でのHBVインテグレーション部位の検出

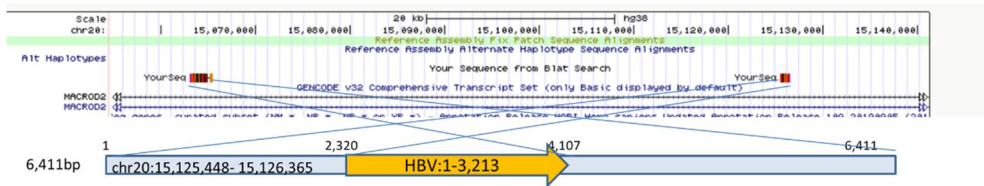


図4. HBVの挿入部位でのゲノム構造異常

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計17件（うち査読付論文 17件／うち国際共著 7件／うちオープンアクセス 10件）

1. 著者名 Bailey Matthew H., MC3 Working Group, PCAWG novel somatic mutation calling methods working group, PCAWG Consortium	4. 巻 11
2. 論文標題 Retrospective evaluation of whole exome and genome mutation calls in 746 cancer samples	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Nature Communications	6. 最初と最後の頁 1-27
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41467-020-18151-y	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する
1. 著者名 Midorikawa Yutaka, Yamamoto Shogo, Tatsuno Kenji, Renard-Guillet Claire, Tsuji Shingo, Hayashi Akimasa, Ueda Hiroki, Fukuda S, Fujita T, Katoh Hiroto, Ishikawa Shumpei, Covington Kyle R., Creighton Chad J., Sugitani Masahiko, Wheeler David A., Shibata Tatsuhiro, Nagae Genta, Takayama Tadatoshi, Aburatani Hiroyuki	4. 巻 80
2. 論文標題 Accumulation of Molecular Aberrations Distinctive to Hepatocellular Carcinoma Progression	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Cancer Research	6. 最初と最後の頁 3810 ~ 3819
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1158/0008-5472.CAN-20-0225	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する
1. 著者名 Sakata Rina C., Ishiguro Soh, Mori Hideto, Tanaka Mamoru, Tatsuno Kenji, Ueda Hiroki, Yamamoto Shogo, Seki Motoaki, Masuyama Nanami, Nishida Keiji, Nishimasu Hiroshi, Arakawa Kazuharu, Kondo Akihiko, Nureki Osamu, Tomita Masaru, Aburatani Hiroyuki, Yachie Nozomu	4. 巻 38
2. 論文標題 Base editors for simultaneous introduction of C-to-T and A-to-G mutations	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Nature Biotechnology	6. 最初と最後の頁 865 ~ 869
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41587-020-0509-0	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する
1. 著者名 Suzuki Akihiro, Katoh Hiroto, Komura Daisuke, Kakiuchi Miwako, Tagashira Amane, Yamamoto Shogo, Tatsuno Kenji, Ueda H, Nagae G, Fukuda S, Umeda T, Totoki Y, Abe H, Ushiku T, Matsuura T, Sakai E, Ohshima T, Nomura S, Seto Y, Shibata T, Rino Y, Nakajima A, Fukayama M, Ishikawa Shumpei, Aburatani H	4. 巻 6
2. 論文標題 Defined lifestyle and germline factors predispose Asian populations to gastric cancer	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Science Advances	6. 最初と最後の頁 9778 ~ 9778
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1126/sciadv.aav9778	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する

1. 著者名 Yamamoto Shogo, Midorikawa Yutaka, Nagae Genta, Tatsuno Kenji, Ueda Hiroki, Moriyama Mitsuhiro, Takayama Tadatoshii, Aburatani Hiroyuki	4. 巻 111
2. 論文標題 Spatial and temporal expansion of intrahepatic metastasis by molecularly defined clonality in multiple liver cancers	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Cancer Science	6. 最初と最後の頁 601 ~ 609
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/cas.14282	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Tatsuno Kenji, Midorikawa Yutaka, Takayama Tadatoshii, Yamamoto Shogo, Nagae Genta, Moriyama Mitsuhiro, Nakagawa Hayato, Koike Kazuhiko, Moriya Kyoji, Aburatani Hiroyuki	4. 巻 25
2. 論文標題 Impact of AAV2 and Hepatitis B Virus Integration Into Genome on Development of Hepatocellular Carcinoma in Patients with Prior Hepatitis B Virus Infection	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Clinical Cancer Research	6. 最初と最後の頁 6217 ~ 6227
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1158/1078-0432.CCR-18-4041	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Nejo T, Matsushita H, Karasaki T, Nomura M, Saito K, Tanaka S, Takayanagi S, Hana T, Takahashi S, Kitagawa Y, Koike T, Kobayashi Y, Nagae G, Yamamoto S, Ueda H, Tatsuno K, Narita Y, Nagane M, Ueki K, Nishikawa R, Aburatani H, Mukasa A, Saito N, Kakimi K.	4. 巻 7
2. 論文標題 Reduced Neoantigen Expression Revealed by Longitudinal Multiomics as a Possible Immune Evasion Mechanism in Glioma	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Cancer Immunology Research	6. 最初と最後の頁 1148 ~ 1161
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1158/2326-6066.CIR-18-0599	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 The ICGC/TCGA Pan-Cancer Analysis of Whole Genomes Consortium	4. 巻 578
2. 論文標題 Pan-cancer analysis of whole genomes	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Nature	6. 最初と最後の頁 82 ~ 93
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41586-020-1969-6	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Matsuura Tetsuya, Maru Yoshiaki, Izumiya Masashi, Hoshi Daisuke, Kato Shingo, Ochiai Masako, Hori Mika, Yamamoto Shogo, Tatsuno Kenji, Imai Toshio, Aburatani Hiroyuki, Nakajima Atsushi, Hippo Yoshitaka	4. 巻 -
2. 論文標題 Organoid-based ex vivo reconstitution of Kras-driven pancreatic ductal carcinogenesis	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Carcinogenesis	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/carcin/bgz122	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Nomura M, Saito K, Aihara K, Nagae G, Yamamoto S, Tatsuno K, Ueda H, Fukuda S, Umeda T, Tanaka S, Takayanagi S, Otani R, Nejo T, Hana T, Takahashi S, Kitagawa Y, Omata M, Higuchi F, Nakamura T, Muragaki Y, Narita Y, Nagane M, Nishikawa R, Ueki K, Saito N, Aburatani H, Mukasa A	4. 巻 9
2. 論文標題 DNA demethylation is associated with malignant progression of lower-grade gliomas	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 1903
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-019-38510-0	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Kohsaka S, Tatsuno K, Ueno T, et.al.	4. 巻 110
2. 論文標題 Comprehensive assay for the molecular profiling of cancer by target enrichment from formalin fixed paraffin embedded specimens	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Cancer Science	6. 最初と最後の頁 1464 ~ 1479
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/cas.13968	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 TCGA Research Network	4. 巻 8
2. 論文標題 Integrative Molecular Characterization of Malignant Pleural Mesothelioma	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Cancer Discovery	6. 最初と最後の頁 1548 ~ 1565
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1158/2159-8290.CD-18-0804	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Hasumi H, Furuya M, Tatsuno K, Yamamoto S, Baba M, Hasumi Y, Isono Y, Suzuki K, Jikuya R, Otake S, Muraoka K, Osaka K, Hayashi N, Makiyama K, Miyoshi Y, Kondo K, Nakaigawa N, Kawahara T, Izumi K, Teranishi J, Yumura Y, Uemura H, Nagashima Y, Metwalli AR, Schmidt LS, Aburatani H, Linehan WM, Yao M	4. 巻 27
2. 論文標題 BHD-associated kidney cancer exhibits unique molecular characteristics and a wide variety of variants in chromatin remodeling genes	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Human Molecular Genetics	6. 最初と最後の頁 2712 ~ 2724
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/hmg/ddy181	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Hama Natsuko, Totoki Yasushi, Miura Fumihito, Tatsuno Kenji, Saito-Adachi Mihoko, Nakamura Hiromi, Arai Yasuhito, Hosoda Fumie, Urushidate Tomoko, Ohashi Shoko, Mukai Wakako, Hiraoka Nobuyoshi, Aburatani Hiroyuki, Ito Takashi, Shibata Tatsuhiko	4. 巻 9
2. 論文標題 Epigenetic landscape influences the liver cancer genome architecture	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Nature Communications	6. 最初と最後の頁 1643
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41467-018-03999-y	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Ally Adrian, Balasundaram Miruna,,,Aburatani Hiroyuki, Yamamoto Shogo, Tatsuno Kenji,,,et al	4. 巻 169
2. 論文標題 Comprehensive and Integrative Genomic Characterization of Hepatocellular Carcinoma	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Cell	6. 最初と最後の頁 1327 ~ 1341.e23
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.cell.2017.05.046	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Nomura Masashi, Mukasa Akitake, Nagae Genta, Yamamoto Shogo, Tatsuno Kenji, Ueda Hiroki, Fukuda Shiro, Umeda Takayosh, et al	4. 巻 134
2. 論文標題 Distinct molecular profile of diffuse cerebellar gliomas	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Acta Neuropathol.	6. 最初と最後の頁 941 ~ 956
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s00401-017-1771-1	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Hama Natsuko, Totoki Yasushi, Miura Fumihito, Tatsuno Kenji, Saito-Adachi Mihoko, Nakamura Hiromi, Arai Yasuhito, Hosoda Fumie, Urushidate Tomoko, Ohashi Shoko, Mukai Wakako, Hiraoka Nobuyoshi, Aburatani Hiroyuki, Ito Takashi, Shibata Tatsuhiro	4. 巻 9
2. 論文標題 Epigenetic landscape influences the liver cancer genome architecture	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Nature Communications	6. 最初と最後の頁 印刷中
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41467-018-03999-y	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

〔学会発表〕 計16件 (うち招待講演 2件 / うち国際学会 10件)

1. 発表者名 辰野健二、緑川泰、濱奈津子、永江玄太、上田宏生、高山忠利、柴田龍弘、油谷浩幸
2. 発表標題 ウイルスインテグレーションとがん
3. 学会等名 第79回日本癌学会学術総会 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 辰野健二、永江玄太、山本尚吾、福田史郎、緑川泰、高山忠利、油谷浩幸
2. 発表標題 リキッドバイオプシーによる肝細胞がんのゲノム・エピゲノムプロファイリング
3. 学会等名 第78回日本癌学会学術総会 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Kenji Tatsuno, Shinji Kosaka, Hiroki Ueda, Shogo Yamamoto, Shuhei Yoshikawa, Toshihide Ueno, Takashi Aoki, Shiro Fukuda, Kunihiro Nishimura, Hiroyuki Mano, Hiroyuki Aburatani
2. 発表標題 All-in-one panel assay for clinical cancer sequencing
3. 学会等名 Precision Medicine in Cancer, Keystone Symposia (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Midorikawa Y, Tatsuno K, Takayama T, Yamamoto S, Nagae G, Moriyama M, Nakagawa H, Koike K, Moriya K, Aburatani H
2. 発表標題 Impact of Virus Integration into the Host Genome on Development of HCC in Patients with Occult HB Virus Infection
3. 学会等名 第69回米国肝臓学会議 (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 辰野健二、緑川泰、高山忠利、永江玄太、山本尚吾、森山光彦、中川勇人、小池和彦、森屋恭爾、油谷浩幸
2. 発表標題 オカルトB型肝炎ウイルス感染患者での肝細胞がんゲノムへのウイルスゲノム挿入部位解析
3. 学会等名 第77回日本癌学会学術総会 (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 緑川泰、辰野健二、高山忠利、山本尚吾、永江玄太、森山光彦、小池和彦、森屋恭爾、油谷浩幸
2. 発表標題 Occult HBV肝癌患者におけるB型肝炎ウイルスDNA遺伝子組み込みの網羅的解析
3. 学会等名 第54回日本肝癌研究会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Midorikawa Y, Tatsuno K, Yamamoto S, Nagae G, Koike K, Moriyama M, Takayama T, Moriya K, Aburatani H
2. 発表標題 Impact of virus integration into the genomes of hepatocellular carcinoma patients with prior hepatitis B virus infection
3. 学会等名 米国がん学会 (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 竹下純平, 辰野健二, 松本大地, 栗林康造, 近藤展行, 長谷川誠紀, 佐藤鮎子, 辻村亨, 大多茂樹, 河上裕, 中野孝司, 関戸好孝, 油谷浩幸
2. 発表標題 255症例の悪性胸膜中皮腫の網羅的遺伝子解析
3. 学会等名 第77回日本癌学会学術総会(国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 竹下純平, 辰野健二, 山本尚吾, 鈴木章浩, 白石友一, 栗林康造, 近藤展行, 長谷川誠紀, 佐藤鮎子, 辻村亨, 松本大地, 大多茂樹, 河上裕, 中野孝司, 関戸好孝, 油谷浩幸
2. 発表標題 255検体悪性胸膜中皮腫の変異・免疫プロファイリング
3. 学会等名 日本人類遺伝学会第63回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 鈴木章浩, 垣内美和子, 田頭周, 加藤洋人, 竹下純平, 山本尚吾, 辰野健二, 大島貴, 利野靖, 中島淳, 深山正久, 石川俊平, 油谷浩幸
2. 発表標題 日本人胃癌の遺伝学的素因
3. 学会等名 日本人類遺伝学会第63回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 織田克利, 西島明, 長谷川幸清, 浅田佳代, 池田悠至, 山本尚吾, 永江玄太, 辰野健二, 黒崎亮, 藤原恵一, 大須賀穰, 藤井知行, 油谷浩幸
2. 発表標題 卵巣明細胞癌における生殖細胞系・体細胞系ミスマッチ修復遺伝子異常
3. 学会等名 日本人類遺伝学会第63回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 辰野 健二、吉川 修平、鈴木 章浩、山本 尚吾、永江 玄太、油谷 浩幸
2. 発表標題 エクソームシーケンスデータからのマイクロサテライト不安定解析
3. 学会等名 日本人類遺伝学会第62回大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 坂田 阿希、星 雄二郎、榎尾 明憲、松本 有、山嵜 達也、上田 宏生、山本 尚吾、辰野 健二、油谷 浩幸
2. 発表標題 ターゲットシーケンス検査による難聴患者の遺伝学的探索
3. 学会等名 日本人類遺伝学会第62回大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 竹下 純平、山本 尚吾、辰野 健二、白石 友一、大搦 泰一郎、栗林 康造、近藤 展行、長谷川 誠紀、佐藤 鮎子、辻村 亨、中野 孝司、関戸 好孝、油谷 浩幸
2. 発表標題 243 症例の悪性胸膜中皮腫の統合的ゲノム解析
3. 学会等名 第76回日本癌学会学術総会（国際学会）
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 鈴木 章浩、垣内 美和子、田頭 周、加藤 洋人、山本 尚吾、辰野 健二、酒井 英嗣、大島 貴、利野 靖、中島 淳、深山 正久、石川 俊平、油谷 浩幸
2. 発表標題 日本人胃癌ゲノミックプロファイル
3. 学会等名 第76回日本癌学会学術総会（国際学会）
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 浅田 佳代、織田 克利、長谷川 幸清、西島 明、池田 悠至、山本 尚吾、永江 玄太、辰野 健二、上田 宏生、藤原 恵一、大須賀 穰、藤井 知行、油谷 浩幸
2. 発表標題 高異型度卵巣漿液性癌における統合解析を用いた年齢シグネチャー優位群の特徴付け
3. 学会等名 第76回日本癌学会学術総会（国際学会）
4. 発表年 2017年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 角南久仁子 畑中豊 小山隆文 編	4. 発行年 2020年
2. 出版社 医学書院	5. 総ページ数 240
3. 書名 がんゲノム医療 遺伝子パネル検査 実践ガイド	

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
---------------------------	-----------------------	----

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------