

令和 6 年 5 月 7 日現在

機関番号：82685

研究種目：若手研究

研究期間：2022～2023

課題番号：22K15571

研究課題名（和文）がん遺伝子パネル検査を受けた全症例におけるシーケンスエラーの実態を解明する

研究課題名（英文）Clarification of sequencing errors in all patients who underwent cancer gene panel testing in Japan

研究代表者

池上 政周（Ikegami, Masachika）

地方独立行政法人東京都立病院機構東京都立駒込病院（臨床研究室）・骨軟部腫瘍科・医長

研究者番号：90830521

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 3,600,000円

研究成果の概要（和文）：NCCオンコパネルの開発段階のシーケンスデータを解析し、パイプラインがコールする変異のうち40%がFFPEアーチファクトであり、また少ないものの病的変異とアノテーションされる変異が含まれていることを示した。さらに、AACR project GENIEで報告されている大量の変異に対して機械学習でFFPEアーチファクトを予測するアルゴリズムを作成し、パネル間でエラー頻度が異なることを確認した。C-CAT利活用データのraw data公開が遅延したためいまだ研究は完了していないものの、実施体制は整備できており、FFPEアーチファクト除去の必要性と意義を今後明らかにし臨床に実装することを目指す。

研究成果の学術的意義や社会的意義

がんゲノム医療において、検出された変異が真の変異なのかエラーなのか不確実な状態では、仮に遺伝子変異にマッチした治療が存在したとしても実施に踏み切ることにより心理的抵抗が生じ、また無意味な治療が行われるリスクもある。本研究はNCCオンコパネルの開発時点のデータではあるが治療選択に影響を与えるエラーがあることを明らかとし、エラー予測アルゴリズムの臨床実装の必要があることが確認できた。

研究成果の概要（英文）：We analyzed sequencing data from the development phase of the NCC OncoPanel and showed that 40% of the mutations called by the pipeline are FFPE artifacts, and that a small number of FFPE artifacts are annotated with pathological mutations. Furthermore, we created a machine learning algorithm to predict FFPE artifacts for the large number of mutations reported in the AACR project GENIE, and confirmed that the error frequency differs among gene panels. Although the study is not yet complete due to the delay in the release of raw data from C-CAT, the implementation system is in place, and we aim to clarify the necessity and significance of FFPE artifact removal and implement it in clinical practice in the future.

研究分野：がんゲノム医療

キーワード：がんゲノムプロファイリング FFPEアーチファクト

1. 研究開始当初の背景

2019年に本邦でNCC オンコパネルおよび Foundation One CDx が保険適用となって以後、標準治療を終えた進行期がん患者に対するクリニカルシーケンスは2万例以上に行われている。がん遺伝子パネル検査はホルマリン固定パラフィン包埋(FFPE)処理された腫瘍検体からゲノムDNAを抽出し、がん遺伝子・がん抑制遺伝子をターゲットとしたパネルを用いて次世代シーケンサーで変異解析を行うものであり、国立がん研究センターのがんゲノム情報管理センター(C-CAT)のwebsiteによると、国内で検査を受けた患者のうち8.1%が遺伝子変化に基づく治療を受けている。FFPE処理の過程においてDNAには様々な化学的修飾が加わることが知られており、特にシトシンの脱アミノ化によるC>T変異が有名である。しかし、C>T変異以外にはFFPE処理に由来する具体的なエラーがどのようなものであるかはこれまで分かっておらず、がん遺伝子パネル検査において検出された変異のうち真の変異とエラーの比率がどの程度なのかを評価した研究はなかった。この問題点を解決すべく、申請者は多数の正常乳腺組織と乳がん腫瘍組織の凍結検体およびFFPE検体のシーケンスを行い、FFPE検体にみられるエラーが断片化し一本鎖に乖離したDNAに由来することを解明し、さらにエラーを特異的に除去できるアルゴリズムであるMicroSECを開発した(図1、Ikegami M, et al., *Commun Biol*, 2021)。申請者らが開発したがん遺伝子パネルである東大オンコパネル(Kohsaka S, et al., *Cancer Sci*, 2019)を用いて56例のがんFFPE検体をシーケンスし、検出された変異に対しMicroSECで解析したところ、全変異の16%がエラーであるという、クリニカルシーケンスの信頼性を大きく脅かす結果を得ている。がん遺伝子パネル検査にエラーが含まれていると、その結果に基づき患者に効果が見込めない治療が行われる可能性がある。これは副作用という害を患者に加え、また残された短い生命予後を無駄に浪費させることに繋がるため、エラーを除去し真の変異のみを患者に報告する手法の開発は個別化医療の具現化における喫緊の課題である。

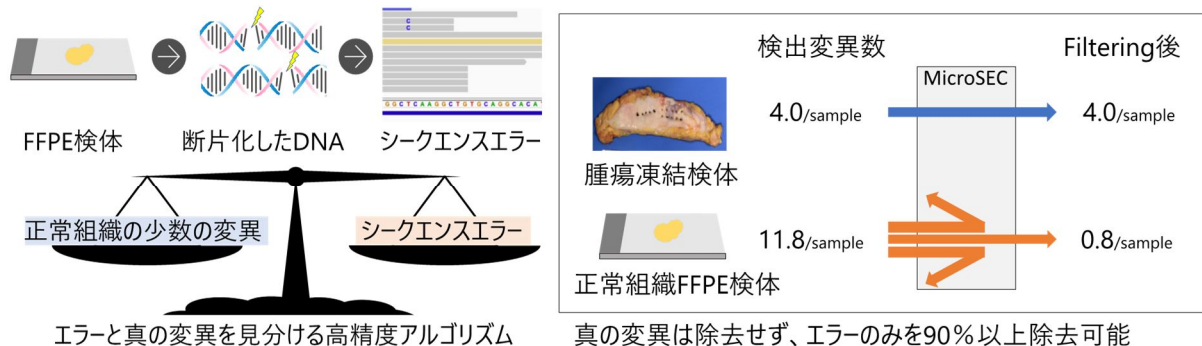


図1: FFPE 検体中の断片化し一本鎖に乖離した DNA によって生じるシーケンスエラーを MicroSEC は認識する。乳腺組織を用いた検討では高い感度と特異度を有し、正常組織の FFPE 検体にみられるエラーを 90%以上除去しつつ、乳がん組織の新鮮凍結検体から検出される変異は除去しなかった。

2. 研究の目的

日本全国で行われた2万症例を超えるがん遺伝子パネルの検査結果はC-CATに集約されており、2021年10月から学術研究目的にデータを利活用できるようになっている。本研究の主たる目的はこのビッグデータを再解析し、実際の臨床で患者に報告された変異に含まれるエラーの割合、誤った治療に繋がってしまった症例数を明らかにすることである。また、本研究で使用する MicroSEC は次世代シーケンサーの配列をゲノムにマッピングした BAM ファイルを用いており、1症例あたり10Gバイトの記憶容量とCPU時間で20分程度の計算を必要とする。日常診療で簡便に使用できるようにする目的で、BAMファイルを用いず変異した塩基の情報だけを基にして数秒でエラーかどうかを判定する MANO artifact predictor を開発している。これは MicroSEC の判定結果を教師データとして機械学習を用いて結果を再現するものであり、現状として MicroSEC の結果を受信者動作特性曲線 (ROC 曲線) の Area Under the Curve (AUC) 0.995 という高精度で再現できているが(図2)、申請者の行ったシーケンスデータへの over-fitting の懸念がある。様々な病院で採取された検体を複数のパネル検査を用いて解析したものである C-CAT のデータを用いて MANO artifact predictor の汎用性を高め、Google Colab で動作しスマートフォンから簡単に解析できるプラットフォームを公開する。

本研究の独自性は MicroSEC のエラー検出手法とその特異性の高さに依る。多くの FFPE 由来のエラーの周辺配列には回文構造が存在しており、このような配列が FFPE 処理によって断

片化し、一本鎖となると同一分子内で誤ってアニーリングしヘアピン構造を形成する。この際にミスマッチ塩基が存在すると、最終的にエラーとして検出されてしまう。この原理に注目したエラー除去アルゴリズムはこれまでに開発されていない (Laehnmann D, et al., *Brief Bioinform*, 2016)。このエラーはライブラリー調整の最初期に生じるため、分子バーコード技術を用いても除去が困難である。また、MicroSEC は真の変異を除去せずエラーのみを除去できるため、真のがん化変異が除去され正しい治療が行われなくなるリスクは非常に低い。FFPE 検体のクリニカルシーケンスにおいて MicroSEC は信頼性の向上に大きく寄与できると考えており、将来的には MicroSEC をがん遺伝子パネル検査に組み込むことを目指す。本研究課題の目的は、MicroSEC を用いてがんゲノム情報管理センター に集積されている約 2 万症例の実際の患者から検出された変異情報を解析し、患者に報告された変異のうちエラーが占める割合およびパネルの信頼性を明らかにし、ビッグデータを用いた機械学習に基づく新規シーケンスエラー予測アルゴリズムを開発することである。

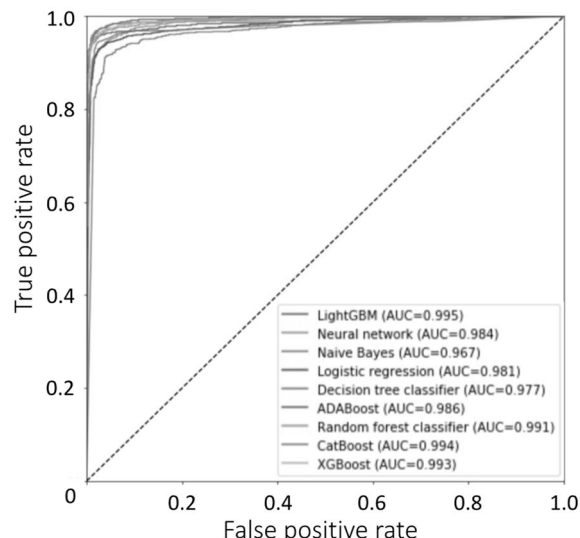


図 2：各種機械学習で作成した MANO artifact predictor の FFPE 予測精度。

3. 研究の方法

(1) C-CAT から全症例の BAM ファイルと変異リストを入手し容量を圧縮する

2 万症例の BAM ファイルは計 200T バイトと大容量である。MicroSEC は 変異周辺の配列情報しか使用しないため、1 症例当たり平均 2M バイト、計 40GB まで削減して解析に用いる。申請者が既に保有している計 30 コア、保存容量 20T バイトの解析系では、データの C-CAT からの輸送とデータ量の削減を 15 回ほど繰り返す必要があり、約 4 ヶ月を要する見込みである。まず補助金を用いて十分な容量の保存媒体を購入する。

(2) 全ての変異について MicroSEC を用いてエラーかどうか判定する

MicroSEC はメモリの使用量が少なく、CPU コア数を全て活用した並列処理が可能である。単一プロセスで処理した場合 CPU 時間で約 40 万分=280 日を要するが、並列処理により約 1 ヶ月程度で解析が終了する見込みである。2 の作業は 1 の作業が終了したデータに対して随時 実施していく。これにより各変異がエラーかどうかと、全変異におけるエラーの割合が明らかになる。この並列処理のため、解析用 PC(アップル社製)を複数購入する。

(3) 変異の病的意義に注目してエラーの臨床への実害とパネル検査の信頼性を評価する

発がんに関与する、あるいは分子標的治療薬のターゲットとなると判断された変異が実はエラーであると誤った治療が行われてしまうが、病的意義がない変異がエラーと判定されても診療に影響はない。実際にエラーに基づいて治療が行われてしまった症例がどの程度存在したのか、パネル検査の種類、がん腫、施設のの違いに着目して検討する。さらに、臨床経過への影響がどの程度であったか、各症例の病歴を詳細に検討する。ここまでする 2022 年度に行う。

(4) エラーと判定された変異のリストを公開する

本研究で得られる「エラーの可能性があると判断された変異」のリストを公表する。今後のがん遺伝子パネル検査で検出された変異は、このリストと比較参照することでエラーに基づく診療を行ってしまうリスクを低減できるようになる。

(5) MicroSEC の結果を再現する簡便なアルゴリズムを機械学習を用いて作成し公開する

既に申請者は東大オンコパネルのデータに基づき、BAM ファイルを用いることなく MicroSEC の結果を再現できるアルゴリズムを作成している。C-CAT のデータは多くのがん腫、各施設で異なる FFPE 処理方法、複数のがん遺伝子パネルから得られた多彩なものであり、このビッグデータに基づいて機械学習に使用する特徴量やハイパーパラメタの再検討を行い、バイアスの少ない汎用性の高い予測アルゴリズムを完成させる。さらにスマートフォンから変異を入力するだけで即時に変異がエラーかどうか判定できるようにアルゴリズムを公開する。個々までする 2023 年度に行う。

4. 研究成果

(1) MANO Artifact predictor の開発と AACR project GENIE への適用

日本では C-CAT にゲノム情報が集約されるが、米国では AACR project GENIE が同様の役割を担い、患者から検出された変異情報を公開している(ただし詳細な配列情報や BAM ファイルの公

開はされていない)。東大オンコパネルにみられる FFPE アーチファクトの情報をを用い、最も成績の良かった LightGBM による機械学習を行い配列情報なしにアーチファクトを予測するアルゴリズムを作成した。日本で臨床応用されているパネル検査はいずれもがん遺伝子領域を hybridization 法により濃縮しているが、米国の AACR Project GENIE に含まれるパネル検査の多くは関心領域を PCR で増幅して濃縮していた。FFPE アーチファクトは PCR 法では生じないことから、AACR project GENIE 全体ではアーチファクトの割合は 0.09%であった。詳細にみていくと、PCR 法ではなく hybridization 法を用いている UCSF パネルでは 0.86%と相対的に高頻度であった。TOP パネルでのアーチファクト率が 16.6%であったのに対し全体にかなり低い数値であったが、これは TOP パネルでは解析パイプラインがコールしフィルタを通過した全ての変異に対するエラーの割合、Project GENIE では変異の配列情報を専門家が目視確認し確実に真の変異と考え患者に報告した変異のうちのエラーの割合であるという相違に由来すると考えた。結果は 2022 年の AACR のシンポジウムで公表しており、今後 C-CAT のデータを用いた精度向上を経て公開する予定である。

(2) NCC オンコパネルにおける FFPE アーチファクトの現状の解明

我々が開発した FFPE 由来エラー検出アルゴリズムである MicroSEC を利用して、日本で行われたがんゲノム検査における FFPE 由来のエラーの実情をあきらかにするためには、アルゴリズムがパネルの種類によらず有効であることを示す必要があった。その前段階として国立がん研究センターで NCC オンコパネルの開発に際して行われた論文発表 (Sunami K, et al. *Cancer Sci*, 2019) の生データを用いて解析を行った。解析パイプラインがコールしフィルタを追加した 4022 変異について、MicroSEC は 1653 変異 (41.1%) をアーチファクトとして検出した。さらに、目視確認のうえで病的変異として論文に記載された 284 変異のうち、MicroSEC は 3 変異 (2 つのユニークな変異) をアーチファクトとして推定し、その他の変異は全て真の変異とコールした。これらの変異はアーチファクトであると報告のある *CHEK2* K373E 変異 (Imielinski M, et al. *Cell*, 2012) および *GNAQ* Y101* 変異 (Lim JQ, et al. *Nat Commun*, 2022) であり、本アルゴリズムの正確性が明らかとなった。

(3) C-CAT 利活用クラウド使用の準備

当初は 2022 年中に C-CAT の BAM ファイルを含めた情報が使用開始になる見込みであったが、2024 年に開始がずれ込んでしまった。使用申請は終了しており、今後 MicroSEC を用いた日本における FFPE アーチファクトの現状を明らかにしていく予定としている。また解析に必要な機器およびアルゴリズムの準備はできており、科研費としての研究期間の終了後も引き続き予定していた研究を遂行している。

(4) C-CAT 利活用データを用いた生存期間解析手法の開発

本研究の準備過程において C-CAT に登録されている患者の臨床情報と遺伝子変異プロファイルの調査を行ったところ、「左側切断」という現象によるバイアスから生存期間解析が困難であることがわかった。これは、患者が発症してからがん遺伝子パネル検査を受けるまでタイムラグがあり、一定程度生存できた予後の良い患者のみがデータとして登録される「左側切断」があるデータに対し、通常の Kaplan-Meier estimator を用いた生存期間解析を行うと過度に予後が良く見えてしまう問題があるものの、適切な補正手法がなくせっかくのビッグデータが活用できていない状況であった。そこで、ベイズ推定とモンテカルロ法を用いてバイアスを補正し適切な生存期間を推定する手法を開発した (図 4、Tamura T, et al., *Cancer Sci*, 2022)。本手法を活用し、膵がんの 1st-line 治療とされる nab-paclitaxel+Gemcitabine と FOLFIRINOX とでは生存期間に差がないこと、大腸癌において BRAF や MYC にかん化変異がある症例ではない症例と比較して 4-5 ヶ月程度全生存期間が短いことなどを示した。

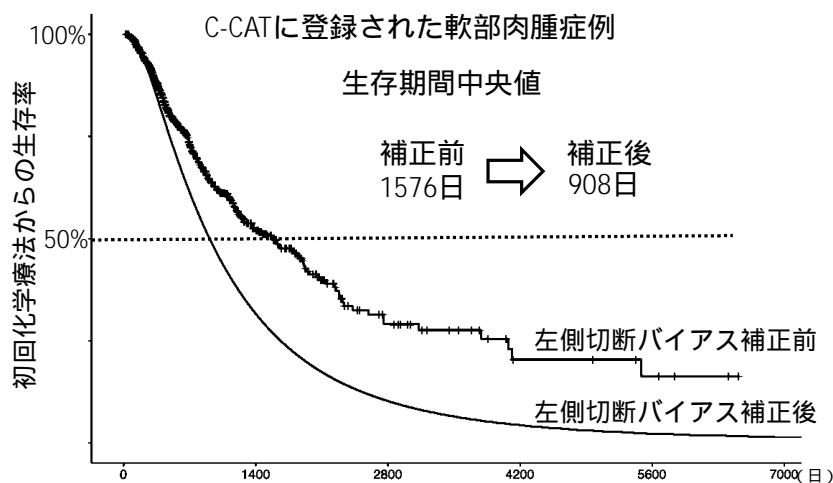


図 4 : 左側切断のバイアスを補正しないと、適切な補正を行った場合と比較して生存期間中央値が 2 年近く過剰に評価されてしまう。

(5) 希少癌である軟部肉腫におけるがん遺伝子パネル検査の有用性の向上

更に C-CAT のデータを精査すると、一般人口における発生頻度と比較して希少癌の症例が多く登録されていることが分かった。これは頻度の多い腫瘍ほど製薬会社にインセンティブが働き治療法が多く開発される一方、希少癌では標準治療が存在しない疾患が多数であることを反映していると考えた。一方、がん遺伝子パネル検査後に遺伝子変異にマッチした治療を受けられた割合も希少癌では低くなっており、これも希少癌を対象とした新薬の開発が進んでいないことを反映していると考えた。希少癌に対するがん遺伝子パネル検査の有用性を向上させるためには既存薬の活用が重要であることから、C-CAT のデータに含まれる遺伝子変異と治療薬の奏効性の情報を活用し、遺伝子変異プロファイルと薬剤奏効性に関連があることを示し、遺伝子変異にマッチした分子標的治療薬が存在しなくとも既存薬の活用につながる道を提示した(図 5、Mochizuki T, et al., *Cancer Sci*, 2023)。今後は軟部肉腫以外の希少癌に対しても同様の検討を行い臨床への還元を行っていく予定である。

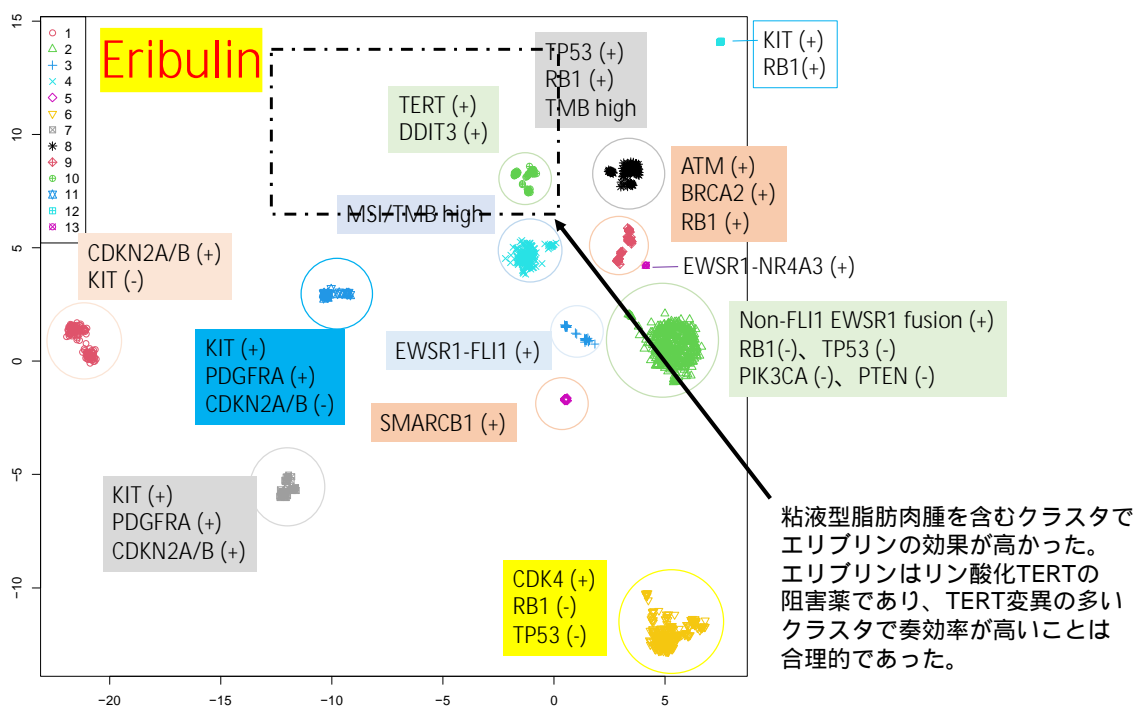


図 5 : 各症例のがん化変異を用いた UMAP による特徴量抽出とクラスタリングを行ったところ、組織型よりも鋭敏に薬剤奏効性を予測することができた。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計12件（うち査読付論文 9件 / うち国際共著 0件 / うちオープンアクセス 11件）

1. 著者名 小倉浩一、池上政周、川井章	4. 巻 51(3)
2. 論文標題 骨軟部腫瘍の遺伝子解析とそのClinical Relevance	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 癌と化学療法	6. 最初と最後の頁 259-262
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 無
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 Kobayashi Hiroshi, Okajima Koichi, Zhang Liuzhe, Hirai Toshihide, Ishibashi Yuki, Tsuda Yusuke, Ikegami Masachika, Kawai Akira, Tanaka Sakae	4. 巻 54
2. 論文標題 Prognostic factors and treatment outcomes in patients with pleomorphic rhabdomyosarcoma: a population-based cohort study	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Japanese Journal of Clinical Oncology	6. 最初と最後の頁 471 ~ 478
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/jjco/hyad188	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 Mochizuki Takao, Ikegami Masachika, Akiyama Toru	4. 巻 115
2. 論文標題 Factors predictive of second line chemotherapy in soft tissue sarcoma: An analysis of the National Genomic Profiling Database	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Cancer Science	6. 最初と最後の頁 575 ~ 588
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/cas.16050	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 Ikegami Masachika	4. 巻 53
2. 論文標題 Letter to the editor: left-truncation bias should be considered in prognostic analysis using National Genomic Profiling Database	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Japanese Journal of Clinical Oncology	6. 最初と最後の頁 1091 ~ 1091
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/jjco/hyad098	査読の有無 無
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 Senga Kazunori, Ikegami Masachika, Koiwa Sora, Takamiya Akihiro, Motoi Toru	4. 巻 11
2. 論文標題 Calcified deep somatic soft tissue leiomyoma of the leg: A case report	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 SAGE Open Medical Case Reports	6. 最初と最後の頁 1-5
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1177/2050313X231197529	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 Motoi Toru, Hirata Makoto, Kukita Yoji, Satomi Kaishi, Tamura Hiromi, Adachi Shiro, Matsushita Yuko, Horiguchi Shin-ichiro, Hishima Tsunekazu, Ikegami Masachika, Okuma Tomotake, Tao Kayoko, Arakawa Ayumu, Ogawa Chitose, Matsuda Koichi, Ichimura Koichi, Nakamura Harumi, Mori Taisuke, Yoshida Akihiko	4. 巻 36
2. 論文標題 KDM2B-Rearranged Soft Tissue Sarcomas Expand the Concept of BCOR-Associated Sarcoma	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Modern Pathology	6. 最初と最後の頁 100317 ~ 100317
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.modpat.2023.100317	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 Hirose Takeshi, Ikegami Masachika, Kojima Shinya, Yoshida Akihiko, Endo Makoto, Shimada Eijiro, Kanahori Masaya, Oyama Ryunosuke, Matsumoto Yoshihiro, Nakashima Yasuharu, Kawai Akira, Mano Hiroyuki, Kohsaka Shinji	4. 巻 114
2. 論文標題 Extensive analysis of 59 sarcoma related fusion genes identified pazopanib as a potential inhibitor to <i>COL1A1 PDGFB</i> fusion gene	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Cancer Science	6. 最初と最後の頁 4089 ~ 4100
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/cas.15915	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 Otani Ryohei, Ikegami Masachika, Yamada Ryoji, Yajima Hirohisa, Kawamura Shinji, Shimizu Sakura, Tanaka Shota, Takayanagi Shunsaku, Takami Hirokazu, Yamaguchi Tatsuro	4. 巻 164
2. 論文標題 PTPN11 variant may be a prognostic indicator of IDH-wildtype glioblastoma in a comprehensive genomic profiling cohort	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Journal of Neuro-Oncology	6. 最初と最後の頁 221 ~ 229
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s11060-023-04411-6	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 -

1. 著者名 Kobayashi Hiroshi, Zhang Liuzhe, Okajima Koichi, Ishibashi Yuki, Hirai Toshihide, Tsuda Yusuke, Ikegami Masachika, Kage Hidenori, Shinozaki Ushiku Aya, Oda Katsutoshi, Tanaka Sakae	4. 巻 62
2. 論文標題 <sc><i>BRAF</i></sc> mutations and concurrent alterations in patients with soft tissue sarcoma	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Genes, Chromosomes and Cancer	6. 最初と最後の頁 648 ~ 654
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1002/gcc.23182	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 Ikegami Masachika	4. 巻 114
2. 論文標題 Prognostic benefit of comprehensive genomic profiling in clinical practice remains uncertain	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Cancer Science	6. 最初と最後の頁 3053 ~ 3055
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/cas.15826	査読の有無 無
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 Yamazawa Kazuki, Ikegami Masachika, et. al.	4. 巻 114
2. 論文標題 The pathogenic role of the <i>BRCA2</i> c.<sc>7847C</sc>>T (p.Ser2616Phe) variant in breast and ovarian cancer predisposition	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Cancer Science	6. 最初と最後の頁 2993 ~ 3002
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/cas.15799	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 Tamura Taichi, Ikegami Masachika, Kanemasa Yusuke, Yomota Makiko, Furusawa Akiko, Otani Ryohei, Saita Chiaki, Yonese Ichiro, Onishi Tomoko, Kobayashi Hiroshi, Akiyama Toru, Shimoyama Tatsu, Aruga Tomoyuki, Yamaguchi Tatsuro	4. 巻 114
2. 論文標題 Selection bias due to delayed comprehensive genomic profiling in Japan	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Cancer Science	6. 最初と最後の頁 1015 ~ 1025
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/cas.15651	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5件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 1件）

1. 発表者名 池上政周
2. 発表標題 Validation of pathogenic germline variant presuming method by Kosugi with tumor-normal pair cancer panel
3. 学会等名 第82回日本癌学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 池上政周
2. 発表標題 Extensive analysis of 59 sarcoma-related fusion genes identified pazopanib as a potential inhibitor to COL1A1- PDGFB fusion gene
3. 学会等名 第21回日本臨床腫瘍学会学術集会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 池上政周
2. 発表標題 C-CAT利活用情報に基づく 軟部肉腫の2nd-line chemotherapyの奏効因子の検討
3. 学会等名 第56回日本整形外科学会骨・軟部腫瘍学術集会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 池上政周
2. 発表標題 コンパニオン診断以外での包括的がんゲノムプロファイリングの活用 軟部肉腫の薬剤選択
3. 学会等名 第21回日本臨床腫瘍学会学術集会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 Masachika Ikegami
2. 発表標題 MicroSEC: Sequence error filtering pipeline for formalin-fixed and paraffin-embedded samples
3. 学会等名 AACR Annual Meeting 2022 (国際学会)
4. 発表年 2022年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

MicroSEC website https://github.com/MANO-B/MicroSEC

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
---------	---------