
がんシステムの新次元俯瞰と攻略

領域番号：4701

平成 27 年度～令和元年度
科学研究費助成事業（科学研究費補助金）
（新学術領域研究（研究領域提案型））
研究成果報告書

令和 4 年 6 月 30 日

領域代表者 宮野 悟
東京大学・医科学研究所・教授

目 次

研究組織

1. はしがき	1
2. 研究組織	2
3. 交付決定額	7
4. 研究発表	8
雑誌論文	8
学会発表	92
図書	103
5. 研究成果	107
【研究領域の目的及び概要】	107
【研究目的の達成度及び主な成果】	110
【研究組織の連携体制】	120
【当該学問分野及び関連学問分野への貢献の状況】	125
【若手研究者の育成に関する取組実績】	126
【アウトリーチ活動】	128
【受賞】	130
6. 中間評価・事後評価の結果および所見	131

1. はしがき

本領域の前の新学術領域「システムの統合理解に基づくがんの先端的診断、治療、予防法の開発」（領域番号：4201、略称：システムがん、期間：2010年度～2014年度）は、がんオミクス研究にスーパーコンピュータを駆使した数理/統計モデリングやデータ解析の手法を融合させることで、がん研究を大きく加速し、規模を拡大し、スプライシング異常ががんの原因となっているという発見をはじめ、がん研究の歴史に刻まれる画期的成果を出した(Yoshida K, et al. Frequent pathway mutations of splicing machinery in myelodysplasia. *Nature*. 2011. 478(7367):64-69)。しかし、次世代シーケンサー等の急速な発展と共に、同種類のがん検体だけでなく、一人の患者の同じがん組織内においても想像を超えたがんの多様性が見いだされ、がんのシステム異常の複雑さの本態が見えてくるにつれ、がんの発生、進展過程、診断、予防、治療戦略などについて、従来の考えを変え、本領域の提案となった。具体的に、「システムがん」の実りが突きつけた課題は次のものであった。

1. 遺伝子産物（蛋白）異常を生じるエクソン領域（ゲノムの2%弱）の変異のカタログ化の遂行
2. 診断は同じでも二つとして同じがんは無く、各々の中に存在する高度な時間的・空間的多様性の描出
3. 転移能・治療抵抗性獲得をもたらす、がんゲノムの複雑極まりない進化（選択と適応）の描出
4. タンパク質を規定しないノンコーディング RNA の重要性（ゲノム領域の70%以上から転写され機能未知）
5. 個体内に存在するキメリズムによる多層的な遺伝学的多様性と、発がんとの関連性
6. がんのゲノム解析の想像を超える急激な進歩が迫る、社会倫理的な視点との融合と整合

これらの課題への挑戦の道筋は、「システムがん」の戦略に加え、まずがんのシステム統御からの逸脱をもっと俯瞰的に解析し、そして因縁の局所へ自在にシャトルして解明する研究を実現することが重要と考えた。そのため、通常 of 自然言語処理や機械学習・推論などの人工知能技術に加え、説明可能 AI と呼ばれる人工知能技術を開発・導入することが不可欠となった。同時にがんの基礎研究による新発見により不都合な事実直面する未遭遇の社会が登場し始めた。つまりがん研究と倫理的、法的、社会的課題 (ELSI) は両輪をなして進むことが必要であるとの強い認識のもとで本領域は研究を開始した。単に「システムがん」を深化させるというよりも、がんの起源と多様性という渾沌に目口を空けるべく、数理とスパコンというシステムがんの手法に加え人工知能技術によるチャレンジや ELSI という社会学的軸を立てた、まさに新次元的研究を展開していった。容易ではないが、人材の養成が未来に向かって不可欠であるという共通の認識で総括班を運営してきた。

2. 研究組織

計画研究

領域代表者 宮野 悟 東京大学・医科学研究所・教授

総括班

研究代表者 宮野 悟 東京大学・医科学研究所・教授

研究分担者 稲澤 譲治 東京医科歯科大学・難治疾患研究所・教授

研究分担者 小川 誠司 京都大学・医学研究科・教授

研究分担者 高橋 隆 愛知県がんセンター(研究所)・総長

研究分担者 岡田 随象 大阪大学・医学研究科・教授

研究分担者 武藤 香織 東京大学・医科学研究所・教授

国際活動支援班

研究代表者 宮野 悟 東京医科歯科大学・M&D データ科学センター・特任教授

計画班

A01-1 班

研究課題名 がん細胞文脈のシステムの統合理解による新たながん診断・治療概念の確立

研究代表者 稲澤 譲治 東京医科歯科大学・難治疾患研究所・教授

研究分担者 井上 純 東京医科歯科大学・難治疾患研究所・准教授

研究分担者 谷本 幸介 東京医科歯科大学・難治疾患研究所・助教

研究分担者 玄 泰行 東京医科歯科大学・難治疾患研究所・助教

研究分担者 村松 智輝 東京医科歯科大学・難治疾患研究所・助教

A01-2 班

研究課題名 大規模シーケンスとコンピューティングによるがんの進化と多様性の解明

研究代表者 小川 誠司 京都大学・医学研究科・教授

研究分担者 佐藤 悠佑 東京大学・医学部附属病院・講師

研究分担者 牧島 秀樹 京都大学・医学研究科・准教授

研究分担者 南谷 泰仁 京都大学・医学研究科・特定准教授

研究分担者 江藤 浩之 京都大学・iPS 細胞研究所・教授

A01-3 班

研究課題名 肺がんの分子病態をノンコーディング RNA から俯瞰するシステムの統合研究

研究代表者 高橋 隆 愛知県がんセンター(研究所)・総長

	研究分担者	梶野 泰祐	愛知県がんセンター(研究所)・分子診断 TR 分野・主任研究員
	研究分担者	細野 祥之	愛知県がんセンター(研究所)・がん標的治療 TR 分野・ユニット長
	研究分担者	中枿 昌弘	名古屋大学・医学部附属病院・病院講師
	研究分担者	柳澤 聖	名古屋大学・医学系研究科・講師
	研究分担者	長田 啓隆	愛知県がんセンター(研究所)・分子腫瘍・室長
A2-01 班	研究課題名	遺伝統計学とビッグデータの邂逅がもたらす新たながんゲノム創薬	
	研究代表者	岡田 随象	大阪大学・医学研究科・教授
	研究分担者	鎌谷 洋一郎	京都大学・医学研究科・准教授
	研究分担者	浦山 ケビン	国立研究開発法人国立成育医療研究センター・社会医学研究部・部長
	研究分担者	川上 英良	国立研究開発法人理化学研究所・科技ハブ産連本部・ユニットリーダー
	研究分担者	藤本 明洋	京都大学・医学研究科・特定准教授
A02-2 班	研究課題名	スーパーコンピューティングと革新的情報技術によるがんシステムの新次元探索	
	研究代表者	宮野 悟	東京大学・医科学研究所・教授
	研究分担者	島村 徹平	名古屋大学・医学系研究科・教授
	研究分担者	白石 友一	国立研究開発法人国立がん研究センター・研究所・ユニット長
	研究分担者	Park, Heewon	広島大学・情報科学科・准教授
	研究分担者	山口 類	愛知県がんセンター(研究所)・システム解析学分野・分野長
	研究分担者	新井田 厚司	東京大学・医科学研究所・講師
	研究分担者	片山 琴絵	東京大学・医科学研究所・助教
	研究分担者	張 耀中	東京大学・医科学研究所・助教
	研究分担者	井元 清哉	東京大学・医科学研究所・教授
	研究分担者	玉田 嘉紀	東京大学・情報理工学(系)研究科・助教
A02-3 班	研究課題名	ゲノム解析の革新に対応した患者中心主義 ELSI の構築	
	研究代表者	武藤 香織	東京大学・医科学研究所・教授
	研究分担者	丸 祐一	鳥取大学・地域学部・准教授

研究分担者	高島 響子	国立研究開発法人国立国際医療研究センター・上級研究員
研究分担者	井上 悠輔	東京大学・医科学研究所・准教授
研究分担者	東島 仁	山口大学・国際総合科学部・准教授
研究分担者	中田 はる佳	国立研究開発法人国立がん研究センター・社会と健康研究センター・研究員

公募研究第1期

A01-1	研究課題名	p53 制御経路の網羅的解析による腫瘍細胞の特性の解明と治療法の開発
	研究代表者	松田 浩一 東京大学・大学院新領域創成科学研究科・教授
A01-2	研究課題名	腫瘍微小環境の新次元俯瞰と攻略
	研究代表者	大澤 毅 東京大学・先端科学研究センター・特任准教授
A01-3	研究課題名	システムの統合理解に基づく乳がん術前化学療法の応答性予測
	研究代表者	三木 義男 東京医科歯科大学・難治疾患研究所・教授
A01-4	研究課題名	多段階発癌に於ける低酸素応答機構と癌抑制遺伝子のクロストークに迫るオミクス解析
	研究代表者	原田 浩 京都大学・放射線生物研究センター・教授
A01-5	研究課題名	新たなエストロゲン依存性乳癌の多段階発癌機構のシステムの統合理解
	研究代表者	片桐 豊雅 徳島大学・先端酵素学研究所・教授
A01-6	研究課題名	大腸がんの遺伝学的不均一性発生様式の生体時空間にわたるシステムの統合理解
	研究代表者	三森 功士 九州大学・大学病院・教授
A01-7	研究課題名	クロマチン構造変化が引き起こすがん化メカニズムの解明
	研究代表者	前原 一満 九州大学・生体防御医学研究所・助教
A01-8	研究課題名	薬剤耐性癌細胞の多様性に対応する至適分子標的薬選定プロセスの体系化
	研究代表者	西塚 哲 岩手医科大学・医学部・教授
A01-9	研究課題名	組織と病期分類を規定する腫瘍エピゲノムへの介入によるシステム理解
	研究代表者	永瀬 浩喜 千葉県がんセンター・研究所・研究所長
A01-10	研究課題名	新しい組織分取法を用いたがんゲノム進化の探索とそれに基づく臨床病態予測の可能性

	研究代表者	谷内田 真一 国立がん研究センター・研究所・ユニット長
A01-11	研究課題名	個体モデルを用いた大規模シングルセル解析によるがん組織の要素還元論的な理解
	研究代表者	岡本 康司 国立がん研究センター・研究所・分野長
A02-1	研究課題名	粘膜上皮恒常性維持の破たんによる腫瘍発生機序のシステム的理解
	研究代表者	古川 洋一 東京大学・医科学研究所・教授
A02-2	研究課題名	がんの多様性を多角的に捉えて解析するためのオブジェクト指向型データ解析法の構築
	研究代表者	松井 佑介 名古屋大学・医学系研究科・特任助教
A02-3	研究課題名	Cクラス・Mクラスシグネチャーを統合したECM分類によるがん分子病態の解明
	研究代表者	富田 秀太 岡山大学・医歯薬学総合研究科・准教授
A02-4	研究課題名	ナノポアシーケンサーによるがん細胞の変異検出およびフェーズ情報解析手法の確立
	研究代表者	鈴木 絢子 国立がん研究センター・先端医療開発センター・研究員
A02-5	研究課題名	難治性肺がんに対する術後再発リスクや治療応答性に関わるHLAアレルの同定
	研究代表者	白石 航也 国立がん研究センター・研究所・ユニット長

公募研究第2期

A01-1	研究課題名	加齢の細胞文脈におけるがんの発生基盤となる染色体構造および動態の解明
	研究代表者	田中 耕三 東北大学・加齢医学研究所・教授
A01-2	研究課題名	がん微小環境における『細胞文脈と行間』の俯瞰的解読と攻略
	研究代表者	大澤 毅 東京大学・先端科学技術研究センター・特任准教授
A01-3	研究課題名	MLL-Menin-BRCA2 複合体によるがん抑制機能ネットワークの解析
	研究代表者	三木 義男 東京医科歯科大学・難治疾患研究所・教授
A01-4	研究課題名	ノンコーディングRNAから翻訳される癌関連ポリペプチドの網羅的同定
	研究代表者	松本 有樹修 九州大学・生体防御医学研究所・准教授
A01-5	研究課題名	トランスオミクス解析によるがん悪性進展機構の解明

- 研究代表者 押川 清孝 九州大学・生体防御医学研究所・学術研究員
- A01-6 研究課題名 クロマチン組成変化が引き起こすがん化メカニズムの解明
- 研究代表者 前原 一満 九州大学・生体防御医学研究所・助教
- A01-7 研究課題名 シングルセルレベルの腫瘍内不均一性をターゲットとする革新的な創薬研究
- 研究代表者 田中 伸之 慶應義塾大学・医学部(信濃町)・助教
- A01-8 研究課題名 成人 T 細胞白血病リンパ腫におけるノンコーディングゲノム異常の解明
- 研究代表者 片岡 圭亮 国立がん研究センター・研究所・分野長
- A01-9 研究課題名 データ同化及び深層学習を利用した発癌予測モデルの構築と実装
- 研究代表者 西浦 博 北海道大学・医学研究院・教授
- A02-1 研究課題名 がんシステムの新次元理解に向けたプロテオゲノムビッグデータ解析基盤の構築
- 研究代表者 松井 佑介 名古屋大学・医学系研究科(保健)・准教授
- A02-2 研究課題名 がんの統合的解明を目指した生体情報の階層的ネットワーク構造に対する深層学習の応用
- 研究代表者 浜本 隆二 国立がん研究センター・研究所・分野長
- A-2-3 研究課題名 BRCA 関連遺伝子の変異による乳がんの発がん機構の解明
- 研究代表者 笹沼 博之 都大学・医学研究科・准教授

3. 交付決定額

年度	合計	直接経費	間接経費
平成 27 年度	300,430,000 円	231,100,000 円	69,330,000 円
平成 28 年度	298,220,000 円	229,400,000 円	68,820,000 円
平成 29 年度	298,740,000 円	229,800,000 円	68,940,000 円
平成 30 年度	297,830,000 円	229,100,000 円	68,730,000 円
令和元年度	297,180,000 円	228,600,000 円	68,580,000 円
合計	1,492,400,000 円	1,148,000,000 円	344,400,000 円

4. 研究発表

年	論文数
2015年	37
2016年	107
2017年	172
2018年	130
2019年	166
2020年以降	175
総数	787

雑誌論文

ジャーナル論文発表数

Impact Factor の大きいジャーナル掲載数。色つきにしています。

	論文数	大体の IF
New England of Medicine	4	74
Nature Reviews Cancer	1	53
Nature	12	42
Science	1	40
Nature Medicine	6	36
Nature Biotechnology	1	36
Cancer Discovery	2	29
Cancer Cell	3	26
Nature Genetics	28	25

英語論文はすべて査読あり。太文字は計画/公募研究の代表者/分担者。

【2022】

1. Takeuchi Y, Yoshida K, Halik A, Kunitz A, Suzuki H, Kakiuchi N, Shiozawa Y, Yokoyama A, Inoue Y, Hirano T, Yoshizato T, Aoki K, Fujii Y, **Nannya Y**, **Makishima H**, Pfitzner BM, Bullinger L, Hirata M, Jinnouchi K, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, Okamoto T, Haga H, **Ogawa S**, Damm F. The landscape of genetic aberrations in myxofibrosarcoma. *Int J Cancer*. 2022 Aug 15;151(4):565-577. doi: 10.1002/ijc.34051. Epub 2022 May 13.
2. Li X, Shong K, Kim W, Yuan M, Yang H, **Sato Y**, Kume H, **Ogawa S**, Turkez H, Shoaie S, Boren J, Nielsen J, Uhlen M, Zhang C, Mardinoglu A. Prediction of drug candidates for clear cell renal cell carcinoma using a systems biology-based drug repositioning approach. *EBioMedicine*. 2022 Apr;78:103963. doi: 10.1016/j.ebiom.2022.103963. Epub 2022 Mar 25.
3. Guzzi N, Muthukumar S, Todisco G, Ngoc PCT, Madej M, Munita R, Fazio S, Ekstrm S, Mortera-Blanco T, Jansson M, **Nannya Y**, Cazzola M, **Ogawa S**, Malcovati L, Hellstroem-Lindberg E, Dimitriou M, Bellodi C. Pseudouridine-modified tRNA fragments repress aberrant protein synthesis and predict leukaemic progression in myelodysplastic syndrome. *Nat Cell Biol*. 2022 Mar;24(3):299-306. doi: 10.1038/s41556-022-00852-9. Epub 2022 Mar 15.

4. Chin DWL, Yoshizato T, Viriding Culleton S, Grasso F, Barbachowska M, **Ogawa S**, Jacobsen SEW, Woll PS. Aged healthy mice acquire clonal hematopoiesis mutations. *Blood*. 2022 Jan 27;139(4):629-634. doi: 10.1182/blood.2021014235.
5. Todisco G, Creignou M, Guglielmelli P, Rumi E, Roncador M, Rizzo E, **Nannya Y**, Pietra D, Elena C, Bono E, Molteni E, Rosti V, Catrical S, Sarchi M, Dimitriou M, Ungerstedt J, Vannucchi AM, Hellstroem-Lindberg E, **Ogawa S**, Cazzola M, Malcovati L. Co-mutation pattern, clonal hierarchy, and clone size concur to determine disease phenotype of SRSF2P95-mutated neoplasms. *Leukemia*. 2021 Aug;35(8):2371-2381. doi: 10.1038/s41375-020-01106-z. Epub 2020 Dec 21.
6. Fujii Y, **Sato Y**, Suzuki H, Kakiuchi N, Yoshizato T, Lenis AT, Maekawa S, Yokoyama A, Takeuchi Y, Inoue Y, Ochi Y, Shiozawa Y, Aoki K, Yoshida K, **Kataoka K**, Nakagawa MM, **Nannya Y**, **Makishima H**, Miyakawa J, Kawai T, Morikawa T, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Nagae G, Sanada M, Sugihara E, Sato TA, Nakagawa T, Fukayama M, Ushiku T, Aburatani H, **Miyano S**, Coleman JA, Homma Y, Solit DB, Kume H, **Ogawa S**. Molecular classification and diagnostics of upper urinary tract urothelial carcinoma. *Cancer Cell*. 2021 Jun 14;39(6):793-809.e8. doi: 10.1016/j.ccell.2021.05.008.
7. Li X, Kim W, Juszcak K, Arif M, **Sato Y**, Kume H, **Ogawa S**, Turkez H, Boren J, Nielsen J, Uhlen M, Zhang C, Mardinoglu A. Stratification of patients with clear cell renal cell carcinoma to facilitate drug repositioning. *iScience*. 2021 Jun 12;24(7):102722. doi: 10.1016/j.isci.2021.102722. eCollection 2021 Jul 23.
8. Asimomitis G, Deslauriers AG, Kotini AG, Bernard E, Esposito D, Olszewska M, Spyrou N, Arango Ossa J, Mortera-Blanco T, Koche R, **Nannya Y**, Malcovati L, **Ogawa S**, Cazzola M, Aaronson SA, Hellstrm-Lindberg E, Papaemmanuil E, Papapetrou EP. Patient-specific MDS-RS iPSCs define the mis-spliced transcript repertoire and chromatin landscape of *SF3B1*-mutant HSPCs. *Blood Adv*. 2022 May 24;6(10):2992-3005. doi: 10.1182/bloodadvances.2021006325.

【2021】

1. Atkinson EG, Maihofer AX, Kanai M, Martin AR, Karczewski KJ, Santoro ML, Ulirsch JC, **Kamatani Y**, **Okada Y**, Finucane HK, Koenen KC, Nievergelt CM, Daly MJ, Neale BM. Tractor uses local ancestry to enable the inclusion of admixed individuals in GWAS and to boost power. *Nat Genet*. 53:195-204, 2021
2. Boons E, Nogueira TC, Dierckx T, Menezes SM, Jacquemyn M, Tamir S, Landesman Y, Farré L, Bittencourt A, **Kataoka K**, **Ogawa S**, Snoeck R, Andrei G, Van Weyenbergh J, Daelemans D. XPO1 inhibitors represent a novel therapeutic option in Adult T-cell Leukemia, triggering p53-mediated caspase-dependent apoptosis. *Blood Cancer J*. 11(2):27, 2021
3. **COVID-19 Host Genetics Initiative** (author list: Japan Coronavirus Taskforce Admin Team Lead: Takanori Kanai, **Satoru Miyano**, **Seishi Ogawa**). Mapping the human genetic architecture of COVID-19. *Nature*. 600(7889):472-477, 2021
4. Fujii Y, Sato Y, Suzuki H, Kakiuchi N, Yoshizato Y, Lenis A, Maekawa S, Yokoyama A, Takeuchi Y, Inoue Y, Ochi Y, Shiozawa Y, Aoki K, Yoshida K, **Kataoka K**, Nakagawa M, **Nannya Y**, **Makishima H**, Miyakawa J, Kawai T, Morikawa T, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Nagae G, Sanada M, Sugihara E, Sato S, Nakagawa T, Fukayama M, Ushiku T, Aburatani H, **Miyano S**, Coleman J, Homma Y, Solit D, Kume H, **Ogawa S**. Molecular classification and diagnostics of

- upper urinary tract urothelial carcinoma. *Cancer Cell*. 39(6):793-809.e8, 2021
5. Fujishima N, Kohmaru J, Koyota S, Kuba K, Saga T, Omokawa A, Moritoki Y, Ueki S, Ishida F, Nakao S, Matsuda A, Ohta A, Tohyama K, Yamasaki H, Usuki K, Nakashima Y, Sato S, Miyazaki Y, **Nannya Y, Ogawa S**, Sawada K, Mitani K, Hirokawa M. Clonal hematopoiesis in adult pure red cell aplasia. *Sci Rep*. 11(1):2253, 2021
 6. Hosokawa K, Mizumaki H, Yoroidaka T, Maruyama H, Imi T, Tsuji N, Urushihara R, Tanabe M, Zaimoku Y, Nguyen MAT, Tran DC, Ishiyama K, Yamazaki H, Katagiri T, Takamatsu H, Hosomichi K, Tajima A, Azuma F, **Ogawa S**, Nakao S. HLA class I allele-lacking leukocytes predict rare clonal evolution to MDS/AML in patients with acquired aplastic anemia. *Blood*. 2021 Mar 22: blood.2020010586. doi:10.1182/blood.2020010586. Epub ahead of print.
 7. Hoyer K, Hablesreiter R, Inoue Y, Yoshida K, Briest F, Christen F, Kakiuchi N, Yoshizato T, Shiozawa Y, **Shiraishi y**, Striefler JK, Bischoff S, Lohneis P, Putter H, Blau O, Keilholz U, Bullinger L, Pelzer U, Hummel M, Riess H, **Ogawa S**, Sinn M, Damm F. A genetically defined signature of responsiveness to erlotinib in early-stage pancreatic cancer patients: Results from the CONKO-005 trial. *EBioMedicine*. 66:103327, 2021
 8. Inoue J, **Inazawa J**. Cancer-associated miRNAs and their therapeutic potential. *J Hum Genet*. 2021 Jun 4. doi: 10.1038/s10038-021-00938-6. Online ahead of print.
 9. Inoue J, Kishikawa M, Hamamoto H, Tsuda H, Asakage T, Nakajima Y, Asakage T, **Inazawa J**. Identification of PDHX as a metabolic target for esophageal squamous cell carcinoma. *Cancer Sci*. 2021 May 8. doi: 10.1111/cas.14938. Online ahead of print.
 10. Ishida Y, Kakiuchi N, Yoshida K, Inoue Y, Irie H, Kataoka TR, Hirata M, Funakoshi T, Matsushita S, Hata H, Uchi H, Yamamoto Y, Fujisawa Y, Fujimura T, Saiki R, Takeuchi K, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Otsuka A, **Miyano S**, Kabashima K, **Ogawa S**. Unbiased Detection of Driver Mutations in Extramammary Paget Disease. *Clin Cancer Res*. 27(6):1756-1765, 2021
 11. Kaburagi T, Yamato G, Shiba N, Yoshida K, Hara Y, Tabuchi K, **Shiraishi y**, Ohki K, Sotomatsu M, Arakawa H, Matsuo H, Shimada A, Taki T, Kiyokawa N, Tomizawa D, Horibe K, **Miyano S**, Taga T, Adachi S, **Ogawa S**, Hayashi Y. Clinical significance of RAS pathway alterations in pediatric acute myeloid leukemia. *Haematologica*. 2021 Mar 18. doi: 10.3324/haematol.2020.269431. Epub ahead of print.
 12. Kakiuchi N, **Ogawa S**. Clonal expansion in non-cancer tissues. *Nat Rev Cancer*. 21(4):239-256, 2021
 13. Kimura S, Sekiguchi M, Watanabe K, Hiwatarai M, Seki M, Yoshida K, Isobe T, Shiozawa Y, Suzuki H, Hoshino N, Hayashi Y, Oka A, **Miyano S, Ogawa S**, Takita J. Association of high-risk neuroblastoma classification based on expression profiles with differentiation and metabolism. *PLoS One*. 16(1):e0245526, 2021
 14. Kishikawa M, Inoue J, Hamamoto H, Kobayashi K, Asakage T, **Inazawa J**. Augmentation of lenvatinib efficacy by topical treatment of miR-634 ointment in anaplastic thyroid cancer. *Biochem Biophys Rep*. 26:101009, 2021
 15. Klimkowska M, **Nannya Y**, Gran C, Månsson R, Douagi I, **Ogawa S**, Nahi H, Tobiasson M. Absence of a common founder mutation in patients with cooccurring myelodysplastic syndrome and plasma cell disorder. *Blood*. 137(9):1260-1263, 2021
 16. Koyamaishi S, Kamio T, Kobayashi A, Sato T, Kudo K, Sasaki S, Kanazaki R, Hasegawa D, Muramatsu H, Takahashi Y, Sasahara Y, Hiramatsu H, Kakuda H, Tanaka M, Ishimura M, Nishi

- M, Ishiguro A, Yabe H, Sarashina T, Yamamoto M, Yuza Y, Hyakuna N, Yoshida K, Kanno H, Ohga S, Ohara A, Kojima S, **Miyano S**, **Ogawa S**, Toki T, Terui K, Ito E. Reduced-intensity conditioning is effective for hematopoietic stem cell transplantation in young pediatric patients with Diamond-Blackfan anemia. *Bone Marrow Transplant*. 56(5):1013-1020, 2021. Erratum in: *Bone Marrow Transplant*. 56(5):1218-1219, 2021
17. Li X, Kim W, Arif M, Gao C, Hober A, Kotol D, Strandberg L, Forsström B, Sivertsson Å, Oksvold P, Turkez H, Grøtli M, Sato Y, Kume H, **Ogawa S**, Boren J, Nielsen J, Uhlen M, Zhang C, Mardinoglu A. Discovery of Functional Alternatively Spliced *PKM* Transcripts in Human Cancers. *Cancers (Basel)*. 13(2):348, 2021
 18. Liu C, Gen Y, Tanimoto K, Muramatsu T, Inoue J, **Inazawa J**. Concurrent targeting of MAP3K3 and BRD4 by miR-3140-3p overcomes acquired resistance to BET inhibitors in neuroblastoma cells. *Molecular Therapy-Nucleic Acids*. 25:83-92, 2021
 19. Lundgren S, Keränen MAI, Kankainen M, Huuhtanen J, Walldin G, Kerr CM, Clemente M, Ebeling F, Rajala H, Brück O, Lähdesmäki H, Hannula S, Hannunen T, Ellonen P, Young NS, **Ogawa S**, Maciejewski JP, Hellström-Lindberg E, Mustjoki S. Somatic mutations in lymphocytes in patients with immune-mediated aplastic anemia. *Leukemia*. 2021 May;35(5):1365-1379, 2021
 20. Mizumaki H, Hosomichi K, Hosokawa K, Yoroidaka T, Imi T, Zaimoku Y, Katagiri T, Anh Thi Nguyen M, Cao Tran D, Ibrahim Yousef Elbadry M, Chonabayashi K, Yoshida Y, Takamatsu H, Ozawa T, Azuma F, Kishi H, Fujii Y, **Ogawa S**, Tajima A, Nakao S. A frequent nonsense mutation in exon 1 across certain HLA-A and -B alleles in leukocytes of patients with acquired aplastic anemia. *Haematologica*. 106(6):1581-1590, 2021
 21. Mu A, Hira A, Niwa A, Osawa M, Yoshida K, Mori M, Okamoto Y, Inoue K, Kondo K, Kanemaki MT, Matsuda T, Ito E, Kojima S, Nakahata T, **Ogawa S**, Tanaka K, Matsuo K, Saito MK, Takata M. Analysis of disease model iPSCs derived from patients with a novel Fanconi anemia-like IBMFS ADH5/ALDH2 deficiency. *Blood*. 137(15):2021-2032, 2021
 22. Murakami K, Yamaguchi Y, Kida Y, Morikawa Y, Ujiie H, Sugahara H, **Nannya Y**, **Ogawa S**, Kanakura Y. Clonal Cytopenia of Undetermined Significance in a Patient with Congenital Wilms' Tumor 1 and Acquired DNMT3A Gene Mutations. *Intern Med*. 2021 May 29. doi: 10.2169/internalmedicine.7571-21. Epub ahead of print.
 23. Naito T, Satake W, Ogawa K, Suzuki K, Hirata J, Foo JN, Tan EK, Toda T, **Okada Y**. Trans-Ethnic Fine-Mapping of the Major Histocompatibility Complex Region Linked to Parkinson's Disease. *Mov Disord*. 2021. doi:10.1002/mds.28583. Online ahead of print.
 24. Naito T, Suzuki K, Hirata J, **Kamatani Y**, Matsuda K, Toda T, **Okada Y**. A deep learning method for HLA imputation and trans-ethnic MHC fine-mapping of type 1 diabetes. *Nat Commun*. 12:1639, 2021
 25. Nakamura F, Arai H, **Nannya Y**, Ichikawa M, Furuichi S, Nagasawa F, Takahashi W, Handa T, Nakamura Y, Tanaka H, Nakamura Y, Sasaki K, **Miyano S**, **Ogawa S**, Mitani K. Development of Philadelphia chromosome-negative acute myeloid leukemia with IDH2 and NPM1 mutations in a patient with chronic myeloid leukemia who showed a major molecular response to tyrosine kinase inhibitor therapy. *Int J Hematol*. 113(6):936-940, 2021
 26. **Niida A**, Mimori K, Shibata T, **Miyano S**. Modeling colorectal cancer evolution. *J Hum Genet*. 2021 May 13. doi: 10.1038/s10038-021-00930-0. Epub ahead of print.
 27. Nikaido M, Kakiuchi N, Miyamoto S, Hirano T, Takeuchi Y, Funakoshi T, Yokoyama A,

- Ogasawara T, Yamamoto Y, Yamada A, Setoyama T, Shimizu T, Kato Y, Uose S, Sakurai T, Minamiguchi S, Obama K, Sakai Y, Muto M, Chiba T, **Ogawa S**, Seno H. Indolent feature of Helicobacter pylori-uninfected intramucosal signet ring cell carcinomas with CDH1 mutations. *Gastric Cancer*. 2021 May 7. doi:10.1007/s10120-021-01191-8. Epub ahead of print.
28. Nishimura A, Hirabayashi S, Hasegawa D, Yoshida K, **Shiraishi y**, Ashiarai M, Hosoya Y, Fujiwara T, Harigae H, **Miyano S**, **Ogawa S**, Manabe A. Acquisition of monosomy 7 and a RUNX1 mutation in Pearson syndrome. *Pediatr Blood Cancer*. 68(2):e28799, 2021
 29. Ochi Y, **Ogawa S**. Chromatin-Spliceosome Mutations in Acute Myeloid Leukemia. *Cancers (Basel)*. 13(6):1232, 2021
 30. Ochi Y, Yoshida K, Huang YJ, Kuo MC, **Nannya Y**, Sasaki K, Mitani K, Hosoya N, Hiramoto N, Ishikawa T, Branford S, Shanmuganathan N, Ohyashiki K, Takahashi N, Takaku T, Tsuchiya S, Kanemura N, Nakamura N, Ueda Y, Yoshihara S, Bera R, Shiozawa Y, Zhao L, Takeda J, Watatani Y, Okuda R, **Makishima H**, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Sanada M, Takaori-Kondo A, **Miyano S**, **Ogawa S**, Shih LY. Clonal evolution and clinical implications of genetic abnormalities in blastic transformation of chronic myeloid leukaemia. *Nat Commun*. 12(1):2833, 2021
 31. Okabe M, Morishita T, Yasuda T, Sakaguchi H, Sanada M, **Kataoka K**, **Ogawa S**, **Shiraishi y**, Ichiki T, Kawaguchi Y, Ohbiki M, Matsumoto R, Osaki M, Goto T, Ozawa Y, Miyamura K. Targeted deep next generation sequencing identifies potential somatic and germline variants for predisposition to familial Burkitt lymphoma. *Eur J Haematol*. 107(1):166-169, 2021
 32. Ono R, Ueno H, Yoshida K, Takahashi S, Yoshihara H, Nozaki T, Suzuki K, Nakazawa A, Saiki R, Seki M, Takita J, **Ogawa S**, Manabe A, Hasegawa D. Clonal evidence for the development of neuroblastoma with extensive copy-neutral loss of heterozygosity arising in a mature teratoma. *Cancer Sci*. 2021 May 2. doi:10.1111/cas.14931. Epub ahead of print. PMID: 33934450.
 33. Pirastu N, Cordioli M, Nandakumar P, Mignogna G, Abdellaoui A, Hollis B, Kanai M, Rajagopal VM, Parolo PDB, Baya N, Carey CE, Karjalainen J, Als TD, Van der Zee MD, Day FR, Ong KK; FinnGen Study; 23andMe Research Team; iPSYCH Consortium, Morisaki T, de Geus E, Bellocco R, **Okada Y**, Børglum AD, Joshi P, Auton A, Hinds D, Neale BM, Walters RK, Nivard MG, Perry JRB, Ganna A. Genetic analyses identify widespread sex-differential participation bias. *Nat Genet*. 53:663-671, 2021
 34. Polprasert C, Takeuchi Y, **Makishima H**, Wudhikarn K, Kakiuchi N, Tangnuntachai N, Assanasen T, Sitthi W, Muhamad H, Lawasut P, Kongkiatkamon S, Bunworasate U, Izutsu K, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, **Ogawa S**, Yoshida K, Rojnuckarin P. Frequent mutations in HLA and related genes in extranodal NK/T cell lymphomas. *Leuk Lymphoma*. 62(1):95-103, 2021
 35. Saiki R, Momozawa Y, **Nannya Y**, Nakagawa M, Ochi Y, Yoshizato T, Terao C, Y. K, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka T, **Niida A**, **Imoto S**, **Matsuda K**, Morisaki T, Murakami M, **Kamatani Y**, Matsuda M, Kubo K, **Miyano S**, **Makishima H**, **Ogawa S**. Combined landscape of single-nucleotide variants and copy-number alterations in clonal hematopoiesis. *Nat Med*. 27(7):1239-1249, 2021
 36. Sakaue S, Kanai M, Tanigawa Y, Karjalainen J, Kurki M, Koshiha S, Narita A, Konuma T, Yamamoto K, Akiyama M, Ishigaki K, Suzuki A, Suzuki K, Obara W, Yamaji K, Takahashi K, Asai S, Takahashi Y, Suzuki T, Shinozaki N, Yamaguchi H, Minami S, Murayama S, Yoshimori

- K, Nagayama S, Obata D, Higashiyama M, Masumoto A, Koretsune Y; FinnGen, Ito K, Terao C, Yamauchi T, Komuro I, Kadowaki T, Tamiya G, Yamamoto M, Nakamura Y, Kubo M, Murakami Y, Yamamoto K, **Kamatani Y**, Palotie A, Rivas MA, Daly MJ, Matsuda K, **Okada Y**. A cross-population atlas of genetic associations for 220 human phenotypes. *Nat Genet.* 53(10):1415-1424, 2021
37. Sakaue S, Yamaguchi E, Inoue Y, Takahashi M, Hirata J, Suzuki K, Ito S, Arai T, Hirose M, Tanino Y, Nikaido T, Ichiwata T, Ohkouchi S, Hirano T, Takada T, Miyawaki S, Dofuku S, Maeda Y, Nii T, Kishikawa T, Ogawa K, Masuda T, Yamamoto K, Sonehara K, Tazawa R, Morimoto K, Takaki M, Konno S, Suzuki M, Tomii K, Nakagawa A, Handa T, Tanizawa K, Ishii H, Ishida M, Kato T, Takeda N, Yokomura K, Matsui T, Watanabe M, Inoue H, Imaizumi K, Goto Y, Kida H, Fujisawa T, Suda T, Yamada T, Satake Y, Ibata H, Hizawa N, Mochizuki H, Kumanogoh A, Matsuda F, Nakata K, Hirota T, Tamari M, **Okada Y**. Genetic determinants of risk in autoimmune pulmonary alveolar proteinosis. *Nat Commun.* 12:1032, 2021
 38. Sakurai M, **Nannya Y**, Yamazaki R, Yamaguchi K, Koda Y, Abe R, Yokoyama K, **Ogawa S**, Mori T. Germline RUNX1 translocation in familial platelet disorder with propensity to myeloid malignancies. *Ann Hematol.* 2021 Jan 18. doi:10.1007/s00277-021-04430-1. Epub ahead of print.
 39. Senda N, Kawaguchi-Sakita N, Kawashima M, Inagaki-Kawata Y, Yoshida K, Takada M, Kataoka M, Torii M, Nishimura T, Kawaguchi K, Suzuki E, Kataoka Y, Matsumoto Y, Yoshibayashi H, Yamagami K, Tsuyuki S, Takahara S, Yamauchi A, Shinkura N, Kato H, Moriguchi Y, Okamura R, Kan N, Suwa H, Sakata S, Mashima S, Yotsumoto F, Tachibana T, Tanaka M, Togashi K, Haga H, Yamada T, Kosugi S, Inamoto T, Sugimoto M, **Ogawa S**, Toi M. Optimization of prediction methods for risk assessment of pathogenic germline variants in the Japanese population. *Cancer Sci.* 2021 May 25. doi: 10.1111/cas.14986. Epub ahead of print.
 40. Shimada K, Yoshida K, Suzuki Y, Iriyama C, Inoue Y, Sanada M, **Kataoka K**, Yuge M, Takagi Y, Kusumoto S, Masaki Y, Ito T, Inagaki Y, Okamoto A, Kuwatsuka Y, Nakatochi M, Shimada S, Miyoshi H, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, Shiozawa Y, **Nannya Y**, Okabe A, Kohno K, Atsuta Y, Ohshima K, Nakamura S, **Ogawa S**, Tomita A, Kiyoi H. Frequent genetic alterations in immune checkpoint-related genes in intravascular large B-cell lymphoma. *Blood.* 137(11):1491-1502, 2021
 41. Sonehara K, **Okada Y**. Obelisc: an identical-by-descent mapping tool based on SNP streak. *Bioinformatics.* 36:5567-5570, 2021
 42. Tamamitsu AM, Nakagama Y, Domoto Y, Yoshida K, **Ogawa S**, Hirono K, Shindo T, Ogawa Y, Nakano K, Asakai H, Hirata Y, Matsui H, Inuzuka R. Poor Myocardial Compaction in a Patient with Recessive MYL2 Myopathy. *Int Heart J.* 62(2):445-447, 2021
 43. Wada F, Hiramoto N, Yamashita D, Hara S, Furukawa Y, Ishii J, Nagata K, **Nannya Y**, **Ogawa S**, Ishikawa T. Dramatic response to encorafenib in a patient with Erdheim-Chester disease harboring the BRAF^{V600E} mutation. *Am J Hematol.* 2021 May 10. doi: 10.1002/ajh.26232. Epub ahead of print.
 44. Wang QS, Kelley DR, Ulirsch J, Kanai M, Sadhuka S, Cui R, Albors C, Cheng N, **Okada Y**; Biobank Japan Project, Aguet F, Ardlie KG, MacArthur DG, Finucane HK. Leveraging supervised learning for functionally informed fine-mapping of cis-eQTLs identifies an additional 20,913 putative causal eQTLs. *Nat Commun.* 12:3394, 2021
 45. Yasudo H, Ando T, Maehara A, Ando T, Izawa K, Tanabe A, Kaitani A, Nomura S, Seki M,

- Yoshida K, Oda H, Okamoto Y, Wang H, Kamei A, Kojima M, Kimura M, Uchida K, Nakano N, Kaneko J, Ebihara N, Hasegawa K, Shimizu T, Takita J, Ogawa H, Okumura K, **Ogawa S**, Tamura N, Kitaura J. A Possible Association Between a Nucleotide-Binding Domain LRR-Containing Protein Family PYD-Containing Protein 1 Mutation and an Autoinflammatory Disease Involving Liver Cirrhosis. *Hepatology*. 2021 Mar 19. doi: 10.1002/hep.31818. Epub ahead of print.
46. Yoroidaka T, Hosokawa K, Imi T, Mizumaki H, Katagiri T, Ishiyama K, Yamazaki H, Azuma F, Nanya Y, **Ogawa S**, Nakao S. Hematopoietic stem progenitor cells lacking HLA differ from those lacking GPI-anchored proteins in the hierarchical stage and sensitivity to immune attack in patients with acquired aplastic anemia. *Leukemia*. 2021 Apr 6. doi: 10.1038/s41375-021-01202-8. Epub ahead of print.

【2020】

1. Akagawa R, Trinh HT, Saha LK, Tsuda M, Hirota K, Yamada S, Shibata A, Kanemaki MT, Nakada S, Takeda S, **Sasanuma H**. UBC13-Mediated Ubiquitin Signaling Promotes Removal of Blocking Adducts from DNA Double-Strand Breaks. *iScience*. 23(4):101027, 2020
2. Al Mahmud MR, Ishii K, Bernal-Lozano C, Delgado-Sainz I, Toi M, Akamatsu S, Fukumoto M, Watanabe M, Takeda S, Cortés-Ledesma F, **Sasanuma H**. TDP2 suppresses genomic instability induced by androgens in the epithelial cells of prostate glands. *Genes Cells*. 25(7):450-465, 2020
3. Amariuta T, Luo Y, Knevel R, **Okada Y**, Raychaudhuri S. Advances in genetics toward identifying pathogenic cell states of rheumatoid arthritis. *Immunol Rev*. 294(1):188-204, 2020
4. Asada K, Kobayashi K, Joutard S, Tubaki M, Takahashi S, Takasawa K, Komatsu M, Kaneko S, Sese J, **Hamamoto R**. Uncovering Prognosis-related Genes and Pathways by Multi-omics Analysis in Lung Cancer. *Biomolecules*. 10(4):524, 2020.
5. Bernard E, **Nannya Y**, Hasserjian RP, Devlin SM, Tuechler H, Medina-Martinez JS, Yoshizato T, Shiozawa Y, Saiki R, Malcovati L, Levine MF, Arango JE, Zhou Y, Sole F, Cargo CA, Haase D, Creignou M, Germing U, Zhang Y, Gundem G, Sarian A, van de Loosdrecht AA, Jadersten M, Tobiansson M, Kosmider O, Follo MY, Thol F, Pinheiro RF, Santini V, Kotsianidis I, Boulwood J, Santos FPS, Schanz J, Kasahara S, Ishikawa T, Tsurumi H, Takaori-Kondo A, Kiguchi T, Polprasert C, Bennett JM, Klimek VM, Savona MR, Belickova M, Ganster C, Palomo L, Sanz G, Ades L, Della Porta MG, Smith AG, Werner Y, Patel M, Viale A, Vanness K, Neuberg DS, Stevenson KE, Menghrajani K, Bolton KL, Fenaux P, Pellagatti A, Platzbecker U, Heuser M, Valent P, Chiba S, Miyazaki Y, Finelli C, Voso MT, Shih LY, Fontenay M, Jansen JH, Cervera J, Atsuta Y, Gattermann N, Ebert BL, Bejar R, Greenberg PL, Cazzola M, Hellstrom-Lindberg E, **Ogawa S**, Papaemmanuil E. Implications of TP53 allelic state for genome stability, clinical presentation and outcomes in myelodysplastic syndromes. *Nat Med*. 26(10):1549-1556, 2020. Author correction: *Nat Med*. 2021 May;27(5):927. doi: 10.1038/s41591-021-01367-w; *Nat Med*. 2021 Mar;27(3):562. doi: 10.1038/s41591-021-01253-5.
6. Boocock J, Leask M, **Okada Y**; Asian Genetic Epidemiology Network (AGEN) Consortium, Matsuo H, Kawamura Y, Shi Y, Li C, Mount DB, Mandal AK, Wang W, Cadzow M, Gosling AL, Major TJ, Horsfield JA, Choi HK, Fadason T, O'Sullivan J, Stahl EA, Merriman TR. Genomic dissection of 43 serum urate-associated loci provides multiple insights into molecular mechanisms of urate control. *Hum Mol Genet*. 29(6):923-943, 2020

7. Chen M, Sidore C, Akiyama M, Ishigaki K, **Kamatani Y**, Schlessinger D, Cucca F, **Okada Y**, Chiang CWK. Evidence of Polygenic Adaptation in Sardinia at Height-Associated Loci Ascertained from the Biobank Japan. *Am J Hum Genet.* 107(1):60-71, 2020
8. Deng Y, **Miki Y**, Nakanishi A. Estradiol/GPER affects the integrity of mammary duct-like structures in vitro. *Sci Rep.* 10(1):1386, 2020
9. Dingler FA, Wang M, Mu A, Millington CL, Oberbeck N, Watcham S, Pontel LB, Kamimae-Lanning AN, Langevin F, Nadler C, Cordell RL, Monks PS, Yu R, Wilson NK, Hira A, Yoshida K, Mori M, Okamoto Y, Okuno Y, Muramatsu H, **Shiraishi y**, Kobayashi M, Moriguchi T, Osumi T, Kato M, **Miyano S**, Ito E, Kojima S, Yabe H, Yabe M, Matsuo K, **Ogawa S**, Göttgens B, Hodskinson MRG, Takata M, Patel KJ. Two Aldehyde Clearance Systems Are Essential to Prevent Lethal Formaldehyde Accumulation in Mice and Humans. *Mol Cell.* 80(6):996-1012.e9, 2020
10. Donovan FX, Solanki A, Mori M, Chavan N, George M, C SK, Okuno Y, Muramastu H, Yoshida K, Shimamoto A, Takaori-Kondo A, Yabe H, **Ogawa S**, Kojima S, Yabe M, Ramanagoudr-Bhojappa R, Smogorzewska A, Mohan S, Rajendran A, Auerbach AD, Takata M, Chandrasekharappa SC, Vundinti BR. A founder variant in the South Asian population leads to a high prevalence of FANCL Fanconi anemia cases in India. *Hum Mutat.* 41(1):122-128, 2020
11. Dutta M, Nakagawa H, Kato H, Maejima K, Sasagawa S, Nakano K, Sasaki-Oku A, **Fujimoto A**, Mateos RN, Patil A, Tanaka H, **Miyano S**, Yasuda T, Nakai K, Fujita M. Whole genome sequencing analysis identifies recurrent structural alterations in esophageal squamous cell carcinoma. *PeerJ.* 8:e9294, 2020
12. Ebata N, Fujita M, Sasagawa S, Maejima K, Okawa Y, Hatanaka Y, Mitsuhashi T, Oosawa-Tatsuguchi A, Tanaka H, **Miyano S**, Nakamura T, Hirano S, Nakagawa H. Molecular Classification and Tumor Microenvironment Characterization of Gallbladder Cancer by Comprehensive Genomic and Transcriptomic Analysis. *Cancers (Basel).* 13(4):733, 2021
13. Erwijantari PP, Mizutani S, Shiroma H, Shiba S, Nakajima T, Sakamoto T, Saito Y, Fukuda S, **Yachida S**, Yamada T. Influence of Gastrectomy for Gastric Cancer Treatment on Faecal Microbiome and Metabolome Profiles. *Gut.* 69(8):1404-1415, 2020
14. **Fujimoto A**, Fujita M, Hasegawa T, Wong JH, Maejima K, Oku-Sasaki A, Nakano K, **Shiraishi y**, **Miyano S**, Yamamoto G, Akagi K, **Imoto S**, Nakagawa H. Comprehensive analysis of indels in whole-genome microsatellite regions and microsatellite instability across 21 cancer types. *Genome Res.* 30(3):334–346, 2020
15. Fujimoto Y, Inoue N, Morimoto K, Watanabe T, Hirota S, Imamura M, Matsushita Y, Katagiri T, Okamura H, Miyoshi Y. Significant association between high serum CCL5 levels and better disease-free survival of patients with early breast cancer. *Cancer Sci.* 111(1):209-218, 2020
16. Fujioka M, Itonaga H, Kato T, **Nannya Y**, Hashimoto M, Kasai S, Toriyama E, Kamijo R, Taguchi M, Taniguchi H, Sato S, Atogami S, Imaizumi Y, Hata T, Moriuchi Y, **Ogawa S**, Miyazaki Y. Persistent clonal cytogenetic abnormality with del(20q) from an initial diagnosis of acute promyelocytic leukemia. *Int J Hematol.* 111(2):311-316, 2020
17. Fujita M, **Yamaguchi R**, Hasegawa T, Shimada S, Arihiro K, Hayashi S, Maejima K, Nakano K, **Fujimoto A**, Ono A, Aikata H, Ueno M, Hayami S, Tanaka H, **Miyano S**, Yamaue H, Chayama K, Kakimi K, Tanaka S, **Imoto S**, Nakagawa H. Classification of primary liver cancer with immunosuppression mechanisms and correlation with genomic alterations. *EBioMedicine.*

53:102659, 2020

18. Fukumoto K, Sakata-Yanagimoto M, Fujisawa M, Sakamoto T, Miyoshi H, Suehara Y, Nguyen TB, Suma S, Yanagimoto S, Shiraishi y, Chiba K, Bouska A, Kataoka K, Ogawa S, Iqbal J, Ohshima K, Chiba S. VAV1 mutations contribute to development of T-cell neoplasms in mice. *Blood*. 136(26):3018-3032, 2020
19. Gokita K, Inoue J, Ishihara H, Kojima K, Inazawa J. Therapeutic Potential of LNP-Mediated Delivery of miR-634 for Cancer Therapy. *Mol Ther Nucleic Acids*.;19:330-338, 2020
20. Gu M, Zwiebel M, Ong SH, Boughton N, Nomdedeu J, Basheer F, Nannya Y, Quiros PM, Ogawa S, Cazzola M, Rad R, Butler AP, Vijayabaskar MS, Vassiliou GS. RNAmut: robust identification of somatic mutations in acute myeloid leukemia using RNA-sequencing. *Haematologica*. 105(6):e290-e293, 2020
21. Hasegawa T, Hayashi S, Shimizu E, Mizuno S, Niida A, Yamaguchi R, Miyano S, Nakagawa H, Imoto S. Neoantimon: a multifunctional R package for identification of tumor-specific neoantigens. *Bioinformatics*. 36(18):4813-4816, 2020
22. Hashimoto M, Itonaga H, Nannya Y, Taniguchi H, Fukuda Y, Furumoto T, Fujioka M, Kasai S, Taguchi M, Taniguchi H, Sato S, Sawayama Y, Atogami S, Iwasaki K, Hata T, Soda H, Moriuchi Y, Nakata K, Ogawa S, Miyazaki Y. Secondary Pulmonary Alveolar Proteinosis Following Treatment with Azacitidine for Myelodysplastic Syndrome. *Intern Med*. 2020;59(8):1081-1086.
23. Higashijima Y, Matsui Y, Shimamura T, Nakaki R, Nagai N, Tsutsumi S, Abe Y, Link VM, Osaka M, Yoshida M, Watanabe R, Tanaka T, Taguchi A, Miura M, Ruan X, Li G, Inoue T, Nangaku M, Kimura H, Furukawa T, Aburatani H, Wada Y, Ruan Y, Glass CK, Kanki Y. Coordinated demethylation of H3K9 and H3K27 is required for rapid inflammatory responses of endothelial cells. *EMBO J*. 39(7):e103949, 2020
24. Hirose S, Murakami N, Takahashi K, Kuno I, Takayanagi D, Asami Y, Matsuda M, Shimada Y, Yamano S, Sunami K, Yoshida K, Honda T, Nakahara T, Watanabe T, Komatsu M, Hamamoto R, Kobayashi-Kato M, Matsumoto K, Okuma K, Kuroda T, Okamoto A, Itami J, Kohno T, Kato T, Shiraishi K, Yoshida H. Genomic Alterations in STK11 Can Predict Clinical Outcomes in Cervical Cancer Patients. *Gynecol Oncol*. 156(1):203-210, 2020
25. Hoshino I, Yokota H, Ishige F, Iwatate Y, Takeshita N, Nagase H, Uno T, Matsubara H. Radiogenomics predicts the expression of microRNA-1246 in the serum of esophageal cancer patients. *Sci Rep*. 10(1):2532, 2020
26. Imataki O, Ishida T, Kubo H, Uemura M, Nanya Y, Kawakami K, Ogawa S, Kadowaki N. A Case of Tyrosine Kinase Inhibitor-Resistant Chronic Myeloid Leukemia, Chronic Phase with ASXL1 Mutation. *Case Rep Oncol*. 13(1):449-455, 2020
27. Inagaki-Kawata Y, Yoshida K, Kawaguchi-Sakita N, Kawashima M, Nishimura T, Senda N, Shiozawa Y, Takeuchi Y, Inoue Y, Sato-Otsubo A, Fujii Y, Nannya Y, Suzuki E, Takada M, Tanaka H, Shiraishi y, Chiba K, Kataoka Y, Torii M, Yoshibayashi H, Yamagami K, Okamura R, Moriguchi Y, Kato H, Tsuyuki S, Yamauchi A, Suwa H, Inamoto T, Miyano S, Ogawa S, Toi M. Genetic and clinical landscape of breast cancers with germline BRCA1/2 variants. *Commun Biol*. 3(1):578, 2020
28. Inoue J, Fujiwara K, Hamamoto H, Kobayashi K, Inazawa J. Improving the efficacy of EGFR inhibitors by topical treatment of cutaneous squamous cell carcinoma with miR-634 ointment. *Molecular Therapy Oncolytics*. 19:294-307, 2020

29. Isago, H, Mitani A, Mikami Y, Horie M, Urushiyama H, **Hamamoto R**, Terasaki Y, Nagase T. Epithelial Expression of YAP and TAZ Is Sequentially Required in Lung Development. *Am J Respir Cell Mol Biol.* 62(2):256-266, 2020
30. Ishigaki K, Akiyama M, Kanai M, Takahashi A, Kawakami E, Sugishita H, Sakaue S, Matoba N, Low SK, **Okada Y**, Terao C, Amariuta T, Gazal S, Kochi Y, Horikoshi M, Suzuki K, Ito K, Koyama S, Ozaki K, Niida S, Sakata Y, Sakata Y, Kohno T, **Shiraishi K**, Momozawa Y, Hirata M, Matsuda K, Ikeda M, Iwata N, Ikegawa S, Kou I, Tanaka T, Nakagawa H, Suzuki A, Hirota T, Tamari M, Chayama K, Miki D, Mori M, Nagayama S, Daigo Y, **Miki Y**, Katagiri T, Ogawa O, Obara W, Ito H, Yoshida T, Imoto I, **Takahashi T**, Tanikawa C, Suzuki T, Sinozaki N, Minami S, Yamaguchi H, Asai S, Takahashi Y, Yamaji K, Takahashi K, Fujioka T, Takata R, Yanai H, Masumoto A, Koretsune Y, Kutsumi H, Higashiyama M, Murayama S, Minegishi N, Suzuki K, Tanno K, Shimizu A, Yamaji T, Iwasaki M, Sawada N, Uemura H, Tanaka K, Naito M, Sasaki M, Wakai K, Tsugane S, Yamamoto M, Yamamoto K, Murakami Y, Nakamura Y, Raychaudhuri S, **Inazawa J**, Yamauchi T, Kadowaki T, Kubo M, **Kamatani Y**. Large-scale genome-wide association study in a Japanese population identifies novel susceptibility loci across different diseases. *Nat Genet.* 52(7):669-679, 2020
31. Ishige F, Hoshino I, Iwatate Y, Chiba S, Arimitsu H, Yanagibashi H, **Nagase H**, Takayama W. MIR1246 in body fluids as a biomarker for pancreatic cancer. *Sci Rep.* 10(1):8723, 2020
32. Ito S, Masuda T, Noda M, Hu Q, Shimizu D, Kuroda Y, Eguchi H, Tobo T, Utsunomiya T, Mimori K. Prognostic Significance of PD-1, PD-L1 and CD8 Gene Expression Levels in Gastric Cancer. *Oncology.* 7:1-11, 2020
33. Itou J, Takahashi R, **Sasanuma H**, Tsuda M, Mor**Imoto S**, Matsumoto Y, Ishii T, Sato F, Takeda S, Toi M. Estrogen Induces Mammary Ductal Dysplasia via the Upregulation of Myc Expression in a DNA-Repair-Deficient Condition. *iScience.* 23(2):100821, 2020
34. Jo T, Nishikori M, Kogure Y, Arima H, Sasaki K, Sasaki Y, Nakagawa T, Iwai F, Momose S, Shiraishi A, Kiyonari H, Kagaya N, Onuki T, Shin-Ya K, Yoshida M, **Kataoka K**, **Ogawa S**, Iwai K, Takaori-Kondo A. LUBAC accelerates B-cell lymphomagenesis by conferring B cells resistance to genotoxic stress. *Blood.* 136(6):684-697, 2020
35. Kakiuchi N, Yoshida K, Uchino M, Kihara T, Akaki K, Inoue Y, Kawada K, Nagayama S, Yokoyama A, Yamamoto S, Matsuura M, Horimatsu T, Hirano T, Goto N, Takeuchi Y, Ochi Y, Shiozawa Y, Kogure Y, Watatani Y, Fujii Y, Kim SK, Kon A, **Kataoka K**, Yoshizato T, Nakagawa MM, Yoda A, Nanya Y, **Makishima H**, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Sanada M, Sugihara E, Sato TA, Maruyama T, Miyoshi H, Taketo MM, Oishi J, Inagaki R, Ueda Y, Okamoto S, Okajima H, Sakai Y, Sakurai T, Haga H, Hirota S, Ikeuchi H, Nakase H, Marusawa H, Chiba T, Takeuchi O, **Miyano S**, Seno H, **Ogawa S**. Frequent mutations that converge on the NFKBIZ pathway in ulcerative colitis. *Nature.* 577(7789):260-265, 2020
36. Kanamori T, Sanada M, Ri M, Ueno H, Nishijima D, Yasuda T, Tachita T, Narita T, Kusumoto S, Inagaki A, Ishihara R, Murakami Y, Kobayashi N, Shiozawa Y, Yoshida K, Nakagawa MM, **Nannya Y**, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, Horibe K, Handa H, **Ogawa S**, Iida S. Genomic analysis of multiple myeloma using targeted capture sequencing in the Japanese cohort. *Br J Haematol.* 191(5):755-763, 2020
37. Kasajima R, **Yamaguchi R**, Shimizu E, **Tamada Y**, **Niida A**, Tremmel G, Kishida T, Aoki I, **Imoto S**, **Miyano S**, Uemura H, Miyagi Y. Variant analysis of prostate cancer in Japanese patients

- and a new attempt to predict related biological pathways. *Oncol Rep.* 43(3):943-952, 2020
38. Katagiri S, **Makishima H**, Azuma K, **Nannya Y**, Saitoh Y, Yoshizawa S, Akahane D, Fujimoto H, Ito Y, Velaga R, Umezu T, Ohyashiki JH, **Ogawa S**, Ohyashiki K. Predisposed genomic instability in pre-treatment bone marrow evolves to therapy-related myeloid neoplasms in malignant lymphoma. *Haematologica.* 105(7):e337-e339, 2020
 39. Kidogami S, Iguchi T, Sato K, Yoshikawa Y, Hu Q, Nambara S, Komatsu H, Ueda M, Kuroda Y, Masuda T, Mori M, Doki Y, Mimori K. *SF3B4* Plays an Oncogenic Role in Esophageal Squamous Cell Carcinoma. *Anticancer Res.* 40(5):2941-2946, 2020
 40. Kimura S, Seki M, Kawai T, Goto H, Yoshida K, Isobe T, Sekiguchi M, Watanabe K, Kubota Y, **Nannya Y**, Ueno H, Shiozawa Y, Suzuki H, **Shiraishi y**, Ohki K, Kato M, Koh K, Kobayashi R, Deguchi T, Hashii Y, Imamura T, Sato A, Kiyokawa N, Manabe A, Sanada M, Mansour MR, Ohara A, Horibe K, Kobayashi M, Oka A, Hayashi Y, **Miyano S**, Hata K, **Ogawa S**, Takita J. DNA methylation-based classification reveals difference between pediatric T-cell acute lymphoblastic leukemia and normal thymocytes. *Leukemia.* 34(4):1163-1168, 2020
 41. Kishikawa T, Maeda Y, Nii T, Motooka D, Matsumoto Y, Matsushita M, Matsuoka H, Yoshimura M, Kawada S, Teshigawara S, Oguro E, Okita Y, Kawamoto K, Higa S, Hirano T, Narazaki M, Ogata A, Saeki Y, Nakamura S, Inohara H, Kumanogoh A, Takeda K, **Okada Y**. Metagenome-wide association study of gut microbiome revealed novel aetiology of rheumatoid arthritis in the Japanese population. *Ann Rheum Dis.* 79(1):103-111, 2020
 42. Kishikawa T, Maeda Y, Nii T, **Okada Y**. Response to: 'Can sexual dimorphism in rheumatoid arthritis be attributed to the different abundance of Gardnerella?' by Liu et al. *Ann Rheum Dis.* annrheumdis-2020-217264, 2020
 43. Kishikawa T, Maeda Y, Nii T, **Okada Y**. The positive correlation between Porphyromonas gingivalis and Prevotella spp. Response to: 'Comment on 'Metagenome-wide association study of gut microbiome revealed novel aetiology of rheumatoid arthritis in the Japanese population' by Kishikawa et al.' by Kitamura et al. *Ann Rheum Dis.* annrheumdis-2020, 2020
 44. Kitagawa A, Masuda T, Takahashi J, Tobo T, Noda M, Kuroda Y, Hu Q, Kouyama Y, Kobayashi Y, Kuramitsu S, Sato K, Fujii A, Yoshikawa Y, Wakiyama H, Shimizu D, Tsuruda Y, Eguchi H, Doki Y, Mori M, Mimori K. KIF15 Expression in Tumor-associated Monocytes Is a Prognostic Biomarker in Hepatocellular Carcinoma. *Cancer Genomics Proteomics.* 17(2):141-149, 2020
 45. Kito Y, Matsumoto M, Hatano A, Takami T, Oshikawa K, **Matsumoto A**, Nakayama KI.: Cell cycle-dependent localization of the proteasome to chromatin. *Sci Rep.* 10(1):5801, 2020
 46. Kodama M, Oshikawa K, Shimizu H, Yoshioka S, Takahashi M, Izumi Y, Bamba T, Tateishi C, Tomonaga T, Matsumoto M, Nakayama KI. A shift in glutamine nitrogen metabolism contributes to the malignant progression of cancer. *Nat Commun.* 11(1):1320, 2020
 47. Kubota Y, Seki M, Kawai T, Isobe T, Yoshida M, Sekiguchi M, Kimura S, Watanabe K, Sato-Otsubo A, Yoshida K, Suzuki H, **Kataoka K**, Fujii Y, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Hiwatari M, Oka A, Hayashi Y, **Miyano S**, **Ogawa S**, Hata K, Tanaka Y, Takita J. Comprehensive genetic analysis of pediatric germ cell tumors identifies potential drug targets. *Commun Biol.* 3(1):544, 2020
 48. Kudo SE, Kouyama Y, Ogawa Y, Ichimasa K, Hamada T, Kato K, Kudo K, Masuda T, Otsu H, Misawa M, Mori Y, Kudo T, Hayashi T, Wakamura K, Miyachi H, Sawada N, Sato T, Shibata T, Hamatani S, Nemoto T, Ishida F, **Niida A**, **Miyano S**, Oshima M, Ogino S, Mimori K. Depressed

- Colorectal Cancer: A New Paradigm in Early Colorectal Cancer. *Clin Transl Gastroenterol.* 11(12):e00269, 2020
49. Li X, Hattori A, Takahashi S, Goto Y, Harada H, Takeya H. Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase L1 promotes hypoxia-inducible factor 1-dependent tumor cell malignancy in spheroid models. *Cancer Sci.* 111(1):239-252, 2020
 50. Li X, Turanli B, Juszcak K, Kim W, Arif M, Sato Y, **Ogawa S**, Turkez H, Nielsen J, Boren J, Uhlen M, Zhang C, Mardinoglu A. Classification of clear cell renal cell carcinoma based on PKM alternative splicing. *Heliyon.* 6(2):e03440, 2020
 51. Lin J, **Nagase H**. The road not taken with pyrrole-imidazole polyamides: off-target effects and genomic binding. *Biomolecules.* 10(4): 544, 2020
 52. Madan V, Li J, Zhou S, Teoh WW, Han L, Meggendorfer M, Malcovati L, Cazzola M, **Ogawa S**, Haferlach T, Yang H, Koeffler HP. Distinct and convergent consequences of splice factor mutations in myelodysplastic syndromes. *Am J Hematol.* 95(2):133-143, 2020
 53. Malcovati L, Stevenson K, Papaemmanuil E, Neuberger D, Bejar R, Boulwood J, Bowen DT, Campbell PJ, Ebert BL, Fenaux P, Haferlach T, Heuser M, Jansen JH, Komrokji RS, Maciejewski JP, Walter MJ, Fontenay M, Garcia-Manero G, Graubert TA, Karsan A, Meggendorfer M, Pellagatti A, Sallman DA, Savona MR, Sekeres M, Steensma DP, Tauro S, Thol F, Vyas P, Van de Loosdrecht AA, Haase DT, Tuechler H, Greenberg PL, **Ogawa S**, Hellstrom-Lindberg ES, Cazzola M. SF3B1-mutant myelodysplastic syndrome as a distinct disease subtype - A Proposal of the International Working Group for the Prognosis of Myelodysplastic Syndromes (IWG-PM). *Blood.* 136(2):157-170, 2020
 54. Masuda T, Low SK, Akiyama M, Hirata M, Ueda Y, Matsuda K, Kimura T, Murakami Y, Kubo M, **Kamatani Y**, **Okada Y**. GWAS of five gynecologic diseases and cross-trait analysis in Japanese. *Eur J Hum Genet.* 28(1):95-107, 2020
 55. Masuda T, Noda M, Kogawa T, Kitagawa D, Hayashi N, Jomori T, Nakanishi Y, Nakayama KI, Ohno S, Mimori K. Phase I dose-escalation trial to repurpose propagermanium, an oral CCL2 inhibitor, in patients with breast cancer. *Cancer Sci.* 111(3):924-931, 2020
 56. Masuda T, Tsuruda Y, Matsumoto Y, Uchida H, Nakayama KI, Mimori K. Drug repositioning in cancer: The current situation in Japan. *Cancer Sci.* 111(4):1039-1046, 2020
 57. Masuda T, Ueo H, Kai Y, Noda M, Hu Q, Sato K, Fujii A, Hayashi N, Tsuruda Y, Otsu H, Kuroda Y, Eguchi H, Ohno S, Mimori K, Ueo H. N-Cadherin mRNA Levels in Peripheral Blood Could Be a Potential Indicator of New Metastases in Breast Cancer: A Pilot Study. *Int J Mol Sci.* 21(2):511, 2020
 58. Matoba N, Akiyama M, Ishigaki K, Kanai M, Takahashi A, Momozawa Y, Ikegawa S, Ikeda M, Iwata N, Hirata M, Matsuda K, Murakami Y, Kubo M, **Kamatani Y**, **Okada Y**. GWAS of 165,084 Japanese individuals identified nine loci associated with dietary habits. *Nat Hum Behav.* 4(3):308-316, 2020
 59. Matsuo H, Yoshida K, Nakatani K, Harata Y, Higashitani M, Ito Y, Kamikubo Y, Shiozawa Y, **Shiraishi Y**, Chiba K, Tanaka H, Okada A, **Nannya Y**, Takeda J, Ueno H, Kiyokawa N, Tomizawa D, Taga T, Tawa A, **Miyano S**, Meggendorfer M, Haferlach C, **Ogawa S**, Adachi S. Fusion partner-specific mutation profiles and KRAS mutations as adverse prognostic factors in MLL-rearranged AML. *Blood Adv.* 4(19):4623-4631, 2020
 60. Miyazaki K, Watanabe H, Yoshikawa G, Chen K, Hidaka R, Aitani Y, Osawa K, Takeda R, Ochi

- Y, Tani-Ichi S, Uehata T, Takeuchi O, Ikuta K, **Ogawa S**, Kondoh G, Lin YC, Ogata H, Miyazaki M. The transcription factor E2A activates multiple enhancers that drive Rag expression in developing T and B cells. *Sci Immunol*. 5(51):eabb1455, 2020
61. Mizutani S, Yamada T, **Yachida S**. Significance of the gut microbiome in multistep colorectal carcinogenesis. *Cancer Sci*. 111:766-773, 2020
 62. Mylonas E, Yoshida K, Frick M, Hoyer K, Christen F, Kaeda J, Obenaus M, Noerenberg D, Hennch C, Chan W, Ochi Y, **Shiraishi y**, Shiozawa Y, Zenz T, Oakes CC, Sawitzki B, Schwarz M, Bullinger L, le Coutre P, Rose-Zerilli MJJ, **Ogawa S**, Damm F. Single-cell analysis based dissection of clonality in myelofibrosis. *Nat Commun*. 11(1):73, 2020
 63. Nakada H, Inoue Y, Yamamoto K, Matsui K, Ikka T, Tashiro S. Public Attitudes Toward the Secondary Uses of Patient Records for Pharmaceutical Companies' Activities in Japan. *Ther Innov Regul Sci*. 54(3):701-708, 2020
 64. Nakagama Y, Takeda N, **Ogawa S**, Takeda H, Furutani Y, Nakanishi T, Sato T, Hirata Y, Oka A, Inuzuka R. Noonan syndrome-associated biallelic LZTR1 mutations cause cardiac hypertrophy and vascular malformations in zebrafish. *Mol Genet Genomic Med*. 2020;8(3):e1107
 65. Nakayama A, Nakatochi M, Kawamura Y, Yamamoto K, Nakaoka H, Shimizu S, Higashino T, Koyama T, Hishida A, Kuriki K, Watanabe M, Shimizu T, Ooyama K, Ooyama H, Nagase M, Hidaka Y, Matsui D, Tamura T, Nishiyama T, Shimano C, Katsuura-Kamano S, Takashima N, Shirai Y, Kawaguchi M, Takao M, Sugiyama R, Takada Y, Nakamura T, Nakashima H, Tsunoda M, Danjoh I, Hozawa A, Hosomichi K, Toyoda Y, Kubota Y, Takada T, Suzuki H, Stiburkova B, Major TJ, Merriman TR, Kuriyama N, Mikami H, Takezaki T, Matsuo K, Suzuki S, Hosoya T, **Kamatani Y**, Kubo M, Ichida K, Wakai K, Inoue I, **Okada Y**, Shinomiya N, Matsuo H; Japan Gout Genomics Consortium (Japan Gout). Subtype-specific gout susceptibility loci and enrichment of selection pressure on ABCG2 and ALDH2 identified by subtype genome-wide meta-analyses of clinically defined gout patients. *Ann Rheum Dis*. 79(5):657-665, 2020
 66. Nambara S, Masuda T, Kobayashi Y, Sato K, Tobo T, Koike K, Noda M, Ogawa Y, Kuroda Y, Ito S, Eguchi H, Sugimachi K, Mimori K. GTF2IRD1 on chromosome 7 is a novel oncogene regulating the tumor-suppressor gene TGF β R2 in colorectal cancer. *Cancer Sci*. 2020 Feb;111(2):343-355, 2020
 67. Nguyen MAT, Hosokawa K, Yoroidaka T, Maruyama H, Espinoza JL, Elbadry MI, Mohiuddin M, Tanabe M, Katagiri T, Nakagawa N, Chonabayashi K, Yoshida Y, Arima N, Kashiwase K, Saji H, **Ogawa S**, Nakao S. Resistance of KIR Ligand-Missing Leukocytes to NK Cells In Vivo in Patients with Acquired Aplastic Anemia. *Immunohorizons*. 4(7):430-441, 2020
 68. Nguyen TB, Sakata-Yanagimoto M, Fujisawa M, Tanzima Nuhath S, Miyoshi H, **Nannya Y**, Hashimoto K, Fukumoto K, Bernard OA, Kiyoki Y, Ishitsuka K, Momose H, Sukegawa S, Shinagawa A, Suyama T, Sato Y, Nishikii H, Obara N, Kusakabe M, Yanagimoto S, **Ogawa S**, Ohshima K, Chiba S. Dasatinib is an effective treatment for angioimmunoblastic T-cell lymphoma. *Cancer Res*. 80(9):1875-1884, 2020
 69. **Niida A**, Hasegawa T, Innan H, Shibata T, Mimori K, **Miyano S**. A unified simulation model for understanding the diversity of cancer evolution. *PeerJ*. 8:e8842, 2020
 70. Nobuyuki Tanaka, Shigeaki Kanatani, Dagmara Kaczynska, Keishiro Fukumoto, Lauri Louhivuori, Tomohiro Mizutani, Oded Kopper, Pauliina Kronqvist, Stephanie Robertson, Claes Lindh, Lorand Kis, Robin Pronk, Naoya Niwa, Kazuhiro Matsumoto, Mototsugu Oya, Ayako

- Miyakawa, Anna Falk, Johan Hartman, Cecilia Sahlgren, Hans Clevers, Per Uhlén. Three-dimensional single-cell imaging for the analysis of RNA and protein expression in intact tumour biopsies. *Nat Biomed Eng.* 4(9):875-888, 2020
71. Noda M, Masuda T, Ito S, Tobo T, Kitagawa A, Hu Q, Shimizu D, Eguchi H, Etoh T, Ohno S, Inomata M, Mimori K. Circulating PD-1 mRNA in Peripheral Blood is a Potential Biomarker for Predicting Survival of Breast Cancer Patients. *Ann Surg Oncol.* 27(10):4035-4043, 2020
 72. Noë M, Nicknafs N, Fischer CG, Hackeng W, Beleva Guthrie VB, Hosoda W, Marija Debeljak M, Papp E, Adleff V, White JR, Luchini C, Pea A, Scarpa A, Zamboni G, Castelli P, Hong SM, **Yachida S**, Hiraoka N, Gill AJ, Samra JS, Offerhaus GJA, Hoorens A, Jansen C, Adsay NV, Jiang W, Winter J, Albores-Saavedra J, Terris B, Thompson ED, Roberts NJ, Hruban RH, Karchin R, Scharpf RB, Brosens LAA, Velculescu VE, Wood LD. Genomic characterization of malignant progression in precancerous pancreatic cysts. *Nat Commun.* 11:4085, 2020
 73. Ochi Y, Kon A, Sakata T, Nakagawa MM, Nakazawa N, Kakuta M, **Kataoka K**, Koseki H, Nakayama M, Morishita D, Tsuruyama T, Saiiki R, Yoda A, Okuda R, Yoshizato T, Yoshida K, Shiozawa Y, **Nannya Y**, Kotani S, Kogure Y, Kakiuchi N, Nishimura T, **Makishima H**, Malcovati L, Yokoyama A, Takeuchi K, Sugihara E, Sato TA, Sanada M, Takaori-Kondo A, Cazzola M, Kengaku M, **Miyano S**, Shirahige K, Suzuki HI, **Ogawa S**. Combined Cohesin-RUNX1 Deficiency Synergistically Perturbs Chromatin Looping and Causes Myelodysplastic Syndromes. *Cancer Discov.* 10(6):836-853, 2020
 74. Ogawa K, **Okada Y**. The current landscape of psoriasis genetics in 2020. *J Dermatol Sci.* 99(1):2-8, 2020
 75. **Ogawa S**. Genetic basis of myelodysplastic syndromes. *Proc Jpn Acad Ser B Phys Biol Sci.* 96(3):107-121, 2020
 76. Ogura H, Ohga S, Aoki T, Utsugisawa T, Takahashi H, Iwai A, Watanabe K, Okuno Y, Yoshida K, **Ogawa S**, **Miyano S**, Kojima S, Yamamoto T, Yamamoto-Shimojima K, Kanno H. Novel COL4A1 mutations identified in infants with congenital hemolytic anemia in association with brain malformations. *Hum Genome Var.* 7(1):42, 2020
 77. Ohkura N, Yasumizu Y, Kitagawa Y, Tanaka A, Nakamura Y, Motooka D, Nakamura S, **Okada Y**, Sakaguchi S. Regulatory T Cell-Specific Epigenomic Region Variants Are a Key Determinant of Susceptibility to Common Autoimmune Diseases. *Immunity.* 52(6):1119-1132.e4, 2020
 78. Okamoto N, Mikami H, Nakamura Y, Kusakabe M, Yamamoto N, Takiguchi N, Nabeya Y, Soda H, Fukasawa S, Kishida T, Shiozawa M, Yoshida A, Shimizu T, **Fujimoto A**, Ueda M, Inagaki S, Miyagi Y, **Nagase H**. A novel multivariate index for cancer risk detection based on the serum trace elements: Metallo-Balance Method. *Journal of Cancer Epidemiology and Prevention.* 5:1 1-9, 2020
 79. Okano T, Imai K, Naruto T, Okada S, Yamashita M, Yeh TW, Ono S, Tanaka K, Okamoto K, Tanita K, Matsumoto K, Toyofuku E, Kumaki-Matsumoto E, Okamura M, Ueno H, **Ogawa S**, Ohara O, Takagi M, Kanegane H, Morio T. Whole-Exome Sequencing-Based Approach for Germline Mutations in Patients with Inborn Errors of Immunity. *J Clin Immunol.* 40(5):729-740, 2020
 80. Omori H, Nishio M, Masuda M, Miyachi Y, Ueda F, Nakano T, Sato K, Mimori K, Taguchi K, Hikasa H, Nishina H, Tashiro H, Kiyono T, Mak TW, Nakao K, Nakagawa T, Maehama T, Suzuki A. YAP1 is a potent driver of the onset and progression of oral squamous cell carcinoma. *Sci Adv.*

6(12):eaay3324, 2020

81. Oshikawa K, Matsumoto M*, Kodama M, Shimizu H, Nakayama KI. A fail-safe system to prevent oncogenesis by senescence is targeted by SV40 small T antigen. *Oncogene*. 39(10):2170-2186, 2020
82. Park H, Maruhashi K, **Yamaguchi R, Imoto S, Miyano S**. Global gene network exploration based on explainable artificial intelligence approach. *PLoS One*. 15(11):e0241508, 2020. Erratum in: *PLoS One*. 2021 Jan 27;16(1):e0246380
83. Polprasert C, Takeda J, Niparuck P, Rattanathammethee T, Pirunsarn A, Suksusut A, Kobbuaklee S, Wudhikarn K, Lawasut P, Kongkiatkamon S, Chuncharunee S, Songserm K, Phowthongkum P, Bunworasate U, **Nannya Y**, Yoshida K, **Makishima H, Ogawa S**, Rojnuckarin P. Novel DDX41 variants in Thai patients with myeloid neoplasms. *Int J Hematol*. 111(2):241-246, 2020
84. Roudkenar MH, Fukumoto M, Roushandeh AM, Kuwahra Y, Uroshihara Y, Harada H, Fukumoto M. Disturbance in the Regulation of miR 17-92 Cluster on HIF-1- α Expression Contributes to Clinically Relevant Radioresistant Cells: An in Vitro Study. *Cytotechnology*. 72(1):141-153, 2020
85. Saito Y, Koya J, Araki M, Kogure Y, Shingaki S, Tabata M, McClure MB, Yoshifuji K, Matsumoto S, Isaka Y, Tanaka H, Kanai T, **Miyano S, Shiraishi y, Okuno Y, Kataoka K**. Landscape and function of multiple mutations within individual oncogenes. *Nature*. 582(7810):95-99, 2020
86. Sakamoto Y, Sereewattanawoot S, **Suzuki A**. A new era of long-read sequencing for cancer genomics. *J Hum Genet*. 65(1):3-10, 2020
87. Sakaue S, Akiyama M, Hirata M, Matsuda K, Murakami Y, Kubo M, **Kamatani Y, Okada Y**. Functional variants in ADH1B and ALDH2 are non-additively associated with all-cause mortality in Japanese population. *Eur J Hum Genet*. 28(3):378-382, 2020
88. Sakaue S, Hirata J, Kanai M, Suzuki K, Akiyama M, Lai Too C, Arayssi T, Hammoudeh M, Al Emadi S, Masri BK, Halabi H, Badsha H, Uthman IW, Saxena R, Padyukov L, Hirata M, Matsuda K, Murakami Y, **Kamatani Y, Okada Y**. Dimensionality reduction reveals fine-scale structure in the Japanese population with consequences for polygenic risk prediction. *Nat Commun*. 11(1):1569, 2020
89. Sakaue S, Kanai M, Karjalainen J, Akiyama M, Kurki M, Matoba N, Takahashi A, Hirata M, Kubo M, Matsuda K, Murakami Y; FinnGen, Daly MJ, **Kamatani Y, Okada Y**. Trans-biobank analysis with 676,000 individuals elucidates the association of polygenic risk scores of complex traits with human lifespan. *Nat Med*. 26(4):542-548, 2020
90. Sato K, Komune N, Hongo T, Koike K, **Niida A**, Uchi R, Noda T, Kogo R, Matsumoto N, Yamamoto H, Masuda M, Oda Y, Mimori K, Nakagawa T. The genetic landscape of external auditory canal squamous cell carcinoma. *Cancer Sci*. 111(8):3010-3019, 2020
91. Secardin L, Limia CEG, di Stefano A, Bonamino MH, Saliba J, **Kataoka K**, Rehen SK, Raslova H, Marty C, **Ogawa S**, Vainchenker W, Monte-Mor B, Plo I. TET2 haploinsufficiency alters reprogramming into induced pluripotent stem cells. *Stem Cell Res*. 44:101755, 2020
92. Sekiguchi M, Seki M, Kawai T, Yoshida K, Yoshida M, Isobe T, Hoshino N, Shirai R, Tanaka M, Souzaki R, Watanabe K, Arakawa Y, **Nannya Y**, Suzuki H, Fujii Y, **Kataoka K, Shiraishi y, Chiba K, Tanaka H, Shimamura T**, Sato Y, Sato-Otsubo A, Kimura S, Kubota Y, Hiwatari M, Koh K, Hayashi Y, Kanamori Y, Kasahara M, Kohashi K, Kato M, Yoshioka T, Matsumoto K,

- Oka A, Taguchi T, Sanada M, Tanaka Y, **Miyano S**, Hata K, **Ogawa S**, Takita J. Integrated multiomics analysis of hepatoblastoma unravels its heterogeneity and provides novel druggable targets. *NPJ Precis Oncol.* 4:20, 2020
93. Shirai R, Osumi T, Terashima K, Kiyotani C, Uchiyama M, Tsujimoto S, Yoshida M, Yoshida K, Uchiyama T, Tomizawa D, Shioda Y, Sekiguchi M, Watanabe K, Keino D, Ueno-Yokohata H, Ohki K, Takita J, Ito S, Deguchi T, Kiyokawa N, Ogiwara H, Hishiki T, **Ogawa S**, Okita H, Matsumoto K, Yoshioka T, Kato M. High prevalence of SMARCB1 constitutional abnormalities including mosaicism in malignant rhabdoid tumors. *Eur J Hum Genet.* 28(8):1124-1128, 2020
94. Shrestha R, Sakata-Yanagimoto M, Maie K, Oshima M, Ishihara M, Suehara Y, Fukumoto K, Nakajima-Takagi Y, Matsui H, Kato T, Muto H, Sakamoto T, Kusakabe M, **Nannya Y**, **Makishima H**, Ueno H, Saiki R, **Ogawa S**, Chiba K, **Shiraishi y**, **Miyano S**, Mouly E, Bernard OA, Inaba T, Koseki H, Iwama A, Chiba S. Molecular pathogenesis of progression to myeloid leukemia from TET-insufficient status. *Blood Adv.* 4(5):845-854, 2020
95. Spracklen CN, Horikoshi M, Kim YJ, Lin K, Bragg F, Moon S, Suzuki K, Tam CHT, Tabara Y, Kwak SH, Takeuchi F, Long J, Lim VJY, Chai JF, Chen CH, Nakatochi M, Yao J, Choi HS, Iyengar AK, Perrin HJ, Brotman SM, van de Bunt M, Gloyn AL, Below JE, Boehnke M, Bowden DW, Chambers JC, Mahajan A, McCarthy MI, Ng MCY, Petty LE, Zhang W, Morris AP, Adair LS, Akiyama M, Bian Z, Chan JCN, Chang LC, Chee ML, Chen YI, Chen YT, Chen Z, Chuang LM, Du S, Gordon-Larsen P, Gross M, Guo X, Guo Y, Han S, Howard AG, Huang W, Hung YJ, Hwang MY, Hwu CM, Ichihara S, Isono M, Jang HM, Jiang G, Jonas JB, **Kamatani Y**, Katsuya T, Kawaguchi T, Khor CC, Kohara K, Lee MS, Lee NR, Li L, Liu J, Luk AO, Lv J, **Okada Y**, Pereira MA, Sabanayagam C, Shi J, Shin DM, So WY, Takahashi A, Tomlinson B, Tsai FJ, van Dam RM, Xiang YB, Yamamoto K, Yamauchi T, Yoon K, Yu C, Yuan JM, Zhang L, Zheng W, Igase M, Cho YS, Rotter JI, Wang YX, Sheu WHH, Yokota M, Wu JY, Cheng CY, Wong TY, Shu XO, Kato N, Park KS, Tai ES, Matsuda F, Koh WP, Ma RCW, Maeda S, Millwood IY, Lee J, Kadowaki T, Walters RG, Kim BJ, Mohlke KL, Sim X. Identification of type 2 diabetes loci in 433,540 East Asian individuals. *Nature.* 582(7811):240-245, 2020
96. Taguchi M, Mishima H, Shiozawa Y, Hayashida C, Kinoshita A, **Nannya Y**, **Makishima H**, Horai M, Matsuo M, Sato S, Itonaga H, Kato T, Taniguchi H, Imanishi D, Imaizumi Y, Hata T, Takenaka M, Moriuchi Y, **Shiraishi y**, **Miyano S**, **Ogawa S**, Yoshiura KI, Miyazaki Y. Genome analysis of myelodysplastic syndromes among atomic bomb survivors in Nagasaki. *Haematologica.* 2105(2):358-365, 2020
97. Takagawa Y, Gen Y, Muramatsu T, Tanimoto K, Inoue J, Harada H, **Inazawa J**. miR-1293, a Candidate for miRNA-Based Cancer Therapeutics, Simultaneously Targets BRD4 and the DNA Repair Pathway. *Mol Ther.* 28(6):1494-1505, 2020.
98. Takai E, Maeda D, Li Z, Kudo-Asabe Y, Totoki Y, Nakamura H, Nakamura A, Nakamura R, Kirikawa M, Ito Y, Yoshida M, Inoue T, Habuchi T, Ikoma S, Katoh H, Kato M, Shibata T, Ishikawa S, **Yachida S**, Goto A. Post-mortem plasma cell-free DNA sequencing: Proof-of-concept study for the "Liquid Autopsy". *Sci Rep.* 10:2120, 2020
99. Takai E, Nakamura H, Chiku S, Kubo E, Ohmoto A, Totoki Y, Shibata T, Higuchi R, Yamamoto M, Furuse J, Shimizu K, Takahashi H, Morizane C, Furukawa T, **Yachida S**. Whole-exome sequencing reveals new potential susceptibility genes for Japanese familial pancreatic cancer. *Ann Surg.* doi: 10.1097/SLA.0000000000004213. 2020. Online ahead of print.

100. Takenaga K, Akimoto M, Koshikawa N, **Nagase H**. Cancer cell-derived interleukin-33 decoy receptor sST2 enhances orthotopic tumor growth in a murine pancreatic cancer model. *PLoS One* 15(4):e0232230, 2020
101. Terashima Y, Toda E, Itakura M, Otsuji M, Yoshinaga S, Okumura K, Shand FHW, Komohara Y, Takeda M, Chen M-C, Yokoi S, Rokutan H, Kofuku Y, Ohnishi K, Ohira M, Iizasa T, Nakano H, Okabe T, Kojima H, Kanegasaki S, Zhang M-R, Shimada I, **Nagase H**, Terasawa H, Matsushima K. Targeting FROUNT 1 with Disulfiram Suppresses Macrophage Accumulation and Tumor-promoting Properties. *Nat Commun.* 11:609, 2020
102. Todisco G, Creignou M, Galli A, Guglielmelli P, Rumi E, Roncador M, Rizzo E, **Nannya Y**, Pietra D, Elena C, Bono E, Molteni E, Rosti V, Catricala S, Sarchi M, Dimitriou M, Ungerstedt J, Vannucchi AM, Hellstrom-Lindberg E, **Ogawa S**, Cazzola M, Malcovati L. Co-mutation pattern, clonal hierarchy, and clone size concur to determine disease phenotype of SRSF2(P95)-mutated neoplasms. *Leukemia*. doi: 10.1038/s41375-020-01106-z. Online ahead of print.
103. Ueno H, Yoshida K, Shiozawa Y, **Nannya Y**, Iijima-Yamashita Y, Kiyokawa N, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Isobe T, Seki M, Kimura S, **Makishima H**, Nakagawa MM, Kakiuchi N, **Kataoka K**, Yoshizato T, Nishijima D, Deguchi T, Ohki K, Sato A, Takahashi H, Hashii Y, Tokimasa S, Hara J, Kosaka Y, Kato K, Inukai T, Takita J, Imamura T, **Miyano S**, Manabe A, Horibe K, **Ogawa S**, Sanada M. Landscape of driver mutations and their clinical impacts in pediatric B-cell precursor acute lymphoblastic leukemia. *Blood Adv.* 4(20):5165-5173, 2020
104. Wong JYY, Zhang H, Hsiung CA, **Shiraishi K**, Yu K, Matsuo K, Wong MP, Hong YC, Wang J, Seow WJ, Wang Z, Song M, Kim HN, Chang IS, Chatterjee N, Hu W, Wu C, Mitsudomi T, Zheng W, Kim JH, Seow A, Caporaso NE, Shin MH, Chung LP, An SJ, Wang P, Yang Y, Zheng H, Yatabe Y, Zhang XC, Kim YT, Cai Q, Yin Z, Kim YC, Bassig BA, Chang J, Ho JCM, Ji BT, Daigo Y, Ito H, Momozawa Y, Ashikawa K, **Kamatani Y**, Honda T, Hosgood HD, Sakamoto H, Kunitoh H, Tsuta K, Watanabe SI, Kubo M, Miyagi Y, Nakayama H, Matsumoto S, Tsuboi M, Goto K, Shi J, Song L, Hua X, Takahashi A, Goto A, Minamiya Y, Shimizu K, Tanaka K, Wei F, Matsuda F, Su J, Kim YH, Oh IJ, Song F, Su WC, Chen YM, Chang GC, Chen KY, Huang MS, Chien LH, Xiang YB, Park JY, Kweon SS, Chen CJ, Lee KM, Blechter B, Li H, Gao YT, Qian B, Lu D, Liu J, Jeon HS, Hsiao CF, Sung JS, Tsai YH, Jung YJ, Guo H, Hu Z, Wang WC, Chung CC, Burdett L, Yeager M, Hutchinson A, Berndt SI, Wu W, Pang H, Li Y, Choi JE, Park KH, Sung SW, Liu L, Kang CH, Zhu M, Chen CH, Yang TY, Xu J, Guan P, Tan W, Wang CL, Hsin M, Sit KY, Ho J, Chen Y, Choi YY, Hung JY, Kim JS, Yoon HI, Lin CC, Park IK, Xu P, Wang Y, He Q, Perng RP, Chen CY, Vermeulen R, Wu J, Lim WY, Chen KC, Li YJ, Li J, Chen H, Yu CJ, Jin L, Chen TY, Jiang SS, Liu J, Yamaji T, Hicks B, Wyatt K, Li SA, Dai J, Ma H, Jin G, Song B, Wang Z, Cheng S, Li X, Ren Y, Cui P, Iwasaki M, Shimazu T, Tsugane S, Zhu J, Chen Y, Yang K, Jiang G, Fei K, Wu G, Lin HC, Chen HL, Fang YH, Tsai FY, Hsieh WS, Yu J, Stevens VL, Laird-Offringa IA, Marconett CN, Rieswijk L, Chao A, Yang PC, Shu XO, Wu T, Wu YL, Lin D, Chen K, Zhou B, Huang YC, Kohno T, Shen H, Chanock SJ, Rothman N, Lan Q. Tuberculosis Infection and Lung Adenocarcinoma: Mendelian Randomization and Pathway Analysis of Genome-Wide Association Study Data From Never-Smoking Asian Women. *Genomics.* 112(2):1223-1232, 2020

105. Xu B, Muramatsu T, **Inazawa J**. Suppression of MET signaling mediated by pitavastatin and capmatinib inhibits oral and esophageal cancer cell growth. *Mol. Cancer Res.* 2020. doi: 10.1158/1541-7786.MCR-20-0688. Online ahead of print.
106. Yamamoto K, Kubota T, Takeyari S, Kitaoka T, Miyata K, Nakano Y, Nakayama H, Ohata Y, Yanagi K, Kaname T, **Okada Y**, Ozono K. Parental somatogonadal COL2A1 mosaicism contributes to intrafamilial recurrence in a family with type 2 collagenopathy. *Am J Med Genet A.* 182(3):454-460, 2020
107. Yamamoto K, Sakaue S, Matsuda K, Murakami Y, **Kamatani Y**, Ozono K, Momozawa Y, **Okada Y**. Genetic and phenotypic landscape of the mitochondrial genome in the Japanese population. *Commun Biol.* 3(1):104, 2020
108. Yamamoto S, Kato K, Daiko H, Kojima T, Hara H, Abe T, Tsubosa Y, Nagashima K, Aoki K, Mizoguchi Y, Kitano S, **Yachida S**, Shiba S, Kitagawa Y. Feasibility study of Nivolumab as neoadjuvant chemotherapy for locally esophageal carcinoma: FRONTIER (JCOG1804E). *Future Oncol.* 16(19):1351-1357, 2020
109. Yasuda T, Sanada M, Nishijima D, Kanamori T, Iijima Y, Hattori H, Saito A, Miyoshi H, Ishikawa Y, Asou N, Usuki K, Hirabayashi S, Kato M, Ri M, Handa H, Ishida T, Shibayama H, Abe M, Iriyama C, Karube K, Nishikori M, Ohshima K, **Kataoka K**, Yoshida K, **Shiraishi y**, Goto H, Adachi S, Kobayashi R, Kiyoi H, Miyazaki Y, **Ogawa S**, Kurahashi H, Yokoyama H, Manabe A, Iida S, Tomita A, Horibe K. Clinical utility of target capture-based panel sequencing in hematological malignancies: a multicenter feasibility study. *Cancer Sci.* 111(9):3367-3378, 2020
110. Yasumizu Y, Sakaue S, Konuma T, Suzuki K, Matsuda K, Murakami Y, Kubo M, Palamara PF, **Kamatani Y**, ***Okada Y**. Genome-Wide Natural Selection Signatures Are Linked to Genetic Risk of Modern Phenotypes in the Japanese Population. *Mol Biol Evol.* 37(5):1306-1316, 2020
111. Yoshino S, **Matsui Y**, Fukui Y, Seki M, Yamaguchi K, Kanamori A, Saitoh Y, **Shimamura T**, Suzuki Y, Furukawa Y, Kaneko S, Seiki M, Murakami Y, Inoue JI, Sakamoto T. EXOSC9 depletion attenuates P-body formation, stress resistance, and tumorigenicity of cancer cells. *Sci Rep.* 10(1):9275, 2020
112. Zhang YZ, Akdemir A, Tremmel G, **Imoto S**, **Miyano S**, Shibuya T, **Yamaguchi R**. Nanopore basecalling from a perspective of instance segmentation. *BMC Bioinformatics.* 21(Suppl 3):136, 2020

【国際がんゲノムコンソーシアム Pan Cancer Analysis Working Group】

1. Rheinbay E, Nielsen MM, Abascal F, Wala JA, Shapira O, Tiao G, Hornshøj H, Hess JM, Juul RI, Lin Z, Feuerbach L, Sabarinathan R, Madsen T, Kim J, Mularoni L, Shuai S, Lanzós A, Herrmann C, Maruvka YE, Shen C, Amin SB, Bandopadhyay P, Bertl J, Boroevich KA, Busanovich J, Carlevaro-Fita J, Chakravarty D, Chan CWY, Craft D, Dhingra P, Diamanti K, Fonseca NA, Gonzalez-Perez A, Guo Q, Hamilton MP, Haradhvala NJ, Hong C, Isaev K, Johnson TA, Juul M, Kahles A, Kahraman A, Kim Y, Komorowski J, Kumar K, Kumar S, Lee D, Lehmann KV, Li Y, Liu EM, Lochovsky L, Park K, Pich O, Roberts ND, Saksena G, Schumacher SE, Sidiropoulos N, Sieverling L, Sinnott-Armstrong N, Stewart C, Tamborero D, Tubio JMC, Umer HM, Uusküla-Reimand L, Wadelius C, Wadi L, Yao X, Zhang CZ, Zhang J, Haber JE, Hobolth A, Imielinski M, Kellis M, Lawrence MS, von Mering C, Nakagawa H, Raphael BJ, Rubin MA, Sander C, Stein LD, Stuart JM, Tsunoda T, Wheeler DA, Johnson R, Reimand J, Gerstein M,

- Khurana E, Campbell PJ, López-Bigas N; PCAWG Drivers and Functional Interpretation Working Group; PCAWG Structural Variation Working Group, Weischenfeldt J, Beroukhim R, Martincorena I, Pedersen JS, Getz G; **PCAWG Consortium**. Analyses of non-coding somatic drivers in 2,658 cancer whole genomes. *Nature*. 578(7793):102-111, 2020
2. Li Y, Roberts ND, Wala JA, Shapira O, Schumacher SE, Kumar K, Khurana E, Waszak S, Korbel JO, Haber JE, Imielinski M; PCAWG Structural Variation Working Group, Weischenfeldt J, Beroukhim R, Campbell PJ; **PCAWG Consortium**. Patterns of somatic structural variation in human cancer genomes. *Nature*. 578(7793):112-121, 2020
 3. ICGC/TCGA **Pan-Cancer Analysis of Whole Genomes Consortium**. Pan-cancer analysis of whole genomes. *Nature*. 578(7793):82-93, 2020
 4. Cortés-Ciriano I, Lee JJ, Xi R, Jain D, Jung YL, Yang L, Gordenin D, Klimczak LJ, Zhang CZ, Pellman DS; PCAWG Structural Variation Working Group, Park PJ; **PCAWG Consortium**. Comprehensive analysis of chromothripsis in 2,658 human cancers using whole-genome sequencing. *Nat Genet*. 52(3):331-341, 2020. Erratum in: *Nat Genet*. 2020 May 13, doi: 10.1038/s41588-020-0634-1.
 5. Akdemir KC, Le VT, Chandran S, Li Y, Verhaak RG, Beroukhim R, Campbell PJ, Chin L, Dixon JR, Futreal PA; PCAWG Structural Variation Working Group; **PCAWG Consortium**. Disruption of chromatin folding domains by somatic genomic rearrangements in human cancer. *Nat Genet*. 52(3):294-305, 2020
 6. Rodriguez-Martin B, Alvarez EG, Baez-Ortega A, Zamora J, Supek F, Demeulemeester J, Santamarina M, Ju YS, Temes J, Garcia-Souto D, Detering H, Li Y, Rodriguez-Castro J, Dueso-Barroso A, Bruzos AL, Dentro SC, Blanco MG, Contino G, Ardeljan D, Tojo M, Roberts ND, Zumalave S, Edwards PAW, Weischenfeldt J, Puiggròs M, Chong Z, Chen K, Lee EA, Wala JA, Raine K, Butler A, Waszak SM, Navarro FCP, Schumacher SE, Monlong J, Maura F, Bolli N, Bourque G, Gerstein M, Park PJ, Wedge DC, Beroukhim R, Torrents D, Korbel JO, Martincorena I, Fitzgerald RC, Van Loo P, Kazazian HH, Burns KH; PCAWG Structural Variation Working Group, Campbell PJ, Tubio JMC; **PCAWG Consortium**. Pan-cancer analysis of whole genomes identifies driver rearrangements promoted by LINE-1 retrotransposition. *Nat Genet*. 52(3):306-319, 2020
 7. Yakneen S, Waszak SM; PCAWG Technical Working Group, Gertz M, Korbel JO; **PCAWG Consortium**. Butler enables rapid cloud-based analysis of thousands of human genomes. *Nat Biotechnol*. 38(3):288-292, 2020. Erratum in: *Nat Biotechnol*. 2020 Feb 12; doi: 10.1038/s41587-020-0448-9
 8. Zhang Y, Chen F, Fonseca NA, He Y, Fujita M, Nakagawa H, Zhang Z, Brazma A; PCAWG Transcriptome Working Group; PCAWG Structural Variation Working Group, Creighton CJ; **PCAWG Consortium**. High-coverage whole-genome analysis of 1220 cancers reveals hundreds of genes deregulated by rearrangement-mediated *cis*-regulatory alterations. *Nat Commun*. 11(1):736, 2020
 9. Sieverling L, Hong C, Koser SD, Ginsbach P, Kleinheinz K, Hutter B, Braun DM, Cortés-Ciriano I, Xi R, Kabbe R, Park PJ, Eils R, Schlesner M; PCAWG-Structural Variation Working Group, Brors B, Rippe K, Jones DTW, Feuerbach L; **PCAWG Consortium**. Genomic footprints of activated telomere maintenance mechanisms in cancer. *Nat Commun*. 11(1):733, 2020

PCAWG Consortium: Kadir C Akdemir, Eva G Alvarez, Adrian Baez-Ortega, Rameen Beroukhim, Paul C Boutros, David D L Bowtell, Benedikt Brors, Kathleen H Burns, Peter J Campbell, Kin Chan, Ken Chen, Isidro Cortés-Ciriano, Ana Dueso-Barroso, Andrew J Dunford, Paul A Edwards, Xavier Estivill, Dariush Etemadmoghadam, Lars Feuerbach, J Lynn Fink, Milana Frenkel-Morgenstern, Dale W Garsed, Mark Gerstein, Dmitry A Gordenin, David Haan, James E Haber, Julian M Hess, Barbara Hutter, Marcin Imielinski, David T W Jones, Young Seok Ju, Marat D Kazanov, Leszek J Klimczak, Youngil Koh, Jan O Korbel, Kiran Kumar, Eunjung Alice Lee, Jake June-Koo Lee, Yilong Li, Andy G Lynch, Geoff Macintyre, Florian Markowetz, Iñigo Martincorena, Alexander Martinez-Fundichely, Matthew Meyerson, **Satoru Miyano**, Hidewaki Nakagawa, Fabio C P Navarro, Stephan Ossowski, Peter J Park, John V Pearson, Montserrat Puiggròs, Karsten Rippe, Nicola D Roberts, Steven A Roberts, Bernardo Rodriguez-Martin, Steven E Schumacher, Ralph Scully, Mark Shackleton, Nikos Sidiropoulos, Lina Sieverling, Chip Stewart, David Torrents, Jose M C Tubio, Izar Villasante, Nicola Waddell, Jeremiah A Wala, Joachim Weischenfeldt, Lixing Yang, Xiaotong Yao, Sung-Soo Yoon, Jorge Zamora, Cheng-Zhong Zhang

[2019]

1. Ahn JS, Kim T, Kim YK, Cho YC, Cho S, Jung SH, Ahn SY, Jung SY, Yang DH, Lee JJ, Choi S, Lee JY, Shin MG, Yoshida K, **Ogawa S**, Kim IC, Zhang Z, Kim HJ, Kim DDH. Remission clone in acute myeloid leukemia shows growth advantage after chemotherapy but is distinct from leukemic clone. *Exp Hematol.* 75:26-30, 2019
2. Akatsu Y, Takahashi N, Yoshimatsu Y, Kimuro S, Muramatsu T, Katsura A, Maishi N, Suzuki HI, **Inazawa J**, Hida K, Miyazono K, *Watabe T. Fibroblast growth factor signals regulate transforming growth factor- β -induced endothelial-to-myofibroblast transition of tumor endothelial cells via Elk1. *Mol Oncol.* 13(8):1706-1724, 2019
3. Akiyama M, Ishigaki K, Sakaue S, Momozawa Y, Horikoshi M, Hirata M, Matsuda K, Ikegawa S, Takahashi A, Kanai M, Suzuki S, Matsui D, Naito M, Yamaji T, Iwasaki M, Sawada N, Tanno K, Sasaki M, Hozawa A, Minegishi N, Wakai K, Tsugane S, Shimizu A, Yamamoto M, **Okada Y**, Murakami Y, Kubo M, **Kamatani Y**. Characterizing rare and low-frequency height-associated variants in the Japanese population. *Nat Commun.* 10(1):4393, 2019
4. Akizuki S, Ishigaki K, Kochi Y, Law SM, Matsuo K, Ohmura K, Suzuki A, Nakayama M, Iizuka Y, Koseki H, Ohara O, Hirata J, **Kamatani Y**, Matsuda F, Sumida T, Yamamoto K, **Okada Y**, Mimori T, Terao C. PLD4 is a genetic determinant to systemic lupus erythematosus and involved in murine autoimmune phenotypes. *Ann Rheum Dis.* 78(4):509-518, 2019
5. Amariuta T, Luo Y, Gazal S, Davenport EE, van de Geijn B, Ishigaki K, Westra HJ, Teslovich N, **Okada Y**, Yamamoto K; RACI Consortium, GARNET Consortium, Price AL, Raychaudhuri S. IMPACT: Genomic Annotation of Cell-State-Specific Regulatory Elements Inferred from the Epigenome of Bound Transcription Factors. *Am J Hum Genet.* 104(5):879-895, 2019
6. Becker H, Greve G, **Kataoka K**, Mallm JP, Duque-Afonso J, Ma T, Niemoller C, Pantic M, Duyster J, Cleary ML, Schuler J, Rippe K, **Ogawa S**, Lubbert M. Identification of enhancer of mRNA decapping 4 as a novel fusion partner of MLL in acute myeloid leukemia. *Blood Adv.* 3(5):761-765, 2019
7. Berger G, Gerritsen M, Yi G, Koorenhof-Scheele TN, Kroeze LI, Stevens-Kroef M, Yoshida K,

- Shiraishi y**, van den Berg E, Schepers H, Huls G, Mulder AB, **Ogawa S**, Martens JHA, Jansen JH, Vellenga E. Ring sideroblasts in AML are associated with adverse risk characteristics and have a distinct gene expression pattern. *Blood Adv.* 3(20):3111-3122, 2019
8. Cao-Sy L, Obara N, Sakamoto T, Kato T, Hattori K, Sakashita S, **Nannya Y**, **Ogawa S**, Harada H, Sakata-Yanagimoto M, Nishikii H, Chiba S. Prominence of nestin-expressing Schwann cells in bone marrow of patients with myelodysplastic syndromes with severe fibrosis. *Int J Hematol.* 109(3):309-318, 2019
 9. Chigira T, Nagatoishi S, Takeda H, Yoshimaru T, Katagiri T, Tsumoto K. Biophysical characterization of the breast cancer-related BIG3-PHB2 interaction: Effect of non-conserved loop region of BIG3 on the structure and the interaction. *Biochem Biophys Res Commun.* 518(1):183-189, 2019
 10. Chonabayashi K, Yoshida Y, Kitawaki T, **Nannya Y**, Nakamura M, Oshima S, Hishizawa M, Yamashita K, **Ogawa S**, Takaori-Kondo A. Acute myeloid leukemia with a cryptic NUP98/PRRX2 rearrangement developing after low-dose methotrexate therapy for rheumatoid arthritis. *Ann Hematol.* 98(12):2841-2843, 2019
 11. Christen F, Hoyer K, Yoshida K, Hou HA, Waldhueter N, Heuser M, Hills RK, Chan W, Hablesreiter R, Blau O, Ochi Y, Klement P, Chou WC, Blau IW, Tang JL, Zemojtel T, **Shiraishi y**, Shiozawa Y, Thol F, Ganser A, Lowenberg B, Linch DC, Bullinger L, Valk PJM, Tien HF, Gale RE, **Ogawa S**, Damm F. Genomic landscape and clonal evolution of acute myeloid leukemia with t(8;21): an international study on 331 patients. *Blood.* 133(10):1140-1151, 2019
 12. Chung EY, Mai Y, Shah UA, Wei Y, Ishida E, **Kataoka K**, Ren X, Pradhan K, Bartholdy B, Wei X, Zou Y, Zhang J, **Ogawa S**, Steidl U, Zang X, Verma A, Janakiram M, Ye BH. PAK Kinase Inhibition Has Therapeutic Activity in Novel Preclinical Models of Adult T-Cell Leukemia/Lymphoma. *Clin Cancer Res.* 25(12):3589-3601, 2019
 13. Clark DW, **Okada Y**, Moore KHS, Mason D, Pirastu N, Gandin I, Mattsson H, Barnes CLK, Lin K, Zhao JH, Deelen P, Rohde R, Schurmann C, Guo X, Giulianini F, Zhang W, Medina-Gomez C, Karlsson R, Bao Y, Bartz TM, Baumbach C, Biino G, Bixley MJ, Brumat M, Chai JF, Corre T, Cousminer DL, Dekker AM, Eccles DA, van Eijk KR, Fuchsberger C, Gao H, Germain M, Gordon SD, de Haan HG, Harris SE, Hofer E, Huerta-Chagoya A, Igartua C, Jansen IE, Jia Y, Kacprowski T, Karlsson T, Kleber ME, Li SA, Li-Gao R, Mahajan A, Matsuda K, Meidtner K, Meng W, Montasser ME, van der Most PJ, Munz M, Nutile T, Palviainen T, Prasad G, Prasad RB, Priyanka TDS, Rizzi F, Salvi E, Sapkota BR, Shriner D, Skotte L, Smart MC, Smith AV, van der Spek A, Spracklen CN, Strawbridge RJ, Tajuddin SM, Trompet S, Turman C, Verweij N, Viberti C, Wang L, Warren HR, Wootton RE, Yanek LR, Yao J, Yousri NA, Zhao W, Adeyemo AA, Afaq S, Aguilar-Salinas CA, Akiyama M, Albert ML, Allison MA, Alver M, Aung T, Azizi F, Bentley AR, Boeing H, Boerwinkle E, Borja JB, de Borst GJ, Bottinger EP, Broer L, Campbell H, Chanock S, Chee ML, Chen G, Chen YI, Chen Z, Chiu YF, Cocca M, Collins FS, Concas MP, Corley J, Cugliari G, van Dam RM, Damulina A, Daneshpour MS, Day FR, Delgado GE, Dhana K, Doney ASF, Dörr M, Doumatey AP, Dzimiri N, Ebenesersdóttir SS, Elliott J, Elliott P, Ewert R, Felix JF, Fischer K, Freedman BI, Girotto G, Goel A, Gögele M, Goodarzi MO, Graff M, Granot-HersHKovitz E, Grodstein F, Guarrera S, Gudbjartsson DF, Guity K, Gunnarsson B, Guo Y, Hagenaars SP, Haiman CA, Halevy A, Harris TB, Hedayati M, van Heel DA, Hirata M, Höfer I, Hsiung CA, Huang J, Hung YJ, Ikram MA, Jagadeesan A, Jousilahti P, **Kamatani Y**, Kanai M,

Kerrison ND, Kessler T, Khaw KT, Khor CC, de Kleijn DPV, Koh WP, Kolcic I, Kraft P, Krämer BK, Kutalik Z, Kuusisto J, Langenberg C, Launer LJ, Lawlor DA, Lee IT, Lee WJ, Lerch MM, Li L, Liu J, Loh M, London SJ, Loomis S, Lu Y, Luan J, Mägi R, Manichaikul AW, Manunta P, Måsson G, Matoba N, Mei XW, Meisinger C, Meitinger T, Mezzavilla M, Milani L, Millwood IY, Momozawa Y, Moore A, Morange PE, Moreno-Macias H, Mori TA, Morrison AC, Muka T, Murakami Y, Murray AD, de Mutsert R, Mychaleckyj JC, Nalls MA, Nauck M, Neville MJ, Nolte IM, Ong KK, Orozco L, Padmanabhan S, Pálsson G, Pankow JS, Pattaro C, Pattie A, Polasek O, Poulter N, Pramstaller PP, Quintana-Murci L, Räikkönen K, Ralhan S, Rao DC, van Rheenen W, Rich SS, Ridker PM, Rietveld CA, Robino A, van Rooij FJA, Ruggiero D, Saba Y, Sabanayagam C, Sabater-Lleal M, Sala CF, Salomaa V, Sandow K, Schmidt H, Scott LJ, Scott WR, Sedaghati-Khayat B, Sennblad B, van Setten J, Sever PJ, Sheu WH, Shi Y, Shrestha S, Shukla SR, Sigurdsson JK, Sikka TT, Singh JR, Smith BH, Stančáková A, Stanton A, Starr JM, Stefansdottir L, Straker L, Sulem P, Sveinbjornsson G, Swertz MA, Taylor AM, Taylor KD, Terzikhan N, Tham YC, Thorleifsson G, Thorsteinsdottir U, Tillander A, Tracy RP, Tusié-Luna T, Tzoulaki I, Vaccargiu S, Vangipurapu J, Veldink JH, Vitart V, Völker U, Vuoksimaa E, Wakil SM, Waldenberger M, Wander GS, Wang YX, Wareham NJ, Wild S, Yajnik CS, Yuan JM, Zeng L, Zhang L, Zhou J, Amin N, Asselbergs FW, Bakker SJL, Becker DM, Lehne B, Bennett DA, van den Berg LH, Berndt SI, Bharadwaj D, Bielak LF, Bochud M, Boehnke M, Bouchard C, Bradfield JP, Brody JA, Campbell A, Carmi S, Caulfield MJ, Cesarini D, Chambers JC, Chandak GR, Cheng CY, Ciullo M, Cornelis M, Cusi D, Smith GD, Deary IJ, Dorajoo R, van Duijn CM, Ellinghaus D, Erdmann J, Eriksson JG, Evangelou E, Evans MK, Faul JD, Feenstra B, Feitosa M, Foisy S, Franke A, Friedlander Y, Gasparini P, Gieger C, Gonzalez C, Goyette P, Grant SFA, Griffiths LR, Groop L, Gudnason V, Gyllensten U, Hakonarson H, Hamsten A, van der Harst P, Heng CK, Hicks AA, Hochner H, Huikuri H, Hunt SC, Jaddoe VWV, De Jager PL, Johannesson M, Johannsson Å, Jonas JB, Jukema JW, Junttila J, Kaprio J, Kardia SLR, Karpe F, Kumari M, Laakso M, van der Laan SW, Lahti J, Laudes M, Lea RA, Lieb W, Lumley T, Martin NG, März W, Matullo G, McCarthy MI, Medland SE, Merriman TR, Metspalu A, Meyer BF, Mohlke KL, Montgomery GW, Mook-Kanamori D, Munroe PB, North KE, Nyholt DR, O'connell JR, Ober C, Oldehinkel AJ, Palmas W, Palmer C, Pasterkamp GG, Patin E, Pennell CE, Perusse L, Peyser PA, Pirastu M, Polderman TJC, Porteous DJ, Posthuma D, Psaty BM, Rioux JD, Rivadeneira F, Rotimi C, Rotter JI, Rudan I, Den Ruijter HM, Sanghera DK, Sattar N, Schmidt R, Schulze MB, Schunkert H, Scott RA, Shuldiner AR, Sim X, Small N, Smith JA, Sotoodehnia N, Tai ES, Teumer A, Timpson NJ, Toniolo D, Tregouet DA, Tuomi T, Vollenweider P, Wang CA, Weir DR, Whitfield JB, Wijmenga C, Wong TY, Wright J, Yang J, Yu L, Zemel BS, Zonderman AB, Perola M, Magnusson PKE, Uitterlinden AG, Kooner JS, Chasman DI, Loos RJJ, Franceschini N, Franke L, Haley CS, Hayward C, Walters RG, Perry JRB, Esko T, Helgason A, Stefansson K, Joshi PK, Kubo M, Wilson JF. Associations of autozygosity with a broad range of human phenotypes. *Nat Commun.* 10(1):4957, 2019

14. Elbadry MI, Mizumaki H, Hosokawa K, Espinoza JL, Nakagawa N, Chonabayashi K, Yoshida Y, Katagiri T, Hosomichi K, Zaimoku Y, Imi T, Nguyen MAT, Fujii Y, Tajima A, **Ogawa S**, Takenaka K, Akashi K, Nakao S. Escape hematopoiesis by HLA-B5401-lacking hematopoietic stem progenitor cells in men with acquired aplastic anemia. *Haematologica.* 104(10):e447-e450, 2019
15. Frick M, Chan W, Arends CM, Hablesreiter R, Halik A, Heuser M, Michonneau D, Blau O, Hoyer

- K, Christen F, Galan-Sousa J, Noerenberg D, Wais V, Stadler M, Yoshida K, Schetelig J, Schuler E, Thol F, Clappier E, Christopheit M, Ayuk F, Bornhauser M, Blau IW, **Ogawa S**, Zemojtel T, Gerbitz A, Wagner EM, Spriewald BM, Schrezenmeier H, Kuchenbauer F, Kobbe G, Wiesneth M, Koldehoff M, Socie G, Kroeger N, Bullinger L, Thiede C, Damm F. Role of Donor Clonal Hematopoiesis in Allogeneic Hematopoietic Stem-Cell Transplantation. *J Clin Oncol*. 37(5):375-385, 2019
16. Funakoshi T, Miyamoto S, Kakiuchi N, Nikaido M, Setoyama T, Yokoyama A, Horimatsu T, Yamada A, Torishima M, Kosugi S, Yamada H, Sugimura H, Haga H, Sakai Y, **Ogawa S**, Seno H, Muto M, Chiba T. Genetic analysis of a case of Helicobacter pylori-uninfected intramucosal gastric cancer in a family with hereditary diffuse gastric cancer. *Gastric Cancer*. 22(4):892-898, 2019
 17. Gothe HJ, Bouwman BAM, Gusmao EG, Piccinno R, Petrosino G, Sayols S, Drechsel O, Minneker V, Josipovic N, Mizi A, Nielsen CF, Wagner EM, Takeda S, **Sasanuma H**, Hudson DF, Kindler T, Baranello L, Papantonis A, Crosetto N, Roukos V. Spatial Chromosome Folding and Active Transcription Drive DNA Fragility and Formation of Oncogenic MLL Translocations. *Mol Cell*. 75(2):267-283.e12, 2019
 18. Goto Y, Yamashita M, Kakuta K, Mahchino K, Ogata S, Mimori K, Shimizu H, Tanaka H. A single institution experience of Eppikajutsuto for the treatment of lymphatic malformations in children. *J Pediatr Surg*. 54(12):2617-2620, 2019
 19. Gu M, Zwiebel M, Ong SH, Boughton N, Nomdedeu J, Basheer F, **Nannya Y**, Quiros PM, **Ogawa S**, Cazzola M, Rad R, Butler AP, Vijayabaskar MS, Vassiliou G. RNAmut: robust identification of somatic mutations in acute myeloid leukemia using RNA-seq. *Haematologica*. 105(6):e290-e293, 2019
 20. Guarnerio J, Zhang Y, Cheloni G, Panella R, Mae Katon J, Simpson M, **Matsumoto A**, Papa A, Loretelli C, Petri A, Kauppinen S, Garbutt C, Nielsen GP, Deshpande V, Castillo-Martin M, Cordon-Cardo C, Dimitrios S, Clohessy JG, Batish M, Pandolfi PP.: Intragenic antagonistic roles of protein and circRNA in tumorigenesis. *Cell Res*. 29(8):628-640, 2019
 21. HIF-1-Dependent Reprogramming of Glucose Metabolic Pathway of Cancer Cells and Its Therapeutic Significance. Nagao A, Kobayashi M, Koyasu S, Chow CCT, Harada H. *Int J Mol Sci*. 20(2):238, 2019
 22. Haase D, Stevenson KE, Neuberg D, Maciejewski JP, Nazha A, Sekeres MA, Ebert BL, Garcia-Manero G, Haferlach C, Haferlach T, Kern W, **Ogawa S**, Nagata Y, Yoshida K, Graubert TA, Walter MJ, List AF, Komrokji RS, Padron E, Sallman D, Papaemmanuil E, Campbell PJ, Savona MR, Seegmiller A, Ades L, Fenaux P, Shih LY, Bowen D, Groves MJ, Tauro S, Fontenay M, Kosmider O, Bar-Natan M, Steensma D, Stone R, Heuser M, Thol F, Cazzola M, Malcovati L, Karsan A, Ganster C, Hellstrom-Lindberg E, Boultonwood J, Pellagatti A, Santini V, Quek L, Vyas P, Tuchler H, Greenberg PL, Bejar R, International Working Group for MDSMPC. TP53 mutation status divides myelodysplastic syndromes with complex karyotypes into distinct prognostic subgroups. *Leukemia*. 33(7):1747-1758, 2019
 23. **Hamamoto R**, Komatsu M, Takasawa K, Asada K, Kaneko S. Epigenetics Analysis and Integrated Analysis of Multiomics Data, Including Epigenetic Data, Using Artificial Intelligence in the Era of Precision Medicine. *Biomolecules*. 10(1):62, 2019
 24. Harada A, Maehara K, Handa T, Arimura Y, Nogami J, Hayashi-Takanaka Y, Shirahige K,

- Kurumizaka H, Kimura H, Ohkawa Y. A chromatin integration labelling method enables epigenomic profiling with lower input. *Nat Cell Biol.* 21(2):287-296, 2019
25. Hayashi N, Kuroda Y, Saito T, Tsuruda Y, Niida A, Otsu H, Eguchi H, Masuda T, Suzuki Y, Natsugoe S, Mimori K. A clinical trial of somatic and germline analyses for healthy longevity in a postoperative cancer patient. *Surg Today.* 49(9):738-747, 2019
 26. Hayashi S, Moriyama T, Yamaguchi R, Mizuno S, Komura M, Miyano S, Nakagawa H, Imoto S. ALPHLARD-NT: Bayesian Method for Human Leukocyte Antigen Genotyping and Mutation Calling through Simultaneous Analysis of Normal and Tumor Whole-Genome Sequence Data. *J Comput Biol.* 26(9):923-937, 2019
 27. Hayashi Y, Goyama S, Liu X, Tamura M, Asada S, Tanaka Y, Fukuyama T, Wunderlich M, O'Brien E, Mizukawa B, Yamazaki S, Matsumoto A, Yamasaki S, Shibata T, Matsuda K, Sashida G, Takizawa H, Kitamura T. Antitumor immunity augments the therapeutic effects of p53 activation on acute myeloid leukemia. *Nat Commun.* 10(1):4869, 2019
 28. Hirano H, Nagasaki-Maeoka E, Ishizuka Y, Takatori A, Watanabe Y, Hoshi R, Yoshizawa S, Kawashima H, Uekusa S, Sugito K, Uehara S, Fukuda N, Nagase H, Takayama T, Soma M, Koshinaga T and Fujiwara K. Forced expression of NR4A3 induced differentiation of human neuroblastoma-derived NB1 cells. *Med Oncol.* 36(8):66, 2019
 29. Hirata J, Hosomichi K, Sakaue S, Kanai M, Nakaoka H, Ishigaki K, Suzuki K, Akiyama M, Kishikawa T, Ogawa K, Masuda T, Yamamoto K, Hirata M, Matsuda K, Momozawa Y, Inoue I, Kubo M, Kamatani Y, Okada Y. Genetic and phenotypic landscape of the major histocompatibility complex region in the Japanese population. *Nat Genet.* 51(3):470-480, 2019
 30. Hirata M, Asano N, Katayama K, Yoshida A, Tsuda Y, Sekimizu M, Mitani S, Kobayashi E, Komiyama M, Fujimoto H, Goto T, Iwamoto Y, Naka N, Iwata S, Nishida Y, Hiruma T, Hiraga H, Kawano H, Motoi T, Oda Y, Matsubara D, Fujita M, Shibata T, Nakagawa H, Nakayama R, Kondo T, Imoto S, Miyano S, Kawai A, Yamaguchi R, Ichikawa H, Matsuda K. Integrated exome and RNA sequencing of dedifferentiated liposarcoma. *Nat Commun.* 10(1):5683, 2019. Erratum in: *Nat Commun.* 2020 Feb 19;11(1):1024
 31. Hoshino A, Yang X, Tanita K, Yoshida K, Ono T, Nishida N, Okuno Y, Kanzaki T, Goi K, Fujino H, Ohshima K, Shiraishi y, Chiba K, Tanaka H, Miyano S, Ogawa S, Kojima S, Morio T, Kanegane H. Modification of cellular and humoral immunity by somatically reverted T cells in X-linked lymphoproliferative syndrome type 1. *J Allergy Clin Immunol.* 143(1):421-424.e11, 2019
 32. Hu Q, Mimori K. ASO Author Reflections: ARL4C and Peritoneal Dissemination in Gastric Cancer. *Ann Surg Oncol.* 26(Suppl 3):547, 2019
 33. Ikuta K, Fukuda A, Ogawa S, Masuo K, Goto N, Hiramatsu Y, Tsuda M, Kimura Y, Matsumoto Y, Kimura Y, Maruno T, Kanda K, Nishi K, Takaori K, Uemoto S, Takaishi S, Chiba T, Nishi E, Seno H. Nardilysin inhibits pancreatitis and suppresses pancreatic ductal adenocarcinoma initiation in mice. *Gut.* 68(5):882-892, 2019
 34. Inagaki C, Maeda D, Kimura A, Otsuru T, Iwagami Y, Nishida N, Sakai D, Shitotsuki R, Yachida S, Doki Y, Satoh T. Gallbladder cancer harboring ERBB2 mutation on the primary and metastatic site: A case report. *World J Gastrointest Oncol.* 11:761-767, 2019
 35. Inagaki Y, Tokunaga T, Yanai M, Dan W, Ji Y, Nagase H, Fukuda N, Ozaki T, Soma M and Fujiwara K. Silencing of EPHB2 promotes epithelial-mesenchymal transition of skin squamous

- cell carcinoma-derived A431 cells. *Oncology Letters*. 17(4):3735-3742, 2019
36. Inoue M, Uchino S, Iida A, Noguchi S, Hayashi S, **Takahashi T**, Fujii K, Komaki H, Takeshita E, Nonaka I, **Okada Y**, Yoshizawa T, Van Lommel L, Schuit F, Goto YI, Mimaki M, Nishino I. COX6A2 variants cause a muscle-specific cytochrome c oxidase deficiency. *Ann Neurol*. 86(2):193-202, 2019
 37. Ito S, Goto H, Kuniyasu K, Shindo M, Yamada M, Tanaka K, Toh GT, Sawa M, Inagaki M, Bartek J, Masai H. Cdc7 kinase stimulates Aurora B kinase in M-phase. *Sci Rep*. 9(1):18622, 2019
 38. Ito S, Yadome M, Nishiki T, Ishiduki S, Inoue H, **Yamaguchi R**, **Miyano S**. Virtual Grid Engine: a simulated grid engine environment for large-scale supercomputers. *BMC Bioinformatics*. 20(Suppl 16):591, 2019
 39. Kajino T, **Shimamura T**, Gong S, Yanagisawa K, Ida L, Nakatochi M, Griesing S, Shimada Y, Kano K, Suzuki M, **Miyano S**, **Takahashi T**. Divergent lncRNA MYMLR regulates MYC by eliciting DNA looping and promoter-enhancer interaction. *EMBO J*. 38(17):e98441, 2019
 40. Kajino T, **Shimamura T**, Gong S, Yanagisawa K, Ida L, Nakatochi M, Griesing S, Shimada Y, Kano K, Suzuki M, **Miyano S**, **Takahashi T**. Divergent lncRNA MYMLR regulates MYC by eliciting DNA looping and promoter-enhancer interaction. *EMBO J*. 38(17):e98441, 2019
 41. **Kataoka K**, Miyoshi H, Sakata S, Dobashi A, Couronné L, Kogure Y, Sato Y, Nishida K, Gion Y, **Shiraishi y**, Tanaka H, Chiba K, Watatani Y, Kakiuchi N, Shiozawa Y, Yoshizato T, Yoshida K, **Makishima H**, Sanada M, Onozawa M, Teshima T, Yoshiki Y, Ishida T, Suzuki K, Shimada K, Tomita A, Kato M, Ota Y, Izutsu K, Demachi-Okamura A, Akatsuka Y, **Miyano S**, Yoshino T, Gaulard P, Hermine O, Takeuchi K, Ohshima K, **Ogawa S**. Frequent structural variations involving programmed death ligands in Epstein-Barr virus-associated lymphomas. *Leukemia*. 33(7):1687-1699, 2019
 42. Kawakubo H, **Matsui Y**, Kushima I, Ozaki N, **Shimamura T**. A network of networks approach for modeling interconnected brain tissue-specific networks. *Bioinformatics*. 35(17):3092-3101, 2019
 43. Kawamura Y, Nakaoka H, Nakayama A, **Okada Y**, Yamamoto K, Higashino T, Sakiyama M, Shimizu T, Ooyama H, Ooyama K, Nagase M, Hidaka Y, Shirahama Y, Hosomichi K, Nishida Y, Shimoshikiryo I, Hishida A, Katsuura-Kamano S, Shimizu S, Kawaguchi M, Uemura H, Ibusuki R, Hara M, Naito M, Takao M, Nakajima M, Iwasawa S, Nakashima H, Ohnaka K, Nakamura T, Stiburkova B, Merriman TR, Nakatochi M, Ichihara S, Yokota M, Takada T, Saitoh T, **Kamatani Y**, Takahashi A, Arisawa K, Takezaki T, Tanaka K, Wakai K, Kubo M, Hosoya T, Ichida K, Inoue I, Shinomiya N, Matsuo H. Genome-wide association study revealed novel loci which aggravate asymptomatic hyperuricaemia into gout. *Ann Rheum Dis*. 78(10):1430-1437, 2019
 44. Kawashima N, Akashi A, Nagata Y, Kihara R, Ishikawa Y, Asou N, Ohtake S, Miyawaki S, Sakura T, Ozawa Y, Usui N, Kanamori H, Ito Y, Imai K, Suehiro Y, Kitamura K, Sakaida E, Takeshita A, Suzushima H, Naoe T, Matsumura I, Miyazaki Y, **Ogawa S**, Kiyoi H, Japan Adult Leukemia Study G. Clinical significance of ASXL2 and ZBTB7A mutations and C-terminally truncated RUNX1-RUNX1T1 expression in AML patients with t(8;21) enrolled in the JALSG AML201 study. *Ann Hematol*. 98(1):83-91, 2019
 45. Kayano T, Lee KD, Nishiura H. Estimating the force of infection with *Helicobacter pylori* in Japan. *Can J Infect Dis Med Microbiol*. 2019:1451490, 2019
 46. Kayano T, Nishiura H, Predicting congenital rubella syndrome in Japan, 2018-2019. *Int J Infect*

Dis. 82:1-5, 2019

47. Kidoya H, Muramatsu F, **Shimamura T**, Jia W, Satoh T, Hayashi Y, Naito H, Kunisaki Y, Arai F, Seki M, Suzuki Y, **Osawa T**, Akira S., Takakura N. Regnase-1-mediated post-transcriptional regulation is essential for hematopoietic stem and progenitor cell homeostasis. *Nat Commun.* 10:1072, 2019
48. Kikuchi-Koike R, Nagasaka K, Tsuda H, Ishii Y, Sakamoto M, Kikuchi Y, Fukui S, Miyagawa Y, Hiraike H, Kobayashi T, Kinoshita T, Kanai Y, Shibata T, Imoto I, **Inazawa J**, Matsubara O, Ayabe T. Array comparative genomic hybridization analysis discloses chromosome copy number alterations as indicators of patient outcome in lymph node-negative breast cancer. *BMC Cancer.* 19(1):521, 2019
49. Kim S, Bolatkan A, Kaneko S, Ikawa N, Asada K, Komatsu M, Hayami S, Ojima H, Abe N, Yamaue H, **Hamamoto R**. Deregulation of the histone lysine specific demethylase 1 is involved in human hepatocellular carcinoma. *Biomolecules.* 9(12):810, 2019
50. Kim SK, Kim K, Ryu JW, Ryu TY, Lim JH, Oh JH, Min JK, Jung CR, **Hamamoto R**, Son MY, Kim DS, Cho HS. The novel prognostic marker, EHMT2, is involved in cell proliferation via HSPD1 regulation in breast cancer. *Int J Oncol.* 54(1):65-76, 2019
51. Kim SK, Takeda H, Takai A, Matsumoto T, Kakiuchi N, Yokoyama A, Yoshida K, Kaido T, Uemoto S, Minamiguchi S, Haga H, **Shiraishi y**, **Miyano S**, Seno H, **Ogawa S**, Marusawa H. Comprehensive analysis of genetic aberrations linked to tumorigenesis in regenerative nodules of liver cirrhosis. *J Gastroenterol.* 54(7):628-640, 2019
52. Kimura S, Hasegawa D, Yoshimoto Y, Seki M, Daida A, Sekiguchi M, Hirabayashi S, Hosoya Y, Kobayashi M, **Miyano S**, **Ogawa S**, Takita J, Manabe A. Duplication of *ALK* F1245 missense mutation due to acquired uniparental disomy associated with aggressive progression in a patient with relapsed neuroblastoma. *Oncol Lett.* 17(3):3323-3329, 2019
53. Kimura S, Seki M, Yoshida K, **Shiraishi y**, Akiyama M, Koh K, Imamura T, Manabe A, Hayashi Y, Kobayashi M, Oka A, **Miyano S**, **Ogawa S**, Takita J. NOTCH1 pathway activating mutations and clonal evolution in pediatric T-cell acute lymphoblastic leukemia. *Cancer Sci.* 110(2):784-794, 2019
54. Kishikawa T, Momozawa Y, Ozeki T, Mushiroda T, Inohara H, **Kamatani Y**, Kubo M, **Okada Y**. Empirical evaluation of variant calling accuracy using ultra-deep whole-genome sequencing data. *Sci Rep.* 9(1):1784, 2019
55. Kitagawa Y, Okumura K, Watanabe T, Tsukamoto K, Kitano S, Nankinzan R, Suzuki T, Hara T, Souda H, Denda T, Yamaguchi T, **Nagase H**. Enrichment technique to allow early detection and monitor emergence of KRAS mutation in response to treatment. *Sci Rep.* 9:11346, 2019
56. Kobayashi K, Mizuta S, Yamane N, Ueno H, Yoshida K, Kato I, Umeda K, Hiramatsu H, Suehiro M, Maihara T, Usami I, **Shiraishi y**, Chiba K, **Miyano S**, Adachi S, **Ogawa S**, Kiyokawa N, Heike T. Paraneoplastic hypereosinophilic syndrome associated with IL3-IgH positive acute lymphoblastic leukemia. *Pediatr Blood Cancer.* 66(1):e27449, 2019
57. Kobayashi K, Murakami N, Takahashi K, Inaba K, **Hamamoto R**, Itami J. Local Radiotherapy or Chemotherapy for Oligo-recurrent Cervical Cancer in Patients With Prior Pelvic Irradiation. *In Vivo.* 33(5):1659-1665, 2019
58. Kobayashi K, Murakami N, Takahashi K, Inaba K, Igaki H, **Hamamoto R**, Itami J. A Population-based Statistical Model for Investigating Heterogeneous Intraprostatic Sensitivity to Radiation

- Toxicity After 125I Seed Implantation. *In Vivo*. 33(6):2103-2111, 2019
59. Kohara H, Utsugisawa T, Sakamoto C, Hirose L, Ogawa Y, Ogura H, Sugawara A, Aoki T, Iwasaki T, Asai T, Doisaki S, Okuno Y, Muramatsu H, Abe T, Kurita R, Miyamoto S, Sakuma T, Shiba M, Yamamoto T, Ohga S, Yoshida K, **Ogawa S**, Ito E, Kojima S, Kanno H, Tani K. KLF1 Mutation E325K Induces Cell-cycle Arrest in Erythroid Cells Differentiated from Congenital Dyserythropoietic Anemia (CDA) Patient-specific Induced Pluripotent Stem Cells. *Exp Hematol*. 73:25-37.e8, 2019
 60. Kohsaka S, Tatsuno K, Ueno T, Nagano M, Shinozaki-Ushiku A, Ushiku T, Takai D, Ikegami M, Kobayashi H, Kage H, Ando M, Hata K, Ueda H, Yamamoto S, Kojima S, Oseto K, Akaike K, Suehara Y, Hayashi T, Saito T, Takahashi F, Takahashi K, Takamochi K, Suzuki K, Nagayama S, Oda Y, Mimori K, Ishihara S, Yatomi Y, Nagase T, Nakajima J, Tanaka S, Fukayama M, Oda K, Nangaku M, Miyazono K, Miyagawa K, Aburatani H, Mano H. Comprehensive assay for the molecular profiling of cancer by target enrichment from formalin-fixed paraffin-embedded specimens. *Cancer Sci*. 110(4):1464-1479, 2019
 61. Kojima M, Sone K, Oda K, **Hamamoto R**, Kaneko S, Oki S, Kukita A, Machino H, Honjoh H, Kawata Y, Kashiya T, Asada K, Tanikawa M, Mori-Uchino M, Tsuruga T, Nagasaka K, Matsumoto Y, Wada-Hiraie O, Osuga Y, Fujii T. The histone methyltransferase WHSC1 is regulated by EZH2 and is important for ovarian clear cell carcinoma cell proliferation. *BMC Cancer*. 19(1):455, 2019
 62. Konno M, Koseki J, Asai A, Yamagata A, **Shimamura T**, Motooka D, Okuzaki D, Kawamoto K, Mizushima T, Eguchi H, Takiguchi S, Satoh T, Mimori K, Ochiya T, Doki Y, Ofusa K, Mori M, Ishii H. Distinct methylation levels of mature microRNAs in gastrointestinal cancers. *Nat Commun*. 10(1):3888, 2019
 63. Kotani S, Yoda A, Kon A, **Kataoka K**, Ochi Y, Shiozawa Y, Hirsch C, Takeda J, Ueno H, Yoshizato T, Yoshida K, Nakagawa MM, **Nannya Y**, Kakiuchi N, Yamauchi T, Aoki K, **Shiraishi y**, **Miyano S**, Maeda T, Maciejewski JP, Takaori-Kondo A, **Ogawa S**, **Makishima H**. Molecular pathogenesis of disease progression in MLL-rearranged AML. *Leukemia*. 33(3):612-624, 2019
 64. Kouyama Y, Masuda T, Fujii A, Ogawa Y, Sato K, Tobo T, Wakiyama H, Yoshikawa Y, Noda M, Tsuruda Y, Kuroda Y, Eguchi H, Ishida F, Kudo SE, Mimori K. Oncogenic splicing abnormalities induced by DEAD-Box Helicase 56 amplification in colorectal cancer. *Cancer Sci*. 110(10):3132-3144, 2019
 65. Koyasu S, Shimizu Y, Morinibu A, Saga T, Nakamoto Y, Togashi K, Harada H. Increased 14C-acetate accumulation in IDH-mutated human glioblastoma: implications for detecting IDH-mutated glioblastoma with 11C-acetate PET imaging. *J Neurooncol*. 145(3):441-447, 2019
 66. Kubota Y, Arakawa Y, Sekiguchi M, Watanabe K, Hiwatari M, Kishimoto H, Nakazawa A, Yoshida A, **Ogawa S**, Hanada R, Oka A, Takita J, Koh K. A case of malignant rhabdoid tumor mimicking yolk sac tumor. *Pediatr Blood Cancer*. e27784, 2019
 67. Kubota Y, Uryu K, Ito T, Seki M, Kawai T, Isobe T, Kumagai T, Toki T, Yoshida K, Suzuki H, **Kataoka K**, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Ohki K, Kiyokawa N, Kagawa J, **Miyano S**, Oka A, Hayashi Y, **Ogawa S**, Terui K, Sato A, Hata K, Ito E, Takita J. Integrated genetic and epigenetic analysis revealed heterogeneity of acute lymphoblastic leukemia in Down syndrome. *Cancer Sci*. 110(10):3358-3367, 2019.
 68. Kukita A, Sone K, Oda K, **Hamamoto R**, Kaneko S, Komatsu M, Wada M, Honjoh H, Kawata

- Y, Kojima M, Oki S, Sato M, Asada K, Taguchi A, Miyasaka A, Tanikawa M, Nagasaka K, Matsumoto Y, Hiraike O, Osuga Y, Fujii T. Histone methyltransferase SMYD2 selective inhibitor LLY-507 in combination with poly ADP ribose polymerase inhibitor has therapeutic potential against high-grade serous ovarian carcinomas. *Biochem and Biophys Res Commun*. 513(2):340-346, 2019
69. Kume K, **Nishizuka SS**. RPPAs for Cell Subpopulation Analysis. *Adv Exp Med Biol*. 1188:227-237, 2019
70. Kurashige J, Yokobori T, Mima K, Sawada G, Takahashi Y, Ueo H, Takano Y, Matsumura T, Uchi R, Eguchi H, Sudo T, Sugimachi K, Mori M, Baba H, Mimori K. Plastin3 is associated with epithelial-mesenchymal transition and poor prognosis in gastric cancer. *Oncol Lett*. 17(2):2393-2399, 2019
71. Labuhn M, Perkins K, Matzk S, Varghese L, Garnett C, Papaemmanuil E, Metzner M, Kennedy A, Amstislavskiy V, Risch T, Bhayadia R, Samulowski D, Hernandez DC, Stoilova B, Iotchkova V, Oppermann U, Scheer C, Yoshida K, Schwarzer A, Taub J, Crispino JD, Weiss MJ, Hayashi A, Taga T, Ito E, **Ogawa S**, Reinhardt D, Yaspo ML, Campbell PJ, Roberts I, Constantinescu S, Vyas P, Heckl D, Klusmann JH. Mechanisms of Progression of Myeloid Preleukemia to Transformed Myeloid Leukemia in Children with Down Syndrome. *Cancer Cell*. 2019;36(2):123-138 e110.
72. Lee JS, Rhee TM, Pietrasz D, Bachet JB, Laurent-Puig P, Kong SY, Takai E, **Yachida S**, Shibata T, Lee JW, Park HC, Zang DY, Jeon K, Lee J, Kim M, Kim HS, Kang HJ, Lee YK. Circulating tumor DNA as a prognostic indicator in resectable pancreatic ductal adenocarcinoma: A systematic review and meta-analysis. *Sci Rep*. 9:16971, 2019
73. Leu C, Stevelink R, Smith AW, Goleva SB, Kanai M, Ferguson L, Campbell C, **Kamatani Y**, **Okada Y**, Sisodiya SM, Cavalleri GL, Koeleman BPC, Lerche H, Jehi L, Davis LK, Najm IM, Palotie A, Daly MJ, Busch RM; Epi25 Consortium, Lal D. Polygenic burden in focal and generalized epilepsies. *Brain*. 142(11):3473-3481, 2019
74. Lin J, Krishnamurthy S, Yoda H, Shinozaki Y, Watanabe T, Koshikawa N, Takatori A, Horton P and **Nagase H**. Estimating genome-wide off-target effects for pyrrole-imidazole polyamide binding by a pathway-based expression profiling approach. *PLoS One*. 14(4):e0215247, 2019
75. Lin J, Kuo T, Horton P, **Nagase H**, CRED: a rapid peak caller for Chem-seq data. *Journal of Open Source Software*. 4(37):1423, 2019
76. Liu M, Jiang Y, Wedow R, Li Y, Brazel DM, Chen F, Datta G, Davila-Velderrain J, McGuire D, Tian C, Zhan X; 23andMe Research Team; HUNT All-In Psychiatry, Choquet H, Docherty AR, Faul JD, Foerster JR, Fritsche LG, Gabrielsen ME, Gordon SD, Haessler J, Hottenga JJ, Huang H, Jang SK, Jansen PR, Ling Y, Mägi R, Matoba N, McMahon G, Mulas A, Orrù V, Palviainen T, Pandit A, Reginsson GW, Skogholt AH, Smith JA, Taylor AE, Turman C, Willemsen G, Young H, Young KA, Zajac GJM, Zhao W, Zhou W, Bjornsdottir G, Boardman JD, Boehnke M, Boomsma DI, Chen C, Cucca F, Davies GE, Eaton CB, Ehringer MA, Esko T, Fiorillo E, Gillespie NA, Gudbjartsson DF, Haller T, Harris KM, Heath AC, Hewitt JK, Hickie IB, Hokanson JE, Hopfer CJ, Hunter DJ, Iacono WG, Johnson EO, **Kamatani Y**, Kardina SLR, Keller MC, Kellis M, Kooperberg C, Kraft P, Krauter KS, Laakso M, Lind PA, Loukola A, Lutz SM, Madden PAF, Martin NG, McGue M, McQueen MB, Medland SE, Metspalu A, Mohlke KL, Nielsen JB, **Okada Y**, Peters U, Polderman TJC, Posthuma D, Reiner AP, Rice JP, Rimm E, Rose RJ, Runarsdottir V, Stallings MC, Stančáková A, Stefansson H, Thai KK, Tindle HA, Tyrfingsson T,

- Wall TL, Weir DR, Weisner C, Whitfield JB, Winsvold BS, Yin J, Zuccolo L, Bierut LJ, Hveem K, Lee JJ, Munafò MR, Saccone NL, Willer CJ, Cornelis MC, David SP, Hinds DA, Jorgenson E, Kaprio J, Stitzel JA, Stefansson K, Thorgeirsson TE, Abecasis G, Liu DJ, Vrieze S. Association studies of up to 1.2 million individuals yield new insights into the genetic etiology of tobacco and alcohol use. *Nat Genet.* 51(2):237-244, 2019
77. Liu YY, Tanikawa C, Ueda K, Matsuda K*. INKA2, a novel p53 target that interacts with the serine/threonine kinase PAK4. *Int J Oncol.* 54(6):1907-1920, 2019
 78. Low SK, Chin YM, Ito H, Matsuo K, Tanikawa C, Matsuda K, Saito H, Sakurai-Yageta M, Nakaya N, Shimizu A, **Nishizuka SS**, Yamaji T, Sawada N, Iwasaki M, Tsugane S, Takezaki T, Suzuki S, Naito M, Wakai K, **Kamatani Y**, Momozawa Y, Murakami Y, **Inazawa J**, Nakamura Y, Kubo M, Katagiri T, **Miki Y**. Identification of two novel breast cancer loci through large-scale genome-wide association study in the Japanese population. *Sci Rep.* 9(1):17332, 2019
 79. Luchini C, Veronese N, Nottegar A, Riva G, Pilati C, Mafficini A, Stubbs B, Simbolo M, Mombello A, Corbo V, Cheng L, **Yachida S**, Wood LD, Lawlor RT, Salvia R, Scarpa A. Perineural invasion is a strong prognostic moderator in ampulla of Vater carcinoma: A meta-analysis. *Pancreas.* 48: 70-76, 2019
 80. Martin AR, Kanai M, **Kamatani Y**, **Okada Y**, Neale BM, Daly MJ. Clinical use of current polygenic risk scores may exacerbate health disparities. *Nat Genet.* 51(4):584-591, 2019
 81. Masaki S, Ikeda S, Hata A, Shiozawa Y, Kon A, **Ogawa S**, Suzuki K, Hakuno F, Takahashi SI, Kataoka N. Myelodysplastic Syndrome-Associated SRSF2 Mutations Cause Splicing Changes by Altering Binding Motif Sequences. *Front Genet.* 10:338, 2019
 82. Mateos RN, Nakagawa H, Hirono S, Takano S, Fukasawa M, Yanagisawa A, Yasukawa S, Maejima K, Oku-Sasaki A, Nakano K, Dutta M, Tanaka H, **Miyano S**, Enomoto N, Yamaue H, Nakai K, Fujita M. Genomic analysis of pancreatic juice DNA assesses malignant risk of intraductal papillary mucinous neoplasm of pancreas. *Cancer Med.* 8(10):4565-4573, 2019
 83. Matoba N, Akiyama M, Ishigaki K, Kanai M, Takahashi A, Momozawa Y, Ikegawa S, Ikeda M, Iwata N, Hirata M, Matsuda K, Kubo M, **Okada Y**, **Kamatani Y**. GWAS of smoking behaviour in 165,436 Japanese people reveals seven new loci and shared genetic architecture. *Nat Hum Behav.* 3(5):471-477, 2019
 84. Matsuda A, Asada Y, Suita N, Iwamoto S, Hirakata T, Yokoi N, Ohkawa Y, **Okada Y**, Yokomizo T, Ebihara N. Transcriptome profiling of refractory atopic keratoconjunctivitis by RNA sequencing. *J Allergy Clin Immunol.* 143(4):1610-1614.e6, 2019
 85. Matsuno Y, Atsumi Y, Shimizu A, Katayama K, Fujimori H, Hyodo M, Minakawa Y, Nakatsu Y, Kaneko S, **Hamamoto R**, **Shimamura T**, **Miyano S**, Tsuzuki T, Hanaoka F, Yoshioka KI. Replication stress triggers microsatellite destabilization and hypermutation leading to clonal expansion in vitro. *Nat Commun.* 10(1):3925, 2019
 86. Matsuno Y, Atsumi Y, Shimizu A, Katayama K, Fujimori H, Hyodo M, Minakawa Y, Nakatsu Y, Kaneko S, **Hamamoto R**, **Shimamura T**, **Miyano S**, Tsuzuki T, Hanaoka F, Yoshioka KI. Replication stress triggers microsatellite destabilization and hypermutation leading to clonal expansion in vitro. *Nat Commun.* 10(1):3925, 2019
 87. Mizuno A, **Okada Y**. Biological characterization of expression quantitative trait loci (eQTLs) showing tissue-specific opposite directional effects. *Eur J Hum Genet.* 27(11):1745-1756, 2019
 88. Molineros JE, Looger LL, Kim K, **Okada Y**, Terao C, Sun C, Zhou XJ, Raj P, Kochi Y, Suzuki

- A, Akizuki S, Nakabo S, Bang SY, Lee HS, Kang YM, Suh CH, Chung WT, Park YB, Choe JY, Shim SC, Lee SS, Zuo X, Yamamoto K, Li QZ, Shen N, Porter LL, Harley JB, Chua KH, Zhang H, Wakeland EK, Tsao BP, Bae SC, Nath SK. Amino acid signatures of HLA Class-I and II molecules are strongly associated with SLE susceptibility and autoantibody production in Eastern Asians. *PLoS Genet.* 15(4):e1008092, 2019
89. Molineros JE, Singh B, Terao C, **Okada Y**, Kaplan J, McDaniel B, Akizuki S, Sun C, Webb CF, Looger LL, Nath SK. Mechanistic Characterization of RASGRP1 Variants Identifies an hnRNP-K-Regulated Transcriptional Enhancer Contributing to SLE Susceptibility. *Front Immunol.* 10:1066, 2019
 90. Mori M, Hira A, Yoshida K, Muramatsu H, Okuno Y, **Shiraishi y**, Anmae M, Yasuda J, Tadaka S, Kinoshita K, Osumi T, Noguchi Y, Adachi S, Kobayashi R, Kawabata H, Imai K, Morio T, Tamura K, Takaori-Kondo A, Yamamoto M, **Miyano S**, Kojima S, Ito E, **Ogawa S**, Matsuo K, Yabe H, Yabe M, Takata M. Pathogenic mutations identified by a multimodality approach in 117 Japanese Fanconi anemia patients. *Haematologica.* 104(10):1962-1973, 2019. Erratum in: *Haematologica.* 2020 Apr;105(4):1166-1167
 91. **Morimoto S**, Tsuda M, Bunch H, **Sasanuma H**, Austin C, Takeda S. Type II DNA Topoisomerases Cause Spontaneous Double-Strand Breaks in Genomic DNA. *Genes (Basel).* 10(11):868, 2019
 92. Moriyama T, **Imoto S**, Hayashi S, **Shiraishi y**, **Miyano S**, **Yamaguchi R**. A Bayesian model integration for mutation calling through data partitioning. *Bioinformatics.* 35(21):4247-4254, 2019
 93. Morris AP, Le TH, Wu H, Akbarov A, van der Most PJ, Hemani G, Smith GD, Mahajan A, Gaulton KJ, Nadkarni GN, Valladares-Salgado A, Wachter-Rodarte N, Mychaleckyj JC, Dueker ND, Guo X, Hai Y, Haessler J, **Kamatani Y**, Stilp AM, Zhu G, Cook JP, Ärnlöv J, Blanton SH, de Borst MH, Bottinger EP, Buchanan TA, Cechova S, Charchar FJ, Chu PL, Damman J, Eales J, Gharavi AG, Giedraitis V, Heath AC, Ipp E, Kiryluk K, Kramer HJ, Kubo M, Larsson A, Lindgren CM, Lu Y, Madden PAF, Montgomery GW, Papanicolaou GJ, Raffel LJ, Sacco RL, Sanchez E, Stark H, Sundstrom J, Taylor KD, Xiang AH, Zivkovic A, Lind L, Ingelsson E, Martin NG, Whitfield JB, Cai J, Laurie CC, **Okada Y**, Matsuda K, Kooperberg C, Chen YI, Rundek T, Rich SS, Loos RJE, Parra EJ, Cruz M, Rotter JI, Snieder H, Tomaszewski M, Humphreys BD, Franceschini N. Trans-ethnic kidney function association study reveals putative causal genes and effects on kidney-specific disease aetiologies. *Nat Commun.* 10(1):29, 2019
 94. Mukohyama J, Isobe T, Hu Q, Hayashi T, Watanabe T, Maeda M, Yanagi H, Qian X, Yamashita K, Minami H, Mimori K, Sahoo D, Kakeji Y, Suzuki A, Dalerba P, Shimono Y. miR-221 Targets QKI to Enhance the Tumorigenic Capacity of Human Colorectal Cancer Stem Cells. *Cancer Res.* 79(20):5151-5158, 2019
 95. Munasinghe L, Asai Y, Nishiura H, Quantifying heterogeneous contact patterns in Japan: a social contact survey. *Theor Biol Med Model.* 16(1):6, 2019
 96. Muraoka D, Seo N, Hayashi T, Tahara Y, Fujii K, Tawara I, Miyahara Y, Okamori K, Yagita H, **Imoto S**, **Yamaguchi R**, Komura M, **Miyano S**, Goto M, Sawada SI, Asai A, Ikeda H, Akiyoshi K, Harada N, Shiku H. Antigen delivery targeted to tumor-associated macrophages overcomes tumor immune resistance. *J Clin Invest.* 129(3):1278-1294, 2019
 97. Muto Y, Moroishi T, Ichihara K, Nishiyama M, Shimizu H, Eguchi H, Moriya K, Koike K,

- Mimori K, Mori M, Katayama Y, Nakayama KI. Disruption of FBXL5-mediated cellular iron homeostasis promotes liver carcinogenesis. *J Exp Med*. 216(4):950-965, 2019
98. Nagai A, Ri I, **Muto K**. Attitudes toward genomic tumor profiling tests in Japan: patients, family members, and the public. *J Hum Genet*. 64(5):481-485, 2019. Erratum in: Nagai A, Ri I, **Muto K**. *J Hum Genet*. 2019 May;64(5):509.
99. Nagao Y, Mimura N, Takeda J, Yoshida K, Shiozawa Y, Oshima M, Aoyama K, Saraya A, Koide S, Rizq O, Hasegawa Y, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Nishijima D, Isshiki Y, Kayamori K, Kawajiri-Manako C, Oshima-Hasegawa N, Tsukamoto S, Mitsukawa S, Takeda Y, Ohwada C, Takeuchi M, Iseki T, Misawa S, **Miyano S**, Ohara O, Yokote K, Sakaida E, Kuwabara S, Sanada M, Iwama A, **Ogawa S**, Nakaseko C. Genetic and transcriptional landscape of plasma cells in POEMS syndrome. *Leukemia*. 33(7):1723-1735, 2019
100. Nagata Y, **Makishima H**, Kerr CM, Przychodzen BP, Aly M, Goyal A, Awada H, Asad MF, Kuzmanovic T, Suzuki H, Yoshizato T, Yoshida K, Chiba K, Tanaka H, **Shiraishi y**, **Miyano S**, Mukherjee S, LaFramboise T, Nazha A, Sekeres MA, Radivoyevitch T, Haferlach T, **Ogawa S**, Maciejewski JP. Invariant patterns of clonal succession determine specific clinical features of myelodysplastic syndromes. *Nat Commun*. 10(1):5386, 2019.
101. Nakada H, Takashima K. Where Can Patients Obtain Information on the Preapproval Access Pathway to Investigational Treatment in Japan? A Survey of Patient Advocacy Organizations' Websites. *Clin Pharmacol Drug Dev*. 8(8):978-983, 2019
102. Nakada H, Yoshida S, **Muto K**. "Tell me what you suggest, and let's do that, doctor": Patient deliberation time during informal decision-making in clinical trials. *PLoS One*. 14(1):e0211338, 2019
103. Nakamura S, Oba M, Suzuki M, Takahashi A, Yamamuro T, Fujiwara M, Ikenaka K, Minami S, Tabata N, Yamamoto K, Kubo S, Tokumura A, Akamatsu K, Miyazaki Y, Kawabata T, Hamasaki M, Fukui K, Sango K, Watanabe Y, Takabatake Y, Kitajima TS, **Okada Y**, Mochizuki H, Isaka Y, Antebi A, Yoshimori T. Suppression of autophagic activity by Rubicon is a signature of aging. *Nat Commun*. 10(1):847, 2019
104. Nakamura S, Yokoyama K, Shimizu E, Yusa N, Kondoh K, Ogawa M, Takei T, Kobayashi A, Ito M, Isobe M, Konuma T, Kato S, Kasajima R, Wada Y, Nagamura-Inoue T, **Yamaguchi R**, Takahashi S, **Imoto S**, **Miyano S**, Tojo A. Prognostic impact of circulating tumor DNA status post-allogeneic hematopoietic stem cell transplantation in AML and MDS. *Blood*. 133(25):2682-2695, 2019
105. Nakatochi M, Kanai M, Nakayama A, Hishida A, Kawamura Y, Ichihara S, Akiyama M, Ikezaki H, Furusyo N, Shimizu S, Yamamoto K, Hirata M, Okada R, Kawai S, Kawaguchi M, Nishida Y, Shimano C, Ibusuki R, Takezaki T, Nakajima M, Takao M, Ozaki E, Matsui D, Nishiyama T, Suzuki S, Takashima N, Kita Y, Endoh K, Kuriki K, Uemura H, Arisawa K, Oze I, Matsuo K, Nakamura Y, Mikami H, Tamura T, Nakashima H, Nakamura T, Kato N, Matsuda K, Murakami Y, Matsubara T, Naito M, Kubo M, **Kamatani Y**, Shinomiya N, Yokota M, Wakai K, **Okada Y**, Matsuo H. Genome-wide meta-analysis identifies multiple novel loci associated with serum uric acid levels in Japanese individuals. *Commun Biol*. 2:115, 2019
106. **Niida A**, Hasegawa T, **Miyano S**. Sensitivity analysis of agent-based simulation utilizing massively parallel computation and interactive data visualization. *PLoS One*. 14(3):e0210678, 2019

107. **Nishizuka SS**, Sato KA, Hachiya T. A Pipeline for ctDNA Detection Following Primary Tumor Profiling Using a Cancer-Related Gene Sequencing Panel. *Methods Mol Biol.* 1908:229-241, 2019
108. Noguchi E, Akiyama M, Yagami A, Hirota T, **Okada Y**, Kato Z, Kishikawa R, Fukutomi Y, Hide M, Morita E, Aihara M, Hiragun M, Chinuki Y, Okabe T, Ito A, Adachi A, Fukunaga A, Kubota Y, Aoki T, Aoki Y, Nishioka K, Adachi T, Kanazawa N, Miyazawa H, Sakai H, Kozuka T, Kitamura H, Hashizume H, Kanegane C, Masuda K, Sugiyama K, Tokuda R, Furuta J, Higashimoto I, Kato A, Seishima M, Tajiri A, Tomura A, Taniguchi H, Kojima H, Tanaka H, Sakai A, Morii W, Nakamura M, **Kamatani Y**, Takahashi A, Kubo M, Tamari M, Saito H, Matsunaga K. HLA-DQ and RBF1 as susceptibility genes for an outbreak of hydrolyzed wheat allergy. *J Allergy Clin Immunol.* 144(5):1354-1363, 2019
109. Ogawa K, Okuno T, Hosomichi K, Hosokawa A, Hirata J, Suzuki K, Sakaue S, Kinoshita M, Asano Y, Miyamoto K, Inoue I, Kusunoki S, **Okada Y**, Mochizuki H. Next-generation sequencing identifies contribution of both class I and II HLA genes on susceptibility of multiple sclerosis in Japanese. *J Neuroinflammation.* 16(1):162, 2019
110. Ogawa K, Stuart PE, Tsoi LC, Suzuki K, Nair RP, Mochizuki H, Elder JT, **Okada Y**. A Transethnic Mendelian Randomization Study Identifies Causality of Obesity on Risk of Psoriasis. *J Invest Dermatol.* 139(6):1397-1400, 2019
111. **Ogawa S**. Genetics of MDS. *Blood.* 133(10):1049-1059, 2019
112. Ohata H, Shiokawa D, Obata Y, Sato A, Sakai H, Fukami M, Hara W, Taniguchi H, Ono M, Nakagama H, **Okamoto K**. NOX1-Dependent mTORC1 Activation via S100A9 Oxidation in Cancer Stem-like Cells Leads to Colon Cancer Progression. *Cell Rep.* 28(5):1282-1295.e8, 2019
113. Ohka F, Shinjo K, Deguchi S, **Matsui Y**, Okuno Y, Katsushima K, Suzuki M, Kato A, Ogiso N, Yamamichi A, Aoki K, Suzuki H, Sato S, Arul Rayan N, Prabhakar S, Göke J, **Shimamura T**, Maruyama R, Takahashi S, Suzumura A, Kimura H, Wakabayashi T, Zong H, Natsume A, Kondo Y. Pathogenic Epigenetic Consequences of Genetic Alterations in IDH-Wild-Type Diffuse Astrocytic Gliomas. *Cancer Res.* 79(19):4814-4827, 2019
114. Ohmori Y, Nomura T, Fukushima N, Takahashi F, Iwaya T, Koeda K, **Nishizuka SS**; Members of the Northern Japan Gastric Cancer Study Consortium. Recurrence risk evaluation in T1N1M0/T2N0M0/T3N0M0 gastric cancer with TP53 codon 72 polymorphisms. *J Surg Oncol.* 120(7):1154-1161, 2019
115. Ohmoto A, **Yachida S**, Morizane C. Genomic features and clinical management of patients with hereditary pancreatic cancer syndromes and familial pancreatic cancer. *Int J Mol Sci.* 20: E561, 2019
116. Ohsugi T, Yamaguchi K, Zhu C, Ikenoue T, Takane K, Shinozaki M, Tsurita G, Yano H, Furukawa Y. Anti-apoptotic effect by the suppression of IRF1 as a downstream of Wnt/ β -catenin signaling in colorectal cancer cells. *Oncogene.* 38(32):6051-6064, 2019
117. **Okada Y**, Eyre S, Suzuki A, Kochi Y, Yamamoto K. Genetics of rheumatoid arthritis: 2018 status. *Ann Rheum Dis.* 78(4):446-453, 2019
118. Okano T, Imai K, Tsujita Y, Mitsuiki N, Yoshida K, Kamae C, Honma K, Mitsui-Sekinaka K, Sekinaka Y, Kato T, Hanabusa K, Endo E, Takashima T, Hiroki H, Yeh TW, Tanaka K, Nagahori M, Tsuge I, Bando Y, Iwasaki F, Shikama Y, Inoue M, Kimoto T, Moriguchi N, Yuza Y, Kaneko T, Suzuki K, Matsubara T, Maruo Y, Kunitsu T, Waragai T, Sano H, Hashimoto Y, Tasaki K,

- Suzuki O, Shirakawa T, Kato M, Uchiyama T, Ishimura M, Tauchi T, Yagasaki H, Jou ST, Yu HH, Kanegane H, Kracker S, Durandy A, Kojima D, Muramatsu H, Wada T, Inoue Y, Takada H, Kojima S, **Ogawa S**, Ohara O, Nonoyama S, Morio T. Hematopoietic stem cell transplantation for progressive combined immunodeficiency and lymphoproliferation in patients with activated phosphatidylinositol-3-OH kinase delta syndrome type 1. *J Allergy Clin Immunol*. 143(1):266-275, 2019
119. Okuno Y, Murata T, Sato Y, Muramatsu H, Ito Y, Watanabe T, Okuno T, Murakami N, Yoshida K, Sawada A, Inoue M, Kawa K, Seto M, Ohshima K, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, Narita Y, Yoshida M, Goshima F, Kawada JI, Nishida T, Kiyoi H, Kato S, Nakamura S, Morishima S, Yoshikawa T, Fujiwara S, Shimizu N, Isobe Y, Noguchi M, Kikuta A, Iwatsuki K, Takahashi Y, Kojima S, **Ogawa S**, Kimura H. Defective Epstein-Barr virus in chronic active infection and haematological malignancy. *Nat Microbiol*. 4(3):404-413, 2019. Erratum in: *Nat Microbiol*. 4(3):544, 2019
120. Ono S, Matsuda J, Watanabe E, Akaike H, Teranishi H, Miyata I, Otomo T, Sadahira Y, Mizuoichi T, Kusano H, Kage M, Ueno H, Yoshida K, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, **Ogawa S**, Hayashi Y, Kanegane H, Ouchi K. Novel neuroblastoma amplified sequence (*NBAS*) mutations in a Japanese boy with fever-triggered recurrent acute liver failure. *Hum Genome Var*. 6:2, 2019
121. **Osawa T**, **Shimamura T**, Saito K, Hasegawa Y, Ishii N, Nishida M, Ando R, Kondo A, Anwar M, Tsuchida R, Hino S, Sakamoto A, Igarashi K, Saitoh K, Kato K, Endo K, Yamano S, Kanki Y, Matsumura Y, Minami T, Tanaka T, Anai M, Wada Y, Wanibuchi H, Hayashi M, Hamada A, Yoshida M, Yachida S, Nakao M, Sakai J, Aburatani H, Shibuya M, Hanada K, **Miyano S**, Soga T, Kodama T. Phosphoethanolamine Accumulation Protects Cancer Cells under Glutamine Starvation through Downregulation of PCYT2. *Cell Rep*. 29(1):89-103.e7, 2019
122. Osumi H, Shinozaki E, Wakatsuki T, Suenaga M, Ichimura T, Ogura M, Takahari D, Ooki A, Suzuki T, Ota Y, Nakayama I, Chin K, **Miki Y**, Yamaguchi K. Non-V600E BRAF mutations and EGFR signaling pathway in colorectal cancer. *Int J Cancer*. 145(9):2488-2495, 2019
123. Park H, Yamada M, **Imoto S**, **Miyano S**. Robust Sample-Specific Stability Selection with Effective Error Control. *J Comput Biol*. 26(3):202-217, 2019
124. Polprasert C, Takeuchi Y, Kakiuchi N, Yoshida K, Assanasen T, Sitthi W, Bunworasate U, Pirunsarn A, Wudhikarn K, Lawasut P, Uaprasert N, Kongkiatkamon S, Moonla C, Sanada M, Akita N, Takeda J, Fujii Y, Suzuki H, **Nannya Y**, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, Rojnuckarin P, **Ogawa S**, **Makishima H**. Frequent germline mutations of *HAVCR2* in sporadic subcutaneous panniculitis-like T-cell lymphoma. *Blood Adv*. 3(4):588-595, 2019
125. Rokutan H, Abe H, Nakamura H, Ushiku T, Arakawa E, Hosoda F, **Yachida S**, Tsuji Y, Fujishiro M, Koike K, Totoki Y, Fukayama M, Shibata T. Initial and crucial genetic events in intestinal-type gastric intramucosal neoplasia. *J Pathol*. 247: 494-504, 2019
126. Sakaue S, **Okada Y**. GREP: genome for REPositioning drugs. *Bioinformatics*. 35(19):3821-3823, 2019
127. Sasaki Y, Raza-Iqbal S, Tanaka T, Murakami K, Anai M, **Osawa T**, Matsumura Y, Sakai J, Kodama T. Gene Expression Profiles Induced by a Novel Selective Peroxisome Proliferator-Activated Receptor α Modulator (SPPARM α) Pemafibrate. *Int J Mol Sci*. 20(22):5682, 2019.
128. **Sasanuma H**, Sakurai HSM, Furihata Y, Challa K, Palmer L, Gasser SM, Shinohara M, Shinohara A. Srs2 helicase prevents the formation of toxic DNA damage during late prophase I

- of yeast meiosis. *Chromosoma*. 128(3):453-471, 2019
129. Sato K, Masuda T, Hu Q, Tobo T, Gillaspie S, **Niida A**, Thornton M, Kuroda Y, Eguchi H, Nakagawa T, Asano K, Mimori K*. Novel oncogene 5MP1 reprograms c-Myc translation initiation to drive malignant phenotypes in colorectal cancer. *EBioMedicine*. 44:387-402, 2019
 130. Sato K, **Niida A**, Masuda T, Shimizu D, Tobo T, Kuroda Y, Eguchi H, Nakagawa T, Suzuki Y, Mimori K*. Multiregion Genomic Analysis of Serially Transplanted Patient-derived Xenograft Tumors. *Cancer Genomics Proteomics*. 16(1):21-27, 2019
 131. Sheshelovich D, Xu W, Lu L, Fares A, Yang P, Christiani D, Zhang J, **Shiraishi K**, Ryan BM, Chen C, Schwartz AG, Tardon A, Wu X, Schabath MB, Teare MD, Le Marchand L, Zhang ZF, Field JK, Brenner H, Diao N, Xie J, Kohno T, Harris CC, Wenzlaff AS, Fernandez-Tardon G, Ye Y, Taylor F, Wilkens LR, Davies M, Liu Y, Barnett MJ, Goodman GE, Morgenstern H, Holleccek B, Brown MC, Liu G, Hung RJ. Body Mass Index (BMI), BMI Change, and Overall Survival in Patients With SCLC and NSCLC: A Pooled Analysis of the International Lung Cancer Consortium. *J Thorac Oncol*. 14(9):1594-1607, 2019
 132. Shiba N, Yoshida K, Hara Y, Yamato G, **Shiraishi y**, Matsuo H, Okuno Y, Chiba K, Tanaka H, Kaburagi T, Takeuchi M, Ohki K, Sanada M, Okubo J, Tomizawa D, Taki T, Shimada A, Sotomatsu M, Horibe K, Taga T, Adachi S, Tawa A, **Miyano S**, **Ogawa S**, Hayashi Y. Transcriptome analysis offers a comprehensive illustration of the genetic background of pediatric acute myeloid leukemia. *Blood Adv*. 3(20):3157-3169, 2019
 133. **Shimamura T**, Matsui Y, Kajino T, Ito S, **Takahashi T**, **Miyano S**. GIMLET: Identifying Biological Modulators in Context-Specific Gene Regulation Using Local Energy Statistics. *Lecture Notes in Bioinformatics*. 10834:124-137, 2019
 134. Shimizu D, Masuda T, Sato K, Tsuruda Y, Otsu H, Kuroda Y, Eguchi H, Kodera Y, Mimori K. CRMP5-associated GTPase (*CRAG*) Is a Candidate Driver Gene for Colorectal Cancer Carcinogenesis. *Anticancer Res*. 39(1):99-106, 2019
 135. Shungin D, Haworth S, Divaris K, Agler CS, **Kamatani Y**, Keun Lee M, Grinde K, Hindy G, Alaraudanjoki V, Pesonen P, Teumer A, Holtfreter B, Sakaue S, Hirata J, Yu YH, Ridker PM, Giulianini F, Chasman DI, Magnusson PKE, Sudo T, **Okada Y**, Völker U, Kocher T, Anttonen V, Laitala ML, Orho-Melander M, Sofer T, Shaffer JR, Vieira A, Marazita ML, Kubo M, Furuichi Y, North KE, Offenbacher S, Ingelsson E, Franks PW, Timpson NJ, Johansson I. Genome-wide analysis of dental caries and periodontitis combining clinical and self-reported data. *Nat Commun*. 10(1):2773, 2019
 136. Spiliopoulou A, Colombo M, Plant D, Nair N, Cui J, Coenen MJ, Ikari K, Yamanaka H, Saevarsdottir S, Padyukov L, Bridges SL Jr, Kimberly RP, **Okada Y**, van Riel PLC, Wolbink G, van der Horst-Bruinsma IE, de Vries N, Tak PP, Ohmura K, Canhão H, Guchelaar HJ, Huizinga TW, Criswell LA, Raychaudhuri S, Weinblatt ME, Wilson AG, Mariette X, Isaacs JD, Morgan AW, Pitzalis C, Barton A, McKeigue P. Version 2. Association of response to TNF inhibitors in rheumatoid arthritis with quantitative trait loci for CD40 and CD39. *Ann Rheum Dis*. 78(8):1055-1061, 2019
 137. Springer S, Masica DL, Dal Molin M, Douville C, Thoburn C, Li L, Afsari B, Cohen J, Thompson E, Allen PJ, Klimstra DS, Schattner MA, Schmidt CM, Yip-Schneider M, Simpson R, Fernandez-Del Castillo C, Mino-Kenudson M, Brugge W, Brand RE, Singhi AD, Scarpa A, Lawlor R, Salvia R, Zamboni G, Hong SM, Hwang DW, Jang JY, Kwon W, Swan N, Geoghegan J, Falconi M,

- Crippa S, Doglioni C, Paulino J, Schulick R, Edil BH, Park W, **Yachida S**, Hijioka S, van Hooft J, He J, Weiss MJ, Burkhart R, Makary M, Canto MI, Goggins MG, Ptak J, Dobbryn L, Schaefer J, Sillman N, Popoli M, Karchin R, Klein AP, Tomasetti C, Papadopoulos N, Kinzler KW, Vogelstein B, Wolfgang CL, Hruban RH, Lennon AM. A multi-modality test to guide the management of patients with a pancreatic cyst. *Sci Trans Med*. 11:eaav4772, 2019
138. Subramanian K, Dierckx T, Khouri R, Menezes SM, Kagdi H, Taylor GP, Farre L, Bittencourt A, **Kataoka K, Ogawa S**, Van Weyenbergh J. Decreased RORC expression and downstream signaling in HTLV-1-associated adult T-cell lymphoma/leukemia uncovers an antiproliferative IL17 link: A potential target for immunotherapy? *Int J Cancer*. 144(7):1664-1675, 2019
139. Suzuki K, Akiyama M, Ishigaki K, Kanai M, Hosoe J, Shojima N, Hozawa A, Kadota A, Kuriki K, Naito M, Tanno K, Ishigaki Y, Hirata M, Matsuda K, Iwata N, Ikeda M, Sawada N, Yamaji T, Iwasaki M, Ikegawa S, Maeda S, Murakami Y, Wakai K, Tsugane S, Sasaki M, Yamamoto M, **Okada Y**, Kubo M, **Kamatani Y**, Horikoshi M, Yamauchi T, Kadowaki T. Identification of 28 new susceptibility loci for type 2 diabetes in the Japanese population. *Nat Genet*. 51(3):379-386, 2019
140. Takashima Y, Kawaguchi A, Sato R, Yoshida K, Hayano A, Homma J, Fukai J, Iwadate Y, Kajiwara K, Ishizawa S, Hondoh H, Nakano M, **Ogawa S**, Tashiro K, Yamanaka R. Differential expression of individual transcript variants of PD-1 and PD-L2 genes on Th-1/Th-2 status is guaranteed for prognosis prediction in PCNSL. *Sci Rep*. 9(1):10004, 2019
141. Takata R, Takahashi A, Fujita M, Momozawa Y, Saunders EJ, Yamada H, Maejima K, Nakano K, Nishida Y, Hishida A, Matsuo K, Wakai K, Yamaji T, Sawada N, Iwasaki M, Tsugane S, Sasaki M, Shimizu A, Tanno K, Minegishi N, Suzuki K, Matsuda K, Kubo M, **Inazawa J**, Egawa S, Haiman CA, Ogawa O, Obara W, **Kamatani Y**, Akamatsu S, Nakagawa H. 12 new susceptibility loci for prostate cancer identified by genome-wide association study in Japanese population. *Nat Commun*. 10(1):4422, 2019
142. Takeda R, Yokoyama K, Kobayashi S, Kawamata T, Nakamura S, Fukuyama T, Ito M, Yusa N, Shimizu E, Ohno N, **Yamaguchi R, Imoto S, Miyano S**, Uchimaruk, Tojo A. An Unusually Short Latent Period of Therapy-Related Myeloid Neoplasm Harboring a Rare MLL-EP300 Rearrangement: Case Report and Literature Review. *Case Rep Hematol*. 2019:4532434, 2019
143. Takeda R, Yokoyama K, Ogawa M, Kawamata T, Fukuyama T, Kondoh K, Takei T, Nakamura S, Ito M, Yusa N, Shimizu E, Ohno N, Uchimaruk, **Yamaguchi R, Imoto S, Miyano S**, Tojo A. The first case of elderly **TCF3-HLF**-positive B-cell acute lymphoblastic leukemia. *Leuk Lymphoma*. 60(11):2821-2824, 2019
144. Tanimoto K, Muramatsu T, **Inazawa J**. Massive computational identification of somatic variants in exonic splicing enhancers using The Cancer Genome Atlas. *Cancer Med*. 8(17):7372-7384, 2019
145. Terashima T, Umemoto K, Takahashi H, Hosoi H, Takai E, Kondo S, Sakamoto Y, Mitsunaga S, Ohno I, Hashimoto Y, Sasaki M, Ikeda M, Shimada K, Kaneko S, **Yachida S**, Sugano K, Okusaka T, Morizane C. Germline mutations in cancer-predisposition genes in patients with biliary tract cancer. *Oncotarget*. 10:5949-5957, 2019
146. Thomas AM, Manghi P, Asnicar F, Pasolli E, Armanini F, Zolfo M, Beghini F, Manara S, Karcher N, Pozzi C, Gandini S, Serrano D, Tarallo S, Francavilla A, Gallo G, Trompetto M, Ferrero G, Mizutani S, Shiroma H, Shiba S, Shibata T, **Yachida S**, Yamada T, Wirbel J, Schrotz-King P,

- Ulrich CM, Brenner H, Arumugam M, Bork P, Zeller G, Cordero F, Dias-Neto E, Setubal JC, Tett A, Pardini B, Rescigno M, Waldron L, Naccarati A, Segata N. Metagenomic analysis of colorectal cancer datasets identifies cross-cohort microbial diagnostic signatures and a link with choline degradation. *Nat Med.* 25:667-678, 2019
147. Tin A, Marten J, Halperin Kuhns VL, Li Y, Wuttke M, Kirsten H, Sieber KB, Qiu C, Gorski M, Yu Z, Giri A, Sveinbjornsson G, Li M, Chu AY, Hoppmann A, O'Connor LJ, Prins B, Nutile T, Noce D, Akiyama M, Cocca M, Ghasemi S, van der Most PJ, Horn K, Xu Y, Fuchsberger C, Sedaghat S, Afaq S, Amin N, Ärnlov J, Bakker SJL, Bansal N, Baptista D, Bergmann S, Biggs ML, Biino G, Boerwinkle E, Bottinger EP, Boutin TS, Brumat M, Burkhardt R, Campana E, Campbell A, Campbell H, Carroll RJ, Catamo E, Chambers JC, Ciullo M, Concas MP, Coresh J, Corre T, Cusi D, Felicita SC, de Borst MH, De Grandi A, de Mutsert R, de Vries APJ, Delgado G, Demirkan A, Devuyst O, Dittrich K, Eckardt KU, Ehret G, Endlich K, Evans MK, Gansevoort RT, Gasparini P, Giedraitis V, Gieger C, Girotto G, Gögele M, Gordon SD, Gudbjartsson DF, Gudnason V; German Chronic Kidney Disease Study, Haller T, Hamet P, Harris TB, Hayward C, Hicks AA, Hofer E, Holm H, Huang W, Hutri-Kähönen N, Hwang SJ, Ikram MA, Lewis RM, Ingelsson E, Jakobsdottir J, Jonsdottir I, Jonsson H, Joshi PK, Josyula NS, Jung B, Kähönen M, **Kamatani Y**, Kanai M, Kerr SM, Kiess W, Kleber ME, Koenig W, Kooner JS, Körner A, Kovacs P, Krämer BK, Kronenberg F, Kubo M, Kühnel B, La Bianca M, Lange LA, Lehne B, Lehtimäki T; Lifelines Cohort Study, Liu J, Loeffler M, Loos RJF, Lyytikäinen LP, Magi R, Mahajan A, Martin NG, März W, Mascalconi D, Matsuda K, Meisinger C, Meitinger T, Metspalu A, Milaneschi Y; V. A. Million Veteran Program, O'Donnell CJ, Wilson OD, Gaziano JM, Mishra PP, Mohlke KL, Mononen N, Montgomery GW, Mook-Kanamori DO, Müller-Nurasyid M, Nadkarni GN, Nalls MA, Nauck M, Nikus K, Ning B, Nolte IM, Noordam R, O'Connell JR, Olafsson I, Padmanabhan S, Penninx BWJH, Perls T, Peters A, Pirastu M, Pirastu N, Pistis G, Polasek O, Ponte B, Porteous DJ, Poulain T, Preuss MH, Rabelink TJ, Raffield LM, Raitakari OT, Rettig R, Rheinberger M, Rice KM, Rizzi F, Robino A, Rudan I, Krajevichova A, Cifkova R, Rueedi R, Ruggiero D, Ryan KA, Saba Y, Salvi E, Schmidt H, Schmidt R, Shaffer CM, Smith AV, Smith BH, Spracklen CN, Strauch K, Stumvoll M, Sulem P, Tajuddin SM, Teren A, Thiery J, Thio CHL, Thorsteinsdottir U, Toniolo D, Tönjes A, Tremblay J, Uitterlinden AG, Vaccargiu S, van der Harst P, van Duijn CM, Verweij N, Völker U, Vollenweider P, Waeber G, Waldenberger M, Whitfield JB, Wild SH, Wilson JF, Yang Q, Zhang W, Zonderman AB, Bochud M, Wilson JG, Pendergrass SA, Ho K, Parsa A, Pramstaller PP, Psaty BM, Böger CA, Snieder H, Butterworth AS, **Okada Y**, Edwards TL, Stefansson K, Susztak K, Scholz M, Heid IM, Hung AM, Teumer A, Pattaro C, Woodward OM, Vitart V, Köttgen A. Target genes, variants, tissues and transcriptional pathways influencing human serum urate levels. *Nat Genet.* 51(10):1459-1474, 2019
148. Toyokawa G, Takada K, Tagawa T, **Hamamoto R**, Yamada Y, Shimokawa M, Oda Y, Maehara Y. A positive correlation between the EZH2 and PD-L1 expression in resected lung adenocarcinoma. *Ann Thorac Surg.* 107(2):393-400, 2019
149. Tsuda M, **Ogawa S**, Ooka M, Kobayashi K, Hirota K, Wakasugi M, Matsunaga T, Sakuma T, Yamamoto T, Chikuma S, **Sasanuma H**, Debatisse M, Doherty AJ, Fuchs RP, Takeda S. PDIP38/PolDIP2 controls the DNA damage tolerance pathways by increasing the relative usage of translesion DNA synthesis over template switching. *PLoS One.* 14(3):e0213383, 2019
150. Tsuda Y, Hirata M, Katayama K, Motoi T, Matsubara D, Oda Y, Fujita M, Kobayashi H, Kawano

- H, Nishida Y, Sakai T, Okuma T, Goto T, Ogura K, Kawai A, Ae K, Anazawa U, Suehara Y, Iwata S, **Miyano S**, **Imoto S**, Shibata T, Nakagawa H, **Yamaguchi R**, Tanaka S, Matsuda K. Massively parallel sequencing of tenosynovial giant cell tumors reveals novel CSF1 fusion transcripts and novel somatic CBL mutations. *Int J Cancer*. 145(12):3276-3284, 2019
151. VanderWeele DJ, Finney R, Katayama K, Gillard M, Paner G, **Imoto S**, **Yamaguchi R**, Wheeler D, Lack J, Cam M, Pontier A, Nguyen YTM, Maejima K, Sasaki-Oku A, Nakano K, Tanaka H, Vander Griend D, Kubo M, Ratain MJ, **Miyano S**, Nakagawa H. Genomic Heterogeneity Within Individual Prostate Cancer Foci Impacts Predictive Biomarkers of Targeted Therapy. *Eur Urol Focus*. 5(3):416-424, 2019
152. Watatani Y, Sato Y, Miyoshi H, Sakamoto K, Nishida K, Gion Y, Nagata Y, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Zhao L, Ochi Y, Takeuchi Y, Takeda J, Ueno H, Kogure Y, Shiozawa Y, Kakiuchi N, Yoshizato T, Nakagawa MM, Nanya Y, Yoshida K, **Makishima H**, Sanada M, Sakata-Yanagimoto M, Chiba S, Matsuoka R, Noguchi M, Hiramoto N, Ishikawa T, Kitagawa J, Nakamura N, Tsurumi H, Miyazaki T, Kito Y, **Miyano S**, Shimoda K, Takeuchi K, Ohshima K, Yoshino T, **Ogawa S**, **Kataoka K**. Molecular heterogeneity in peripheral T-cell lymphoma, not otherwise specified revealed by comprehensive genetic profiling. *Leukemia*. 33(12):2867-2883, 2019
153. Wirbel J, Pyl PT, Kartal E, Zych K, Kashan A, Milanese A, Fleck JS, Anita Y, Voigt AY, Palleja A, Ponnudurai RP, Sunagawa S, Coelho LP, Schrotz-King P, Vogtmann E, Habermann N, Niméus E, Thomas AM, Manghi P, Gandini S, Serrano D, Mizutani S, Shiroma H, Shiba S, Shibata T, **Yachida S**, Yamada T, Waldron L, Naccarati A, Segata N, Sinha R, Ulrich CN, Brenner H, Arumugam M, Bork P, Zeller G. Meta-analysis of fecal metagenomes reveals global microbial signatures that are specific for colorectal cancer. *Nat Med*. 25:679-689, 2019
154. Wuttke M, Li Y, Li M, Sieber KB, Feitosa MF, Gorski M, Tin A, Wang L, Chu AY, Hoppmann A, Kirsten H, Giri A, Chai JF, Sveinbjornsson G, Tayo BO, Nutile T, Fuchsberger C, Marten J, Cocca M, Ghasemi S, Xu Y, Horn K, Noce D, van der Most PJ, Sedaghat S, Yu Z, Akiyama M, Afaq S, Ahluwalia TS, Almgren P, Amin N, Ärnlöv J, Bakker SJL, Bansal N, Baptista D, Bergmann S, Biggs ML, Biino G, Boehnke M, Boerwinkle E, Boissel M, Bottinger EP, Boutin TS, Brenner H, Brumat M, Burkhardt R, Butterworth AS, Campana E, Campbell A, Campbell H, Canouil M, Carroll RJ, Catamo E, Chambers JC, Chee ML, Chee ML, Chen X, Cheng CY, Cheng Y, Christensen K, Cifkova R, Ciullo M, Concas MP, Cook JP, Coresh J, Corre T, Sala CF, Cusi D, Danesh J, Daw EW, de Borst MH, De Grandi A, de Mutsert R, de Vries APJ, Degenhardt F, Delgado G, Demirkan A, Di Angelantonio E, Dittrich K, Divers J, Dorajoo R, Eckardt KU, Ehret G, Elliott P, Endlich K, Evans MK, Felix JF, Foo VHX, Franco OH, Franke A, Freedman BI, Freitag-Wolf S, Friedlander Y, Froguel P, Gansevoort RT, Gao H, Gasparini P, Gaziano JM, Giedraitis V, Gieger C, Grotto G, Giulianini F, Gögele M, Gordon SD, Gudbjartsson DF, Gudnason V, Haller T, Hamet P, Harris TB, Hartman CA, Hayward C, Hellwege JN, Heng CK, Hicks AA, Hofer E, Huang W, Hutri-Kähönen N, Hwang SJ, Ikram MA, Indridason OS, Ingelsson E, Ising M, Jaddoe VWV, Jakobsdottir J, Jonas JB, Joshi PK, Josyula NS, Jung B, Kähönen M, **Kamatani Y**, Kammerer CM, Kanai M, Kastarinen M, Kerr SM, Khor CC, Kiess W, Kleber ME, Koenig W, Kooner JS, Körner A, Kovacs P, Kraja AT, Krajcoviechova A, Kramer H, Krämer BK, Kronenberg F, Kubo M, Kühnel B, Kuokkanen M, Kuusisto J, La Bianca M, Laakso M, Lange LA, Langefeld CD, Lee JJ, Lehne B, Lehtimäki T, Lieb W; Lifelines Cohort

Study, Lim SC, Lind L, Lindgren CM, Liu J, Liu J, Loeffler M, Loos RJJ, Lucae S, Lukas MA, Lyytikäinen LP, Mägi R, Magnusson PKE, Mahajan A, Martin NG, Martins J, März W, Mascalzoni D, Matsuda K, Meisinger C, Meitinger T, Melander O, Metspalu A, Mikaelsdottir EK, Milanesechi Y, Miliku K, Mishra PP; V. A. Million Veteran Program, Mohlke KL, Mononen N, Montgomery GW, Mook-Kanamori DO, Mychaleckyj JC, Nadkarni GN, Nalls MA, Nauck M, Nikus K, Ning B, Nolte IM, Noordam R, O'Connell J, O'Donoghue ML, Olafsson I, Oldehinkel AJ, Orho-Melander M, Ouwehand WH, Padmanabhan S, Palmer ND, Palsson R, Penninx BWJH, Perls T, Perola M, Pirastu M, Pirastu N, Pistis G, Podgornaia AI, Polasek O, Ponte B, Porteous DJ, Poulain T, Pramstaller PP, Preuss MH, Prins BP, Province MA, Rabelink TJ, Raffield LM, Raitakari OT, Reilly DF, Rettig R, Rheinberger M, Rice KM, Ridker PM, Rivadeneira F, Rizzi F, Roberts DJ, Robino A, Rossing P, Rudan I, Rueedi R, Ruggiero D, Ryan KA, Saba Y, Sabanayagam C, Salomaa V, Salvi E, Saum KU, Schmidt H, Schmidt R, Schöttker B, Schulz CA, Schupf N, Shaffer CM, Shi Y, Smith AV, Smith BH, Soranzo N, Spracklen CN, Strauch K, Stringham HM, Stumvoll M, Svensson PO, Szymczak S, Tai ES, Tajuddin SM, Tan NYQ, Taylor KD, Teren A, Tham YC, Thiery J, Thio CHL, Thomsen H, Thorleifsson G, Toniolo D, Tönjes A, Tremblay J, Tzoulaki I, Uitterlinden AG, Vaccargiu S, van Dam RM, van der Harst P, van Duijn CM, Velez Edward DR, Verweij N, Vogelesang S, Völker U, Vollenweider P, Waeber G, Waldenberger M, Wallentin L, Wang YX, Wang C, Waterworth DM, Bin Wei W, White H, Whitfield JB, Wild SH, Wilson JF, Wojczynski MK, Wong C, Wong TY, Xu L, Yang Q, Yasuda M, Yerges-Armstrong LM, Zhang W, Zonderman AB, Rotter JI, Bochud M, Psaty BM, Vitart V, Wilson JG, Dehghan A, Parsa A, Chasman DI, Ho K, Morris AP, Devuyst O, Akilesh S, Pendergrass SA, Sim X, Böger CA, **Okada Y**, Edwards TL, Snieder H, Stefansson K, Hung AM, Heid IM, Scholz M, Teumer A, Köttgen A, Pattaro C. A catalog of genetic loci associated with kidney function from analyses of a million individuals. *Nat Genet.* 51(6):957-972, 2019

155. Yabe M, Koike T, Ohtsubo K, Imai E, Morimoto T, Takakura H, Koh K, Yoshida K, **Ogawa S**, Ito E, Okuno Y, Muramatsu H, Kojima S, Matsuo K, Mori M, Hira A, Takata M, Yabe H. Associations of complementation group, ALDH2 genotype, and clonal abnormalities with hematological outcome in Japanese patients with Fanconi anemia. *Ann Hematol.* 98(2):271-280, 2019
156. **Yachida S**, Mizutani S, Shiroma H, Shiba S, Nakajima T, Sakamoto T, Watanabe H, Masuda K, Nishimoto Y, Kubo M, Hosoda F, Rokutan H, Matsumoto M, Takamaru H, Yamada M, Matsuda T, Iwasaki M, Yamaji T, Yachida T, Soga T, Kurokawa K, Toyoda A, Ogura Y, Hayashi T, Hatakeyama M, Nakagama H, Saito Y, Fukuda S, Shibata T, Yamada T. Metagenomic and metabolomic analyses reveal distinct stage-specific phenotypes of the gut microbiota in colorectal cancer. *Nat Med.* 25:968-976, 2019
157. Yamada M, Saito Y, Imaoka H, Saiko M, Yamada S, Kondo H, Takamaru H, Sakamoto T, Sese J, Kuchiba A, Shibata T, **Hamamoto R**. Development of a Real-Time Endoscopic Image Diagnosis Support System Using Deep Learning Technology in Colonoscopy. *Sci Rep.* 9(1):14465, 2019
158. Yamaguchi K, Shimizu E, **Yamaguchi R**, **Imoto S**, Komura M, Hatakeyama S, Noguchi R, Takane K, Ikenoue T, Gohda Y, Yano H, **Miyano S**, Furukawa Y. Development of an MSI-positive colon tumor with aberrant DNA methylation in a PPAP patient. *J Hum Genet.* 64(8):729-740, 2019
159. Yamaguchi K, Shimizu E, **Yamaguchi R**, **Imoto S**, Komura M, Hatakeyama S, Noguchi R,

- Takane K, Ikenoue T, Gohda Y, Yano H, **Miyano S**, Furukawa Y. Development of an MSI-positive colon tumor with aberrant DNA methylation in a PPAP patient. *J Hum Genet.* 64(8):729-740, 2019
160. Yamaguchi T, Hayashi M, Ida L, Yamamoto M, Lu C, Kajino T, Cheng J, Yanagisawa K, Isomura H, Yamazaki M, Suzuki M, Fujimoto T, **Takahashi T**. ROR1-CAVIN3 interaction required for caveolae-dependent endocytosis and pro-survival signaling in lung adenocarcinoma. *Oncogene.* 38(26):5142-5157, 2019
161. Yamaguchi T, Nishiura H. Predicting the Epidemiological Dynamics of Lung Cancer in Japan. *J Clin Med.* 8(3):326, 2019
162. Yamamoto K, **Okada Y**. Shared genetic factors and their causality in autoimmune diseases. *Ann Rheum Dis.* 78(11):1449-1451, 2019
163. Yoda H, Inoue T, Shinozaki Y, Lin J, Watanabe T, Koshikawa N, Takatori S, **Nagase H**. Direct Targeting of MYCN Gene Amplification by Site-Specific DNA Alkylation in Neuroblastoma. *Cancer Res.* 79(4):830-840, 2019
164. Yokoyama A, Kakiuchi N, Yoshizato T, **Nannya Y**, Suzuki H, Takeuchi Y, Shiozawa Y, Sato Y, Aoki K, Kim SK, Fujii Y, Yoshida K, **Kataoka K**, Nakagawa MM, Inoue Y, Hirano T, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Sanada M, Nishikawa Y, Amanuma Y, Ohashi S, Aoyama I, Horimatsu T, Miyamoto S, Tsunoda S, Sakai Y, Narahara M, Brown JB, Sato Y, Sawada G, Mimori K, Minamiguchi S, Haga H, Seno H, **Miyano S**, **Makishima H**, Muto M, **Ogawa S**. Age-related remodelling of oesophageal epithelia by mutated cancer drivers. *Nature.* 565(7739):312-317, 2019
165. Yumimoto K, Sugiyama S, Mimori K, Nakayama KI. Potentials of C-C motif chemokine 2-C-C chemokine receptor type 2 blockers including propagermanium as anticancer agents. *Cancer Sci.* 110(7):2090-2099, 2019
166. Zong D, Adam S, Wang Y, **Sasanuma H**, Callén E, Murga M, Day A, Kruhlak MJ, Wong N, Munro M, Ray Chaudhuri A, Karim B, Xia B, Takeda S, Johnson N, Durocher D, Nussenzweig A. BRCA1 Haploinsufficiency Is Masked by RNF168-Mediated Chromatin Ubiquitylation. *Mol Cell.* 73(6):1267-1281.e7, 2019

[2018]

1. Aoki K, Nakamura H, Suzuki H, Matsuo K, **Kataoka K**, **Shimamura T**, Motomura K, Ohka F, Shiina S, Yamamoto T, Nagata Y, Yoshizato T, Mizoguchi M, Abe T, Momii Y, Muragaki Y, Watanabe R, Ito I, Sanada M, Yajima H, Morita N, Takeuchi I, **Miyano S**, Wakabayashi T, **Ogawa S**, Natsume A. Prognostic relevance of genetic alterations in diffuse lower-grade gliomas. *Neuro Oncol.* 20(1):66-77, 2018
2. Arends CM, Galan-Sousa J, Hoyer K, Chan W, Jager M, Yoshida K, Seemann R, Noerenberg D, Waldhueter N, Fleischer-Notter H, Christen F, Schmitt CA, Dorken B, Pelzer U, Sinn M, Zemojtel T, **Ogawa S**, Mardian S, Schreiber A, Kunitz A, Kruger U, Bullinger L, Mylonas E, Frick M, Damm F. Hematopoietic lineage distribution and evolutionary dynamics of clonal hematopoiesis. *Leukemia.* 32(9):1908-1919, 2018.
3. Berger G, Kroeze LI, Koorenhof-Scheele TN, de Graaf AO, Yoshida K, Ueno H, **Shiraishi y**, **Miyano S**, van den Berg E, Schepers H, van der Reijden BA, **Ogawa S**, Vellenga E, Jansen JH. Early detection and evolution of preleukemic clones in therapy-related myeloid neoplasms

- following autologous SCT. *Blood*. 131(16):1846-1857, 2018
4. Cardinez C, Miraghadzadeh B, Tanita K, da Silva E, Hoshino A, Okada S, Chand R, Asano T, Tsumura M, Yoshida K, Ohnishi H, Kato Z, Yamazaki M, Okuno Y, **Miyano S**, Kojima S, **Ogawa S**, Andrews TD, Field MA, Burgio G, Morio T, Vinuesa CG, Kanegane H, Cook MC. Gain-of-function *IKBKB* mutation causes human combined immune deficiency. *J Exp Med*. 215(11):2715-2724, 2018
 5. Daizumoto K, Yoshimaru T, Matsushita Y, Fukawa T, Uehara H, Ono M, Komatsu M, Kanayama H, Katagiri T. A DDX31/mutant-p53/EGFR axis promotes multistep progression of muscle invasive bladder cancer. *Cancer Res*. 78(9):2233-2247, 2018
 6. Diaz-Gallo LM, Ramsköld D, Shchetynsky K, Folkersen L, Chemin K, Brynedal B, Uebe S, **Okada Y**, Alfredsson L, Klareskog L, Padyukov L. Systematic approach demonstrates enrichment of multiple interactions between non-HLA risk variants and HLA-DRB1 risk alleles in rheumatoid arthritis. *Ann Rheum Dis*. 77(10):1454-1462, 2018
 7. Fujisawa M, Sakata-Yanagimoto M, Nishizawa S, Komori D, Gershon P, Kiryu M, Tanzima S, Fukumoto K, Enami T, Muratani M, Yoshida K, **Ogawa S**, Matsue K, Nakamura N, Takeuchi K, Izutsu K, Fujimoto K, Teshima T, Miyoshi H, Gaulard P, Ohshima K, Chiba S. Activation of RHOA-VAV1 signaling in angioimmunoblastic T-cell lymphoma. *Leukemia*. 32(3):694-702, 2018
 8. Furusawa A, Miyamoto M, Takano M, Tsuda H, Song YS, Aoki D, Miyasaka N, **Inazawa J**, Inoue J. Ovarian cancer therapeutic potential of glutamine depletion based on GS expression. *Carcinogenesis*. 39(6):758-766, 2018
 9. Furuta M, Tanaka H, **Shiraishi y**, Unida T, Imamura M, **Fujimoto A**, Fujita M, Sasaki-Oku A, Maejima K, Nakano K, Kawakami Y, Arihiro K, Aikata H, Ueno M, Hayami S, Ariizumi SI, Yamamoto M, Gotoh K, Ohdan H, Yamaue H, **Miyano S**, Chayama K, Nakagawa H. Characterization of HBV integration patterns and timing in liver cancer and HBV-infected livers. *Oncotarget*. 9(38):25075-25088, 2018. Erratum in: *Oncotarget*. 2018 Aug 3;9(60):31789.
 10. Momozawa Y, Iwasaki Y, Parsons MT, **Kamatani Y**, Takahashi A, Tamura C, Katagiri T, Yoshida T, Nakamura S, Sugano K, **Miki Y**, Hirata M, Matsuda K, Spurdle AB, Kubo M. Germline pathogenic variants of 11 breast cancer genes in 7,051 Japanese patients and 11,241 controls. *Nat Commun*. 9(1):4083, 2018
 11. Hamada M, Doisaki S, Okuno Y, Muramatsu H, Hama A, Kawashima N, Narita A, Nishio N, Yoshida K, Kanno H, Manabe A, Taga T, Takahashi Y, **Miyano S**, **Ogawa S**, Kojima S. Whole-exome analysis to detect congenital hemolytic anemia mimicking congenital dyserythropoietic anemia. *Int J Hematol*. 108(3):306-311, 2018
 12. Han B, Akiyama M, Kim KK, Oh H, Choi H, Lee CH, Jung S, Lee HS, Kim EE, Cook S, Haritunians T, Yamazaki K, Park SH, Ye BD, McGovern DPB, Esaki M, Kawaguchi T, Khor SS, Taylor KD, Rotter JI, Suzuki Y, Matsui T, Motoya S, Bang SY, Kim TH, Momozawa Y, **Kamatani Y**, Tokunaga K, Kubo M, **Okada Y**, Yang SK, Song K. Amino acid position 37 of HLA-DR β 1 affects susceptibility to Crohn's disease in Asians. *Hum Mol Genet*. 27(22):3901-3910, 2018
 13. Harada A, Maehara K, Ono Y, Taguchi H, Yoshioka K, Kitajima Y, Xie Y, Sato Y, Iwasaki T, Nogami J, Okada S, Komatsu T, Semba Y, Takemoto T, Kimura H, Kurumizaka H, Ohkawa Y. Histone H3.3 Sub-Variant H3mm7 Is Required for Normal Skeletal Muscle Regeneration. *Nat*

Commun. 9(1):1400, 2018

14. Harada Y, Nagata Y, Kihara R, Ishikawa Y, Asou N, Ohtake S, Miyawaki S, Sakura T, Ozawa Y, Usui N, Kanamori H, Ito Y, Imai K, Suehiro Y, Kobayashi S, Kitamura K, Sakaida E, Onizuka M, Takeshita A, Ishida F, Suzushima H, Ishizawa K, Naoe T, Matsumura I, Miyazaki Y, **Ogawa S**, Kiyoi H, Japan Adult Leukemia Study Group J. Prognostic analysis according to the 2017 ELN risk stratification by genetics in adult acute myeloid leukemia patients treated in the Japan Adult Leukemia Study Group (JALSG) AML201 study. *Leuk Res.* 66:20-27, 2018
15. Hayashi S, **Yamaguchi R**, Mizuno S, Komura M, **Miyano S**, Nakagawa H, **Imoto S**. ALPHLARD: a Bayesian method for analyzing HLA genes from whole genome sequence data. *BMC Genomics.* 19(1):790, 2018
16. Higashino T, Matsuo H, **Okada Y**, Nakashima H, Shimizu S, Sakiyama M, Tadokoro S, Nakayama A, Kawaguchi M, Komatsu M, Hishida A, Nakatochi M, Ooyama H, Imaki J, Shinomiya N. A common variant of MAF/c-MAF, transcriptional factor gene in the kidney, is associated with gout susceptibility. *Hum Cell.* 31(1):10-13, 2018
17. Hiramoto N, Takeda J, Yoshida K, Ono Y, Yoshioka S, Yamauchi N, **Fujimoto A**, Maruoka H, **Shiraishi y**, Tanaka H, Chiba K, Imai Y, **Miyano S**, **Ogawa S**, Ishikawa T. Donor cell-derived transient abnormal myelopoiesis as a specific complication of umbilical cord blood transplantation. *Bone Marrow Transplant.* 53(2):225-227, 2018
18. Hirata J, Hirota T, Ozeki T, Kanai M, Sudo T, Tanaka T, Hizawa N, Nakagawa H, Sato S, Mushiroda T, Saeki H, Tamari M, **Okada Y**. Variants at HLA-A, HLA-C, and HLA-DQB1 Confer Risk of Psoriasis Vulgaris in Japanese. *J Invest Dermatol.* 138(3):542-548, 2018
19. Horiuchi Y, Lin J, Shinojima Y, Fujiwara K, Moriyama M, **Nagase H**. Characterizing key nucleotide polymorphisms of hepatitis C virus-disease associations via mass-spectrometric genotyping. *Int J Oncol.* 52: 441-452, 2018
20. Hoshino A, Takashima T, Yoshida K, Morimoto A, Kawahara Y, Yeh TW, Okano T, Yamashita M, Mitsuiki N, Imai K, Sakatani T, Nakazawa A, Okuno Y, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, **Ogawa S**, Kojima S, Morio T, Kanegane H. Dysregulation of Epstein-Barr Virus Infection in Hypomorphic ZAP70 Mutation. *J Infect Dis.* 218(5):825-834, 2018
21. Hu Q, Masuda T, Sato K, Tobo T, Nambara S, Kidogami S, Hayashi N, Kuroda Y, Ito S, Eguchi H, Saeki H, Oki E, Maehara Y, Mimori K. Identification of ARL4C as a Peritoneal Dissemination-Associated Gene and Its Clinical Significance in Gastric Cancer. *Ann Surg Oncol.* 25(3):745-753, 2018
22. Iguchi T, Ueda M, Masuda T, Nambara S, Kidogami S, Komatsu H, Sato K, Tobo T, Ogawa Y, Hu Q, Saito T, Hirata H, Sakimura S, Uchi R, Hayashi N, Ito S, Eguchi H, Sugimachi K, Maehara Y, Mimori K. Identification of UHRF2 as a Negative Regulator of Epithelial-Mesenchymal Transition and Its Clinical Significance in Esophageal Squamous Cell Carcinoma. *Oncology.* 95(3):179-187, 2018
23. Ikenoue T, Terakado Y, Zhu C, Liu X, Ohsugi T, Matsubara D, Fujii T, Kakuta S, Kubo S, Shibata T, Yamaguchi K, Iwakura Y, Furukawa Y. Establishment and analysis of a novel mouse line carrying a conditional knockin allele of a cancer-specific FBXW7 mutation. *Sci Rep.* 8(1):2021, 2018
24. Imi T, Katagiri T, Hosomichi K, Zaimoku Y, Hoang Nguyen V, Nakagawa N, Tajima A, Yoshizato T, **Ogawa S**, Nakao S. Sustained clonal hematopoiesis by HLA-lacking hematopoietic stem cells

- without driver mutations in aplastic anemia. *Blood Adv.* 2(9):1000-1012, 2018
25. Inoue D, Fujino T, Sheridan P, Zhang YZ, Nagase R, Horikawa S, Li Z, Matsui H, Kanai A, Saika M, **Yamaguchi R**, Kozuka-Hata H, Kawabata KC, Yokoyama A, Goyama S, Inaba T, **Imoto S**, **Miyano S**, Xu M, Yang FC, Oyama M, Kitamura T. A novel ASXL1-OGT axis plays roles in H3K4 methylation and tumor suppression in myeloid malignancies. *Leukemia.* 32(6):1327-1337, 2018
 26. Inoue T, Shimoizato O, Matsuo N, Mori Y, Shinozaki Y, Lin J, Watanabe T, Takatori A, Koshikawa N, Ozaki T, **Nagase H**. Hydrophobic structure of hairpin ten-ring pyrrole-imidazole polyamides enhanced tumor tissue accumulation/retention in vivo. *Bioorg Med Chem.* 26(9):2337-2344, 2018
 27. Isobe T, Seki M, Yoshida K, Sekiguchi M, Shiozawa Y, **Shiraishi y**, Kimura S, Yoshida M, Inoue Y, Yokoyama A, Kakiuchi N, Suzuki H, **Kataoka K**, Sato Y, Kawai T, Chiba K, Tanaka H, **Shimamura T**, Kato M, Iguchi A, Hama A, Taguchi T, Akiyama M, Fujimura J, Inoue A, Ito T, Deguchi T, Kiyotani C, Iehara T, Hosoi H, Oka A, Sanada M, Tanaka Y, Hata K, **Miyano S**, **Ogawa S**, Takita J. Integrated Molecular Characterization of the Lethal Pediatric Cancer Pancreatoblastoma. *Cancer Res.* 78(4):865-876, 2018
 28. Ito S, Fukagawa T, Noda M, Hu Q, Nambara S, Shimizu D, Kuroda Y, Eguchi H, Masuda T, Sato T, Katai H, Sasako M, Mimori K. Prognostic Impact of Immune-Related Gene Expression in Preoperative Peripheral Blood from Gastric Cancer Patients. *Ann Surg Oncol.* 25(12):3755-3763, 2018
 29. Johmura Y, Maeda I, Suzuki N, Wu W, Goda A, Morita M, Yamaguchi K, Yamamoto M, Nagasawa S, Kojima Y, Tsugawa K, Inoue N, Miyoshi Y, Osako T, Akiyama F, Maruyama R, Inoue JI, Furukawa Y, Ohta T, Nakanishi M. Fbxo22-mediated KDM4B degradation determines selective estrogen receptor modulator activity in breast cancer. *J Clin Invest.* 128(12):5603-5619, 2018
 30. Kamijo R, Itonaga H, Kihara R, Nagata Y, Hata T, Asou N, Ohtake S, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, **Ogawa S**, Naoe T, Kiyoi H, Miyazaki Y. Distinct gene alterations with a high percentage of myeloperoxidase-positive leukemic blasts in de novo acute myeloid leukemia. *Leuk Res.* 65:34-41, 2018
 31. Kanai M, Akiyama M, Takahashi A, Matoba N, Momozawa Y, Ikeda M, Iwata N, Ikegawa S, Hirata M, Matsuda K, Kubo M, **Okada Y**, **Kamatani Y**. Genetic analysis of quantitative traits in the Japanese population links cell types to complex human diseases. *Nat Genet.* 50(3):390-400, 2018
 32. Kanai M, Maeda Y, **Okada Y**. Grimon: graphical interface to visualize multi-omics networks. *Bioinformatics.* 34(22):3934-3936, 2018
 33. Kanai Y, Nishihara H, Miyagi Y, Tsuruyama T, Taguchi K, Katoh H, Takeuchi T, Gotoh M, Kuramoto J, Arai E, Ojima H, Shibuya A, Yoshida T, Akahane T, Kasajima R, Morita KI, **Inazawa J**, Sasaki T, Fukayama M, Oda Y. The Japanese Society of Pathology Guidelines on the handling of pathological tissue samples for genomic research: Standard operating procedures based on empirical analyses. *Pathol Int.* 68(2):63-90, 2018
 34. Katagiri S, Umezu T, Azuma K, Asano M, Akahane D, **Makishima H**, Yoshida K, Watatani Y, Chiba K, **Miyano S**, **Ogawa S**, Ohyashiki JH, Ohyashiki K. Hidden FLT3-D835Y clone in FLT3-ITD-positive acute myeloid leukemia that evolved into very late relapse with T-lymphoblastic

- leukemia. *Leuk Lymphoma*. 59(6):1490-1493, 2018.
35. Katagiri T, Kobayashi M, Yoshimura M, Morinibu A, Itasaka S, Hiraoka M, Harada H. HIF-1 maintains a functional relationship between pancreatic cancer cells and stromal fibroblasts by upregulating expression and secretion of Sonic hedgehog. *Oncotarget*. 9(12):10525-10535, 2018
 36. **Kataoka K**, Iwanaga M, Yasunaga JI, Nagata Y, Kitanaka A, Kameda T, Yoshimitsu M, **Shiraishi y**, Sato-Otsubo A, Sanada M, Chiba K, Tanaka H, Ochi Y, Aoki K, Suzuki H, Shiozawa Y, Yoshizato T, Sato Y, Yoshida K, Nosaka K, Hishizawa M, Itonaga H, Imaizumi Y, Munakata W, Shide K, Kubuki Y, Hidaka T, Nakamaki T, Ishiyama K, Miyawaki S, Ishii R, Nureki O, Tobinai K, Miyazaki Y, Takaori-Kondo A, Shibata T, **Miyano S**, Ishitsuka K, Utsunomiya A, Shimoda K, Matsuoka M, Watanabe T, **Ogawa S**. Prognostic relevance of integrated genetic profiling in adult T-cell leukemia/lymphoma. *Blood*. 131(2):215-225, 2018.
 37. **Kataoka K, Ogawa S**. PD-1 Inhibitor Therapy in Adult T-Cell Leukemia-Lymphoma. *N Engl J Med*. 2018;379(7):696, 2018
 38. Kato H, Itoh-Nakadai A, Matsumoto M, Ishii Y, Watanabe-Matsui M, Ikeda M, Ebina-Shibuya R, Sato Y, Kobayashi M, Nishizawa H, Suzuki K, Muto A, Fujiwara T, **Nannya Y**, Malcovati L, Cazzola M, **Ogawa S**, Harigae H, Igarashi K. Infection perturbs Bach2- and Bach1-dependent erythroid lineage 'choice' to cause anemia. *Nat Immunol*. 19(10):1059-1070, 2018
 39. Kiyotani K, Mai TH, **Yamaguchi R**, Yew PY, Kulis M, Orgel K, **Imoto S, Miyano S**, Burks AW, Nakamura Y. Characterization of the B-cell receptor repertoires in peanut allergic subjects undergoing oral immunotherapy. *J Hum Genet*. 63(2):239-248, 2018
 40. Kiyozumi Y, Iwatsuki M, Kurashige J, Ogata Y, Yamashita K, Koga Y, Toihata T, Hiyoshi Y, Ishimoto T, Baba Y, Miyamoto Y, Yoshida N, Yanagihara K, Mimori K, Baba H. PLOD2 as a potential regulator of peritoneal dissemination in gastric cancer. *Int J Cancer*. 143(5):1202-1211, 2018
 41. Kobayashi M, Yokoyama K, Shimizu E, Yusa N, Ito M, **Yamaguchi R, Imoto S, Miyano S**, Tojo A. Phenotype-based gene analysis allowed successful diagnosis of X-linked neutropenia associated with a novel WASp mutation. *Ann Hematol*. 97(2):367-369, 2018
 42. Kon A, Yamazaki S, **Nannya Y, Kataoka K**, Ota Y, Nakagawa MM, Yoshida K, Shiozawa Y, Morita M, Yoshizato T, Sanada M, Nakayama M, Koseki H, Nakauchi H, **Ogawa S**. Physiological Srsf2 P95H expression causes impaired hematopoietic stem cell functions and aberrant RNA splicing in mice. *Blood*. 131(6):621-635, 2018
 43. Kondo Y, Higa S, Iwasaki T, Matsumoto T, **Maehara K**, Harada A, Baba Y, Fujita M, Ohkawa Y. Sensitive Detection of Fluorescence in Western Blotting by Merging Images. *PLoS One*. 13(1):e0191532, 2018
 44. Konishi M, Shindo N, Komiya M, Tanaka K, Itoh T, Hirota T. Quantitative analyses of the metaphase-to-anaphase transition reveal differential kinetic regulation for securin and cyclin B1. *Biomed Res*. 39(2):75-85, 2018
 45. Kotani H, Adachi Y, Kitai H, **Tomida S**, Bando H, Faber AC, Yoshino T, Voon DC, Yano S, Ebi H. Distinct dependencies on receptor tyrosine kinases in the regulation of MAPK signaling between BRAF V600E and non-V600E mutant lung cancers. *Oncogene*. 37(13):1775-1787, 2018
 46. Kouzuki K, Umeda K, Saida S, Kato I, Hiramatsu H, Funaki T, Kanda K, Muramatsu H, Yoshida K, **Ogawa S**, Adachi S. Sudden Intracranial Hemorrhage in a Patient With Atypical Chronic Myeloid Leukemia in Chronic Phase. *J Pediatr Hematol Oncol*. 40(8):e553-e556, 2018

47. Kudo K, Ueno H, Sato T, Kubo K, Kanezaki R, Kobayashi A, Kamio T, Sasaki S, Terui K, Kurose A, Yoshida K, Shiozawa Y, Toki T, **Ogawa S**, Ito E. Two siblings with familial neuroblastoma with distinct clinical phenotypes harboring an ALK germline mutation. *Genes Chromosomes Cancer*. 57(12):665-669, 2018
48. Kuniyasu K, Iemura K, Tanaka K. Delayed Chromosome Alignment to the Spindle Equator Increases the Rate of Chromosome Missegregation in Cancer Cell Lines. *Biomolecules*. 9(1):10, 2018
49. Kunizaki M, Hamasaki K, Wakata K, Tobinaga S, Sumida Y, Hidaka S, Yasutake T, Miyazaki T, Matsumoto K, Yamasaki T, Sawai T, **Hamamoto R**, Nanashima A, Nagayasu T: Clinical Value of Serum p53 Antibody in the Diagnosis and Prognosis of Esophageal Squamous. *Anticancer Res*. 38(6):1807-1813, 2018
50. Kuwatsuka Y, Tomizawa D, Kihara R, Nagata Y, Shiba N, Iijima-Yamashita Y, Shimada A, Deguchi T, Miyachi H, Tawa A, Taga T, Kinoshita A, Nakayama H, Kiyokawa N, Saito AM, Koh K, Goto H, Kosaka Y, Asou N, Ohtake S, Miyawaki S, Miyazaki Y, Sakura T, Ozawa Y, Usui N, Kanamori H, Ito Y, Imai K, Suehiro Y, Kobayashi S, Kitamura K, Sakaida E, **Ogawa S**, Naoe T, Hayashi Y, Horibe K, Manabe A, Mizutani S, Adachi S, Kiyoi H. Prognostic value of genetic mutations in adolescent and young adults with acute myeloid leukemia. *Int J Hematol*. 107(2):201-210, 2018
51. Li G, Martínez-Bonet M, Wu D, Yang Y, Cui J, Nguyen HN, Cunin P, Levescot A, Bai M, Westra HJ, **Okada Y**, Brenner MB, Raychaudhuri S, Hendrickson EA, Maas RL, Nigrovic PA. High-throughput identification of noncoding functional SNPs via type IIS enzyme restriction. *Nat Genet*. 50(8):1180-1188, 2018
52. Lin EP, Hsiao TH, Lu JY, Wong SH, Lu TP, Peck K, **Takahashi T**, Yang PC. Translating gene signatures into a pathological feature: Tumor necrosis predicts disease relapse in operable and stage I lung adenocarcinoma. *JCO Prec Oncol*. 2:1-13, 2018
53. Madan V, Han L, Hattori N, Teoh WW, Mayakonda A, Sun QY, Ding LW, Binte Mohd Nordin H, Lim SL, Shyamsunder P, Dakle P, Sundaresan J, Doan NB, Sanada M, Sato-Otsubo A, Meggendorfer M, Yang H, Said JW, **Ogawa S**, Haferlach T, Liang DC, Shih LY, Nakamaki T, Wang QT, Koeffler HP. ASXL2 regulates hematopoiesis in mice and its deficiency promotes myeloid expansion. *Haematologica*. 103(12):1980-1990, 2018.
54. Maeda T, Mimori K, Suzuki S, Horiuchi T, Makino N. Preventive and promotive effects of habitual hot spa-bathing on the elderly in Japan. *Sci Rep*. 8(1):133, 2018
55. Maie K, Yokoyama Y, Yano Y, Kato T, **Nannya Y**, **Ogawa S**, Noguchi M, Sakata-Yanagimoto M, Chiba S. Progression to polythythemia vera from familial thrombocytosis with germline JAK2 R867Q mutation. *Ann Hematol*. 97(4):737-739, 2018
56. Makohon-Moore AP, Matsukuma K, Zhang M, Reiter JG, Gerold JM, Jiao Y, Sikkema L, Attiyeh MA, **Yachida S**, Sandone C, Hruban RH, Klimstra DS, Papadopoulos N, Nowak MA, Kinzler KW, Vogelstein B, Iacobuzio-Donahue CA. Precancerous neoplastic cells can move through the pancreatic ductal system. *Nature*. 561:201-205, 2018
57. Malik R, Chauhan G, Traylor M, Sargurupremraj M, **Okada Y**, Mishra A, Rutten-Jacobs L, Giese AK, van der Laan SW, Gretarsdottir S, Anderson CD, Chong M, Adams HHH, Ago T, Almgren P, Amouyel P, Ay H, Bartz TM, Benavente OR, Bevan S, Boncoraglio GB, Brown RD Jr, Butterworth AS, Carrera C, Carty CL, Chasman DI, Chen WM, Cole JW, Correa A, Cotlarciuc I,

Cruchaga C, Danesh J, de Bakker PIW, DeStefano AL, den Hoed M, Duan Q, Engelter ST, Falcone GJ, Gottesman RF, Grewal RP, Gudnason V, Gustafsson S, Haessler J, Harris TB, Hassan A, Havulinna AS, Heckbert SR, Holliday EG, Howard G, Hsu FC, Hyacinth HI, Ikram MA, Ingelsson E, Irvin MR, Jian X, Jiménez-Conde J, Johnson JA, Jukema JW, Kanai M, Keene KL, Kissela BM, Kleindorfer DO, Kooperberg C, Kubo M, Lange LA, Langefeld CD, Langenberg C, Launer LJ, Lee JM, Lemmens R, Leys D, Lewis CM, Lin WY, Lindgren AG, Lorentzen E, Magnusson PK, Maguire J, Manichaikul A, McArdle PF, Meschia JF, Mitchell BD, Mosley TH, Nalls MA, Ninomiya T, O'Donnell MJ, Psaty BM, Pulit SL, Rannikmäe K, Reiner AP, Rexrode KM, Rice K, Rich SS, Ridker PM, Rost NS, Rothwell PM, Rotter JI, Rundek T, Sacco RL, Sakaue S, Sale MM, Salomaa V, Sapkota BR, Schmidt R, Schmidt CO, Schminke U, Sharma P, Slowik A, Sudlow CLM, Tanislav C, Tatlisumak T, Taylor KD, Thijs VNS, Thorleifsson G, Thorsteinsdottir U, Tiedt S, Trompet S, Tzourio C, van Duijn CM, Walters M, Wareham NJ, Wassertheil-Smoller S, Wilson JG, Wiggins KL, Yang Q, Yusuf S; AFGen Consortium; Cohorts for Heart and Aging Research in Genomic Epidemiology (CHARGE) Consortium; International Genomics of Blood Pressure (iGEN-BP) Consortium; INVENT Consortium; STARNET, Bis JC, Pastinen T, Ruusalepp A, Schadt EE, Koplev S, Björkegren JLM, Codoni V, Civelek M, Smith NL, Trégouët DA, Christophersen IE, Roselli C, Lubitz SA, Ellinor PT, Tai ES, Kooner JS, Kato N, He J, van der Harst P, Elliott P, Chambers JC, Takeuchi F, Johnson AD; BioBank Japan Cooperative Hospital Group; COMPASS Consortium; EPIC-CVD Consortium; EPIC-InterAct Consortium; International Stroke Genetics Consortium (ISGC); METASTROKE Consortium; Neurology Working Group of the CHARGE Consortium; NINDS Stroke Genetics Network (SiGN); UK Young Lacunar DNA Study; MEGASTROKE Consortium, Sanghera DK, Melander O, Jern C, Strbian D, Fernandez-Cadenas I, Longstreth WT Jr, Rolfs A, Hata J, Woo D, Rosand J, Pare G, Hopewell JC, Saleheen D, Stefansson K, Worrall BB, Kittner SJ, Seshadri S, Fornage M, Markus HS, Howson JMM, **Kamatani Y**, DeBette S, Dichgans M. Multiancestry genome-wide association study of 520,000 subjects identifies 32 loci associated with stroke and stroke subtypes. *Nat Genet.* 50(4):524-537, 2018

58. Maruyama K, Aotsuka N, Kumano Y, Sato N, Kawashima N, Onda Y, Maruyama H, Katagiri T, Zaimoku Y, Nakagawa N, Hosomichi K, **Ogawa S**, Nakao S. Immune-Mediated Hematopoietic Failure after Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation: A Common Cause of Late Graft Failure in Patients with Complete Donor Chimerism. *Biol Blood Marrow Transplant.* 24(1):43-49, 2018
59. Masuda T, Shinden Y, Noda M, Ueo H, Hu Q, Yoshikawa Y, Tsuruda Y, Kuroda Y, Ito S, Eguchi H, Ohno S, Mimori K. Circulating Pre-microRNA-488 in Peripheral Blood Is a Potential Biomarker for Predicting Recurrence in Breast Cancer. *Anticancer Res.* 38(8):4515-4523, 2018
60. **Matsumoto A**, Nakayama KI. Hidden Peptides Encoded by Putative Noncoding RNAs. *Cell Struct Funct.* 43(1):75-83, 2018
61. Matsuo H, Yoshida K, Fukumura K, Nakatani K, Noguchi Y, Takasaki S, Noura M, Shiozawa Y, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Okada A, **Nannya Y**, Takeda J, Ueno H, Shiba N, Yamato G, Handa H, Ono Y, Hiramoto N, Ishikawa T, Usuki K, Ishiyama K, Miyawaki S, Itonaga H, Miyazaki Y, Kawamura M, Yamaguchi H, Kiyokawa N, Tomizawa D, Taga T, Tawa A, Hayashi Y, Mano H, **Miyano S**, Kamikubo Y, **Ogawa S**, Adachi S. Recurrent *CCND3* mutations in *MLL*-rearranged acute myeloid leukemia. *Blood Adv.* 2(21):2879-2889, 2018

62. Matsuura M, Yamaguchi K, Tamate M, Satohisa S, Teramoto M, Iwasaki M, Sugita S, Hasegawa T, Koubo R, Takane K, Ikenoue T, Furukawa Y, Saito T. Efficacy of liquid-based genetic diagnosis of endometrial cancer. *Cancer Sci.* 109(12):4025-4032, 2018
63. Mimori K, Saito T, **Niida A**, **Miyano S**. Cancer evolution and heterogeneity. *Ann Gastroenterol Surg.* 2(5):332-338, 2018
64. Miyagawa Y, Matsushita Y, Suzuki H, Komatsu M, Yoshimaru T, Kimura R, Yanai A, Honda J, Tangoku A, Sasa M, Miyoshi Y, Katagiri T. Frequent downregulation of LRRC26 by epigenetic alterations is involved in the malignant progression of triple-negative breast cancers. *Int J Oncol.* 52(5):1539-1558, 2018
65. Miyazaki M, Otomo R, Matsushima-Hibiya Y, Suzuki H, Nakajima A, Abe N, Tomiyama A, Ichimura K, Matsuda K, Watanabe T, Ochiya T, Nakagama H, Sakai R, Enari M. The p53 activator overcomes resistance to ALK inhibitors by regulating p53-target selectivity in ALK-driven neuroblastomas. *Cell Death Discov.* 4:56, 2018
66. Morishima S, Shiina T, Suzuki S, **Ogawa S**, Sato-Otsubo A, Kashiwase K, Azuma F, Yabe T, Satake M, Kato S, Kodera Y, Sasazuki T, Morishima Y, Japan Marrow Donor P. Evolutionary basis of HLA-DPB1 alleles affects acute GVHD in unrelated donor stem cell transplantation. *Blood.* 131(7):808-817, 2018
67. Mukai N, Nakayama Y, Murakami S, Tanahashi T, Sessler DI, Ishii S, **Ogawa S**, Tokuhira N, Mizobe T, Sawa T, Nakajima Y. Potential contribution of erythrocyte microRNA to secondary erythrocytosis and thrombocytopenia in congenital heart disease. *Pediatr Res.* 83(4):866-873, 2018
68. Murakami N, Okuno Y, Yoshida K, **Shiraishi y**, Nagae G, Suzuki K, Narita A, Sakaguchi H, Kawashima N, Wang X, Xu Y, Chiba K, Tanaka H, Hama A, Sanada M, Ito M, Hirayama M, Watanabe A, Ueno T, Kojima S, Aburatani H, Mano H, **Miyano S**, **Ogawa S**, Takahashi Y, Muramatsu H. Integrated molecular profiling of juvenile myelomonocytic leukemia. *Blood.* 131(14):1576-1586, 2018
69. Nagata Y, Narumi S, Guan Y, Przychodzen BP, Hirsch CM, **Makishima H**, Shima H, Aly M, Pastor V, Kuzmanovic T, Radivoyevitch T, Adema V, Awada H, Yoshida K, Li S, Sole F, Hanna R, Jha BK, LaFramboise T, **Ogawa S**, Sekeres MA, Wlodarski MW, Cammenga J, Maciejewski JP. Germline loss of function SAMD9 and SAMD9L alterations in adult myelodysplastic syndromes. *Blood.* 132(21):2309-2313, 2018.
70. Nakamura S, Yokoyama K, Yusa N, Ogawa M, Takei T, Kobayashi A, Ito M, Shimizu E, Kasajima R, Wada Y, **Yamaguchi R**, **Imoto S**, Nagamura-Inoue T, **Miyano S**, Tojo A. Circulating tumor DNA dynamically predicts response and/or relapse in patients with hematological malignancies. *Int J Hematol.* 108(4):402-410, 2018
71. **Niida A**, Nagayama S, **Miyano S**, Mimori K. Understanding intratumor heterogeneity by combining genome analysis and mathematical modeling. *Cancer Sci.* 109(4):884-892, 2018. Erratum in: *Cancer Sci.* 2021 Jun;112(6):2556
72. **Nishizuka SS**, Suzuki Y, Katagiri H, Takikawa Y. Liver Regeneration Supported by Muse Cells. *Adv Exp Med Biol.* 1103:219-241, 2018
73. **Nishizuka SS**, Tamura G, Nakatochi M, Fukushima N, Ohmori Y, Sumida C, Iwaya T, **Takahashi T**, Koeda K; Northern Japan Gastric Cancer Study Consortium. Helicobacter pylori infection is associated with favorable outcome in advanced gastric cancer patients treated with S-1 adjuvant

- chemotherapy. *J Surg Oncol*. 117(5):947-956, 2018
74. **Nishizuka SS**, Tamura G, Nakatochi M, Fukushima N, Ohmori Y, Sumida C, Iwaya T, **Takahashi T**, Koeda K; Northern Japan Gastric Cancer Study Consortium. Helicobacter pylori infection is associated with favorable outcome in advanced gastric cancer patients treated with S-1 adjuvant chemotherapy. *J Surg Oncol*. 117(5):947-956, 2018
 75. Ochi Y, Hiramoto N, Yoshizato T, Ono Y, Takeda J, Shiozawa Y, Yoshida K, Kakiuchi N, **Shiraishi y**, Tanaka H, Chiba K, Kazuma Y, Tabata S, Yonetani N, Uehara K, Yamashita D, Imai Y, Nagafuji K, Yamakawa M, **Miyano S**, Takaori-Kondo A, **Ogawa S**, Ishikawa T. Clonally related diffuse large B-cell lymphoma and interdigitating dendritic cell sarcoma sharing *MYC* translocation. *Haematologica*. 103(11):e553-e556, 2018
 76. Ogawa M, Yokoyama K, Hirano M, Jimbo K, Ochi K, Kawamata T, Ohno N, Shimizu E, Yokoyama N, **Yamaguchi R**, **Imoto S**, Uchimaruru K, Takahashi N, **Miyano S**, Imai Y, Tojo A. Different clonal dynamics of chronic myeloid leukaemia between bone marrow and the central nervous system. *Br J Haematol*. 183(5):842-845, 2018
 77. **Okada Y**, Momozawa Y, Sakaue S, Kanai M, Ishigaki K, Akiyama M, Kishikawa T, Arai Y, Sasaki T, Kosaki K, Suematsu M, Matsuda K, Yamamoto K, Kubo M, Hirose N, **Kamatani Y**. Deep whole-genome sequencing reveals recent selection signatures linked to evolution and disease risk of Japanese. *Nat Commun*. 9(1):1631, 2018
 78. **Okada Y**. eLD: entropy-based linkage disequilibrium index between multiallelic sites. *Hum Genome Var*. 5:29, 2018
 79. Osumi H, Shinozaki E, Mashima T, Wakatsuki T, Suenaga M, Ichimura T, Ogura M, Ota Y, Nakayama I, Takahari D, Chin K, **Miki Y**, Yamaguchi K. Phase II trial of biweekly cetuximab and irinotecan as third-line therapy for pretreated KRAS exon 2 wild-type colorectal cancer. *Cancer Sci*. 109(8):2567-2575, 2018
 80. Osumi T, Tsuj**Imoto SI**, Tamura M, Uchiyama M, Nakabayashi K, Okamura K, Yoshida M, Tomizawa D, Watanabe A, Takahashi H, Hori T, Yamamoto S, Hamamoto K, Migita M, Ogata-Kawata H, Uchiyama T, Kizawa H, Ueno-Yokohata H, Shirai R, Seki M, Ohki K, Takita J, Inukai T, **Ogawa S**, Kitamura T, Matsumoto K, Hata K, N KI, Goyama S, Kato M. Recurrent RARB Translocations in Acute Promyelocytic Leukemia lacking RARA Translocation. *Cancer Res*. 78(16):4452-4458, 2018.
 81. Park H, **Shimamura T**, **Imoto S**, **Miyano S**. Adaptive NetworkProfiler for Identifying Cancer Characteristic-Specific Gene Regulatory Networks. *J Comput Biol*. 25(2):130-145, 2018
 82. Saha HR, Kaneda-Nakashima K, Shimosaki S, Suekane A, Sarkar B, Saito Y, Ogoh H, Nakahata S, Watanabe T, **Nagase H**, Morishita K. Suppression of GPR56 expression by pyrrole-imidazole polyamide represents a novel therapeutic drug for AML with high EVI1 expression. *Sci Rep*. 8(1):13741, 2018
 83. Saito T, **Niida A**, Uchi R, Hirata H, Komatsu H, Sakimura S, Hayashi S, Nambara S, Kuroda Y, Ito S, Eguchi H, Masuda T, Sugimachi K, Tobo T, Nishida H, Daa T, Chiba K, **Shiraishi y**, Yoshizato T, Kodama M, Okimoto T, Mizukami K, Ogawa R, Okamoto K, Shuto M, Fukuda K, Matsui Y, **Shimamura T**, Hasegawa T, Doki Y, Nagayama S, Yamada K, Kato M, Shibata T, Mori M, Aburatani H, Murakami K, Suzuki Y, **Ogawa S**, **Miyano S**, Mimori K. A temporal shift of the evolutionary principle shaping intratumor heterogeneity in colorectal cancer. *Nat Commun*. 9(1):2884, 2018

84. Sakai E, Nakayama M, Oshima H, Kouyama Y, Niida A, Fujii S, Ochiai A, Nakayama KI, Mimori K, Suzuki Y, Hong CP, Ock CY, Kim SJ, Oshima M. Combined Mutation of *Apc*, *Kras*, and *Tgfb2* Effectively Drives Metastasis of Intestinal Cancer. *Cancer Res.* 78(5):1334-1346, 2018
85. Sakai H, Hosono N, Nakazawa H, Przychodzen B, Polprasert C, Carraway HE, Sekeres MA, Radivoyevitch T, Yoshida K, Sanada M, Yoshizato T, **Kataoka K**, Nakagawa MM, Ueno H, **Nannya Y**, Kon A, Shiozawa Y, Takeda J, **Shiraishi y**, Chiba K, **Miyano S**, Singh J, Padgett RA, **Ogawa S**, Maciejewski JP, **Makishima H**. A novel genetic and morphologic phenotype of ARID2-mediated myelodysplasia. *Leukemia.* 32(3):839-843, 2018
86. Sakaue S, Hirata J, Maeda Y, Kawakami E, Nii T, Kishikawa T, Ishigaki K, Terao C, Suzuki K, Akiyama M, Suita N, Masuda T, Ogawa K, Yamamoto K, Saeki Y, Matsushita M, Yoshimura M, Matsuoka H, Ikari K, Taniguchi A, Yamanaka H, Kawaji H, Lassmann T, Itoh M, Yoshitomi H, Ito H, Ohmura K, R Forrest AR, Hayashizaki Y, Carninci P, Kumanogoh A, **Kamatani Y**, de Hoon M, Yamamoto K, ***Okada Y**. Integration of genetics and miRNA-target gene network identified disease biology implicated in tissue specificity. *Nucleic Acids Res.* 46(22):11898-11909, 2018
87. **Sasanuma H**, Tsuda M, Morimoto S, Saha LK, Rahman MM, Kiyooka Y, Fujiike H, Cherniack AD, Itou J, Callen Moreu E, Toi M, Nakada S, Tanaka H, Tsutsui K, Yamada S, Nussenzweig A, Takeda S. BRCA1 ensures genome integrity by eliminating estrogen-induced pathological topoisomerase II-DNA complexes. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 115(45):E10642-E10651, 2018
88. Sato T, Muramatsu T, Tanabe M, **Inazawa J**. Identification and characterization of transforming growth factor beta-induced in circulating tumor cell subline from pancreatic cancer cell line. *Cancer Sci.* 109(11):3623-3633, 2018
89. Sereewattanawoot S, **Suzuki A**, Seki M, Sakamoto Y, Kohno T, Sugano S, Tsuchihara K, ***Suzuki Y**. Identification of potential regulatory mutations using multi-omics analysis and haplotyping of lung adenocarcinoma cell lines. *Sci Rep.* 8(1):4926, 2018
90. Shah UA, Chung EY, Giricz O, Pradhan K, **Kataoka K**, Gordon-Mitchell S, Bhagat TD, Mai Y, Wei Y, Ishida E, Choudhary GS, Joseph A, Rice R, Gitego N, Parrish C, Bartenstein M, Goel S, Mantzaris I, Shastri A, Derman O, Binder A, Gritsman K, Kornblum N, Braunschweig I, Bhagat C, Hall J, Graber A, Ratner L, Wang Y, **Ogawa S**, Verma A, Ye BH, Janakiram M. North American ATLL has a distinct mutational and transcriptional profile and responds to epigenetic therapies. *Blood.* 132(14):1507-1518, 2018
91. Shelar S, Shim EH, Brinkley G, Kundu A, Carobbio F, Poston T, Tan J, Parekh V, Benson D, Crossman DK, Buckhaults PJ, Rakheja D, Kirkman R, Sato Y, **Ogawa S**, Dutta S, Velu SE, Emberley E, Pan A, Chen J, Huang T, Absher D, Becker A, Kunick C, Sudarshan S. Biochemical and Epigenetic Insights into L-2-Hydroxyglutarate, a Potential Therapeutic Target in Renal Cancer. *Clin Cancer Res.* 24(24):6433-6446, 2018.
92. Shigekawa Y, Hayami S, Ueno M, Miyamoto A, Suzaki N, Kawai M, Hirono S, Okada KI, **Hamamoto R**, ***Yamaue H**. Overexpression of KDM5B/JARID1B is associated with poor prognosis in hepatocellular carcinoma. *Oncotarget.* 9(76):34320-34335, 2018
93. Shimizu D, Saito T, Ito S, Masuda T, Kurashige J, Kuroda Y, Eguchi H, Kodera Y, Mimori K. Overexpression of *FGFR1* Promotes Peritoneal Dissemination *Via* Epithelial-to-Mesenchymal Transition in Gastric Cancer. *Cancer Genomics Proteomics.* 15(4):313-320, 2018
94. Shimizu K, Kinoshita R, Yoshii K, Akhmetzhanov AR, Jung SM, Lee HJ, Nishiura H. An

- investigation of a measles outbreak in Japan and Taiwan, China, March-May 2018. *Western Pac Surveill Response J.* 9(3):25-31, 2018
95. Shinden Y, Sugimachi K, Tanaka F, Fujiyoshi K, Kijima Y, Natsugoe S, Mimori K. Clinicopathological characteristics of disseminated carcinomatosis of the bone marrow in breast cancer patients. *Mol Clin Oncol.* 8(1):93-98, 2018
 96. Shiozawa Y, Malcovati L, Galli A, Sato-Otsubo A, **Kataoka K**, Sato Y, Watatani Y, Suzuki H, Yoshizato T, Yoshida K, Sanada M, **Makishima H**, **Shiraishi y**, Chiba K, Hellström-Lindberg E, **Miyano S**, **Ogawa S**, Cazzola M. Aberrant splicing and defective mRNA production induced by somatic spliceosome mutations in myelodysplasia. *Nat Commun.* 9(1):3649, 2018
 97. **Shiraishi y**, **Kataoka K**, Chiba K, Okada A, Kogure Y, Tanaka H, **Ogawa S**, **Miyano S**. A comprehensive characterization of *cis*-acting splicing-associated variants in human cancer. *Genome Res.* 28(8):1111-1125, 2018
 98. Sugimachi K, Sakimura S, Kuramitsu S, Hirata H, **Niida A**, Iguchi T, Eguchi H, Masuda T, Morita M, Toh Y, Maehara Y, Suzuki Y, Mimori K. Serial mutational tracking in surgically resected locally advanced colorectal cancer with neoadjuvant chemotherapy. *Br J Cancer.* 119(4):419-423, 2018
 99. Sugimoto N, Maehara K, Yoshida K, Ohkawa Y, Fujita M. Genome-wide Analysis of the Spatiotemporal Regulation of Firing and Dormant Replication Origins in Human Cells. *Nucleic Acids Res.* 46(13):6683-6696, 2018
 100. Suma S, Sakata-Yanagimoto M, Nguyen TB, Hattori K, Sato T, Noguchi M, **Nannya Y**, **Ogawa S**, Watanabe R, Fujimoto M, Nakamura N, Kusakabe M, Nishikii H, Kato T, Chiba S. Blastic plasmacytoid dendritic cell neoplasm arising from clonal hematopoiesis. *Int J Hematol.* 2018.
 101. Sumi C, Okamoto A, Tanaka H, Kusunoki M, Shoji T, Uba T, Adachi T, Iwai T, Nishi K, Harada H, Bono H, Matsuo Y, Hirota K. Suppression of mitochondrial oxygen metabolism mediated by the transcription factor HIF-1 alleviates propofol-induced cell toxicity. *Sci Rep.* 8(1):8987, 2018
 102. **Suzuki A**, Kawano S, Mitsuyama T, Suyama M, Kanai Y, Shirahige K, Sasaki H, Tokunaga K, Tsuchihara K, Sugano S, Nakai K, Suzuki Y. DBTSS/DBKERO for Integrated Analysis of Transcriptional Regulation. *Nucleic Acids Res.* 46(D1):D229-D238, 2018
 103. Takagi M, Hoshino A, Yoshida K, Ueno H, Imai K, Piao J, Kanegane H, Yamashita M, Okano T, Muramatsu H, Okuno Y, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, **Ogawa S**, Hayashi Y, Kojima S, Morio T. Genetic heterogeneity of uncharacterized childhood autoimmune diseases with lymphoproliferation. *Pediatr Blood Cancer.* 2018;65(2) , 2018. doi: 10.1002/pbc.26831
 104. Takashima K, Maru Y, Mori S, Mano H, Noda T, **Muto K**. Ethical concerns on sharing genomic data including patients' family members. *BMC Med Ethics.* 19(1):61, 2018
 105. Takeda M, Kanki Y, Masumoto H, Funakoshi S, Hatani T, Fukushima H, Izumi-Taguchi A, **Matsui Y**, **Shimamura T**, Yoshida Y, Yamashita JK. Identification of Cardiomyocyte-Fated Progenitors from Human-Induced Pluripotent Stem Cells Marked with CD82. *Cell Rep.* 22(2):546-556, 2018
 106. Takei T, Yokoyama K, Shimizu E, Konuma T, Takahashi S, **Yamaguchi R**, **Imoto S**, **Miyano S**, Tojo A. Azacitidine effectively reduces *TP53*-mutant leukemic cell burden in secondary acute myeloid leukemia after cord blood transplantation. *Leuk Lymphoma.* 59(11):2755-2756, 2018
 107. Takeshita S, Yamashita Y, Shiomi K, Suzuki N, Yoshida J, Naiki-Ito A, Suzuki S, Akatsuka S, Toyokuni S, **Takahashi T**, Mase S, Arakawa A, Sugiura-Ogasawara M, Takahashi S. Expression

- of P-REX2a is associated with poor prognosis in endometrial malignancies. *Oncotarget*. 9(37):24778-24786, 2018
108. Takizawa Y, Tanaka H, Machida S, Koyama M, **Maehara K**, Ohkawa Y, Wade PA, Wolf M, Kurumizaka H. Cryo-EM Structure of the Nucleosome Containing the ALB1 Enhancer DNA Sequence. *Open Biol*. 8(3):170255, 2018
109. Tamura A, Ogasawara T, Fujii Y, Kaneko H, Nakayama A, Higuchi S, Hashimoto N, Miyabayashi Y, Fujimoto M, Komai E, Kono T, Sakuma I, Nagano H, Suzuki S, Koide H, Yokote K, Iseki K, Oguma R, Matsue H, Nojima H, Sugiura K, Yoshitomi H, Ohtsuka M, Rahmutulla B, Kaneda A, Inoshita N, **Ogawa S**, Tanaka T. Glucagonoma With Necrolytic Migratory Erythema: Metabolic Profile and Detection of Biallelic Inactivation of DAXX Gene. *J Clin Endocrinol Metab*. 103(7):2417-2423, 2018
110. Tanaka K, Goto H, Nishimura Y, Kasahara K, Mizoguchi A, Inagaki M. Tetraploidy in cancer and its possible link to aging. *Cancer Sci*. 109(9):2632-2640, 2018
111. Tanikawa C, **Kamatani Y**, Takahashi A, Momozawa Y, Leveque K, Nagayama S, Mimori K, Mori M, Ishii H, **Inazawa J**, Yasuda J, Tsuboi A, Shimizu A, Sasaki M, Yamaji T, Sawada N, Iwasaki M, Tsugane S, Naito M, Wakai K, Koyama T, Takezaki T, Yuji K, Murakami Y, Nakamura Y, Kubo M, Matsuda K. GWAS identifies two novel colorectal cancer loci at 16q24.1 and 20q13.12. *Carcinogenesis*. 39(5):652-660, 2018
112. Tanikawa C, **Kamatani Y**, Toyoshima O, Sakamoto H, Ito H, Takahashi A, Momozawa Y, Hirata M, Fuse N, Takai-Igarashi T, Shimizu A, Sasaki M, Yamaji T, Sawada N, Iwasaki M, Tsugane S, Naito M, Hishida A, Wakai K, Furusyo N, Murakami Y, Nakamura Y, Imoto I, **Inazawa J**, Oze I, Sato N, Tanioka F, Sugimura H, Hirose H, Yoshida T, Matsuo K, Kubo M, Matsuda K. Genome-wide association study identifies gastric cancer susceptibility loci at 12q24.11-12 and 20q11.21. *Cancer Sci*. 109(12):4015-4024, 2018
113. Terai H, Kitajima S, Potter DS, **Matsui Y**, Quiceno LG, Chen T, Kim TJ, Rusan M, Thai TC, Piccioni F, Donovan KA, Kwiatkowski N, Hinohara K, Wei G, Gray NS, Fischer ES, Wong KK, **Shimamura T**, Letai A, Hammerman PS, Barbie DA. ER Stress Signaling Promotes the Survival of Cancer "Persister Cells" Tolerant to EGFR Tyrosine Kinase Inhibitors. *Cancer Res*. 78(4):1044-1057, 2018
114. Terao C, Yoshifuji H, Matsumura T, Naruse TK, Ishii T, Nakaoka Y, Kirino Y, Matsuo K, Origuchi T, Shimizu M, Maejima Y, Amiya E, Tamura N, Kawaguchi T, Takahashi M, Setoh K, Ohmura K, Watanabe R, Horita T, Atsumi T, Matsukura M, Miyata T, Kochi Y, Suda T, Tanemoto K, Meguro A, **Okada Y**, Ogimoto A, Yamamoto M, Takahashi H, Nakayamada S, Saito K, Kuwana M, Mizuki N, Tabara Y, Ueda A, Komuro I, Kimura A, Isobe M, Mimori T, Matsuda F. Genetic determinants and an epistasis of LILRA3 and HLA-B*52 in Takayasu arteritis. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 115(51):13045-13050, 2018
115. Teumer A, Chaker L, Groeneweg S, Li Y, Di Munno C, Barbieri C, Schultheiss UT, Traglia M, Ahluwalia TS, Akiyama M, Appel EVR, Arking DE, Arnold A, Astrup A, Beekman M, Beilby JP, Bekaert S, Boerwinkle E, Brown SJ, De Buyzere M, Campbell PJ, Ceresini G, Cerqueira C, Cucca F, Deary IJ, Deelen J, Eckardt KU, Ekici AB, Eriksson JG, Ferrucci L, Fiers T, Fiorillo E, Ford I, Fox CS, Fuchsberger C, Galesloot TE, Gieger C, Gögele M, De Grandi A, Grarup N, Greiser KH, Haljas K, Hansen T, Harris SE, van Heemst D, den Heijer M, Hicks AA, den Hollander W, Homuth G, Hui J, Ikram MA, Ittermann T, Jensen RA, Jing J, Jukema JW, Kajantie

- E, **Kamatani Y**, Kasbohm E, Kaufman JM, Kiemeny LA, Kloppenburg M, Kronenberg F, Kubo M, Lahti J, Lapauw B, Li S, Liewald DCM; Lifelines Cohort Study, Lim EM, Linneberg A, Marina M, Mascalzoni D, Matsuda K, Medenwald D, Meisinger C, Meulenbelt I, De Meyer T, Meyer Zu Schwabedissen HE, Mikolajczyk R, Moed M, Netea-Maier RT, Nolte IM, **Okada Y**, Pala M, Pattaro C, Pedersen O, Petersmann A, Porcu E, Postmus I, Pramstaller PP, Psaty BM, Ramos YFM, Rawal R, Redmond P, Richards JB, Rietzschel ER, Rivadeneira F, Roef G, Rotter JI, Sala CF, Schlessinger D, Selvin E, Slagboom PE, Soranzo N, Sørensen TIA, Spector TD, Starr JM, Stott DJ, Taes Y, Taliun D, Tanaka T, Thuesen B, Tiller D, Toniolo D, Uitterlinden AG, Visser WE, Walsh JP, Wilson SG, Wolffenbuttel BHR, Yang Q, Zheng HF, Cappola A, Peeters RP, Naitza S, Völzke H, Sanna S, Köttgen A, Visser TJ, Medici M. Genome-wide analyses identify a role for SLC17A4 and AADAT in thyroid hormone regulation. *Nat Commun*. 9(1):4455, 2018
116. Toki T, Yoshida K, Wang R, Nakamura S, Maekawa T, Goi K, Katoh MC, Mizuno S, Sugiyama F, Kanezaki R, Uechi T, Nakajima Y, Sato Y, Okuno Y, Sato-Otsubo A, Shiozawa Y, **Kataoka K**, **Shiraishi Y**, Sanada M, Chiba K, Tanaka H, Terui K, Sato T, Kamio T, Sakaguchi H, Ohga S, Kuramitsu M, Hamaguchi I, Ohara A, Kanno H, **Miyano S**, Kojima S, Ishiguro A, Sugita K, Kenmochi N, Takahashi S, Eto K, **Ogawa S**, Ito E. De Novo Mutations Activating Germline TP53 in an Inherited Bone-Marrow-Failure Syndrome. *Am J Hum Genet*. 103(3):440-447, 2018
117. Tonouchi E, Gen Y, Muramatsu T, Hiramoto H, Tanimoto K, Inoue J, **Inazawa J**. miR-3140 suppresses tumor cell growth by targeting BRD4 via its coding sequence and downregulates the BRD4-NUT fusion oncoprotein. *Sci Rep*. 8(1):4482, 2018
118. Toyokawa G, Takada K, Tagawa T, Kinoshita F, Kozuma Y, Matsubara T, Haratake N, Takamori S, Akamine T, Hirai F, Yamada Y, **Hamamoto R**, Oda Y, Maehara Y: Prevalence of Enhancer of Zeste Homolog 2 in Patients with Resected Small Cell Lung Cancer. *Anticancer Res*. 38(6):3707-3711, 2018
119. Tsuda M, Fukuda A, Roy N, Hiramatsu Y, Leonhardt L, Kakiuchi N, Hoyer K, **Ogawa S**, Goto N, Ikuta K, Kimura Y, Matsumoto Y, Takada Y, Yoshioka T, Maruno T, Yamaga Y, Kim GE, Akiyama H, **Ogawa S**, Wright CV, Saur D, Takaori K, Uemoto S, Hebrok M, Chiba T, Seno H. The BRG1/SOX9 axis is critical for acinar cell-derived pancreatic tumorigenesis. *J Clin Invest*. 128(8):3475-3489, 2018
120. Tsujimoto SI, Nakano Y, Osumi T, Okada K, Ouchi-Uchiyama M, **Kataoka K**, Fujii Y, Ohki K, Seki M, Tamagawa N, Takita J, **Ogawa S**, Kiyokawa N, Hara J, Kato M. A Cryptic NUP214-ABL1 Fusion in B-cell Precursor Acute Lymphoblastic Leukemia. *J Pediatr Hematol Oncol*. 40(6):e397-e399, 2018
121. Uenaka T, Satake W, Cha PC, Hayakawa H, Baba K, Jiang S, Kobayashi K, Kanagawa M, **Okada Y**, Mochizuki H, Toda T. In silico drug screening by using genome-wide association study data repurposed dabrafenib, an anti-melanoma drug, for Parkinson's disease. *Hum Mol Genet*. 27(22):3974-3985, 2018
122. **Urayama KY**, Takagi M, Kawaguchi T, Matsuo K, Tanaka Y, Ayukawa Y, Arakawa Y, Hasegawa D, Yuza Y, Kaneko T, Noguchi Y, Taneyama Y, Ota S, Inukai T, Yanagimachi M, Keino D, Koike K, Toyama D, Nakazawa Y, Kurosawa H, Nakamura K, Moriwaki K, Goto H, Sekinaka Y, Morita D, Kato M, Takita J, Tanaka T, **Inazawa J**, Koh K, Ishida Y, Ohara A, Mizutani S, Matsuda F, Manabe A. Regional evaluation of childhood acute lymphoblastic leukemia genetic susceptibility loci among Japanese. *Sci Rep*. 8(1):789, 2018

123. Vallois D, Dupuy A, Lemonnier F, Allen G, Missiaglia E, Fataccioli V, Ortonne N, Clavert A, Delarue R, Rousselet MC, Fabiani B, Llamas-Gutierrez F, **Ogawa S**, Thome M, Ko YH, **Kataoka K**, Gaulard P, de Leval L. RNA fusions involving CD28 are rare in peripheral T-cell lymphomas and concentrate mainly in those derived from follicular helper T cells. *Haematologica*. 103(8):e360-e363, 2018
124. VanderWeele DJ, Finney R, Katayama K, Gillard M, Paner G, **Imoto S**, **Yamaguchi R**, Wheeler D, Lack J, Cam M, Pontier A, Nguyen YTM, Maejima K, Sasaki-Oku A, Nakano K, Tanaka H, Vander Griend D, Kubo M, Ratain MJ, **Miyano S**, Nakagawa H. Genomic Heterogeneity Within Individual Prostate Cancer Foci Impacts Predictive Biomarkers of Targeted Therapy. *Eur Urol Focus*. 5(3):416-424, 2019
125. Wakiyama H, Masuda T, Motomura Y, Hu Q, Tobo T, Eguchi H, Sakamoto K, Hirakawa M, Honda H, Mimori K. Cytolytic Activity (CYT) Score Is a Prognostic Biomarker Reflecting Host Immune Status in Hepatocellular Carcinoma (HCC). *Anticancer Res*. 38(12):6631-6638, 2018
126. Wardell CP, Fujita M, Yamada T, Simbolo M, Fassan M, Karlic R, Polak P, Kim J, Hatanaka Y, Maejima K, Lawlor RT, Nakanishi Y, Mitsuhashi T, **Fujimoto A**, Furuta M, Ruzzenente A, Conci S, Oosawa A, Sasaki-Oku A, Nakano K, Tanaka H, Yamamoto Y, Michiaki K, Kawakami Y, Aikata H, Ueno M, Hayami S, Gotoh K, Ariizumi SI, Yamamoto M, Yamaue H, Chayama K, **Miyano S**, Getz G, Scarpa A, Hirano S, Nakamura T, Nakagawa H. Genomic characterization of biliary tract cancers identifies driver genes and predisposing mutations. *J Hepatol*. 68(5):959-969, 2018
127. Yamamoto R, **Osawa T**, Sasaki Y, Yamamoto S, Anai M, Izumi K, Matsumura Y, Sakai J, Aburatani H, Mizokami A, Kodama T, Tanaka T. Overexpression of p54nrb/NONO induces differential EPHA6 splicing and contributes to castration-resistant prostate cancer growth. *Oncotarget*. 9(12):10510-10524, 2018
128. Yamato G, Shiba N, Yoshida K, Hara Y, **Shiraishi y**, Ohki K, Okubo J, Park MJ, Sotomatsu M, Arakawa H, Kiyokawa N, Tomizawa D, Adachi S, Taga T, Horibe K, **Miyano S**, **Ogawa S**, Hayashi Y. *RUNXI* mutations in pediatric acute myeloid leukemia are associated with distinct genetic features and an inferior prognosis. *Blood*. 131(20):2266-2270, 2018
129. Yasutomi S, Arakaki T, **Hamamoto R**. Shadow Detection for Ultrasound Images Using Unlabeled Data and Synthetic Shadows. *arXiv*:1908.01439, 2019
130. Yokoyama K, Shimizu E, Yokoyama N, Nakamura S, Kasajima R, Ogawa M, Takei T, Ito M, Kobayashi A, **Yamaguchi R**, **Imoto S**, **Miyano S**, Tojo A. Cell-lineage level-targeted sequencing to identify acute myeloid leukemia with myelodysplasia-related changes. *Blood Adv*. 2(19):2513-2521, 2018

【2017】

1. Akdemir B, Nakajima Y, **Inazawa J**, Inoue J. miR-432 Induces NRF2 Stabilization by Directly Targeting KEAP1. *Mol Cancer Res*. 15(11):1570-1578, 2017
2. Akiyama M, **Okada Y**, Kanai M, Takahashi A, Momozawa Y, Ikeda M, Iwata N, Ikegawa S, Hirata M, Matsuda K, Iwasaki M, Yamaji T, Sawada N, Hachiya T, Tanno K, Shimizu A, Hozawa A, Minegishi N, Tsugane S, Yamamoto M, Kubo M, **Kamatani Y**. Genome-wide association study identifies 112 new loci for body mass index in the Japanese population. *Nat Genet*. 49(10):1458-1467, 2017

3. Takaoka M, Ito S, **Miki Y**, Nakanishi A. FKBP51 regulates cell motility and invasion via RhoA signaling. *Cancer Sci.* 108(3):380-389, 2017
4. Chen WC, Wang WC, **Okada Y**, Chang WP, Chou YH, Chang HH, Huang JD, Chen DY, Chang WC. rs2841277 (PLD4) is associated with susceptibility and rs4672495 is associated with disease activity in rheumatoid arthritis. *Oncotarget.* 8(38):64180-64190, 2017
5. Chien W, Sun QY, Ding LW, Mayakonda A, Takao S, Liu L, Lim SL, Tan KT, Garg M, De Sousa Maria Varela A, Xiao J, Jacob N, Behrens K, Stocking C, Lill M, Madan V, Hattori N, Gery S, **Ogawa S**, Wakita S, Ikezoe T, Shih LY, Alpermann T, Haferlach T, Yang H, Koeffler HP. Diagnosis and relapse: cytogenetically normal acute myelogenous leukemia without FLT3-ITD or MLL-PTD. *Leukemia.* 31(3):762-766, 2017
6. Cui J, Diogo D, Stahl EA, Canhao H, Mariette X, Greenberg JD, **Okada Y**, Pappas DA, Fulton RS, Tak PP, Nurmohamed MT, Lee A, Larson DE, Kurreeman F, Deluca TL, O'Laughlin M, Fronick CC, Fulton LL, Mardis ER, van der Horst-Bruinsma IE, Wolbink GJ, Gregersen PK, Kremer JM, Crusius JB, de Vries N, Huizinga TW, Fonseca JE, Miceli-Richard C, Karlson EW, Coenen MJ, Barton A, Plenge RM, Raychaudhuri S. Brief Report: The Role of Rare Protein-Coding Variants in Anti-Tumor Necrosis Factor Treatment Response in Rheumatoid Arthritis. *Arthritis Rheumatol.* 69(4):735-741, 2017
7. Desaki R, Sawada G, Okumura H, Ikeda R, Tanabe K, Komatsu H, Mimori K, Mori M, Kita Y, Uchikado Y, Arigami T, Uenosono Y, Owaki T, Ishigami S, Natsugoe S. As a Novel Prognostic Marker, Cysteine/histidine-rich 1 (CYHR1) is a Therapeutic Target in Patients with Esophageal Squamous Cell Carcinoma. *Ann Surg Oncol.* 24(2):586-593, 2017
8. Ding LW, Sun QY, Tan KT, Chien W, Mayakonda A, Yeoh AEJ, Kawamata N, Nagata Y, Xiao JF, Loh XY, Lin DC, Garg M, Jiang YY, Xu L, Lim SL, Liu LZ, Madan V, Sanada M, Fernández LT, Hema Preethi SS, Lill M, Kantarjian HM, Kornblau SM, **Miyano S**, Liang DC, **Ogawa S**, Shih LY, Yang H, Koeffler HP. Mutational Landscape of Pediatric Acute Lymphoblastic Leukemia. *Cancer Res.* 77(2):390-400, 2017. Erratum in: *Cancer Res.* 2017 Apr 15;77(8):2174
9. Fujii K, Miyahara Y, Harada N, Muraoka D, Komura M, **Yamaguchi R**, Yagita H, Nakamura J, Sugino S, Okumura S, **Imoto S**, **Miyano S**, Shiku H. Identification of an immunogenic neo-epitope encoded by mouse sarcoma using CXCR3 ligand mRNAs as sensors. *Oncoimmunology.* 6(5):e1306617, 2017
10. Fujita M, Matsubara N, Matsuda I, Maejima K, Oosawa A, Yamano T, **Fujimoto A**, Furuta M, Nakano K, Oku-Sasaki A, Tanaka H, **Shiraishi y**, Mateos RN, Nakai K, **Miyano S**, Tomita N, Hirota S, Ikeuchi H, Nakagawa H. Genomic landscape of colitis-associated cancer indicates the impact of chronic inflammation and its stratification by mutations in the Wnt signaling. *Oncotarget.* 9(1):969-981, 2017
11. Furuta M, Ueno M, **Fujimoto A**, Hayami S, Yasukawa S, Kojima F, Arihiro K, Kawakami Y, Wardell CP, **Shiraishi y**, Tanaka H, Nakano K, Maejima K, Sasaki-Oku A, Tokunaga N, Boroevich KA, Abe T, Aikata H, Ohdan H, Gotoh K, Kubo M, Tsunoda T, **Miyano S**, Chayama K, Yamaue H, Nakagawa H. Whole genome sequencing discriminates hepatocellular carcinoma with intrahepatic metastasis from multi-centric tumors. *J Hepatol.* 66(2):363-373, 2017
12. Gong X, Sibrashvili Z, Eminaga O, Shen Z, Sato Y, Kume H, Homma Y, **Ogawa S**, Khavari PA, Pollack JR, Brooks JD. Novel lincRNA SLINKY is a prognostic biomarker in kidney cancer. *Oncotarget.* 8(12):18657-18669, 2017

13. Goto Y, Koyasu S, Kobayashi M, Harada H. The emerging roles of the ubiquitination/deubiquitination system in tumor radioresistance regarding DNA damage responses, cell cycle regulation, hypoxic responses, and antioxidant properties: Insight into the development of novel radiosensitizing strategies. *Mutat Res.* 2017 Oct;803-805:76-81, 2017
14. Griesing S, Kajino T, Tai MC, Liu Z, Nakatochi M, Shimada Y, Suzuki M, **Takahashi T**. Thyroid transcription factor-1-regulated microRNA-532-5p targets KRAS and MKL2 oncogenes and induces apoptosis in lung adenocarcinoma cells. *Cancer Sci.* 108(7):1394-1404, 2017
15. Hirabayashi S, Seki M, Hasegawa D, Kato M, Hyakuna N, Shuo T, Kimura S, Yoshida K, **Kataoka K**, Fujii Y, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Kiyokawa N, **Miyano S**, **Ogawa S**, Takita J, Manabe A. Constitutional abnormalities of IDH1 combined with secondary mutations predispose a patient with Maffucci syndrome to acute lymphoblastic leukemia. *Pediatr Blood Cancer.* 64(12). doi:10.1002/pbc.26647, 2017
16. Hiramoto H, Muramatsu T, Ichikawa D, Tanimoto K, Yasukawa S, Otsuji E, **Inazawa J**. miR-509-5p and miR-1243 increase the sensitivity to gemcitabine by inhibiting epithelial-mesenchymal transition in pancreatic cancer. *Sci Rep.* 7(1):4002, 2017
17. Hiwatari M, Seki M, Akahoshi S, Yoshida K, **Miyano S**, **Shiraishi y**, Tanaka H, Chiba K, **Ogawa S**, Takita J. Molecular studies reveal *MLL-MLLT10/AF10* and *ARID5B-MLL* gene fusions displaced in a case of infantile acute lymphoblastic leukemia with complex karyotype. *Oncol Lett.* 14(2):2295-2299, 2017
18. Hoshino A, Okada S, Yoshida K, Nishida N, Okuno Y, Ueno H, Yamashita M, Okano T, Tsumura M, Nishimura S, Sakata S, Kobayashi M, Nakamura H, Kamizono J, Mitsui-Sekinaka K, Ichimura T, Ohga S, Nakazawa Y, Takagi M, Imai K, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, **Ogawa S**, Kojima S, Nonoyama S, Morio T, Kanegane H. Abnormal hematopoiesis and autoimmunity in human subjects with germline IKZF1 mutations. *J Allergy Clin Immunol.* 140(1):223-231, 2017
19. Hosono N, **Makishima H**, Mahfouz R, Przychodzen B, Yoshida K, Jerez A, LaFramboise T, Polprasert C, Clemente MJ, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, Sanada M, Cui E, Verma AK, McDevitt MA, List AF, Sauntharajah Y, Sekeres MA, Boultonwood J, **Ogawa S**, Maciejewski JP. Recurrent genetic defects on chromosome 5q in myeloid neoplasms. *Oncotarget.* 8(4):6483-6495, 2017
20. Ichimura T, Yoshida K, Okuno Y, Yujiri T, Nagai K, Nishi M, **Shiraishi y**, Ueno H, Toki T, Chiba K, Tanaka H, Muramatsu H, Hara T, Kanno H, Kojima S, **Miyano S**, Ito E, **Ogawa S**, Ohga S. Diagnostic challenge of Diamond-Blackfan anemia in mothers and children by whole-exome sequencing. *Int J Hematol.* 105(4):515-520, 2017
21. Ikeda F, Yoshida K, Toki T, Uechi T, Ishida S, Nakajima Y, Sasahara Y, Okuno Y, Kanezaki R, Terui K, Kamio T, Kobayashi A, Fujita T, Sato-Otsubo A, **Shiraishi y**, Tanaka H, Chiba K, Muramatsu H, Kanno H, Ohga S, Ohara A, Kojima S, Kenmochi N, **Miyano S**, **Ogawa S**, Ito E. Exome sequencing identified *RPS15A* as a novel causative gene for Diamond-Blackfan anemia. *Haematologica.* 102(3):e93-e96, 2017
22. Ikeda Y, Kiyotani K, Yew PY, Sato S, Imai Y, **Yamaguchi R**, **Miyano S**, Fujiwara K, Hasegawa K, Nakamura Y. Clinical significance of T cell clonality and expression levels of immune-related genes in endometrial cancer. *Oncol Rep.* 37(5):2603-2610, 2017
23. Ishida K, Ito C, Ohmori Y, Kume K, Sato KA, Koizumi Y, Konta A, Iwaya T, Nukatsuka M,

- Kobunai T, Takechi T, **Nishizuka SS**. Inhibition of PI3K suppresses propagation of drug-tolerant cancer cell subpopulations enriched by 5-fluorouracil. *Sci Rep*. 7(1):2262, 2017
24. Ishigaki K, Kochi Y, Suzuki A, Tsuchida Y, Tsuchiya H, Sumitomo S, Yamaguchi K, Nagafuchi Y, Nakachi S, Kato R, Sakurai K, Shoda H, Ikari K, Taniguchi A, Yamanaka H, Miya F, Tsunoda T, **Okada Y**, Momozawa Y, **Kamatani Y**, Yamada R, Kubo M, Fujio K, Yamamoto K. Polygenic burdens on cell-specific pathways underlie the risk of rheumatoid arthritis. *Nat Genet*. 49(7):1120-1125, 2017
 25. Ishiguro T, Ohata H, Sato A, Yamawaki K, Enomoto T, **Okamoto K**. Tumor-derived spheroids: Relevance to cancer stem cells and clinical applications. *Cancer Sci*. 108(3):283-289, 2017
 26. Ito C, **Nishizuka SS**, Ishida K, Uesugi N, Sugai T, Tamura G, Koeda K, Sasaki A. Analysis of PIK3CA mutations and PI3K pathway proteins in advanced gastric cancer. *J Surg Res*. 212:195-204, 2017
 27. Ito S, Kai Y, Masuda T, Tanaka F, Matsumoto T, Kamohara Y, Hayakawa H, Ueo H, Iwaguro H, Hedrick MH, Mimori K, Mori M. Long-term outcome of adipose-derived regenerative cell-enriched autologous fat transplantation for reconstruction after breast-conserving surgery for Japanese women with breast cancer. *Surg Today*. 47(12):1500-1511, 2017
 28. Ito S, Masuda T, Harada N, Matsuyama A, Hamatake M, Maeda T, Tsutsui S, Matsuda H, Mimori K, Ishida T. Diagnostic laparoscopy for pneumatosis intestinalis in a very elderly patient: A case report. *Ann Med Surg (Lond)*. 21:109-113, 2017
 29. Ito Y, Maeda D, Yoshida M, Yoshida A, Kudo-Asabe Y, Nanjyo H, Izumi C, Yamamoto F, Inoue M, Shibata H, Katoh H, Ishikawa S, Nakamura H, Totoki Y, Shibata T, **Yachida S**, Goto A. Cardiac intimal sarcoma with PDGFR β mutation and co-amplification of PDGFR α and MDM2: an autopsy case analyzed by whole-exome sequencing. *Virchows Arch*. 471:423-428, 2017
 30. Iwamoto T, Katagiri T, Niikura N, Miyoshi Y, Kochi M, Nogami T, Shien T, Motoki T, Taira N, Omori M, Tokuda Y, Fujiwara T, Doihara H, Gyorffy B, Matsuoka J. Immunohistochemical Ki67 after short-term hormone therapy identifies low-risk breast cancers as reliably as genomic markers. *Oncotarget*. 8(16):26122-26128, 2017
 31. Iwaya T, Sawada G, Amano S, Kume K, Ito C, Endo F, Konosu M, Shioi Y, Akiyama Y, Takahara T, Otsuka K, Nitta H, Koeda K, Mizuno M, Nishizuka S, Sasaki A, Mimori K. Downregulation of ST6GALNAC1 is associated with esophageal squamous cell carcinoma development. *Int J Oncol*. 50(2):441-447, 2017
 32. Kanki Y, Nakaki R, **Shimamura T**, Matsunaga T, Yamamizu K, Katayama S, Suehiro J, **Osawa T**, Aburatani H, Kodama T, Wada Y, Yamashita J and Minami T, Dynamically and epigenetically coordinated GATA/ETS/SOX transcription factor expression is indispensable for endothelial cell differentiation. *Nucleic Acids Res*. 45:4344-4358, 2017
 33. Kasagi Y, Oki E, Ando K, Ito S, Iguchi T, Sugiyama M, Nakashima Y, Ohgaki K, Saeki H, Mimori K, Maehara Y. The Expression of CCAT2, a Novel Long Noncoding RNA Transcript, and rs6983267 Single-Nucleotide Polymorphism Genotypes in Colorectal Cancers. *Oncology*. 92(1):48-54, 2017
 34. Kato D, Osakabe A, Arimura Y, Mizukami Y, Horikoshi N, Saikusa K, Akashi S, Nishimura Y, Park SY, Nogami J, **Maehara K**, Ohkawa Y, Matsumoto A, Kono H, Inoue R, Sugiyama M, Kurumizaka H. Crystal Structure of the Overlapping Dinucleosome Composed of Hexasome and Octasome. *Science*. 356(6334):205-208, 2017

35. Kato I, Nishinaka Y, Nakamura M, Akarca AU, Niwa A, Ozawa H, Yoshida K, Mori M, Wang D, Morita M, Ueno H, Shiozawa Y, **Shiraishi y**, **Miyano S**, Gupta R, Umeda K, Watanabe K, Koh K, Adachi S, Heike T, Saito MK, Sanada M, **Ogawa S**, Marafioti T, Watanabe A, Nakahata T, Enver T. Hypoxic adaptation of leukemic cells infiltrating the CNS affords a therapeutic strategy targeting VEGFA. *Blood*. 129(23):3126-3129, 2017
36. Kato M, Ishimaru S, Seki M, Yoshida K, **Shiraishi y**, Chiba K, Kakiuchi N, Sato Y, Ueno H, Tanaka H, Inukai T, Tomizawa D, Hasegawa D, Osumi T, Arakawa Y, Aoki T, Okuya M, Kaizu K, Kato K, Taneyama Y, Goto H, Taki T, Takagi M, Sanada M, Koh K, Takita J, **Miyano S**, **Ogawa S**, Ohara A, Tsuchida M, Manabe A. Long-term outcome of 6-month maintenance chemotherapy for acute lymphoblastic leukemia in children. *Leukemia*. 31(3):580-584, 2017
37. Kobayashi M, Morinibu A, Koyasu S, Goto Y, Hiraoka M, Harada H. A circadian clock gene, PER2, activates HIF-1 as an effector molecule for recruitment of HIF-1 α to promoter regions of its downstream genes. *FEBS J*. 284(22):3804-3816, 2017
38. Koguchi T, Tanikawa C, Mori J, Kojima Y, Matsuda K. Regulation of myo-inositol biosynthesis by p53-ISYNA1 pathway. *Int J Oncol*. 48(6):2415-2420, 2016
39. Komatsu H, Iguchi T, Masuda T, Hirata H, Ueda M, Kidogami S, Ogawa Y, Sato K, Hu Q, Nambara S, Saito T, Sakimura S, Uchi R, Ito S, Eguchi H, Sugimachi K, Eguchi H, Doki Y, Mori M, Mimori K. Attenuated RND1 Expression Confers Malignant Phenotype and Predicts Poor Prognosis in Hepatocellular Carcinoma. *Ann Surg Oncol*. 24(3):850-859, 2017
40. Komatsu H, Masuda T, Iguchi T, Nambara S, Sato K, Hu Q, Hirata H, Ito S, Eguchi H, Sugimachi K, Eguchi H, Doki Y, Mori M, Mimori K. Clinical Significance of FANCD2 Gene Expression and its Association with Tumor Progression in Hepatocellular Carcinoma. *Anticancer Res*. 37(3):1083-1090, 2017
41. Kondo A, Nonaka A, **Shimamura T**, Yamamoto S, Yoshida T, Kodama T, Aburatani H, **Osawa T**. Long non-coding RNA JHDM1D-AS1 promotes tumor growth by regulating angiogenesis in response to nutrient starvation. *Molecular and Cellular Biology*. 37(18):pii: e00125-17, 2017
42. Kondo A, **Osawa T**. Establishment of an extracellular acidic pH culture system. *JoVE*. 129: e56660, 2017
43. Kondo A, Yamamoto S, Nakaki R, **Shimamura T**, Hamakubo T, Sakai J, Kodama T, Yoshida T, Aburatani H, **Osawa T**. Extracellular Acidic pH Activates the Sterol Regulatory Element-Binding Protein 2 to Promote Tumor Progression. *Cell Rep*. 18(9):2228-2242, 2017
44. Koshikawa N, Akimoto M, Hayashi J, **Nagase H**, Takenaga K. Association of predicted pathogenic mutations in mitochondrial ND genes with distant metastasis in NSCLC and colon cancer. *Sci Rep*. 7:15535, 2017
45. Kouzuki K, Umeda K, Saida S, Kato I, Hiramatsu H, Funaki T, Kanda K, Muramatsu H, Yoshida K, **Ogawa S**, Adachi S. Sudden Intracranial Hemorrhage in a Patient With Atypical Chronic Myeloid Leukemia in Chronic Phase. *J Pediatr Hematol Oncol*. 40(8):e553-e556, 2017.
46. Koyasu S, Kobayashi M, Goto Y, Hiraoka M, Harada H. Regulatory mechanisms of hypoxia-inducible factor 1 activity: Two decades of knowledge. *Cancer Sci*. 109(3):560-571, 2018
47. Kudou K, Komatsu T, Nogami J, **Maehara K**, Harada A, Saeki H, Oki E, Maehara Y, Ohkawa Y. The Requirement of Mettl3-promoted MyoD mRNA Maintenance in Proliferative Myoblasts for Skeletal Muscle Differentiation. *Open Biol*. 7(9):170119, 2017
48. Kume K, **Nishizuka SS**. Colony Lysate Arrays for Proteomic Profiling of Drug-Tolerant

- Persisters of Cancer Cell. *Anal Chem.* 89(17):8626-8631, 2017
49. Kuroda Y, Mizuno Y, Mimaki M, Oka A, Sato Y, **Ogawa S**, Kurosawa K. Two patients with 19p13.2 deletion (Malan syndrome) involving NF1X and CACNA1A with overgrowth, developmental delay, and epilepsy. *Clin Dysmorphol.* 26(4):224-227, 2017
 50. Li GH, Akatsuka S, Chew SH, Jiang L, Nishiyama T, Sakamoto A, **Takahashi T**, Futakuchi M, Suzuki H, Sakumi K, Nakabeppu Y, Toyokuni S. Fenton reaction-induced renal carcinogenesis in Mutyh-deficient mice exhibits less chromosomal aberrations than the rat model. *Pathol Int.* 67(11):564-574, 2017
 51. Liu Z, Yanagisawa K, Griesing S, Iwai M, Kano K, Hotta N, Kajino T, Suzuki M, **Takahashi T**. TTF-1/NKX2-1 binds to DDB1 and confers replication stress resistance to lung adenocarcinomas. *Oncogene.* 36(26):3740-3748, 2017
 52. Lohavanichbutr P, Sakoda LC, Amos CI, Arnold SM, Christiani DC, Davies MPA, Field JK, Haura EB, Hung RJ, Kohno T, Landi MT, Liu G, Liu Y, Marcus MW, O'Kane GM, Schabath MB, **Shiraishi K**, Slone SA, Tardón A, Yang P, Yoshida K, Zhang R, Zong X, Goodman GE, Weiss NS, Chen C. Common TDP1 Polymorphisms in Relation to Survival Among Small Cell Lung Cancer Patients: A Multicenter Study From the International Lung Cancer Consortium. *Clin Cancer Res.* 23(24):7550-7557, 2017
 53. Lyons E, Sheridan P, Tremmel G, **Miyano S**, Sugano S. Large-scale DNA Barcode Library Generation for Biomolecule Identification in High-throughput Screens. *Sci Rep.* 7(1):13899, 2017
 54. **Makishima H**, Yoshizato T, Yoshida K, Sekeres MA, Radivoyevitch T, Suzuki H, Przychodzen B, Nagata Y, Meggendorfer M, Sanada M, Okuno Y, Hirsch C, Kuzmanovic T, Sato Y, Sato-Otsubo A, LaFramboise T, Hosono N, **Shiraishi y**, Chiba K, Haferlach C, Kern W, Tanaka H, Shiozawa Y, Gómez-Seguí I, Husseinzadeh HD, Thota S, Guinta KM, Dienes B, Nakamaki T, Miyawaki S, Sauntharajah Y, Chiba S, **Miyano S**, Shih LY, Haferlach T, **Ogawa S**, Maciejewski JP. Dynamics of clonal evolution in myelodysplastic syndromes. *Nat Genet.* 49(2):204-212, 2017
 55. Malcovati L, Galli A, Travaglino E, Ambaglio I, Rizzo E, Molteni E, Elena C, Ferretti VV, Catricala S, Bono E, Todisco G, Bianchessi A, Rumi E, Zibellini S, Pietra D, Boveri E, Camaschella C, Toniolo D, Papaemmanuil E, **Ogawa S**, Cazzola M. Clinical significance of somatic mutation in unexplained blood cytopenia. *Blood.* 129(25):3371-3378, 2017
 56. Mandai M, Watanabe A, Kurimoto Y, Hiramami Y, Morinaga C, Daimon T, Fujihara M, Akimaru H, Sakai N, Shibata Y, Terada M, Nomiyama Y, Tanishima S, Nakamura M, Kamao H, Sugita S, Onishi A, Ito T, Fujita K, Kawamata S, Go MJ, Shinohara C, Hata KI, Sawada M, Yamamoto M, Ohta S, Ohara Y, Yoshida K, Kuwahara J, Kitano Y, Amano N, Umekage M, Kitaoka F, Tanaka A, Okada C, Takasu N, **Ogawa S**, Yamanaka S, Takahashi M. Autologous Induced Stem-Cell-Derived Retinal Cells for Macular Degeneration. *N Engl J Med.* 376(11):1038-1046, 2017
 57. Masuda T, Hayashi N, Kuroda Y, Ito S, Eguchi H, Mimori K. MicroRNAs as Biomarkers in Colorectal Cancer. *Cancers (Basel).* 9(9):124, 2017
 58. Matsubara D, Soda M, Yoshimoto T, Amano Y, Sakuma Y, Yamato A, Ueno T, Kojima S, Shibano T, Hosono Y, Kawazu M, Yamashita Y, Endo S, Hagiwara K, Fukayama M, **Takahashi T**, Mano H, Niki T. Inactivating mutations and hypermethylation of the NKX2-1/TTF-1 gene in non-terminal respiratory unit-type lung adenocarcinomas. *Cancer Sci.* 108(9):1888-1896, 2017
 59. Matsubara T, **Tomida S**, Soh J, Uwabo T, Mori Y, Morita M, Nasu Y, Kanazawa S, Toyooka S.

- Effects of Cold Ischemia on RNA Stability and Quality of Lung Tissues Based on Standard PREanalytical Code Categorization. *Biopreserv Biobank*. 15(5):484-486, 2017
60. Matsubayashi H, Takaori K, Morizane C, Maguchi H, Mizuma M, Takahashi H, Wada K, Hosoi H, **Yachida S**, Suzuki M, Usui R, Furukawa T, Furuse J, Sato T, Ueno M, Kiyozumi Y, Hijioka S, Mizuno N, Terashima T, Mizumoto M, Kodama Y, Torishima M, Kawaguchi T, Ashida R, Kitano M, Hanada K, Furukawa M, Kawabe K, Majima Y, Shimosegawa T. Familial pancreatic cancer: Concept, management and issues. *World J Gastroenterol*. 23:935-948, 2017
 61. Matsuda Y, Furukawa T, **Yachida S**, Nishimura M, Seki A, Nonaka K, Aida J, Takubo K, Ishiwata T, Kimura W, Arai T, Mino-Kenudson M. The prevalence and clinicopathological characteristics of high-grade pancreatic intraepithelial neoplasia: autopsy study evaluating the entire pancreatic parenchyma. *Pancreas*. 46:658-664, 2017
 62. **Matsui Y, Niida A, Uchi R, Mimori K, Miyano S, Shimamura T**. phyC: Clustering cancer evolutionary trees. *PLoS Comput Biol*. 13(5):e1005509, 2017
 63. **Matsui Y, Niida A, Uchi R, Mimori K, Miyano S, Shimamura T**. phyC: Clustering cancer evolutionary trees. *PLoS Comput Biol*. 13(5):e1005509, 2017
 64. Miki K, Kojima K, Oride K, Harada H, Morinibu A, Ohe K. pH-responsive near-infrared fluorescent cyanine dyes for molecular imaging based on pH sensing. *Chem Commun (Camb)*. 53(55):7792-7795, 2017
 65. Miyamoto T, Lo PHY, Saichi N, Ueda K, Hirata M, Tanikawa C, Matsuda K. Argininosuccinate synthase 1 is an intrinsic Akt repressor transactivated by p53. *Sci Adv*. 3(5):e1603204, 2017
 66. Miyamoto T, Tanikawa C, Yodsurang V, Zhang YZ, **Imoto S, Yamaguchi R, Miyano S, Nakagawa H, Matsuda K**. Identification of a p53-repressed gene module in breast cancer cells. *Oncotarget*. 8(34):55821-55836, 2017.
 67. Miyazaki M, Miyazaki K, Chen K, Jin Y, Turner J, Moore AJ, Saito R, Yoshida K, **Ogawa S**, Rodewald HR, Lin YC, Kawamoto H, Murre C. The E-Id Protein Axis Specifies Adaptive Lymphoid Cell Identity and Suppresses Thymic Innate Lymphoid Cell Development. *Immunity*. 46(5):818-834 e814, 2017
 68. Molineros JE, Yang W, Zhou XJ, Sun C, **Okada Y**, Zhang H, Heng Chua K, Lau YL, Kochi Y, Suzuki A, Yamamoto K, Ma J, Bang SY, Lee HS, Kim K, Bae SC, Zhang H, Shen N, Looger LL, Nath SK. Confirmation of five novel susceptibility loci for systemic lupus erythematosus (SLE) and integrated network analysis of 82 SLE susceptibility loci. *Hum Mol Genet*. 26(6):1205-1216, 2017
 69. Monoi A, Sugawa M, Kato M, Seki M, Yoshida K, **Shiraishi y, Sakaguchi H, Ogawa S, Takita J**. Atypical dyskeratosis congenita diagnosed using whole-exome sequencing. *Pediatr Int*. 59(8):933-935, 2017
 70. Mori J, Tanikawa C, Ohnishi N, Funauchi Y, Toyoshima O, Ueda K, Matsuda K. EPSIN 3, A Novel p53 Target, Regulates the Apoptotic Pathway and Gastric Carcinogenesis. *Neoplasia*. 19(3):185-195, 2017
 71. Morita K, Noura M, Tokushige C, Maeda S, Kiyose H, Kashiwazaki G, Taniguchi J, Bando T, Yoshida K, Ozaki T, Matsuo H, **Ogawa S**, Liu PP, Nakahata T, Sugiyama H, Adachi S, Kamikubo Y. Autonomous feedback loop of RUNX1-p53-CBFB in acute myeloid leukemia cells. *Sci Rep*. 7(1):16604, 2017
 72. Moriyama T, **Shiraishi y, Chiba K, Yamaguchi R, Imoto S, Miyano S**. OVarCall: Bayesian

- Mutation Calling Method Utilizing Overlapping Paired-End Reads. *IEEE Trans Nanobioscience*. 16(2):116-122, 2017
73. Muramatsu H, Okuno Y, Yoshida K, **Shiraishi y**, Doisaki S, Narita A, Sakaguchi H, Kawashima N, Wang X, Xu Y, Chiba K, Tanaka H, Hama A, Sanada M, Takahashi Y, Kanno H, Yamaguchi H, Ohga S, Manabe A, Harigae H, Kunishima S, Ishii E, Kobayashi M, Koike K, Watanabe K, Ito E, Takata M, Yabe M, **Ogawa S, Miyano S**, Kojima S. Clinical utility of next-generation sequencing for inherited bone marrow failure syndromes. *Genet Med*. 19(7):796-802, 2017
 74. Nadeau SA, An W, Mohapatra BC, Mushtaq I, Bielecki TA, Luan H, Zutshi N, Ahmad G, Storck MD, Sanada M, **Ogawa S**, Band V, Band H. Structural Determinants of the Gain-of-Function Phenotype of Human Leukemia-associated Mutant CBL Oncogene. *J Biol Chem*. 292(9):3666-3682, 2017
 75. Nagata H, Kozaki KI, Muramatsu T, Hiramoto H, Tanimoto K, Fujiwara N, **Imoto S**, Ichikawa D, Otsuji E, **Miyano S**, Kawano T, **Inazawa J**. Genome-wide screening of DNA methylation associated with lymph node metastasis in esophageal squamous cell carcinoma. *Oncotarget*. 8(23):37740-37750, 2017
 76. Nakamura K, Okada E, Ukawa S, Hirata M, Nagai A, Yamagata Z, Kiyohara Y, **Muto K, Kamatani Y**, Ninomiya T, Matsuda K, Kubo M, Nakamura Y; BioBank Japan Cooperative Hospital Group, Tamakoshi A. Characteristics and prognosis of Japanese female breast cancer patients: The BioBank Japan project. *J Epidemiol*. 27(3S): S58-S64, 2017
 77. Nakamura T, Murakami K, Tada H, Uehara Y, Nogami J, **Maehara K**, Ohkawa Y, Saitoh H, Nishitani H, Ono T, Nishi R, Yokoi M, Sakai W, Sugasawa K. Thymine DNA Glycosylase Modulates DNA Damage Response and Gene Expression by Base Excision Repair-Dependent and Independent Mechanisms. *Genes Cells*. 22(4):392-405, 2017
 78. Nakashima R, Goto Y, Koyasu S, Kobayashi M, Morinibu A, Yoshimura M, Hiraoka M, Hammond EM, Harada H. UCHL1-HIF-1 axis-mediated antioxidant property of cancer cells as a therapeutic target for radiosensitization. *Sci Rep*. 7(1):6879, 2017
 79. Nakata Y, Ueda T, Nagamachi A, Yamasaki N, Ikeda KI, Sera Y, Takubo K, Kanai A, Oda H, Sanada M, **Ogawa S**, Tsuji K, Ebihara Y, Wolff L, Honda ZI, Suda T, Inaba T, Honda H. Acquired expression of Cbl(Q367P) in mice induces dysplastic myelopoiesis mimicking chronic myelomonocytic leukemia. *Blood*. 129(15):2148-2160, 2017
 80. Nakayama A, Nakaoka H, Yamamoto K, Sakiyama M, Shaukat A, Toyoda Y, **Okada Y, Kamatani Y**, Nakamura T, Takada T, Inoue K, Yasujima T, Yuasa H, Shirahama Y, Nakashima H, Shimizu S, Higashino T, Kawamura Y, Ogata H, Kawaguchi M, Ohkawa Y, Danjoh I, Tokumasu A, Ooyama K, Ito T, Kondo T, Wakai K, Stiburkova B, Pavelka K, Stamp LK, Dalbeth N; Eurogout Consortium, Sakurai Y, Suzuki H, Hosoyamada M, Fujimori S, Yokoo T, Hosoya T, Inoue I, Takahashi A, Kubo M, Ooyama H, Shimizu T, Ichida K, Shinomiya N, Merriman TR, Matsuo H; Eurogout Consortium. GWAS of clinically defined gout and subtypes identifies multiple susceptibility loci that include urate transporter genes. *Ann Rheum Dis*. 76(5):869-877, 2017
 81. Nambara S, Iguchi T, Oki E, Tan P, Maehara Y, Mimori K. Overexpression of CXCR7 Is a Novel Prognostic Indicator in Gastric Cancer. *Dig Surg*. 34(4):312-318, 2017
 82. Nambara S, Masuda T, Nishio M, Kuramitsu S, Tobo T, Ogawa Y, Hu Q, Iguchi T, Kuroda Y, Ito S, Eguchi H, Sugimachi K, Saeki H, Oki E, Maehara Y, Suzuki A, Mimori K. Antitumor effects

- of the antiparasitic agent ivermectin via inhibition of Yes-associated protein 1 expression in gastric cancer. *Oncotarget*. 8(64):107666-107677, 2017
83. Nambara S, Masuda T, Tobo T, Kidogami S, Komatsu H, Sugimachi K, Saeki H, Oki E, Maehara Y, Mimori K. Clinical significance of *ZNF750* gene expression, a novel tumor suppressor gene, in esophageal squamous cell carcinoma. *Oncol Lett*. 14(2):1795-1801, 2017
 84. Negoro E, Nagata Y, Clemente MJ, Hosono N, Shen W, Nazha A, Yoshizato T, Hirsch C, Przychodzen B, Mahfouz RZ, Kuzmanovic T, Sekeres MA, **Makishima H**, **Ogawa S**, Maciejewski JP. Origins of myelodysplastic syndromes after aplastic anemia. *Blood*. 130(17):1953-1957, 2017
 85. Nguyen TB, Sakata-Yanagimoto M, Asabe Y, Matsubara D, Kano J, Yoshida K, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, Izutsu K, Nakamura N, Takeuchi K, Miyoshi H, Ohshima K, Minowa T, **Ogawa S**, Noguchi M, Chiba S. Identification of cell-type-specific mutations in nodal T-cell lymphomas. *Blood Cancer J*. 7(1):e516, 2017
 86. Nishimukai A, Inoue N, Kira A, Takeda M, Morimoto K, Araki K, Kitajima K, Fukushima K, Watanabe T, Hirota S, Katagiri T, Nakamori S, Akazawa K, Miyoshi Y. Tumor size and proliferative marker geminin rather than Ki67 expression levels significantly associated with maximum uptake of 18F-deoxyglucose levels on positron emission tomography for operated breast cancers. *PLoS One*. 12(9):e0184508, 2017
 87. Nishizawa S, Sakata-Yanagimoto M, Hattori K, Muto H, Nguyen T, Izutsu K, Yoshida K, **Ogawa S**, Nakamura N, Chiba S. BCL6 locus is hypermethylated in angioimmunoblastic T-cell lymphoma. *Int J Hematol*. 105(4):465-469, 2017
 88. Noguchi R, Yamaguchi K, Ikenoue T, Terakado Y, Ohta Y, Yamashita N, Kainuma O, Yokoi S, Maru Y, Nagase H, Furukawa Y. Genetic alterations in Japanese extrahepatic biliary tract cancer. *Oncol Lett*. 14(1):877-884, 2017
 89. Noro R, Ishigame T, Walsh N, **Shiraishi K**, Robles AI, Ryan BM, Schetter AJ, Bowman ED, Welsh JA, Seike M, Gemma A, Skaug V, Mollerup S, Haugen A, Yokota J, Kohno T, Harris CC. A Two-Gene Prognostic Classifier for Early-Stage Lung Squamous Cell Carcinoma in Multiple Large-Scale and Geographically Diverse Cohorts. *J Thorac Oncol*. 12(1):65-76, 2017
 90. Ogura K, Hosoda F, Nakamura H, Hama N, Totoki Y, Yoshida A, Ohashi S, Rokutan H, Takai E, **Yachida S**, Kawai A, Tanaka S, Shibata T. Highly recurrent H3F3A mutations with additional epigenetic regulator alterations in giant cell tumor of bone. *Genes Chromosomes Cancer*. 56:711-718, 2017
 91. Ohmoto A, Morizane C, Kubo E, Takai E, Hosoi H, Sakamoto Y, Kondo S, Ueno H, Shimada K, Yachida S, Okusaka T. Germline variants in pancreatic cancer patients with a personal or family history of cancer fulfilling the revised Bethesda guidelines. *J Gastroenterol*. 53:1159-1167, 2018
 92. Ohmoto A, Suzuki M, Takai E, Rokutan H, Fujiwara Y, Morizane C, Yanagihara K, Shibata T, **Yachida S**. Establishment of preclinical chemotherapy models for gastroenteropancreatic neuroendocrine carcinoma. *Oncotarget*. 9:21086-21099, 2018
 93. Ohmoto A, **Yachida S**. Current status of poly (ADP-ribose) polymerase inhibitors and future directions. *Onco Targets Ther*. 10:5195-208, 2017
 94. Ohsugi T, Yamaguchi K, Zhu C, Ikenoue T, Furukawa Y. Decreased expression of interferon-induced protein 2 (IFIT2) by Wnt/ β -catenin signaling confers anti-apoptotic properties to colorectal cancer cells. *Oncotarget*. 8(59):100176-100186, 2017

95. Ohta S, Isojima T, Mizuno Y, Kato M, Mimaki M, Seki M, Sato Y, **Ogawa S**, Takita J, Kitanaka S, Oka A. Partial monosomy of 10p and duplication of another chromosome in two patients. *Pediatr Int.* 59(1):99-102, 2017
96. Oikawa Y, Morita KI, Kayamori K, Tanimoto K, Sakamoto K, Katoh H, Ishikawa S, **Inazawa J**, Harada H. Receptor tyrosine kinase amplification is predictive of distant metastasis in patients with oral squamous cell carcinoma. *Cancer Sci.* 108(2):256-266, 2017
97. **Okada Y**, Kishikawa T, Sakaue S, Hirata J. Future Directions of Genomics Research in Rheumatic Diseases. *Rheum Dis Clin North Am.* 43(3):481-487, 2017
98. **Okada Y**, Ueta M. Data Sparsity in Study on Human Leukocyte Antigen Class I Genes Associated With Stevens-Johnson Syndrome and Severe Ocular Complications-Reply. *JAMA Ophthalmol.* 135(8):894-895, 2017
99. Okamoto A, Sumi C, Tanaka H, Kusunoki M, Iwai T, Nishi K, Matsuo Y, Harada H, Takenaga K, Bono H, Hirota K. HIF-1-mediated suppression of mitochondria electron transport chain function confers resistance to lidocaine-induced cell death. *Sci Rep.* 7(1):3816, 2017
100. Okuda M, Inoue J, Fujiwara N, Kawano T, **Inazawa J**. Subcloning and characterization of highly metastatic cells derived from human esophageal squamous cell carcinoma KYSE150 cells by in vivo selection. *Oncotarget.* 8(21):34670-34677, 2017
101. Osumi T, Kato M, Ouchi-Uchiyama M, Tomizawa D, **Kataoka K**, Fujii Y, Seki M, Takita J, **Ogawa S**, Uchiyama T, Ohki K, Kiyokawa N. Blastic transformation of juvenile myelomonocytic leukemia caused by the copy number gain of oncogenic KRAS. *Pediatr Blood Cancer.* 64(9) , 2017. doi: 10.1002/pbc.26496
102. Ota K, Tong KI, Goto K, **Tomida S**, Komuro A, Wang Z, Nishio K, Okada H. The H3K27 demethylase, Utx, regulates adipogenesis in a differentiation stage-dependent manner. *PLoS One.* 12(3):e0173713, 2017
103. Otani Y, Ishida J, Kurozumi K, Oka T, Shimizu T, Tomita Y, Hattori Y, Uneda A, Matsumoto Y, Michiue H, Tomida S, Matsubara T, Ichikawa T, Date I. PIK3R1Met326Ile germline mutation correlates with cysteine-rich protein 61 expression and poor prognosis in glioblastoma. *Sci Rep.* 7(1):7391, 2017
104. Otsubo K, Goto H, Nishio M, Kawamura K, Yanagi S, Nishie W, Sasaki T, Maehama T, Nishina H, Mimori K, Nakano T, Shimizu H, Mak TW, Nakao K, Nakanishi Y, Suzuki A. MOB1-YAP1/TAZ-NKX2.1 axis controls bronchioalveolar cell differentiation, adhesion and tumour formation. *Oncogene.* 36(29):4201-4211, 2017
105. Park H, **Niida A**, **Imoto S**, **Miyano S**. Interaction-Based Feature Selection for Uncovering Cancer Driver Genes Through Copy Number-Driven Expression Level. *J Comput Biol.* 24(2):138-152, 2017
106. Park H, **Shiraishi y**, **Imoto S**, **Miyano S**. A Novel Adaptive Penalized Logistic Regression for Uncovering Biomarker Associated with Anti-Cancer Drug Sensitivity. *IEEE/ACM Trans Comput Biol Bioinform.* 14(4):771-782, 2017
107. Patel BJ, Przychodzen B, Thota S, Radivoyevitch T, Visconte V, Kuzmanovic T, Clemente M, Hirsch C, Morawski A, Souaid R, Saygin C, Nazha A, Demarest B, LaFramboise T, Sakaguchi H, Kojima S, Carraway HE, **Ogawa S**, **Makishima H**, Sekeres MA, Maciejewski JP. Genomic determinants of chronic myelomonocytic leukemia. *Leukemia.* 31(12):2815-2823, 2017
108. Sakaue S, **Okada Y**. Human genetics contributes to the understanding of disease pathophysiology

- and drug discovery. *J Orthop Sci.* 22(6):977-981, 2017
109. Sasaki S, Ueda M, Iguchi T, Kaneko M, Nakayama H, Watanabe T, Sakamoto A, Mimori K. DDR2 Expression Is Associated with a High Frequency of Peritoneal Dissemination and Poor Prognosis in Colorectal Cancer. *Anticancer Res.* 37(5):2587-2591, 2017
 110. Sato H, Shien K, **Tomida S**, Okayasu K, Suzawa K, Hashida S, Torigoe H, Watanabe M, Yamamoto H, Soh J, Asano H, Tsukuda K, Miyoshi S, Toyooka S. Targeting the miR-200c/LIN28B axis in acquired EGFR-TKI resistance non-small cell lung cancer cells harboring EMT features. *Sci Rep.* 7:40847, 2017
 111. Sato K, Koyasu M, Nomura S, Sato Y, Kita M, Ashihara Y, Adachi Y, Ohno S, Iwase T, Kitagawa D, Nakashima E, Yoshida R, **Miki Y**, Arai M. Mutation status of RAD51C, PALB2 and BRIP1 in 100 Japanese familial breast cancer cases without BRCA1 and BRCA2 mutations. *Cancer Sci.* 108(11):2287-2294, 2017
 112. Sato K, Masuda T, Hu Q, Tobo T, Kidogami S, Ogawa Y, Saito T, Nambara S, Komatsu H, Hirata H, Sakimura S, Uchi R, Hayashi N, Iguchi T, Eguchi H, Ito S, Nakagawa T, Mimori K. Phosphoserine Phosphatase Is a Novel Prognostic Biomarker on Chromosome 7 in Colorectal Cancer. *Anticancer Res.* 37(5):2365-2371, 2017
 113. Sato R, Shibata T, Tanaka Y, Kato C, Yamaguchi K, Furukawa Y, Shimizu E, **Yamaguchi R**, **Imoto S**, **Miyano S**, Miyake K. Requirement of glycosylation machinery in TLR responses revealed by CRISPR/Cas9 screening. *Int Immunol.* 29(8):347-355, 2017
 114. Satoh K, **Yachida S**, Sugimoto M, Oshima M, Nakagawa T, Akamoto S, Tabata S, Saitoh K, Kato K, Sato S, Igarashi K, Aizawa Y, Kajino-Sakamoto R, Kojima Y, Fujishita T, Enomoto A, Hirayama A, Ishikawa T, Taketo MM, Kushida Y, Haba R, Okano K, Tomita M, Suzuki Y, Fukuda S, Aoki M, Soga T. Global metabolic reprogramming of colorectal cancer occurs at adenoma stage and is induced by MYC. *Proc Natl Acad Sci USA.* 114:E7697-7706, 2017
 115. Saxena R, Plenge RM, Bjornnes AC, Dashti HS, **Okada Y**, Gad El Haq W, Hammoudeh M, Al Emadi S, Masri BK, Halabi H, Badsha H, Uthman IW, Margolin L, Gupta N, Mahfoud ZR, Kapiri M, Dargham SR, Aranki G, Kazkaz LA, Arayssi T. A Multinational Arab Genome-Wide Association Study Identifies New Genetic Associations for Rheumatoid Arthritis. *Arthritis Rheumatol.* 69(5):976-985, 2017
 116. Seki M, Kimura S, Isobe T, Yoshida K, Ueno H, Nakajima-Takagi Y, Wang C, Lin L, Kon A, Suzuki H, Shiozawa Y, **Kataoka K**, Fujii Y, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Shimamura T**, Masuda K, Kawamoto H, Ohki K, Kato M, Arakawa Y, Koh K, Hanada R, Moritake H, Akiyama M, Kobayashi R, Deguchi T, Hashii Y, Imamura T, Sato A, Kiyokawa N, Oka A, Hayashi Y, Takagi M, Manabe A, Ohara A, Horibe K, Sanada M, Iwama A, Mano H, **Miyano S**, **Ogawa S**, Takita J. Recurrent SPI1 (PU.1) fusions in high-risk pediatric T cell acute lymphoblastic leukemia. *Nat Genet.* 49(8):1274-1281, 2017
 117. Sekinaka Y, Mitsuiki N, Imai K, Yabe M, Yabe H, Mitsui-Sekinaka K, Honma K, Takagi M, Arai A, Yoshida K, Okuno Y, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, Muramatsu H, Kojima S, Hira A, Takata M, Ohara O, **Ogawa S**, Morio T, Nonoyama S. Common Variable Immunodeficiency Caused by FANCD1 Mutations. *J Clin Immunol.* 37(5):434-444, 2017
 118. Semba Y, Harada A, **Maehara K**, Oki S, Meno C, Ueda J, Yamagata K, Suzuki A, Onimaru M, Nogami J, Okada S, Akashi K, Ohkawa Y. Chd2 Regulates Chromatin for Proper Gene Expression Toward Differentiation in Mouse Embryonic Stem Cells. *Nucleic Acids Res.*

6;45(15):8758-8772, 2017

119. Seow WJ, Matsuo K, Hsiung CA, **Shiraishi K**, Song M, Kim HN, Wong MP, Hong YC, Hosgood HD 3rd, Wang Z, Chang IS, Wang JC, Chatterjee N, Tucker M, Wei H, Mitsudomi T, Zheng W, Kim JH, Zhou B, Caporaso NE, Albanes D, Shin MH, Chung LP, An SJ, Wang P, Zheng H, Yatabe Y, Zhang XC, Kim YT, Shu XO, Kim YC, Bassig BA, Chang J, Ho JC, Ji BT, Kubo M, Daigo Y, Ito H, Momozawa Y, Ashikawa K, **Kamatani Y**, Honda T, Sakamoto H, Kunitoh H, Tsuta K, Watanabe SI, Nokihara H, Miyagi Y, Nakayama H, Matsumoto S, Tsuboi M, Goto K, Yin Z, Shi J, Takahashi A, Goto A, Minamiya Y, Shimizu K, Tanaka K, Wu T, Wei F, Wong JY, Matsuda F, Su J, Kim YH, Oh IJ, Song F, Lee VH, Su WC, Chen YM, Chang GC, Chen KY, Huang MS, Yang PC, Lin HC, Xiang YB, Seow A, Park JY, Kweon SS, Chen CJ, Li H, Gao YT, Wu C, Qian B, Lu D, Liu J, Jeon HS, Hsiao CF, Sung JS, Tsai YH, Jung YJ, Guo H, Hu Z, Wang WC, Chung CC, Lawrence C, Burdett L, Yeager M, Jacobs KB, Hutchinson A, Berndt SI, He X, Wu W, Wang J, Li Y, Choi JE, Park KH, Sung SW, Liu L, Kang CH, Hu L, Chen CH, Yang TY, Xu J, Guan P, Tan W, Wang CL, Sihoe AD, Chen Y, Choi YY, Hung JY, Kim JS, Yoon HI, Cai Q, Lin CC, Park IK, Xu P, Dong J, Kim C, He Q, Perng RP, Chen CY, Vermeulen R, Wu J, Lim WY, Chen KC, Chan JK, Chu M, Li YJ, Li J, Chen H, Yu CJ, Jin L, Lo YL, Chen YH, Fraumeni JF Jr, Liu J, Yamaji T, Yang Y, Hicks B, Wyatt K, Li SA, Dai J, Ma H, Jin G, Song B, Wang Z, Cheng S, Li X, Ren Y, Cui P, Iwasaki M, Shimazu T, Tsugane S, Zhu J, Jiang G, Fei K, Wu G, Chien LH, Chen HL, Su YC, Tsai FY, Chen YS, Yu J, Stevens VL, Laird-Offringa IA, Marconett CN, Lin D, Chen K, Wu YL, Landi MT, Shen H, Rothman N, Kohno T, Chanock SJ, Lan Q. Association Between GWAS-identified Lung Adenocarcinoma Susceptibility Loci and EGFR Mutations in Never-Smoking Asian Women, and Comparison With Findings From Western Populations. *Hum Mol Genet.* 26(2):454-465, 2017
120. Shibamoto M, Hirata H, Eguchi H, Sawada G, Sakai N, Kajiyama Y, Mimori K. The loss of CASP4 expression is associated with poor prognosis in esophageal squamous cell carcinoma. *Oncol Lett.* 13(3):1761-1766, 2017
121. Shiokawa D, **Okamoto K**. Heterogeneity among Lgr5-positive colon stem cells. *Mol Cell Oncol.* 4(4):e1335271, 2017
122. Shiokawa D, Sato A, Ohata H, Mutoh M, Sekine S, Kato M, Shibata T, Nakagama H, **Okamoto K**. The Induction of Selected Wnt Target Genes by Tcf1 Mediates Generation of Tumorigenic Colon Stem Cells. *Cell Rep.* 19(5):981-994, 2017
123. Shiozawa Y, Malcovati L, Galli A, Pellagatti A, Karimi M, Sato-Otsubo A, Sato Y, Suzuki H, Yoshizato T, Yoshida K, **Shiraishi y**, Chiba K, **Makishima H**, Boultonwood J, Hellström-Lindberg E, **Miyano S**, Cazzola M, **Ogawa S**. Gene expression and risk of leukemic transformation in myelodysplasia. *Blood.* 130(24):2642-2653, 2017. Erratum in: *Blood.* 2018 Aug 23;132(8):869-875
124. Shiraki Y, Mii S, Enomoto A, Momota H, Han YP, Kato T, Ushida K, Kato A, Asai N, Murakumo Y, Aoki K, Suzuki H, Ohka F, Wakabayashi T, Todo T, **Ogawa S**, Natsume A, Takahashi M. Significance of perivascular tumour cells defined by CD109 expression in progression of glioma. *J Pathol.* 243(4):468-480, 2017
125. Sowa T, Menju T, Chen-Yoshikawa TF, Takahashi K, Nishikawa S, Nakanishi T, Shikuma K, Motoyama H, Hijiya K, Aoyama A, Sato T, Sonobe M, Harada H, Date H. Hypoxia-inducible factor 1 promotes chemoresistance of lung cancer by inducing carbonic anhydrase IX expression.

- Cancer Med.* 6(1):288-297, 2017
126. Sudo T, Nishida R, Kawahara A, Saisho K, Mimori K, Yamada A, Mizoguchi A, Kadoya K, Matono S, Mori N, Tanaka T, Akagi Y. Clinical Impact of Tumor-Infiltrating Lymphocytes in Esophageal Squamous Cell Carcinoma. *Ann Surg Oncol.* 24(12):3763-3770, 2017
 127. Sudo T, Takahashi Y, Sawada G, Uchi R, Mimori K, Akagi Y. Significance of CD47 expression in gastric cancer. *Oncol Lett.* 14(1):801-809, 2017
 128. Sugimachi K, Nishio M, Aishima S, Kuroda Y, Iguchi T, Komatsu H, Hirata H, Sakimura S, Eguchi H, Bekki Y, Takenaka K, Maehara Y, Suzuki A, Mimori K. Altered Expression of Hippo Signaling Pathway Molecules in Intrahepatic Cholangiocarcinoma. *Oncology.* 93(1):67-74, 2017
 129. Sun QY, Ding LW, Tan KT, Chien W, Mayakonda A, Lin DC, Loh XY, Xiao JF, Meggendorfer M, Alpermann T, Garg M, Lim SL, Madan V, Hattori N, Nagata Y, **Miyano S**, Yeoh AE, Hou HA, Jiang YY, Takao S, Liu LZ, Tan SZ, Lill M, Hayashi M, Kinoshita A, Kantarjian HM, Kornblau SM, **Ogawa S**, Haferlach T, Yang H, Koeffler HP. Ordering of mutations in acute myeloid leukemia with partial tandem duplication of MLL (MLL-PTD). *Leukemia.* 31(1):1-10, 2017
 130. Suzawa K, Shien K, Peng H, Sakaguchi M, Watanabe M, Hashida S, Maki Y, Yamamoto H, **Tomida S**, Soh J, Asano H, Tsukuda K, Nasu Y, Kumon H, Miyoshi S, Toyooka S. Distant Bystander Effect of REIC/DKK3 Gene Therapy Through Immune System Stimulation in Thoracic Malignancies. *Anticancer Res.* 37(1):301-307, 2017
 131. Suzawa K, Yamamoto H, Ohashi K, Hashida S, **Tomida S**, Kubo T, Maki Y, Soh J, Tsukuda K, Kiura K, Miyoshi S, Toyooka S. Optimal method for quantitative detection of plasma EGFR T790M mutation using droplet digital PCR system. *Oncol Rep.* 37(5):3100-3106, 2017
 132. **Suzuki A**, Suzuki M, Mizushima-Sugano J, Frith M, Makalowski W, Kohno T, Sugano S, Tsuchihara K, Suzuki Y. Sequencing and phasing cancer mutations in lung cancers using a long-read portable sequencer. *DNA Res.* 24(6):585-596, 2017
 133. Taguchi H, Xie Y, Horikoshi N, **Maehara K**, Harada A, Nogami J, Sato K, Arimura Y, Osakabe A, Kujirai T, Iwasaki T, Semba Y, Tachibana T, Kimura H, Ohkawa Y, Kurumizaka H. Crystal Structure and Characterization of Novel Human Histone H3 Variants, H3.6, H3.7, and H3.8. *Biochemistry.* 56(16):2184-2196, 2017
 134. Takada M, Nagai S, Haruta M, Sugino RP, Tozuka K, Takei H, Ohkubo F, Inoue K, Kurosumi M, Miyazaki M, Sato-Otsubo A, Sato Y, **Ogawa S**, Kaneko Y. BRCA1 alterations with additional defects in DNA damage response genes may confer chemoresistance to BRCA-like breast cancers treated with neoadjuvant chemotherapy. *Genes Chromosomes Cancer.* 56(5):405-420, 2017
 135. Takagi M, Ogata S, Ueno H, Yoshida K, Yeh T, Hoshino A, Piao J, Yamashita M, Nanya M, Okano T, Kajiwara M, Kanegane H, Muramatsu H, Okuno Y, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Bando Y, Kato M, Hayashi Y, **Miyano S**, Imai K, **Ogawa S**, Kojima S, Morio T. Haploinsufficiency of TNFAIP3 (A20) by germline mutation is involved in autoimmune lymphoproliferative syndrome. *J Allergy Clin Immunol.* 139(6):1914-1922, 2017
 136. Takagi M, Yoshida M, Nemoto Y, Tamaichi H, Tsuchida R, Seki M, Uryu K, Nishii R, Miyamoto S, Saito M, Hanada R, Kaneko H, **Miyano S**, **Kataoka K**, Yoshida K, Ohira M, Hayashi Y, Nakagawara A, **Ogawa S**, Mizutani S, Takita J. Loss of DNA Damage Response in Neuroblastoma and Utility of a PARP Inhibitor. *J Natl Cancer Inst.* 109(11): djx062, 2017
 137. Takahashi Y, Sugimachi K, Yamamoto K, **Niida A**, **Shimamura T**, Sato T, Watanabe M, Tanaka J, Kudo S, Sugihara K, Hase K, Kusunoki M, Yamada K, Shimada Y, Moriya Y, Suzuki Y,

- Miyano S**, Mori M, Mimori K. Japanese genome-wide association study identifies a significant colorectal cancer susceptibility locus at chromosome 10p14. *Cancer Sci.* 108(11):2239-2247, 2017
138. Takahashi Y, Sugimachi K, Yamamoto K, **Niida A**, **Shimamura T**, Sato T, Watanabe M, Tanaka J, Kudo S, Sugihara K, Hase K, Kusunoki M, Yamada K, Shimada Y, Moriya Y, Suzuki Y, **Miyano S**, Mori M, Mimori K. Japanese genome-wide association study identifies a significant colorectal cancer susceptibility locus at chromosome 10p14. *Cancer Sci.* 108(11):2239-2247, 2017
139. Takahashi Y, Tanikawa C, Miyamoto T, Hirata M, Wang G, Ueda K, Komatsu T, Matsuda K. Regulation of tubular recycling endosome biogenesis by the p53-MICALL1 pathway. *Int J Oncol.* 51(2):724-736, 2017
140. Takano S, Hu Q, Amamoto T, Refinetti P, Mimori K, Funatsu T, Kato M. Extraction of cell-free DNA from urine, using polylysine-coated silica particles. *Anal Bioanal Chem.* 409(16):4021-4025, 2017
141. Takano Y, Masuda T, Inuma H, **Yamaguchi R**, Sato K, Tobo T, Hirata H, Kuroda Y, Nambara S, Hayashi N, Iguchi T, Ito S, Eguchi H, Ochiya T, Yanaga K, **Miyano S**, Mimori K. Circulating exosomal microRNA-203 is associated with metastasis possibly via inducing tumor-associated macrophages in colorectal cancer. *Oncotarget.* 8(45):78598-78613, 2017
142. Takano Y, Masuda T, Inuma H, **Yamaguchi R**, Sato K, Tobo T, Hirata H, Kuroda Y, Nambara S, Hayashi N, Iguchi T, Ito S, Eguchi H, Ochiya T, Yanaga K, **Miyano S**, Mimori K. Circulating exosomal microRNA-203 is associated with metastasis possibly via inducing tumor-associated macrophages in colorectal cancer. *Oncotarget.* 8(45):78598-78613, 2017
143. Takeda T, Yamamoto H, Kanzaki H, Suzawa K, Yoshioka T, **Tomida S**, Cui X, Murali R, Namba K, Sato H, Torigoe H, Watanabe M, Shien K, Soh J, Asano H, Tsukuda K, Kitamura Y, Miyoshi S, Sendo T, Toyooka S. Yes1 signaling mediates the resistance to Trastuzumab/Lapatinib in breast cancer. *PLoS One.* 12(2):e0171356, 2017
144. Takeda Y, **Kataoka K**, Yamagishi J, **Ogawa S**, Seya T, Matsumoto M. A TLR3-Specific Adjuvant Relieves Innate Resistance to PD-L1 Blockade without Cytokine Toxicity in Tumor Vaccine Immunotherapy. *Cell Rep.* 19(9):1874-1887, 2017
145. Tanikawa C, Zhang YZ, Yamamoto R, Tsuda Y, Tanaka M, Funauchi Y, Mori J, **Imoto S**, **Yamaguchi R**, Nakamura Y, **Miyano S**, Nakagawa H, Matsuda K. The Transcriptional Landscape of p53 Signalling Pathway. *EBioMedicine.* 20:109-119, 2017
146. Terao C, **Okada Y**, Ikari K, Kochi Y, Suzuki A, Ohmura K, Matsuo K, Taniguchi A, Kubo M, Raychaudhuri S, Yamamoto K, Yamanaka H, **Kamatani Y**, Mimori T, Matsuda F. Genetic landscape of interactive effects of HLA-DRB1 alleles on susceptibility to ACPA(+) rheumatoid arthritis and ACPA levels in Japanese population. *J Med Genet.* 54(12):853-858, 2017
147. Togasaki E, Takeda J, Yoshida K, Shiozawa Y, Takeuchi M, Oshima M, Saraya A, Iwama A, Yokote K, Sakaida E, Hirase C, Takeshita A, Imai K, Okumura H, Morishita Y, Usui N, Takahashi N, Fujisawa S, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Kiyoi H, Ohnishi K, Ohtake S, Asou N, Kobayashi Y, Miyazaki Y, **Miyano S**, **Ogawa S**, Matsumura I, Nakaseko C, Naoe T. Frequent somatic mutations in epigenetic regulators in newly diagnosed chronic myeloid leukemia. *Blood Cancer J.* 7(4):e559, 2017.
148. Tominaga K, **Shimamura T**, Kimura N, Murayama T, Matsubara D, Kanauchi H, **Niida A**,

- Shimizu S, Nishioka K, Tsuji EI, Yano M, Sugano S, Shimono Y, Ishii H, Saya H, Mori M, Akashi K, Tada KI, Ogawa T, Tojo A, **Miyano S**, Gotoh N. Addiction to the IGF2-ID1-IGF2 circuit for maintenance of the breast cancer stem-like cells. *Oncogene*. 36(9):1276-1286, 2017
149. Tsuda Y, Tanikawa C, Miyamoto T, Hirata M, Yodsurang V, Zhang YZ, **Imoto S**, **Yamaguchi R**, **Miyano S**, Takayanagi H, Kawano H, Nakagawa H, Tanaka S, Matsuda K. Identification of a p53 target, CD137L, that mediates growth suppression and immune response of osteosarcoma cells. *Sci Rep*. 7(1):10739, 2017
150. Tsukao Y, Yamasaki M, Miyazaki Y, Makino T, Takahashi T, Kurokawa Y, Miyata H, Nakajima K, Takiguchi S, Mimori K, Mori M, Doki Y. Overexpression of heat-shock factor 1 is associated with a poor prognosis in esophageal squamous cell carcinoma. *Oncol Lett*. 13(3):1819-1825, 2017
151. Uchino K, Mizuno S, Sato-Otsubo A, **Nannya Y**, Mizutani M, Horio T, Hanamura I, Espinoza JL, Onizuka M, Kashiwase K, Morishima Y, Fukuda T, Kodera Y, Doki N, Miyamura K, Mori T, **Ogawa S**, Takami A. Toll-like receptor genetic variations in bone marrow transplantation. *Oncotarget*. 8(28):45670-45686, 2017
152. Ueda J, Harada A, Urahama T, Machida S, **Maehara K**, Hada M, Makino Y, Nogami J, Horikoshi N, Osakabe A, Taguchi H, Tanaka H, Tachiwana H, Yao T, Yamada M, Iwamoto T, Isotani A, Ikawa M, Tachibana T, **Okada Y**, Kimura H, Ohkawa Y, Kurumizaka H, Yamagata K. Testis-Specific Histone Variant H3t Gene Is Essential for Entry Into Spermatogenesis. *Cell Rep*. 18(3):593-600, 2017
153. Ueda M, Iguchi T, Masuda T, Komatsu H, Nambara S, Sakimura S, Hirata H, Uchi R, Eguchi H, Ito S, Sugimachi K, Mizushima T, Doki Y, Mori M, Mimori K. Up-regulation of *SLC9A9* Promotes Cancer Progression and Is Involved in Poor Prognosis in Colorectal Cancer. *Anticancer Res*. 37(5):2255-2263, 2017
154. Uryu K, Nishimura R, **Kataoka K**, Sato Y, Nakazawa A, Suzuki H, Yoshida K, Seki M, Hiwatari M, Isobe T, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, Koh K, Hanada R, Oka A, Hayashi Y, Ohira M, Kamijo T, **Nagase H**, Takimoto T, Tajiri T, Nakagawara A, **Ogawa S**, Takita J. Identification of the Genetic and Clinical Characteristics of Neuroblastomas using Genome-wide Analysis. *Oncotarget*. 8(64):107513-107529, 2017
155. Wakamatsu TH, Ueta M, Tokunaga K, **Okada Y**, Loureiro RR, Costa KA, Sallum JMF, Milhomens JA, Inoue C, Sotozono C, Gomes JÁP, Kinoshita S. Human Leukocyte Antigen Class I Genes Associated With Stevens-Johnson Syndrome and Severe Ocular Complications Following Use of Cold Medicine in a Brazilian Population. *JAMA Ophthalmol*. 135(4):355-360, 2017
156. Xie J, Lin D, Lee DH, Akunowicz J, Hansen M, Miller C, Sanada M, Kato M, Akagi T, Kawamata N, **Ogawa S**, Koeffler HP. Copy number analysis identifies tumor suppressive lncRNAs in human osteosarcoma. *Int J Oncol*. 50(3):863-872, 2017
157. Yamaguchi K, Zhu C, Ohsugi T, Yamaguchi Y, Ikenoue T, Furukawa Y. Bidirectional reporter assay using HAL promoter and TOPFLASH improves specificity in high-throughput screening of Wnt inhibitors. *Biotechnol Bioeng*. 114(12):2868-2882, 2017
158. Yamamoto KN, **Yachida S**, Nakamura A, **Niida A**, Oshima M, De S, Rosati LM, Herman JM, Iacobuzio-Donahue CA, Haeno H. Personalized management of pancreatic ductal adenocarcinoma patients through computational modeling. *Cancer Res*. 77:3325-3335, 2017

159. Yamamoto S, Muramatsu M, Azuma E, Ikutani M, Nagai Y, Sagara H, Koo BN, Kita S, O'Donnell E, **Osawa T**, Takahashi H, Takano K, Dohmoto M, Sugimori M, Usui I, Watanabe Y, Hatakeyama N, Iwamoto T, Komuro I, Takatsu K, Tobe K, Niida S, Matsuda N, Shibuya M, Sasahara M. A subset of cerebrovascular pericytes originates from mature macrophages in the very early phase of vascular development in CNS. *Sci Rep.* 7(1): 3855, 2017
160. Yamamoto Y, Nagasato M, Rin Y, Henmi M, Ino Y, **Yachida S**, Ohki R, Hiraoka N, Tagawa M, Aoki K. Strong antitumor efficacy of a pancreatic tumor-targeting oncolytic adenovirus for neuroendocrine tumors. *Cancer Med.* 6:2385-2397, 2017
161. Yamato G, Shiba N, Yoshida K, **Shiraishi y**, Hara Y, Ohki K, Okubo J, Okuno H, Chiba K, Tanaka H, Kinoshita A, Moritake H, Kiyokawa N, Tomizawa D, Park MJ, Sotomatsu M, Taga T, Adachi S, Tawa A, Horibe K, Arakawa H, **Miyano S**, **Ogawa S**, Hayashi Y. ASXL2 mutations are frequently found in pediatric AML patients with t(8;21)/ RUNX1-RUNX1T1 and associated with a better prognosis. *Genes Chromosomes Cancer.* 56(5):382-393, 2017
162. Yamawaki K, Ishiguro T, Mori Y, Yoshihara K, Suda K, Tamura R, Yamaguchi M, Sekine M, Kashima K, Higuchi M, Fujii M, **Okamoto K**, Enomoto T. Sox2-dependent inhibition of p21 is associated with poor prognosis of endometrial cancer. *Cancer Sci.* 108(4):632-640, 2017
163. Yip BH, Steeples V, Repapi E, Armstrong RN, Llorian M, Roy S, Shaw J, Dolatshad H, Taylor S, Verma A, Bartenstein M, Vyas P, Cross NC, Malcovati L, Cazzola M, Hellstrom-Lindberg E, **Ogawa S**, Smith CW, Pellagatti A, Boulwood J. The U2AF1S34F mutation induces lineage-specific splicing alterations in myelodysplastic syndromes. *J Clin Invest.* 127(6):2206-2221, 2017
164. Yodsurang V, Tanikawa C, Miyamoto T, Lo PHY, Hirata M, Matsuda K*. Identification of a novel p53 target, COL17A1, that inhibits breast cancer cell migration and invasion. *Oncotarget.* 8(34):55790-55803, 2017
165. Yoshida M, Hamanoue S, Seki M, Tanaka M, Yoshida K, Goto H, **Ogawa S**, Takita J, Tanaka Y. Metachronous anaplastic sarcoma of the kidney and thyroid follicular carcinoma as manifestations of DICER1 abnormalities. *Hum Pathol.* 61:205-209, 2017
166. Yoshimaru T, Aihara K, Komatsu M, Matsushita Y, Okazaki Y, Toyokuni S, Honda J, Sasa M, Miyoshi Y, Otaka A, Katagiri T. Stapled BIG3 helical peptide ERAP extends potent antitumor activity for breast cancer therapeutics. *Sci Rep.* 7(1):1821, 2017
167. Yoshimaru T, Ono M, Bando Y, Chen YA, Mizuguchi K, Shima H, Komatsu M, Imoto I, Izumi K, Honda J, Miyoshi Y, Sasa M, Katagiri T. A-kinase anchoring protein BIG3 coordinates oestrogen signaling in breast cancer cells. *Nat Commun.* 2017 May 30;8:15427, 2017
168. Yoshizato T, **Nannya Y**, Atsuta Y, Shiozawa Y, Iijima-Yamashita Y, Yoshida K, **Shiraishi y**, Suzuki H, Nagata Y, Sato Y, Kakiuchi N, Matsuo K, Onizuka M, **Kataoka K**, Chiba K, Tanaka H, Ueno H, Nakagawa MM, Przychodzen B, Haferlach C, Kern W, Aoki K, Itonaga H, Kanda Y, Sekeres MA, Maciejewski JP, Haferlach T, Miyazaki Y, Horibe K, Sanada M, **Miyano S**, **Makishima H**, **Ogawa S**. Genetic abnormalities in myelodysplasia and secondary acute myeloid leukemia: impact on outcome of stem cell transplantation. *Blood.* 129(17):2347-2358, 2017
169. Zhang YZ, **Yamaguchi R**, **Imoto S**, **Miyano S**. Sequence-specific bias correction for RNA-seq data using recurrent neural networks. *BMC Genomics.* 18(Suppl 1):1044, 2017
170. Zhu C, Yamaguchi K, Ohsugi T, Terakado Y, Noguchi R, Ikenoue T, Furukawa Y. Identification of FERM domain-containing protein 5 as a novel target of β -catenin/TCF7L2 complex. *Cancer*

Sci. 108(4):612-619, 2017

171. da Silva-Coelho P, Kroeze LI, Yoshida K, Koorenhof-Scheele TN, Knops R, van de Locht LT, de Graaf AO, Massop M, Sandmann S, Dugas M, Stevens-Kroef MJ, Cermak J, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, de Witte T, Blijlevens NMA, Muus P, Huls G, van der Reijden BA, **Ogawa S**, Jansen JH. Clonal evolution in myelodysplastic syndromes. *Nat Commun.* 8:15099, 2017
172. van Rooij FJA, Qayyum R, Smith AV, Zhou Y, Trompet S, Tanaka T, Keller MF, Chang LC, Schmidt H, Yang ML, Chen MH, Hayes J, Johnson AD, Yanek LR, Mueller C, Lange L, Floyd JS, Ghanbari M, Zonderman AB, Jukema JW, Hofman A, van Duijn CM, Desch KC, Saba Y, Ozel AB, Snively BM, Wu JY, Schmidt R, Fornage M, Klein RJ, Fox CS, Matsuda K, Kamatani N, Wild PS, Stott DJ, Ford I, Slagboom PE, Yang J, Chu AY, Lambert AJ, Uitterlinden AG, Franco OH, Hofer E, Ginsburg D, Hu B, Keating B, Schick UM, Brody JA, Li JZ, Chen Z, Zeller T, Guralnik JM, Chasman DI, Peters LL, Kubo M, Becker DM, Li J, Eiriksdottir G, Rotter JI, Levy D, Grossmann V, Patel KV, Chen CH; BioBank Japan Project, Ridker PM, Tang H, Launer LJ, Rice KM, Li-Gao R, Ferrucci L, Evans MK, Choudhuri A, Trompouki E, Abraham BJ, Yang S, Takahashi A, **Kamatani Y**, Kooperberg C, Harris TB, Jee SH, Coresh J, Tsai FJ, Longo DL, Chen YT, Felix JF, Yang Q, Psaty BM, Boerwinkle E, Becker LC, Mook-Kanamori DO, Wilson JG, Gudnason V, O'Donnell CJ, Dehghan A, Cupples LA, Nalls MA, Morris AP, **Okada Y**, Reiner AP, Zon LI, Ganesh SK. Genome-wide Trans-ethnic Meta-analysis Identifies Seven Genetic Loci Influencing Erythrocyte Traits and a Role for RBPMS in Erythropoiesis. *Am J Hum Genet.* 100(1):51-63, 2017

[2016]

1. Arashiki N, Takakuwa Y, Mohandas N, Hale J, Yoshida K, Ogura H, Utsugisawa T, Ohga S, **Miyano S**, **Ogawa S**, Kojima S, Kanno H. ATP11C is a major flippase in human erythrocytes and its defect causes congenital hemolytic anemia. *Haematologica.* 101(5):559-565, 2016
2. Chapman CG, **Yamaguchi R**, Tamura K, Weidner J, **Imoto S**, Kwon J, Fang H, Yew PY, Marino SR, **Miyano S**, Nakamura Y, Kiyotani K. Characterization of T-cell Receptor Repertoire in Inflamed Tissues of Patients with Crohn's Disease Through Deep Sequencing. *Inflamm Bowel Dis.* 22(6):1275-85, 2016
3. Colamaio M, Tosti N, Puca F, Mari A, Gattardo R, Kuzay Y, Federico A, Pepe A, Sarnataro D, Ragozzino E, Raia M, Hirata H, Gemei M, Mimori K, Del Vecchio L, Battista S, Fusco A. HMGA1 silencing reduces stemness and temozolomide resistance in glioblastoma stem cells. *Expert Opin Ther Targets.* 20(10):1169-79, 2016
4. Daijo H, Hoshino Y, Kai S, Suzuki K, Nishi K, Matsuo Y, Harada H, Hirota K. Cigarette smoke reversibly activates hypoxia-inducible factor 1 in a reactive oxygen species-dependent manner. *Sci Rep.* 6:34424, 2016
5. **Fujimoto A**, Furuta M, Totoki Y, Tsunoda T, Kato M, **Shiraishi y**, Tanaka H, Taniguchi H, Kawakami Y, Ueno M, Gotoh K, Ariizumi S, Wardell CP, Hayami S, Nakamura T, Aikata H, Arihiro K, Boroevich KA, Abe T, Nakano K, Maejima K, Sasaki-Oku A, Ohsawa A, Shibuya T, Nakamura H, Hama N, Hosoda F, Arai Y, Ohashi S, Urushidate T, Nagae G, Yamamoto S, Ueda H, Tatsuno K, Ojima H, Hiraoka N, Okusaka T, Kubo M, Marubashi S, Yamada T, Hirano S, Yamamoto M, Ohdan H, Shimada K, Ishikawa O, Yamaue H, Chayama K, **Miyano S**, Aburatani

- H, Shibata T, Nakagawa H. Whole-genome mutational landscape and characterization of noncoding and structural mutations in liver cancer. *Nat Genet.* 48(5):500-509, 2016. Erratum in: *Nat Genet.* 2016 May 27;48(6):700
6. **Fujimoto A, Okada Y**, Boroevich KA, Tsunoda T, Taniguchi H, Nakagawa H. Systematic analysis of mutation distribution in three dimensional protein structures identifies cancer driver genes. *Sci Rep.* 6:26483, 2016
 7. Harada H. Hypoxia-inducible Factor 1-mediated Characteristic Features of Cancer Cells for Tumor Radioresistance. *J Radiat Res.* 57 Suppl 1(Suppl 1):i99-i105, 2016
 8. Hertz DL, Owzar K, Lessans S, Wing C, Jiang C, Kelly WK, Patel J, Halabi S, Furukawa Y, Wheeler HE, Sibley AB, Lassiter C, Weisman L, Watson D, Krens SD, Mulkey F, Renn CL, Small EJ, Febbo PG, Shterev I, Kroetz DL, Friedman PN, Mahoney JF, Carducci MA, Kelley MJ, Nakamura Y, Kubo M, Dorsey SG, Dolan ME, Morris MJ, Ratain MJ, McLeod HL. Pharmacogenetic Discovery in CALGB (Alliance) 90401 and Mechanistic Validation of a VAC14 Polymorphism that Increases Risk of Docetaxel-Induced Neuropathy. *Clin Cancer Res.* 22(19):4890-4900, 2016
 9. Hirata H, Sugimachi K, Komatsu H, Ueda M, Masuda T, Uchi R, Sakimura S, Nambara S, Saito T, Shinden Y, Iguchi T, Eguchi H, Ito S, Terashima K, Sakamoto K, Hirakawa M, Honda H, Mimori K. Decreased Expression of Fructose-1,6-bisphosphatase Associates with Glucose Metabolism and Tumor Progression in Hepatocellular Carcinoma. *Cancer Res.* 76(11):3265-76, 2016
 10. Ida L, Yamaguchi T, Yanagisawa K, Kajino T, Shimada Y, Suzuki M, **Takahashi T**. Receptor tyrosine kinase-like orphan receptor 1, a target of NKX2-1/TTF-1 lineage-survival oncogene, inhibits apoptosis signal-regulating kinase 1-mediated pro-apoptotic signaling in lung adenocarcinoma. *Cancer Sci.* 107(2):155-161, 2016
 11. Iguchi T, Komatsu H, Masuda T, Nambara S, Kidogami S, Ogawa Y, Hu Q, Saito T, Hirata H, Sakimura S, Uchi R, Hayashi N, Ito S, Eguchi H, Sugimachi K, Maehara Y, Mimori K. Increased Copy Number of the Gene Encoding SF3B4 Indicates Poor Prognosis in Hepatocellular Carcinoma. *Anticancer Res.* 36(5):2139-44, 2016
 12. Iguchi T, Nambara S, Masuda T, Komatsu H, Ueda M, Kidogami S, Ogawa Y, Hu Q, Sato K, Saito T, Hirata H, Sakimura S, Uchi R, Hayashi N, Ito S, Eguchi H, Sugimachi K, Maehara Y, Mimori K. miR-146a Polymorphism (rs2910164) Predicts Colorectal Cancer Patients' Susceptibility to Liver Metastasis. *PLoS One.* 11(11):e0165912, 2016
 13. Ikeda F, Toki T, Kanezaki R, Terui K, Yoshida K, Kanno H, Ohga S, Ohara A, Kojima S, **Ogawa S**, Ito E. ALDH2 polymorphism in patients with Diamond-Blackfan anemia in Japan. *Int J Hematol.* 103(1):112-114, 2016
 14. Ikenoue T, Terakado Y, Nakagawa H, Hikiba Y, Fujii T, Matsubara D, Noguchi R, Zhu C, Yamamoto K, Kudo Y, Asaoka Y, Yamaguchi K, Ijichi H, Tateishi K, Fukushima N, Maeda S, Koike K, Furukawa Y. A novel mouse model of intrahepatic cholangiocarcinoma induced by liver-specific Kras activation and Pten deletion. *Sci Rep.* 6:23899, 2016
 15. Imamura M, Takahashi A, Yamauchi T, Hara K, Yasuda K, Grarup N, Zhao W, Wang X, Huerta-Chagoya A, Hu C, Moon S, Long J, Kwak SH, Rasheed A, Saxena R, Ma RC, **Okada Y**, Iwata M, Hosoe J, Shojima N, Iwasaki M, Fujita H, Suzuki K, Danesh J, Jørgensen T, Jørgensen ME, Witte DR, Brandslund I, Christensen C, Hansen T, Mercader JM, Flannick J, Moreno-Macías H,

- Burt NP, Zhang R, Kim YJ, Zheng W, Singh JR, Tam CH, Hirose H, Maegawa H, Ito C, Kaku K, Watada H, Tanaka Y, Tobe K, Kawamori R, Kubo M, Cho YS, Chan JC, Sanghera D, Frossard P, Park KS, Shu XO, Kim BJ, Florez JC, Tusié-Luna T, Jia W, Tai ES, Pedersen O, Saleheen D, Maeda S, Kadowaki T. Genome-wide association studies in the Japanese population identify seven novel loci for type 2 diabetes. *Nat Commun.* 7:10531, 2016
16. Imashuku S, Muramatsu H, Sugihara T, Okuno Y, Wang X, Yoshida K, Kato A, Kato K, Tatsumi Y, Hattori A, Kita S, Oe K, Sueyoshi A, Usui T, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, **Ogawa S**, Kojima S, Kanno H. PIEZO1 gene mutation in a Japanese family with hereditary high phosphatidylcholine hemolytic anemia and hemochromatosis-induced diabetes mellitus. *Int J Hematol.* 104(1):125-129, 2016
 17. Inaguma Y, Akatsuka Y, Hosokawa K, Maruyama H, Okamoto A, Katagiri T, Shiraishi K, Murayama Y, Tsuzuki-Iba S, Mizutani Y, Nishii C, Yamamoto N, Demachi-Okamura A, Kuzushima K, **Ogawa S**, Emi N, Nakao S. Induction of HLA-B*40:02-restricted T cells possessing cytotoxic and suppressive functions against haematopoietic progenitor cells from a patient with severe aplastic anaemia. *Br J Haematol.* 172(1):131-134, 2016
 18. Ito S, Okano S, Morita M, Saeki H, Tsutsumi S, Tsukihara H, Nakashima Y, Ando K, Imamura Y, Ohgaki K, Oki E, Kitao H, Mimori K, Maehara Y. Expression of PD-L1 and HLA Class I in Esophageal Squamous Cell Carcinoma: Prognostic Factors for Patient Outcome. *Ann Surg Oncol.* 23(Suppl 4):508-515, 2016
 19. Jing J, Pattaro C, Hoppmann A, **Okada Y**; CKDGen Consortium, Fox CS, Köttgen A. Combination of mouse models and genomewide association studies highlights novel genes associated with human kidney function. *Kidney Int.* 90(4):764-773, 2016
 20. Kaimori JY, **Maehara K**, Hayashi-Takanaka Y, Harada A, Fukuda M, Yamamoto S, Ichimaru N, Umehara T, Yokoyama S, Matsuda R, Ikura T, Nagao K, Obuse C, Nozaki N, Takahara S, Takao T, Ohkawa Y, Kimura H, Isaka Y. Histone H4 Lysine 20 Acetylation Is Associated With Gene Repression in Human Cells. *Sci Rep.* 6:24318, 2016
 21. Kanai M, Tanaka T, **Okada Y**. Empirical estimation of genome-wide significance thresholds based on the 1000 Genomes Project data set. *J Hum Genet.* 61(10):861-866, 2016
 22. **Kataoka K**, **Ogawa S**. Variegated RHOA mutations in human cancers. *Exp Hematol.* 44(12):1123-1129, 2016
 23. **Kataoka K**, **Shiraishi y**, Takeda Y, Sakata S, Matsumoto M, Nagano S, Maeda T, Nagata Y, Kitanaka A, Mizuno S, Tanaka H, Chiba K, Ito S, Watatani Y, Kakiuchi N, Suzuki H, Yoshizato T, Yoshida K, Sanada M, Itonaga H, Imaizumi Y, Totoki Y, Munakata W, Nakamura H, Hama N, Shide K, Kubuki Y, Hidaka T, Kameda T, Masuda K, Minato N, Kashiwase K, Izutsu K, Takaori-Kondo A, Miyazaki Y, Takahashi S, Shibata T, Kawamoto H, Akatsuka Y, Shimoda K, Takeuchi K, Seya T, **Miyano S**, **Ogawa S**. Aberrant PD-L1 expression through 3'-UTR disruption in multiple cancers. *Nature.* 534(7607):402-406, 2016
 24. Kato M, Seki M, Yoshida K, Sato Y, Oyama R, Arakawa Y, Kishimoto H, Taki T, Akiyama M, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Mitsuiki N, Kajiwara M, Mizutani S, Sanada M, **Miyano S**, **Ogawa S**, Koh K, Takita J. Genomic analysis of clonal origin of Langerhans cell histiocytosis following acute lymphoblastic leukaemia. *Br J Haematol.* 175(1):169-172, 2016
 25. Kayano M, Matsui H, **Yamaguchi R**, **Imoto S**, **Miyano S**. Gene set differential analysis of time course expression profiles via sparse estimation in functional logistic model with application to

- time-dependent biomarker detection. *Biostatistics*. 17(2):235-248, 2016.
26. Ki Kim S, Ueda Y, Hatano E, Kakiuchi N, Takeda H, Goto T, Shimizu T, Yoshida K, Ikura Y, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, Uemoto S, Chiba T, **Ogawa S**, Marusawa H. TERT promoter mutations and chromosome 8p loss are characteristic of nonalcoholic fatty liver disease-related hepatocellular carcinoma. *Int J Cancer*. 139(11):2512-2518, 2016
 27. Kim T, Yoshida K, Kim YK, Tyndel MS, Park HJ, Choi SH, Ahn JS, Jung SH, Yang DH, Lee JJ, Kim HJ, Kong G, **Ogawa S**, Zhang Z, Kim HJ, Kim DD. Clonal dynamics in a single AML case tracked for 9 years reveals the complexity of leukemia progression. *Leukemia*. 30(2):295-302.
 28. Kitai H, Ebi H, **Tomida S**, Floros KV, Kotani H, Adachi Y, Oizumi S, Nishimura M, Faber AC, Yano S. Epithelial-to-Mesenchymal Transition Defines Feedback Activation of Receptor Tyrosine Kinase Signaling Induced by MEK Inhibition in KRAS-Mutant Lung Cancer. *Cancer Discov*. 6(7):754-69, 2016
 29. Kitamura K, Okuno Y, Yoshida K, Sanada M, **Shiraishi y**, Muramatsu H, Kobayashi R, Furukawa K, **Miyano S**, Kojima S, **Ogawa S**, Kunishima S. Functional characterization of a novel GFI1B mutation causing congenital macrothrombocytopenia. *J Thromb Haemost*. 14(7):1462-1469, 2016
 30. Kobayashi W, Takaku M, Machida S, Tachiwana H, **Maehara K**, Ohkawa Y, Kurumizaka H. Chromatin Architecture May Dictate the Target Site for DMC1, but Not for RAD51, During Homologous Pairing. *Sci Rep*. 6:24228, 2016
 31. Komatsu H, Iguchi T, Masuda T, Ueda M, Kidogami S, Ogawa Y, Nambara S, Sato K, Hu Q, Saito T, Hirata H, Sakimura S, Uchi R, Hayashi N, Ito S, Eguchi H, Sugimachi K, Eguchi H, Doki Y, Mori M, Mimori K. HOXB7 Expression is a Novel Biomarker for Long-term Prognosis After Resection of Hepatocellular Carcinoma. *Anticancer Res*. 36(6):2767-73, 2016
 32. Komatsu H, Iguchi T, Ueda M, Nambara S, Saito T, Hirata H, Sakimura S, Takano Y, Uchi R, Shinden Y, Eguchi H, Masuda T, Sugimachi K, Eguchi H, Doki Y, Mori M, Mimori K. Clinical and biological significance of transcription termination factor, RNA polymerase I in human liver hepatocellular carcinoma. *Oncol Rep*. 35(4):2073-2080, 2016
 33. Koso H, Yi H, Sheridan P, **Miyano S**, Ino Y, Todo T, Watanabe S. Identification of RNA-Binding Protein LARP4B as a Tumor Suppressor in Glioma. *Cancer Res*. 76(8):2254-2264, 2016
 34. Kujirai T, Horikoshi N, Sato K, **Maehara K**, Machida S, Osakabe A, Kimura H, Ohkawa Y, Kurumizaka H. Structure and Function of Human Histone H3.Y Nucleosome. *Nucleic Acids Res*. 44(13):6127-6141, 2016
 35. Kume K, Ikeda M, Miura S, Ito K, Sato KA, Ohmori Y, Endo F, Katagiri H, Ishida K, Ito C, Iwaya T, **Nishizuka SS**. α -Amanitin Restrains Cancer Relapse from Drug-Tolerant Cell Subpopulations via TAF15. *Sci Rep*. 6:25895, 2016
 36. Kuniyoshi Y, **Maehara K**, Iwasaki T, Hayashi M, Semba Y, Fujita M, Sato Y, Kimura H, Harada A, Ohkawa Y. Identification of Immunoglobulin Gene Sequences From a Small Read Number of mRNA-Seq Using Hybridomas. *PLoS One*. 11(10):e0165473, 2016
 37. Kurashige J, Hasegawa T, **Niida A**, Sugimachi K, Deng N, Mima K, Uchi R, Sawada G, Takahashi Y, Eguchi H, Inomata M, Kitano S, Fukagawa T, Sasako M, Sasaki H, Sasaki S, Mori M, Yanagihara K, Baba H, **Miyano S**, Tan P, Mimori K. Integrated Molecular Profiling of Human Gastric Cancer Identifies DDR2 as a Potential Regulator of Peritoneal Dissemination. *Sci Rep*. 6:22371, 2016

38. Li G, Cunin P, Wu D, Diogo D, Yang Y, **Okada Y**, Plenge RM, Nigrovic PA. The Rheumatoid Arthritis Risk Variant CCR6DNP Regulates CCR6 via PARP-1. *PLoS Genet.* 12(9):e1006292, 2016
39. Li Z, Xia Y, Feng LN, Chen JR, Li HM, Cui J, Cai QQ, Sim KS, Nairismägi ML, Laurensia Y, Meah WY, Liu WS, Guo YM, Chen LZ, Feng QS, Pang CP, Chen LJ, Chew SH, Ebstein RP, Foo JN, Liu J, Ha J, Khoo LP, Chin ST, Zeng YX, Aung T, Chowbay B, Diong CP, Zhang F, Liu YH, Tang T, Tao M, Quek R, Mohamad F, Tan SY, Teh BT, Ng SB, Chng WJ, Ong CK, **Okada Y**, Raychaudhuri S, Lim ST, Tan W, Peng RJ, Khor CC, Bei JX. Genetic risk of extranodal natural killer T-cell lymphoma: a genome-wide association study. *Lancet Oncol.* 17(9):1240-1247, 2016
40. Lin J, Hiraoka K, Watanabe T, Kuo T, Shinozaki Y, Takatori A, Koshikawa N, Chandran A, Otsuki J, Sugiyama H, Horton P, **Nagase H**. Identification of Binding Targets of a Pyrrole-Imidazole Polyamide KR12 in the LS180 Colorectal Cancer Genome. *PLoS One.* 11(10): e0165581, 2016.
41. Luchini C, Veronese N, **Yachida S**, Cheng L, Nottegar A, Stubbs B, Solmi M, Capelli P, Pea A, Barbareschi M, Fassan M, Wood LD, Scarpa A. Different prognostic roles of tumor suppressor gene BAP1 in cancer: A systematic review with meta-analysis. *Genes Chromosomes Cancer.* 55:741-749, 2016
42. Madan V, Shyamsunder P, Han L, Mayakonda A, Nagata Y, Sundaresan J, Kanojia D, Yoshida K, Ganesan S, Hattori N, Fulton N, Tan KT, Alpermann T, Kuo MC, Rostami S, Matthews J, Sanada M, Liu LZ, **Shiraishi y**, **Miyano S**, Chendamara E, Hou HA, Malnassy G, Ma T, Garg M, Ding LW, Sun QY, Chien W, Ikezoe T, Lill M, Biondi A, Larson RA, Powell BL, Lübbert M, Chng WJ, Tien HF, Heuser M, Ganser A, Koren-Michowitz M, Kornblau SM, Kantarjian HM, Nowak D, Hofmann WK, Yang H, Stock W, Ghavamzadeh A, Alimoghaddam K, Haferlach T, **Ogawa S**, Shih LY, Mathews V, Koeffler HP. Comprehensive mutational analysis of primary and relapse acute promyelocytic leukemia. *Leukemia.* 30(8):1672-1681, 2016. Erratum in: *Leukemia.* 2016 Dec;30(12):2430
43. Mahajan A, Rodan AR, Le TH, Gaulton KJ, Haessler J, Stilp AM, **Kamatani Y**, Zhu G, Sofer T, Puri S, Schellinger JN, Chu PL, Cechova S, van Zuydam N; SUMMIT Consortium; BioBank Japan Project, Arnlov J, Flessner MF, Giedraitis V, Heath AC, Kubo M, Larsson A, Lindgren CM, Madden PAF, Montgomery GW, Papanicolaou GJ, Reiner AP, Sundström J, Thornton TA, Lind L, Ingelsson E, Cai J, Martin NG, Kooperberg C, Matsuda K, Whitfield JB, **Okada Y**, Laurie CC, Morris AP, Franceschini N. Trans-ethnic Fine Mapping Highlights Kidney-Function Genes Linked to Salt Sensitivity. *Am J Hum Genet.* 99(3):636-646, 2016
44. Malik S, Saito H, Takaoka M, ***Miki Y**, Nakanishi A. BRCA2 mediates centrosome cohesion via an interaction with cytoplasmic dynein. *Cell Cycle.* 15(16):2145-2156, 2016
45. Mansouri L, Noerenberg D, Young E, Mylonas E, Abdulla M, Frick M, Asmar F, Ljungstrom V, Schneider M, Yoshida K, Skaftason A, Pandzic T, Gonzalez B, Tasidou A, Waldhueter N, Rivas-Delgado A, Angelopoulou M, Ziepert M, Arends CM, Couronne L, Lenze D, Baldus CD, Bastard C, Okosun J, Fitzgibbon J, Dorken B, Drexler HG, Roos-Weil D, Schmitt CA, Munch-Petersen HD, Zenz T, Hansmann ML, Strefford JC, Enblad G, Bernard OA, Ralfkiaer E, Erlanson M, Korkolopoulou P, Hultdin M, Papadaki T, Gronbaek K, Lopez-Guillermo A, **Ogawa S**, Kuppers R, Stamatopoulos K, Stavroyianni N, Kanellis G, Rosenwald A, Campo E, Amini RM, Ott G, Vassilakopoulos TP, Hummel M, Rosenquist R, Damm F. Frequent NFKBIE deletions are associated with poor outcome in primary mediastinal B-cell lymphoma. *Blood.* 128(23):2666-

2670, 2016

46. Masuda T, Hayashi N, Iguchi T, Ito S, Eguchi H, Mimori K. Clinical and biological significance of circulating tumor cells in cancer. *Mol Oncol*. 10(3):408-417, 2016
47. Matsuda Y, Ishiwata T, **Yachida S**, Suzuki A, Hamashima Y, Hamayasu H, Yoshimura H, Honma N, Aida J, Takubo K, Arai T. Clinicopathological features of 15 occult and 178 clinical pancreatic ductal adenocarcinomas in 8339 autopsied elderly patients. *Pancreas*. 45:234-240, 2016
48. **Matsui Y**, Mizuta M, Ito S, **Miyano S**, **Shimamura T**. D3M: detection of differential distributions of methylation levels. *Bioinformatics*. 32(15):2248-55, 2016
49. Matsushita H, Sato Y, Karasaki T, Nakagawa T, Kume H, **Ogawa S**, Homma Y, Kakimi K. Neoantigen Load, Antigen Presentation Machinery, and Immune Signatures Determine Prognosis in Clear Cell Renal Cell Carcinoma. *Cancer Immunol Res*. 4(5):463-471. Maruyama H, Katagiri T, Kashiwase K, Shiina T, Sato-Otsubo A, Zaimoku Y, Maruyama K, Hosokawa K, Ishiyama K, Yamazaki H, Inoko H, **Ogawa S**, Nakao S. Clinical significance and origin of leukocytes that lack HLA-A allele expression in patients with acquired aplastic anemia. *Exp Hematol*. 44(10):931-939 e933, 2016
50. Merlevede J, Droin N, Qin T, Meldi K, Yoshida K, Morabito M, Chautard E, Auboeuf D, Fenaux P, Braun T, Itzykson R, de Botton S, Quesnel B, Commes T, Jourdan E, Vainchenker W, Bernard O, Pata-Merci N, Solier S, Gayevskiy V, Dinger ME, Cowley MJ, Selimoglu-Buet D, Meyer V, Artiguenave F, Deleuze JF, Preudhomme C, Stratton MR, Alexandrov LB, Padron E, **Ogawa S**, Koscielny S, Figueroa M, Solary E. Mutation allele burden remains unchanged in chronic myelomonocytic leukaemia responding to hypomethylating agents. *Nat Commun*. 7:10767, 2016
51. Mitani K, Nagata Y, Sasaki K, Yoshida K, Chiba K, Tanaka H, **Shiraishi y**, **Miyano S**, **Makishima H**, Nakamura Y, Nakamura Y, Ichikawa M, **Ogawa S**. Somatic mosaicism in chronic myeloid leukemia in remission. *Blood*. 2016 128(24):2863-2866, 2016.
52. Mori T, Nagata Y, **Makishima H**, Sanada M, Shiozawa Y, Kon A, Yoshizato T, Sato-Otsubo A, **Kataoka K**, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Ishiyama K, Miyawaki S, Mori H, Nakamaki T, Kihara R, Kiyoi H, Koeffler HP, Shih LY, **Miyano S**, Naoe T, Haferlach C, Kern W, Haferlach T, **Ogawa S**, Yoshida K. Somatic PHF6 mutations in 1760 cases with various myeloid neoplasms. *Leukemia*. 30(11):2270-2273, 2016
53. Morishima S, Kashiwase K, Matsuo K, Azuma F, Yabe T, Sato-Otsubo A, **Ogawa S**, Shiina T, Satake M, Saji H, Kato S, Kodera Y, Sasazuki T, Morishima Y, Japan Marrow Donor P. High-risk HLA alleles for severe acute graft-versus-host disease and mortality in unrelated donor bone marrow transplantation. *Haematologica*. 101(4):491-498, 2016
54. Morishita M, Muramatsu T, Suto Y, Hirai M, Konishi T, Hayashi S, Shigemizu D, Tsunoda T, Moriyama K, **Inazawa J**. Chromothripsis-like chromosomal rearrangements induced by ionizing radiation using proton microbeam irradiation system. *Oncotarget*. 7(9):10182-10192, 2016
55. Muramatsu T, Kozaki KI, **Imoto S**, **Yamaguchi R**, Tsuda H, Kawano T, Fujiwara N, Morishita M, **Miyano S**, **Inazawa J**. The hypusine cascade promotes cancer progression and metastasis through the regulation of RhoA in squamous cell carcinoma. *Oncogene*. 35(40):5304-5316, 2016
56. Muraoka M, Okuma C, Kanamitsu K, Ishida H, Kanazawa Y, Washio K, Seki M, Kato M, Takita J, Sato Y, **Ogawa S**, Tsukahara H, Oda M, Shimada A. Adults with germline CBL mutation complicated with juvenile myelomonocytic leukemia at infancy. *J Hum Genet*. 61(6):523-526, 2016

57. Nagafuchi Y, Shoda H, Sumitomo S, Nakachi S, Kato R, Tsuchida Y, Tsuchiya H, Sakurai K, Hanata N, Tateishi S, Kanda H, Ishigaki K, **Okada Y**, Suzuki A, Kochi Y, Fujio K, Yamamoto K. Immunophenotyping of rheumatoid arthritis reveals a linkage between HLA-DRB1 genotype, CXCR4 expression on memory CD4(+) T cells, and disease activity. *Sci Rep.* 6:29338, 2016
58. Nagata Y, Kontani K, Enami T, **Kataoka K**, Ishii R, Totoki Y, Kataoka TR, Hirata M, Aoki K, Nakano K, Kitanaka A, Sakata-Yanagimoto M, Egami S, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Shiozawa Y, Yoshizato T, Suzuki H, Kon A, Yoshida K, Sato Y, Sato-Otsubo A, Sanada M, Munakata W, Nakamura H, Hama N, **Miyano S**, Nureki O, Shibata T, Haga H, Shimoda K, Katada T, Chiba S, Watanabe T, **Ogawa S**. Variegated RHOA mutations in adult T-cell leukemia/lymphoma. *Blood.* 127(5):596-604, 2016
59. Nakahara Y, Yamasaki M, Sawada G, Miyazaki Y, Makino T, Takahashi T, Kurokawa Y, Nakajima K, Takiguchi S, Mimori K, Mori M, Doki Y. Downregulation of SIRT4 Expression Is Associated with Poor Prognosis in Esophageal Squamous Cell Carcinoma. *Oncology.* 90(6):347-55, 2016
60. Nakaoka HJ, Hara T, Yoshino S, Kanamori A, **Matsui Y**, **Shimamura T**, Sato H, Murakami Y, Seiki M, Sakamoto T. NECAB3 Promotes Activation of Hypoxia-inducible factor-1 during Normoxia and Enhances Tumorigenicity of Cancer Cells. *Sci Rep.* 6:22784, 2016
61. Niemoller C, Renz N, Bleul S, Blagitko-Dorfs N, Greil C, Yoshida K, Pfeifer D, Follo M, Duyster J, Claus R, **Ogawa S**, Lubbert M, Becker H. Single cell genotyping of exome sequencing-identified mutations to characterize the clonal composition and evolution of inv(16) AML in a CBL mutated clonal hematopoiesis. *Leuk Res.* 47:41-46, 2016
62. Nishimoto Y, Mizutani S, Nakajima T, Hosoda F, Watanabe H, Saito Y, Shibata T, **Yachida S**, Yamada T. High stability of faecal microbiome composition in guanidine thiocyanate solution at room temperature and robustness during colonoscopy. *Gut.* 65:1574-1575, 2016
63. Nishio M, Sugimachi K, Goto H, Wang J, Morikawa T, Miyachi Y, Takano Y, Hikasa H, Itoh T, Suzuki SO, Kurihara H, Aishima S, Leask A, Sasaki T, Nakano T, Nishina H, Nishikawa Y, Sekido Y, Nakao K, Shin-Ya K, Mimori K, Suzuki A. Dysregulated YAP1/TAZ and TGF- β signaling mediate hepatocarcinogenesis in Mob1a/1b-deficient mice. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 113(1):E71-80, 2016
64. Nuylan M, Kawano T, **Inazawa J**, Inoue J. Down-regulation of LAPTM5 in human cancer cells. *Oncotarget.* 7(19):28320-28328, 2016
65. **Ogawa S**. Clonal hematopoiesis in acquired aplastic anemia. *Blood.* 128(3):337-347, 2016
66. Ohmoto A, Rokutan H, Yachida S*. Pancreatic neuroendocrine neoplasms: Basic biology, current treatment strategies and prospects for the future. *Int J Mol Sci.* 18:E143, 2017
67. Ohmoto A, **Yachida S**, Kubo E, Takai E, Suzuki M, Shimada K, Okusaka T, Morizane C. Clinicopathologic features and germline sequence variants in young patients (≤ 40 years old) with pancreatic ductal adenocarcinoma. *Pancreas.* 45:1055-1061, 2016
68. Ohtsuka T, Sakaguchi M, Yamamoto H, **Tomida S**, Takata K, Shien K, Hashida S, Miyata-Takata T, Watanabe M, Suzawa K, Soh J, Youyi C, Sato H, Namba K, Torigoe H, Tsukuda K, Yoshino T, Miyoshi S, Toyooka S. Interaction of cytokeratin 19 head domain and HER2 in the cytoplasm leads to activation of HER2-Erk pathway. *Sci Rep.* 6:39557, 2016
69. **Okada Y**, Muramatsu T, Suita N, Kanai M, Kawakami E, Iotchkova V, Soranzo N, **Inazawa J**, Tanaka T. Significant impact of miRNA-target gene networks on genetics of human complex

- traits. *Sci Rep.* 6:22223, 2016
70. **Okada Y**, Raj T, Yamamoto K. Ethnically shared and heterogeneous impacts of molecular pathways suggested by the genome-wide meta-analysis of rheumatoid arthritis. *Rheumatology (Oxford)*. 55(1):186-189, 2016
 71. **Okada Y**, Suzuki A, Ikari K, Terao C, Kochi Y, Ohmura K, Higasa K, Akiyama M, Ashikawa K, Kanai M, Hirata J, Suita N, Teo YY, Xu H, Bae SC, Takahashi A, Momozawa Y, Matsuda K, Momohara S, Taniguchi A, Yamada R, Mimori T, Kubo M, Brown MA, Raychaudhuri S, Matsuda F, Yamanaka H, **Kamatani Y**, Yamamoto K. Contribution of a Non-classical HLA Gene, HLA-DOA, to the Risk of Rheumatoid Arthritis. *Am J Hum Genet.* 99(2):366-374, 2016
 72. Osumi H, Shinozaki E, Suenaga M, Matsusaka S, Konishi T, Akiyoshi T, Fujimoto Y, Nagayama S, Fukunaga Y, Ueno M, Mise Y, Ishizawa T, Inoue Y, Takahashi Y, Saiura A, Uehara H, Mun M, Okumura S, Mizunuma N, **Miki Y**, Yamaguchi T. RAS mutation is a prognostic biomarker in colorectal cancer patients with metastasectomy. *Int J Cancer.* 139(4):803-11, 2016
 73. Palomo L, Xicoy B, Garcia O, Mallo M, Adema V, Cabezon M, Arnan M, Pomares H, Jose Larrayoz M, Jose Calasanz M, Maciejewski JP, Huang D, Shih LY, **Ogawa S**, Cervera J, Such E, Coll R, Grau J, Sole F, Zamora L. Impact of SNP array karyotyping on the diagnosis and the outcome of chronic myelomonocytic leukemia with low risk cytogenetic features or no metaphases. *Am J Hematol.* 91(2):185-192, 2016
 74. Rokutan H, Hosoda F, Hama N, Nakamura H, Totoki Y, Furukawa E, Arakawa E, Ohashi S, Urushidate T, Satoh H, Shimizu H, Igarashi K, **Yachida S**, Katai H, Taniguchi H, Fukayama M, Shibata T. Comprehensive mutation profiling of mucinous gastric carcinoma. *J Pathol.* 240:137-148, 2016
 75. Sakha S, Muramatsu T, Ueda K, **Inazawa J**. Exosomal microRNA miR-1246 induces cell motility and invasion through the regulation of DENND2D in oral squamous cell carcinoma. *Sci Rep.* 6:38750, 2016
 76. Sakurai M, Kasahara H, Yoshida K, Yoshimi A, Kunimoto H, Watanabe N, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Harada Y, Harada H, Kawakita T, Kurokawa M, **Miyano S**, Takahashi S, **Ogawa S**, Okamoto S, Nakajima H. Genetic basis of myeloid transformation in familial platelet disorder/acute myeloid leukemia patients with haploinsufficient RUNX1 allele. *Blood Cancer J.* 6(2):e392, 2016
 77. Sawada G, **Niida A**, Uchi R, Hirata H, **Shimamura T**, Suzuki Y, **Shiraishi y**, Chiba K, **Imoto S**, Takahashi Y, Iwaya T, Sudo T, Hayashi T, Takai H, Kawasaki Y, Matsukawa T, Eguchi H, Sugimachi K, Tanaka F, Suzuki H, Yamamoto K, Ishii H, Shimizu M, Yamazaki H, Yamazaki M, Tachimori Y, Kajiyama Y, Natsugoe S, Fujita H, Mafune K, Tanaka Y, Kelsell DP, Scott CA, Tsuji S, Yachida S, Shibata T, Sugano S, Doki Y, Akiyama T, Aburatani H, **Ogawa S**, **Miyano S**, Mori M, Mimori K. Genomic Landscape of Esophageal Squamous Cell Carcinoma in a Japanese Population. *Gastroenterology.* 150(5):1171-1182, 2016
 78. Scelo G, Hofmann JN, Banks RE, Bigot P, Bhatt RS, Cancel-Tassin G, Chew SK, Creighton CJ, Cussenot O, Davis IJ, Escudier B, Frayling TM, Haggstrom C, Hildebrandt MA, Holcatova I, Johansson M, Linehan WM, McDermott DF, Nathanson KL, **Ogawa S**, Perlman EJ, Purdue MP, Stattin P, Swanton C, Vasudev NS, Wu X, Znaor A, Brennan P, Chanock SJ. International cancer seminars: a focus on kidney cancer. *Ann Oncol.* 27(8):1382-1385, 2016
 79. Shiba N, Yoshida K, **Shiraishi y**, Okuno Y, Yamato G, Hara Y, Nagata Y, Chiba K, Tanaka H,

- Terui K, Kato M, Park MJ, Ohki K, Shimada A, Takita J, Tomizawa D, Kudo K, Arakawa H, Adachi S, Taga T, Tawa A, Ito E, Horibe K, Sanada M, **Miyano S**, **Ogawa S**, Hayashi Y. Whole-exome sequencing reveals the spectrum of gene mutations and the clonal evolution patterns in paediatric acute myeloid leukaemia. *Br J Haematol*. 175(3):476-489, 2016
80. Shinden Y, Ueo H, Tobo T, Gamachi A, Utou M, Komatsu H, Nambara S, Saito T, Ueda M, Hirata H, Sakimura S, Takano Y, Uchi R, Kurashige J, Akiyoshi S, Iguchi T, Eguchi H, Sugimachi K, Kubota Y, Kai Y, Shibuta K, Kijima Y, Yoshinaka H, Natsugoe S, Mori M, Maehara Y, Sakabe M, Kamiya M, Kakareka JW, Pohida TJ, Choyke PL, Kobayashi H, Ueo H, Urano Y, Mimori K. Rapid diagnosis of lymph node metastasis in breast cancer using a new fluorescent method with γ -glutamyl hydroxymethyl rhodamine green. *Sci Rep*. 6:27525, 2016
81. Shinohara K, Yoda N, Takane K, Watanabe T, Fukuyo M, Fujiwara K, Kita K, **Nagase H**, Nemoto T, Kaneda A. Inhibition of DNA methylation at the MLH1 promoter region using pyrrole-imidazole polyamide. *ACS Omega*. 1 (6), 1164–1172, 2016
82. Shiraiishi K, **Okada Y**, Takahashi A, **Kamatani Y**, Momozawa Y, Ashikawa K, Kunitoh H, Matsumoto S, Takano A, Shimizu K, Goto A, Tsuta K, Watanabe SI, Ohe Y, Watanabe Y, Goto Y, Nokihara H, Furuta K, Yoshida A, Goto K, Hishida T, Tsuboi M, Tsuchihara K, Miyagi Y, Nakayama H, Yokose T, Tanaka K, Nagashima T, Ohtaki Y, Maeda D, Imai K, Minamiya Y, Sakamoto H, Saito A, Shimada Y, Sunami K, Saito M, **Inazawa J**, Nakamura Y, Yoshida T, Yokota J, Matsuda F, Matsuo K, Daigo Y, Kubo M, *Kohno T. Association of variations in HLA class II and other loci with susceptibility to EGFR-mutated lung adenocarcinoma. *Nat Commun*. 7:12451, 2016
83. Sugimachi K, Matsumura T, **Shimamura T**, Hirata H, Uchi R, Ueda M, Sakimura S, Iguchi T, Eguchi H, Masuda T, Morita K, Takenaka K, Maehara Y, Mori M, Mimori K. Aberrant Methylation of FOXE1 Contributes to a Poor Prognosis for Patients with Colorectal Cancer. *Ann Surg Oncol*. 23(12):3948-3955, 2016
84. Sugimachi K, **Yamaguchi R**, Eguchi H, Ueda M, **Niida A**, Sakimura S, Hirata H, Uchi R, Shinden Y, Iguchi T, Morita K, Yamamoto K, **Miyano S**, Mori M, Maehara Y, Mimori K. 8q24 Polymorphisms and Diabetes Mellitus Regulate Apolipoprotein A-IV in Colorectal Carcinogenesis. *Ann Surg Oncol*. 23(Suppl 4):546-551, 2016
85. Sun C, Molineros JE, Looger LL, Zhou XJ, Kim K, **Okada Y**, Ma J, Qi YY, Kim-Howard X, Motghare P, Bhattarai K, Adler A, Bang SY, Lee HS, Kim TH, Kang YM, Suh CH, Chung WT, Park YB, Choe JY, Shim SC, Kochi Y, Suzuki A, Kubo M, Sumida T, Yamamoto K, Lee SS, Kim YJ, Han BG, Dozmorov M, Kaufman KM, Wren JD, Harley JB, Shen N, Chua KH, Zhang H, Bae SC, Nath SK. High-density genotyping of immune-related loci identifies new SLE risk variants in individuals with Asian ancestry. *Nat Genet*. 48(3):323-330, 2016
86. Suzuki Y, Katagiri H, Wang T, Kakisaka K, Kume K, **Nishizuka SS**, Takikawa Y. Ductular reactions in the liver regeneration process with local inflammation after physical partial hepatectomy. *Lab Invest*. 96(11):1211-1222, 2016
87. Tai MC, Yanagisawa K, Nakatochi M, Hotta N, Hosono Y, Kawaguchi K, Naito M, Taniguchi H, Wakai K, Yokoi K, **Takahashi T**. Blood-borne miRNA profile-based diagnostic classifier for lung adenocarcinoma. *Sci Rep*. 6:31389, 2016
88. Takai E, Totoki Y, Nakamura H, Kato M, Shibata T, **Yachida S**. Clinical utility of circulating tumor DNA for molecular assessment and precision medicine in pancreatic cancer. *Adv Exp Med*

- Biol.* 924:13-17, 2016
89. Takai E, **Yachida S**, Shimizu K, Furuse J, Kubo E, Ohmoto A, Suzuki M, Hruban RH, Okusaka T, Morizane C, Furukawa T. Germline mutations in Japanese familial pancreatic cancer patients. *Oncotarget.* 7:74227-74235, 2016
 90. Takai E, **Yachida S**. Circulating tumor DNA as a liquid biopsy target for detection of pancreatic cancer. *World J Gastroenterol.* 22: 8480-8288, 2016
 91. Takemoto K, Ii M, **Nishizuka SS**. Importance of metabolic rate to the relationship between the number of genes in a functional category and body size in Peto's paradox for cancer. *R Soc Open Sci.* 3(9):160267, 2016
 92. Tamura K, Hazama S, **Yamaguchi R**, **Imoto S**, Takenouchi H, Inoue Y, Kanekiyo S, Shindo Y, **Miyano S**, Nakamura Y, Kiyotani K. Characterization of the T cell repertoire by deep T cell receptor sequencing in tissues and blood from patients with advanced colorectal cancer. *Oncol Lett.* 11(6):3643-3649, 2016
 93. Tominaga K, **Shimamura T**, Kimura N, Murayama T, Matsubara D, Kanauchi H, **Niida A**, Shimizu S, Nishioka K, Tsuji EI, Yano M, Sugano S, Shimono Y, Ishii H, Saya H, Mori M, Akashi K, Tada KI, Ogawa T, Tojo A, **Miyano S**, Gotoh N. Addiction to the IGF2-ID1-IGF2 circuit for maintenance of the breast cancer stem-like cells. *Oncogene.* 36(9):1276-1286, 2017
 94. Tominaga R, Katagiri T, **Kataoka K**, **Kataoka K**, Wee RK, Maeda A, Gomyo H, Mizuno I, Murayama T, **Ogawa S**, Nakao S. Paroxysmal nocturnal hemoglobinuria induced by the occurrence of BCR-ABL in a PIGA mutant hematopoietic progenitor cell. *Leukemia.* 30(5):1208-1210, 2016
 95. Tsujita Y, Mitsui-Sekinaka K, Imai K, Yeh TW, Mitsui N, Asano T, Ohnishi H, Kato Z, Sekinaka Y, Zaha K, Kato T, Okano T, Takashima T, Kobayashi K, Kimura M, Kunitsu T, Maruo Y, Kanegane H, Takagi M, Yoshida K, Okuno Y, Muramatsu H, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, Kojima S, **Ogawa S**, Ohara O, Okada S, Kobayashi M, Morio T, Nonoyama S. Phosphatase and tensin homolog (PTEN) mutation can cause activated phosphatidylinositol 3-kinase δ syndrome-like immunodeficiency. *J Allergy Clin Immunol.* 138(6):1672-1680.e10, 2016
 96. Uchi R, Takahashi Y, **Niida A**, **Shimamura T**, Hirata H, Sugimachi K, Sawada G, Iwaya T, Kurashige J, Shinden Y, Iguchi T, Eguchi H, Chiba K, **Shiraishi y**, Nagae G, Yoshida K, Nagata Y, Haeno H, Yamamoto H, Ishii H, Doki Y, Iinuma H, Sasaki S, Nagayama S, Yamada K, **Yachida S**, Kato M, Shibata T, Oki E, Saeki H, Shirabe K, Oda Y, Maehara Y, Komune S, Mori M, Suzuki Y, Yamamoto K, Aburatani H, **Ogawa S**, **Miyano S**, **Mimori K**. Integrated multiregional analysis proposing a new model of colorectal cancer evolution. *PLoS Genet.* 12:e1005778, 2016
 97. Ueda M, Iguchi T, Masuda T, Nakahara Y, Hirata H, Uchi R, **Niida A**, Momose K, Sakimura S, Chiba K, Eguchi H, Ito S, Sugimachi K, Yamasaki M, Suzuki Y, **Miyano S**, Doki Y, Mori M, Mimori K. Somatic mutations in plasma cell-free DNA are diagnostic markers for esophageal squamous cell carcinoma recurrence. *Oncotarget.* 7(38):62280-62291, 2016
 98. Ueda T, Nakata Y, Yamasaki N, Oda H, Sentani K, Kanai A, Onishi N, Ikeda K, Sera Y, Honda ZI, Tanaka K, Sata M, **Ogawa S**, Yasui W, Saya H, Takita J, Honda H. ALK(R1275Q) perturbs extracellular matrix, enhances cell invasion and leads to the development of neuroblastoma in cooperation with MYCN. *Oncogene.* 35(34):4447-4458, 2016
 99. Volkert S, Haferlach T, Holzwarth J, Zenger M, Kern W, Staller M, Nagata Y, Yoshida K, **Ogawa**

- S, Schnittger S, Haferlach C. Array CGH identifies copy number changes in 11% of 520 MDS patients with normal karyotype and uncovers prognostically relevant deletions. *Leukemia*. 30(1):259-261, 2016
100. Wang J, Ding Q, Fujimori H, Motegi A, **Miki Y**, Masutani M. Loss of CtIP disturbs homologous recombination repair and sensitizes breast cancer cells to PARP inhibitors. *Oncotarget*. 7(7):7701-14, 2016
101. Yabe M, Yabe H, Morimoto T, Fukumura A, Ohtsubo K, Koike T, Yoshida K, **Ogawa S**, Ito E, Okuno Y, Muramatsu H, Kojima S, Matsuo K, Hira A, Takata M. The phenotype and clinical course of Japanese Fanconi Anaemia infants is influenced by patient, but not maternal ALDH2 genotype. *Br J Haematol*. 175(3):457-461, 2016
102. **Yachida S**, Wood LD, Suzuki M, Takai E, Totoki Y, Kato M, Luchini C, Arai Y, Nakamura H, Hama N, Elzawahry A, Hosoda F, Shirota T, Morimoto N, Hori K, Funazaki J, Tanaka H, Morizane C, Okusaka T, Nara S, Shimada K, Hiraoka N, Taniguchi H, Higuchi R, Oshima M, Okano K, Hirano S, Mizuma M, Arihiro K, Yamamoto M, Unno M, Yamaue H, Weiss MJ, Wolfgang CL, Furukawa T, Nakagama H, Vogelstein B, Kiyono T, Hruban RH, Shibata T. Genomic sequencing identifies ELF3 as a driver of ampullary carcinoma. *Cancer Cell*. 29:229-240, 2016
103. Yahata H, Kobayashi H, Sonoda K, Shimokawa M, Ohgami T, Saito T, **Ogawa S**, Sakai K, Ichinoe A, Ueoka Y, Hasuo Y, Nishida M, Masuda S, Kato K. Efficacy of aprepitant for the prevention of chemotherapy-induced nausea and vomiting with a moderately emetogenic chemotherapy regimen: a multicenter, placebo-controlled, double-blind, randomized study in patients with gynecologic cancer receiving paclitaxel and carboplatin. *Int J Clin Oncol*. 21(3):491-497, 2016
104. Yamaguchi K, Nagayama S, Shimizu E, Komura M, **Yamaguchi R**, Shibuya T, Arai M, Hatakeyama S, Ikenoue T, Ueno M, **Miyano S**, **Imoto S**, Furukawa Y. Reduced expression of APC-1B but not APC-1A by the deletion of promoter 1B is responsible for familial adenomatous polyposis. *Sci Rep*. 6:26011, 2016
105. Yamaguchi T, Lu C, Ida L, Yanagisawa K, Usukura J, Cheng J, Hotta N, Shimada Y, Isomura H, Suzuki M, Fujimoto T, **Takahashi T**. ROR1 sustains caveolae and survival signaling as a scaffold of cavin-1 and caveolin-1. *Nat Commun*. 7:10060, 2016
106. Yarwood A, Viatte S, **Okada Y**, Plenge R, Yamamoto K; BRAGGSS, RACI, Barton A, Symmons D, Raychaudhuri S, Klareskog L, Gregersen P, Worthington J, Eyre S. Loci associated with N-glycosylation of human IgG are not associated with rheumatoid arthritis: a Mendelian randomisation study. *Ann Rheum Dis*. 75(1):317-320, 2016
107. Yeom CJ, Zeng L, Goto Y, Morinibu A, Zhu Y, Shinomiya K, Kobayashi M, Itasaka S, Yoshimura M, Hur CG, Kakeya H, Hammond EM, Hiraoka M, Harada H. LY6E: a conductor of malignant tumor growth through modulation of the PTEN/PI3K/Akt/HIF-1 axis. *Oncotarget*. 7(40):65837-65848, 2016

【2015年6月22日～2015年12月31日】

1. Dobashi Y, Tsubochi H, Matsubara H, Inoue J, **Inazawa J**, Endo S, Ooi A. Diverse involvement of isoforms and gene aberrations of Akt in human lung carcinomas. *Cancer Sci*. 106(6):772-781, 2015

2. Finucane HK, Bulik-Sullivan B, Gusev A, Trynka G, Reshef Y, Loh PR, Anttila V, Xu H, Zang C, Farh K, Ripke S, Day FR; ReproGen Consortium; Schizophrenia Working Group of the Psychiatric Genomics Consortium; RACI Consortium, Purcell S, Stahl E, Lindstrom S, Perry JR, **Okada Y**, Raychaudhuri S, Daly MJ, Patterson N, Neale BM, Price AL. Partitioning heritability by functional annotation using genome-wide association summary statistics. *Nat Genet.* 47(11):1228-1235, 2015.
3. **Fujimoto A**, Furuta M, **Shiraishi y**, Gotoh K, Kawakami Y, Arihiro K, Nakamura T, Ueno M, Ariizumi SI, Hai Nguyen H, Shigemizu D, Abe T, Boroevich KA, Nakano K, Sasaki A, Kitada R, Maejima K, Yamamoto Y, Tanaka H, Shibuya T, Shibata T, Ojima H, Shimada K, Hayami S, Shigekawa Y, Aikata H, Ohdan H, Marubashi S, Yamada T, Kubo M, Hirano S, Ishikawa O, Yamamoto M, Yamaue H, Chayama K, **Miyano S**, Tsunoda T, Nakagawa H. Whole-genome mutational landscape of liver cancers displaying biliary phenotype reveals hepatitis impact and molecular diversity. *Nat Commun.* 6:6120, 2015.
4. Fujiwara N, Inoue J, Kawano T, Tanimoto K, Kozaki K, **Inazawa J**. miR-634 Activates the Mitochondrial Apoptosis Pathway and Enhances Chemotherapy-Induced Cytotoxicity. *Cancer Res.* 75(18):3890-3901, 2015
5. Garg M, Nagata Y, Kanojia D, Mayakonda A, Yoshida K, Haridas Keloth S, Zang ZJ, Okuno Y, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, Ding LW, Alpermann T, Sun QY, Lin DC, Chien W, Madan V, Liu LZ, Tan KT, Sampath A, Venkatesan S, Inokuchi K, Wakita S, Yamaguchi H, Chng WJ, Kham SK, Yeoh AE, Sanada M, Schiller J, Kreuzer KA, Kornblau SM, Kantarjian HM, Haferlach T, Lill M, Kuo MC, Shih LY, Blau IW, Blau O, Yang H, **Ogawa S**, Koeffler HP. Profiling of somatic mutations in acute myeloid leukemia with FLT3-ITD at diagnosis and relapse. *Blood.* 126(22):2491-501, 2015
6. Huang D, Nagata Y, Grossmann V, Radivoyevitch T, Okuno Y, Nagae G, Hosono N, Schnittger S, Sanada M, Przychodzen B, Kon A, Polprasert C, Shen W, Clemente MJ, Phillips JG, Alpermann T, Yoshida K, Nadarajah N, Sekeres MA, Oakley K, Nguyen N, **Shiraishi y**, Shiozawa Y, Chiba K, Tanaka H, Koeffler HP, Klein HU, Dugas M, Aburatani H, **Miyano S**, Haferlach C, Kern W, Haferlach T, Du Y, **Ogawa S**, **Makishima H**. BRCC3 mutations in myeloid neoplasms. *Haematologica.* 100(8):1051-1057, 2015
7. *Ito S*, **Shiraishi y**, **Shimamura T**, **Kenichi Chiba**, **Miyano S**. High performance computing of a fusion gene detection pipeline on the K computer. *BIBM 2015:1441-1447, 2015*
8. Iwadate R, Inoue J, Tsuda H, Takano M, Furuya K, Hirasawa A, Aoki D, **Inazawa J**. High Expression of p62 Protein Is Associated with Poor Prognosis and Aggressive Phenotypes in Endometrial Cancer. *Am J Pathol.* 185(9):2523-2533, 2015
9. Joshi PK, Esko T, Mattsson H, Eklund N, Gandin I, Nutile T, Jackson AU, Schurmann C, Smith AV, Zhang W, **Okada Y**, Stančáková A, Faul JD, Zhao W, Bartz TM, Concas MP, Franceschini N, Enroth S, Vitart V, Trompet S, Guo X, Chasman DI, O'Connell JR, Corre T, Nongmaithem SS, Chen Y, Mangino M, Ruggiero D, Traglia M, Farmaki AE, Kacprowski T, Bjornes A, van der Spek A, Wu Y, Giri AK, Yanek LR, Wang L, Hofer E, Rietveld CA, McLeod O, Cornelis MC, Pattaro C, Verweij N, Baumbach C, Abdellaoui A, Warren HR, Vuckovic D, Mei H, Boucharde C, Perry JRB, Cappellani S, Mirza SS, Benton MC, Broeckel U, Medland SE, Lind PA, Malerba G, Drong A, Yengo L, Bielak LF, Zhi D, van der Most PJ, Shiner D, Mägi R, Hemani G, Karaderi T, Wang Z, Liu T, Demuth I, Zhao JH, Meng W, Lataniotis L, van der Laan SW, Bradfield JP,

Wood AR, Bonnefond A, Ahluwalia TS, Hall LM, Salvi E, Yazar S, Carstensen L, de Haan HG, Abney M, Afzal U, Allison MA, Amin N, Asselbergs FW, Bakker SJL, Barr RG, Baumeister SE, Benjamin DJ, Bergmann S, Boerwinkle E, Bottinger EP, Campbell A, Chakravarti A, Chan Y, Chanock SJ, Chen C, Chen YI, Collins FS, Connell J, Correa A, Cupples LA, Smith GD, Davies G, Dörr M, Ehret G, Ellis SB, Feenstra B, Feitosa MF, Ford I, Fox CS, Frayling TM, Friedrich N, Geller F, Scotland G, Gillham-Nasanya I, Gottesman O, Graff M, Grodstein F, Gu C, Haley C, Hammond CJ, Harris SE, Harris TB, Hastie ND, Heard-Costa NL, Heikkilä K, Hocking LJ, Homuth G, Hottenga JJ, Huang J, Huffman JE, Hysi PG, Ikram MA, Ingelsson E, Joensuu A, Johansson Å, Jousilahti P, Jukema JW, Kähönen M, **Kamatani Y**, Kanoni S, Kerr SM, Khan NM, Koellinger P, Koistinen HA, Kooner MK, Kubo M, Kuusisto J, Lahti J, Launer LJ, Lea RA, Lehto B, Lehtimäki T, Liewald DCM, Lind L, Loh M, Lokki ML, London SJ, Loomis SJ, Loukola A, Lu Y, Lumley T, Lundqvist A, Männistö S, Marques-Vidal P, Masciullo C, Matchan A, Mathias RA, Matsuda K, Meigs JB, Meisinger C, Meitinger T, Menni C, Mentch FD, Mihailov E, Milani L, Montasser ME, Montgomery GW, Morrison A, Myers RH, Nadukuru R, Navarro P, Nelis M, Nieminen MS, Nolte IM, O'Connor GT, Ogunniyi A, Padmanabhan S, Palmas WR, Pankow JS, Patarcic I, Pavani F, Peyser PA, Pietilainen K, Poulter N, Prokopenko I, Ralhan S, Redmond P, Rich SS, Rissanen H, Robino A, Rose LM, Rose R, Sala C, Salako B, Salomaa V, Sarin AP, Saxena R, Schmidt H, Scott LJ, Scott WR, Sennblad B, Seshadri S, Sever P, Shrestha S, Smith BH, Smith JA, Soranzo N, Sotoodehnia N, Southam L, Stanton AV, Stathopoulou MG, Strauch K, Strawbridge RJ, Suderman MJ, Tandon N, Tang ST, Taylor KD, Tayo BO, Töglhofer AM, Tomaszewski M, Tšernikova N, Tuomilehto J, Uitterlinden AG, Vaidya D, van Hylckama Vlieg A, van Setten J, Vasankari T, Vedantam S, Vlachopoulou E, Vozzi D, Vuoksimaa E, Waldenberger M, Ware EB, Wentworth-Shields W, Whitfield JB, Wild S, Willemsen G, Yajnik CS, Yao J, Zaza G, Zhu X, Project TBJ, Salem RM, Melbye M, Bisgaard H, Samani NJ, Cusi D, Mackey DA, Cooper RS, Froguel P, Pasterkamp G, Grant SFA, Hakonarson H, Ferrucci L, Scott RA, Morris AD, Palmer CNA, Dedoussis G, Deloukas P, Bertram L, Lindenberg U, Berndt SI, Lindgren CM, Timpson NJ, Tönjes A, Munroe PB, Sørensen TIA, Rotimi CN, Arnett DK, Oldehinkel AJ, Kardia SLR, Balkau B, Gambaro G, Morris AP, Eriksson JG, Wright MJ, Martin NG, Hunt SC, Starr JM, Deary IJ, Griffiths LR, Tiemeier H, Pirastu N, Kaprio J, Wareham NJ, Pérusse L, Wilson JG, Girotto G, Caulfield MJ, Raitakari O, Boomsma DI, Gieger C, van der Harst P, Hicks AA, Kraft P, Sinisalo J, Knekt P, Johannesson M, Magnusson PKE, Hamsten A, Schmidt R, Borecki IB, Vartiainen E, Becker DM, Bharadwaj D, Mohlke KL, Boehnke M, van Duijn CM, Sanghera DK, Teumer A, Zeggini E, Metspalu A, Gasparini P, Ulivi S, Ober C, Toniolo D, Rudan I, Porteous DJ, Ciullo M, Spector TD, Hayward C, Dupuis J, Loos RJF, Wright AF, Chandak GR, Vollenweider P, Shuldiner A, Ridker PM, Rotter JI, Sattar N, Gyllenstein U, North KE, Pirastu M, Psaty BM, Weir DR, Laakso M, Gudnason V, Takahashi A, Chambers JC, Kooner JS, Strachan DP, Campbell H, Hirschhorn JN, Perola M, Polašek O, Wilson JF. Directional dominance on stature and cognition in diverse human populations. *Nature*. 523(7561):459-462, 2015

10. Kanojia D, Nagata Y, Garg M, Lee DH, Sato A, Yoshida K, Sato Y, Sanada M, Mayakonda A, Bartenhagen C, Klein HU, Doan NB, Said JW, Mohith S, Gunasekar S, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, Myklebost O, Yang H, Dugas M, Meza-Zepeda LA, Silberman AW, Forscher C, Tyner JW, **Ogawa S**, Koeffler HP. Genomic landscape of liposarcoma. *Oncotarget*. 6(40):42429-44, 2015

11. **Kataoka K**, Nagata Y, Kitanaka A, **Shiraishi y**, **Shimamura T**, Yasunaga J, Totoki Y, Chiba K, Sato-Otsubo A, Nagae G, Ishii R, Muto S, Kotani S, Watatani Y, Takeda J, Sanada M, Tanaka H, Suzuki H, Sato Y, Shiozawa Y, Yoshizato T, Yoshida K, **Makishima H**, Iwanaga M, Ma G, Nosaka K, Hishizawa M, Itonaga H, Imaizumi Y, Munakata W, Ogasawara H, Sato T, Sasai K, Muramoto K, Penova M, Kawaguchi T, Nakamura H, Hama N, Shide K, Kubuki Y, Hidaka T, Kameda T, Nakamaki T, Ishiyama K, Miyawaki S, Yoon SS, Tobinai K, Miyazaki Y, Takaori-Kondo A, Matsuda F, Takeuchi K, Nureki O, Aburatani H, Watanabe T, Shibata T, Matsuoka M, **Miyano S**, Shimoda K, **Ogawa S**. Integrated molecular analysis of adult T cell leukemia/lymphoma. *Nat Genet.* 47(11):1304-1315, 2015
12. Kim K, Jiang X, Cui J, Lu B, Costenbader KH, Sparks JA, Bang SY, Lee HS, **Okada Y**, Raychaudhuri S, Alfredsson L, Bae SC, Klareskog L, Karlson EW. Interactions between amino acid-defined major histocompatibility complex class II variants and smoking in seropositive rheumatoid arthritis. *Arthritis Rheumatol.* 67(10):2611-2623, 2015
13. Kumabe A, Fukuhara N, Utsunomiya T, Kawase T, Iwata K, **Okada Y**, Sutani S, Ohashi T, Oya M, Shigematsu N. Three-dimensional conformal arc radiotherapy using a C-arm linear accelerator with a computed tomography on-rail system for prostate cancer: clinical outcomes. *Radiat Oncol.* 10:208, 2015
14. Lee SH, Byrne EM, Hultman CM, Kähler A, Vinkhuyzen AA, Ripke S, Andreassen OA, Frisell T, Gusev A, Hu X, Karlsson R, Mantzioris VX, McGrath JJ, Mehta D, Stahl EA, Zhao Q, Kendler KS, Sullivan PF, Price AL, O'Donovan M, **Okada Y**, Mowry BJ, Raychaudhuri S, Wray NR; Schizophrenia Working Group of the Psychiatric Genomics Consortium and Rheumatoid Arthritis Consortium International; Schizophrenia Working Group of the Psychiatric Genomics Consortium Authors, Byerley W, Cahn W, Cantor RM, Cichon S, Cormican P, Curtis D, Djurovic S, Escott-Price V, Gejman PV, Georgieva L, Giegling I, Hansen TF, Ingason A, Kim Y, Konte B, Lee PH, McIntosh A, McQuillin A, Morris DW, Nöthen MM, O'Dushlaine C, Olincy A, Olsen L, Pato CN, Pato MT, Pickard BS, Posthuma D, Rasmussen HB, Rietschel M, Rujescu D, Schulze TG, Silverman JM, Thirumalai S, Werge T; Schizophrenia Working Group of the Psychiatric Genomics Consortium Collaborators, Agartz I, Amin F, Azevedo MH, Bass N, Black DW, Blackwood DH, Bruggeman R, Buccola NG, Choudhury K, Cloninger RC, Corvin A, Craddock N, Daly MJ, Datta S, Donohoe GJ, Duan J, Dudbridge F, Fanous A, Freedman R, Freimer NB, Friedl M, Gill M, Gurling H, De Haan L, Hamshere ML, Hartmann AM, Holmans PA, Kahn RS, Keller MC, Kenny E, Kirov GK, Krabbendam L, Krasucki R, Lawrence J, Lencz T, Levinson DF, Lieberman JA, Lin DY, Linszen DH, Magnusson PK, Maier W, Malhotra AK, Mattheisen M, Mattingsdal M, McCarroll SA, Medeiros H, Melle I, Milanova V, Myin-Germeys I, Neale BM, Ophoff RA, Owen MJ, Pimm J, Purcell SM, Puri V, Queded DJ, Rossin L, Ruderfer D, Sanders AR, Shi J, Sklar P, St Clair D, Stroup TS, Van Os J, Visscher PM, Wiersma D, Zammit S; Rheumatoid Arthritis Consortium International Authors, Bridges SL Jr, Choi HK, Coenen MJ, de Vries N, Dieud P, Greenberg JD, Huizinga TW, Padyukov L, Siminovitch KA, Tak PP, Worthington J; Rheumatoid Arthritis Consortium International Collaborators, De Jager PL, Denny JC, Gregersen PK, Klareskog L, Mariette X, Plenge RM, van Laar M, van Riel P. New data and an old puzzle: the negative association between schizophrenia and rheumatoid arthritis. *Int J Epidemiol.* 44(5):1706-1721, 2015.
15. Lenz TL, Deutsch AJ, Han B, Hu X, **Okada Y**, Eyre S, Knapp M, Zhernakova A, Huizinga TW,

- Abecasis G, Becker J, Boeckxstaens GE, Chen WM, Franke A, Gladman DD, Gockel I, Gutierrez-Achury J, Martin J, Nair RP, Nöthen MM, Onengut-Gumuscu S, Rahman P, Rantapää-Dahlqvist S, Stuart PE, Tsoi LC, van Heel DA, Worthington J, Wouters MM, Klareskog L, Elder JT, Gregersen PK, Schumacher J, Rich SS, Wijmenga C, Sunyaev SR, de Bakker PI, Raychaudhuri S. Widespread non-additive and interaction effects within HLA loci modulate the risk of autoimmune diseases. *Nat Genet.* 47(9):1085-1090, 2015
16. Molenaar RJ, Thota S, Nagata Y, Patel B, Clemente M, Przychodzen B, Hirsh C, Viny AD, Hosano N, Bleeker FE, Meggendorfer M, Alpermann T, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, van Noorden CJ, Radivoyevitch T, Carraway HE, **Makishima H**, **Miyano S**, Sekeres MA, **Ogawa S**, Haferlach T, Maciejewski JP. Clinical and biological implications of ancestral and non-ancestral IDH1 and IDH2 mutations in myeloid neoplasms. *Leukemia.* 29(11):2134-2142, 2015
 17. Morita K, Naruto T, Tanimoto K, Yasukawa C, Oikawa Y, Masuda K, Imoto I, **Inazawa J**, Omura K, Harada H. Simultaneous Detection of Both Single Nucleotide Variations and Copy Number Alterations by Next-Generation Sequencing in Gorlin Syndrome. *PLoS One.* 10(11):e0140480, 2015
 18. Nagata Y, Kontani K, Enami T, **Kataoka K**, Ishii R, Totoki Y, Kataoka TR, Hirata M, Aoki K, Nakano K, Kitanaka A, Sakata-Yanagimoto M, Egami S, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Shiozawa Y, Yoshizato T, Suzuki H, Kon A, Yoshida K, Sato Y, Sato-Otsubo A, Sanada M, Munakata W, Nakamura H, Hama N, **Miyano S**, Nureki O, Shibata T, Haga H, Shimoda K, Katada T, Chiba S, Watanabe T, **Ogawa S**. Variegated RHOA mutations in adult T-cell leukemia/lymphoma. *Blood.* 2016 Feb 4;127(5):596-604.
 19. Nakata A, Yoshida R, **Yamaguchi R**, Yamauchi M, **Tamada Y**, Fujita A, **Shimamura T**, **Imoto S**, Higuchi T, Nomura M, Kimura T, Nokihara H, Higashiyama M, Kondoh K, Nishihara H, Tojo A, Yano S, **Miyano S**, Gotoh N. Elevated β -catenin pathway as a novel target for patients with resistance to EGF receptor targeting drugs. *Sci Rep.* 5:13076. doi: 10.1038/srep13076, 2015
 20. **Okada Y**, Momozawa Y, Ashikawa K, Kanai M, Matsuda K, **Kamatani Y**, Takahashi A, Kubo M. Construction of a population-specific HLA imputation reference panel and its application to Graves' disease risk in Japanese. *Nat Genet.* 47(7):798-802, 2015
 21. Okuno Y, Hoshino A, Muramatsu H, Kawashima N, Wang X, Yoshida K, Wada T, Gunji M, Toma T, Kato T, **Shiraishi y**, Iwata A, Hori T, Kitoh T, Chiba K, Tanaka H, Sanada M, Takahashi Y, Nonoyama S, Ito M, **Miyano S**, **Ogawa S**, Kojima S, Kanegane H. Late-Onset Combined Immunodeficiency with a Novel IL2RG Mutation and Probable Revertant Somatic Mosaicism. *J Clin Immunol.* 35(7):610-614, 2015
 22. Ozaki Y, Fujiwara K, Ikeda M, Ozaki T, Terui T, Soma M, **Inazawa J**, Nagase H. The oncogenic role of GASC1 in chemically induced mouse skin cancer. *Mamm Genome.* 26(11-12):591-597, 2015
 23. Park H, **Imoto S**, **Miyano S**. Recursive Random Lasso (RRLasso) for Identifying Anti-Cancer Drug Targets. *PLoS One.* 10(11):e0141869, 2015
 24. Saini H, Raicar G, Sharma A, Lal S, Dehzangi A, Lyons J, Paliwal KK, **Imoto S**, **Miyano S**. Probabilistic expression of spatially varied amino acid dimers into general form of Chou's pseudo amino acid composition for protein fold recognition. *J Theor Biol.* 380:291-298, 2015.
 25. Sakaguchi H, Muramatsu H, Okuno Y, **Makishima H**, Xu Y, Furukawa-Hibi Y, Wang X, Narita A, Yoshida K, **Shiraishi y**, Doisaki S, Yoshida N, Hama A, Takahashi Y, Yamada K, **Miyano S**,

- Ogawa S**, Maciejewski JP, Kojima S. Aberrant DNA Methylation Is Associated with a Poor Outcome in Juvenile Myelomonocytic Leukemia. *PLoS One*. 10(12):e0145394, 2015
26. Sawada G, **Niida A**, Hirata H, Komatsu H, Uchi R, **Shimamura T**, Takahashi Y, Kurashige J, Matsumura T, Ueo H, Takano Y, Ueda M, Sakimura S, Shinden Y, Eguchi H, Sudo T, Sugimachi K, Yamasaki M, Tanaka F, Tachimori Y, Kajiyama Y, Natsugoe S, Fujita H, Tanaka Y, Calin G, **Miyano S**, Doki Y, Mori M, Mimori K. An Integrative Analysis to Identify Driver Genes in Esophageal Squamous Cell Carcinoma. *PLoS One*. 10(10):e0139808, 2015
 27. Seki M, Nishimura R, Yoshida K, **Shimamura T**, **Shiraishi y**, Sato Y, Kato M, Chiba K, Tanaka H, Hoshino N, Nagae G, Shiozawa Y, Okuno Y, Hosoi H, Tanaka Y, Okita H, Miyachi M, Souzaki R, Taguchi T, Koh K, Hanada R, Kato K, Nomura Y, Akiyama M, Oka A, Igarashi T, **Miyano S**, Aburatani H, Hayashi Y, **Ogawa S**, Takita J. Integrated genetic and epigenetic analysis defines novel molecular subgroups in rhabdomyosarcoma. *Nat Commun*. 6:7557, 2015
 28. Shiota M, Yang X, Kubokawa M, Morishima T, Tanaka K, Mikami M, Yoshida K, Kikuchi M, Izawa K, Nishikomori R, Okuno Y, Wang X, Sakaguchi H, Muramatsu H, Kojima S, **Miyano S**, **Ogawa S**, Takagi M, Hata D, Kanegane H. Somatic mosaicism for a NRAS mutation associates with disparate clinical features in RAS-associated leukoproliferative disease: a report of two cases. *J Clin Immunol*. 35(5):454-458, 2015
 29. **Shiraishi y**, Tremmel G, **Miyano S**, Stephens M. A Simple Model-Based Approach to Inferring and Visualizing Cancer Mutation Signatures. *PLoS Genet*. 11(12):e1005657, 2015
 30. Tai MC, Kajino T, Nakatochi M, Arima C, Shimada Y, Suzuki M, Miyoshi H, Yatabe Y, Yanagisawa K, **Takahashi T**. miR-342-3p regulates MYC transcriptional activity via direct repression of E2F1 in human lung cancer. *Carcinogenesis*. 36(12):1464-1473, 2015
 31. Wang X, Muramatsu H, Okuno Y, Sakaguchi H, Yoshida K, Kawashima N, Xu Y, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, Saito S, Nakazawa Y, Masunari T, Hirose T, Elmahdi S, Narita A, Doisaki S, Ismael O, **Makishima H**, Hama A, **Miyano S**, Takahashi Y, **Ogawa S**, Kojima S. GATA2 and secondary mutations in familial myelodysplastic syndromes and pediatric myeloid malignancies. *Haematologica*. 100(10):e398-401, 2015
 32. Yamaguchi H, Sakaguchi H, Yoshida K, Yabe M, Yabe H, Okuno Y, Muramatsu H, Takahashi Y, Yui S, **Shiraishi y**, Chiba K, Tanaka H, **Miyano S**, Inokuchi K, Ito E, **Ogawa S**, Kojima S. Clinical and genetic features of dyskeratosis congenita, cryptic dyskeratosis congenita, and Hoyeraal-Hreidarsson syndrome in Japan. *Int J Hematol*. 102(5):544-552, 2015
 33. Yamamoto K, **Okada Y**, Suzuki A, Kochi Y. Genetic studies of rheumatoid arthritis. *Proc Jpn Acad Ser B Phys Biol Sci*. 91(8):410-422, 2015
 34. Yanaka Y, Muramatsu T, Uetake H, Kozaki K, **Inazawa J**. miR-544a induces epithelial-mesenchymal transition through the activation of WNT signaling pathway in gastric cancer. *Carcinogenesis*. 36(11):1363-1371, 2015
 35. Yew PY, Alachkar H, **Yamaguchi R**, Kiyotani K, Fang H, Yap KL, Liu HT, Wickrema A, Artz A, van Besien K, **Imoto S**, **Miyano S**, Bishop MR, Stock W, Nakamura Y. Quantitative characterization of T-cell repertoire in allogeneic hematopoietic stem cell transplant recipients. *Bone Marrow Transplant*. 50(9):1227-1234, 2015
 36. Yoshizato T, Dumitriu B, Hosokawa K, **Makishima H**, Yoshida K, Townsley D, Sato-Otsubo A, Sato Y, Liu D, Suzuki H, Wu CO, **Shiraishi y**, Clemente MJ, **Kataoka K**, Shiozawa Y, Okuno Y, Chiba K, Tanaka H, Nagata Y, Katagiri T, Kon A, Sanada M, Scheinberg P, **Miyano S**,

Maciejewski JP, Nakao S, Young NS, **Ogawa S**. Somatic Mutations and Clonal Hematopoiesis in Aplastic Anemia. *N Engl J Med*. 373(1):35-47, 2015

37. Young NS, **Ogawa S**. Somatic Mutations and Clonal Hematopoiesis in Aplastic Anemia. *N Engl J Med*. 373(17):1675-1676, 2015

【和文論文】

1. 東島仁, 藤澤空見子, 武藤香織. 患者・市民参画を考える—国内調査からみた人の試料・情報を用いた観察研究の現状と展望. 科学技術社会論研究, 18, 97-107, 2020年4月
2. 高島響子, 東島仁, 鎌谷洋一郎, 川嶋実苗, 谷内田真一, 三木義男, 武藤香織. 研究で用いたゲノムデータの共有に関する患者・市民の期待と懸念—研究者との対話を通じた試み. 科学技術社会論研究, 18, 147-160, 2020年4月
3. 原塑, 水島希, 東島仁, 石原孝二. 市民科学、医学・臨床研究への市民参画と当事者研究の相互関係を考える. 科学技術社会論研究, 187-32, 2020年4月
4. 八代嘉美, 標葉隆馬, 井上悠輔, 一家綱邦, 岸本充生, 東島仁. 日本再生医療学会による社会とのコミュニケーションの試み. 科学技術社会論研究, 18, 137-146, 2020年4月
5. 中田はる佳. 米国における未承認薬利用制度の拡大をめぐる議論 —Right-to-Try 連邦法の成立過程から—. 臨床薬理, 51(2), 83-91, 2020年3月, DOI: <https://doi.org/10.3999/jsct.51.83>, 査読有
6. 飯田寛, 武藤香織. 英国の「遺伝学と保険に関するモラトリアム協定」. 生命保険経営 88(1), 26-46, 2020年1月
7. 井上悠輔. 医療 AI の展開と倫理的・法的・社会的課題 (ELSI). 老年精神医学雑誌, 31(1), 7-15, 2020年1月
8. 中田はる佳. 患者が未承認薬を「試す権利」は保障されるのか—米国未承認薬利用制度の概要から. 科学技術社会論研究, 18, 161-176, 2020年
9. 武藤香織. 臨床研究等における患者・市民参画に関する動向—用語の定義をめぐる苦悩を中心に—. 保健の科学, 61(11), 724-729, 2019年11月
10. 井上悠輔. 患者情報の利活用と同意の限界 「オプトアウト」をどう考えるか. 病院, 78(11), 831-836, 2019年11月
11. 東島仁. 「経験ある被験者」の養成とその必要性. 保健の科学, 61, 736-739, 2019年11月
12. 船橋亜希子, 井上悠輔. 臨床研究の「記録」に関する新しいルール—臨床研究法をいかに理解し、いかに守るべきか?. 薬理と治療, 47(suppl.1), s37-s41, 2019年8月
13. 中田はる佳, 武藤香織, 田代志門, 福田博政, 河野隆志. がん遺伝子パネル検査と患者・市民参画: 説明同意モデル文書の査読プロセスから学ぶ. 腫瘍内科, 24(2), 183-103, 2019年8月, 査読有
14. 武藤香織. 「遺伝子検査」へのダブルスタンダードと不透明な未来. 科学技術社会論研究, 17, 129-139, 2019年4月, DOI: https://doi.org/10.24646/jnlsts.17.0_129
15. 井上悠輔. 医療 AI の展開と倫理的・法的・社会的課題(ELSI). 日本医師会第IX次学術推進会議報告書「人工知能(AI)と医療」, 29-33, 2018年6月
16. 永井亜貴子, 武藤香織. 人を対象とする医学研究のインフォームド・コンセント—医学・

- 生命科学の基礎研究で必要な手続きを中心に. 実験医学, 36(15), 2593-2598, 2018年9月
17. 李怡然, 武藤香織. ゲノム医療時代における「知らないでいる権利」. 保健医療社会学論集, 29(1), 72-82, 2018年7月
 - 18.
 19. 武藤香織. 「遺伝子検査」へのダブルスタンダードと不透明な未来. 科学技術社会論研究, 17, 129-139, 2019年4月
 20. 吉田幸恵, 中田はる佳, 武藤香織. 臨床試験に関与した、がん患者の語り——「治療」と「研究」を区別することの困難さに関する考察. 生命倫理, 28(1), 122-131, 2017年9月
 21. 武藤香織, 高島響子. 予防的手術をめぐる医療倫理. 家族性腫瘍, 17(1), 2-7, 2017年8月, DOI: 10.18976/jsft.17.1_2
 22. 中田はる佳, 井上悠輔. 2016年末に成立した米国「21世紀治療法」. 薬理と治療, 45(5), 45-48, 2017年4月
 23. 武藤香織. ゲノム医療を目指す研究における倫理的配慮. 腎臓内科・泌尿器科, 5(1), 1-4, 2017年1月
 24. 丸祐一. 倫理的な臨床研究を実施するための検討事項. 肺癌, 56(6), 969-971, DOI: <http://doi.org/10.2482/haigan.56.969>, 2016年12月
 25. 丸祐一. 遺伝子解析を伴う家族性腫瘍研究の倫理的諸問題. 遺伝子医学 MOOK 別冊 遺伝性腫瘍・家族性腫瘍研究と遺伝カウンセリング, 321-324, 2016年8月
 26. 高島 響子. 遺伝医療における倫理的問題—二次的所見を巡る議論の動向—. ホルモンと臨床, 62(2), 179-183, 2016年
 27. 東島仁. 研究公正から見た再現可能性問題. 心理学評論, 59(1), 133-136, 2016年

学会発表（招待・基調講演・特別講演等の主なもの）

[計画研究代表者による発表]

1. 2021年12月 宮野悟. 人工知能と大規模データ解析で変わるがんゲノム研究と医療. 第39回日本脳腫瘍学会. 有馬グランドホテル.
2. 2021年11月 宮野悟. スーパーコンピュータを用いた医療とテクノロジーの統合. 第6回医療と創造性及び世界平和シンポジウム. 東京国際交流会館.
3. 2021年10月 宮野悟. がんゲノム医療と人工知能. 第59回日本癌治療学会学術集會會長企画シンポジウム「AI oncology の現状と今後の展望」. パシフィコ横浜.
4. 2021年10月 Satoru Miyano. Network Approaches to Drug Target/Resistance with Supercomputers. 第80回日本癌学会学術総会 Symposia 20: Drug discovery and diagnosis enhanced with AI. パシフィコ横浜.
5. 2021年9月 Seishi Ogawa. Clonal Expansion in Apparently Normal Tissues. JCA-AACR Precision Cancer Medicine International Conference. Online.
6. 2021年7月 宮野悟. 医療の未来を拓くために必要なAI技術. 第158回日本医学会シンポジウム. 医師会館, 東京.
7. 2021年7月 Satoru Miyano. Important Issues for Realizing AI Hospital: from cancer genomic medicine. German Centre for Research Innovation Workshop. Online.
8. 2021年6月 宮野 悟. 人工知能で支援されたがんの臨床シークエンス研究（招待講演）. 第62回日本腎臓学会学術総会・総会長主導企画2「腎臓内科学へのAI・ICT技術の応用」. 名古屋国際会議場.
9. 2021年5月 Satoru Miyano. Challenges to Personalized Medicine by AI and Big Data - Genomes to Networks. 第62回日本神経学会学術大会 Neuroscience Frontier Symposium 02 “Frontiers of neuroscience and medicine accelerated by big data and AI”. Online. 京都国際会議場.
10. 2021年4月 Seishi Ogawa. Inflammation. AACR-JCA Joint Session explores tumor evolution. Online.
11. 2021年4月 宮野悟. メディカルデータサイエンスの現状. 第110回日本病理学会総会. 特別企画. 京王プラザホテル, 東京.
12. 2021年2月 Satoru Miyano. Digesting Cancer Big Networks by Explainable AI and Sercomputers (Invited Talk). The 3rd R-CCS International Symposium (R-CCSIS'21)
13. 2021年1月 Seishi Ogawa. Cancer mutations in normal tissues. The 1st International Symposium of CCII-Bioinformatics and its application to cancer and other diseases. Kyoto.
14. 2020年6月 Satoru Miyano, Cancer Big Data Challenges from Genomes to Network. The 24th Annual International Conference on (RECOMB 2020) (Keynote Lecture). Online
15. 2020年1月 Satoru Miyano. Cancer Big Data Challenges by Supercomputers and Artificial Intelligence. International Conference on Cancer Systems Biology Beyond (Invited Talk). Sheraton Miyano Hotel Tokyo
16. 2020年11月 宮野 悟. 医療の未来を拓くために必要なAI技術. 台日AIのバイオテクノロジーと精密医療国際フォーラム（基調講演）. Online
17. 2020年1月 Takashi Takahashi, Divergent lncRNA MYMLR regulated MYC by

- eliciting DNA looping and promoter-enhancer interaction. International Conference on Cancer Systems Biology Beyond. Sheraton Miyako Hotel Tokyo, Tokyo. 29/Jan/2020.
18. 2020年1月 Johji Inazawa. microRNAs therapeutics in precision cancer medicine (PCM). International Conference on Cancer Systems Biology Beyond. Sheraton Miyako Hotel Tokyo, Tokyo. 29/Jan/2020.
 19. 2019年8月 Satoru Miyano. Cancer Big Data Challenges by Supercomputers and Artificial Intelligence (Keynote Lecture). 2019 SKKU International Symposium on Molecular Medicine - Big Data Analysis in Biomedical Sciences. Sungkyunkwan University School of Medicine (Suwon), South Korea
 20. 2019年7月 宮野 悟. Society 5.0時代の参加型バイオメディカル研究 (招待講演). 第17回臨床腫瘍学会学術集会・会長企画シンポジウム17. 国立京都国際会館.
 21. 2019年6月 宮野 悟. リウマチ医療と人工知能ーがんゲノム医療研究での経験からー (招待講演). 2019年度リウマチ月間リウマチ講演会. 大手町サンケイプラザ.
 22. 2019年6月 Johji Inazawa. MicroRNA Therapeutics in cancer. International Ovarian Cancer Research Consortium and International Symposium on Tumor Microenvironment. The Skirvin Hilton Hotel, Oklahoma City, USA. 30/June/2019
 23. 2019年5月 宮野 悟. サイバーフィジカル空間で進化する人工知能支援がんゲノム医療 (招待講演). シンポジウム55【整形外科学におけるAIの応用】. 第92回日本整形外科学会学術総会. ヨコハマ グランド インターコンチネンタル.
 24. 2019年4月 宮野 悟. 人工知能パワースーツを装着した医師によるがんゲノム医療 (招待講演). 第30回日本医学会総会. ウィンクあいち
 25. 2019年3月 Satoru Miyano. Challenges to Cancer Big Data by Artificial Intelligence and Supercomputers (Invited Talk). The 8th Global Reverse Phase Protein Array Workshop (RPPA 2019). National Cancer Center, Tokyo
 26. 2019年3月 Johji Inazawa. Exploring novel cancer-related microRNAs and their diagnostic and therapeutic potentials in Personalized Cancer Medicine (PCM). The 3rd International Symposium of International Society of Precision Cancer Medicine 2019. Novotel Ambassador Seoul Dongdaemun, Seoul, Korea. 13/March/2019.
 27. 2019年1月 宮野 悟. ゲノム医療におけるAI技術活用の課題 (招待講演). 第154回日本医学会シンポジウム. 日本医師会館ホール.
 28. 2019年1月 宮野 悟. がんビッグデータ解析の現状と未来 (基調講演). 第一回日本メディカルAI学会. 国立がん研究センター新研究棟1階大会議場
 29. 2019年12月 Johji Inazawa. microRNAs therapeutics in personalized cancer medicine (PCM). 10th International Conference on Nutrition and Physical Activity in Aging, Obesity and Cancer. Burapha University, Thailand. 18/Dec/2019.
 30. 2019年11月 宮野 悟. 人工知能とスーパーコンピュータが支えるがんゲノム研究と医療. 第73回国立病院総合医学会 (特別講演). 名古屋国際会議場
 31. 2019年11月 Johji Inazawa. microRNA therapeutics in Precision Cancer Medicine. The International Conference of Food Safety and Health 2019. Taichung, Taiwan. 27/November/2019

32. 2019年10月 宮野 悟. 人工知能で支援するがん臨床シーケンス研究—「造血幹細胞移植しますか？私にはわかりません」と担当医に言われたらどうしますか（招待講演）. 第55回日本移植学会総会. 広島国際会議場.
33. 2019年10月 宮野 悟. Society 5.0時代のがんゲノム医療と病院の展望（招待講演）. IMPULSE コンソーシアム令和元年度第五回セミナー. アキバプラザ7階 EX ルーム
34. 2019年10月 宮野 悟. AI for Cancer Clinical Sequencing - No More Supercomputers are Necessary -（招待講演）. 第57回日本癌治療学会学術集会. 福岡サンパレス
35. 2019年10月 Satoru Miyano. Accelerating Cancer Big Data Analysis by Artificial Intelligence and Supercomputer (Keynote Lecture). 第16回自治医科大学国際シンポジウム2019. 栃木県下野市薬師寺 3311-1.
36. 2019年 Yukinori Okada. Statistical genetics, disease biology, and drug discovery. International Common Disease Alliance (ICDA)
37. 2019年 Seishi Ogawa, On the Origin of Cancer, The 7th McGill-Kyoto Training course & Symposium
38. 2019年 Seishi Ogawa, Molecular profiles in Myelodysplastic Syndromes, QOL-ONE IV Annual Conference
39. 2019年 Seishi Ogawa, Germline DDX41 mutations in the Japanese populations, The 10th JSH International
40. 2019年 Seishi Ogawa, Clonal hematopoiesis in Aplastic anemia, 24th Congress of European Hematology Association
41. 2019年 Seishi Ogawa, Clonal expansion in non-cancer, The XVIIIth KICancer-StratCan Retreat
42. 2019年 Seishi Ogawa, Clonal Origin of Cancer, XXIX IACRLRD SYMPOSIUM 2019
43. 2019年 Seishi Ogawa, A Unique Mechanism of Cancer Immune Evasion via the Disruption of PD-L1 3'-UTR, 第50回記念高松宮妃癌研究基金国際シンポジウム
44. 2018年7月 宮野 悟. 人工知能のパワースーツを着たオンコロジストの登場（特別講演）. 第25回外科フォーラム. ホテルニューオータニ東京.
45. 2018年7月 Satoru Miyano. Revolutionizing Cancer Genomic Medicine by AI and Supercomputer with Big Data (Keynote Lecture). Symposia on VLSI Technology and Circuits, Hilton, Hawaii.
46. 2018年6月 宮野 悟. 人工知能とスパコンでがんのシステム異常を暴き出し患者さんへ（特別講演）. 第2回 Co-Stimulator's Assembly. JP タワーホール&カンファレンス. 東京
47. 2018年6月 宮野 悟. Watson を用いたがんゲノム医療支援最前線（特別講演）. オミックス医療学会大会 ～AI創薬フォーラム～Bio-Tech 2018. 東京ビッグサイト
48. 2018年6月 Johji Inazawa. Exploring novel cancer-related microRNAs and their diagnostic and therapeutic potentials in Personalized Cancer Medicine (PCM). IUBMB SEOUL 2018. COEX, Seoul, Korea. 4/June/2018.
49. 2018年5月 宮野 悟. ゲノム医療研究における AI/ML への期待（招待講演）. AWS Summit Tokyo 2018. グランドプリンスホテル新高輪.

50. 2018年4月 Satoru Miyano. Arrival of Oncologists Armed with AI-Powered Exoskeletons (Keynote Lecture). 2018 8th International Conference on Biomedical Engineering and Technology (ICBET 2018), Patra Jasa Bali Resort & Villas, Bali, Indonesia.
51. 2018年3月 Johji Inazawa. Exploring novel cancer-related microRNAs and their diagnostic and therapeutic potentials in Precision Cancer Medicine (PCM). The 2nd International Symposium of International Society of Precision Cancer Medicine. Shilla Stay Haeundae, Busan, Korea. 15-19/March/2018
52. 2018年3月 Johji Inazawa. Exploring novel cancer-related microRNAs and their diagnostic and therapeutic potentials in Precision Cancer Medicine (PCM). TMU-TMDU Joint Symposium 2018. Tokyo Medical and Dental University, Tokyo. 24/Mar/2018.
53. 2018年2月 宮野 悟. 「もはや人智、人力を超えた世界。 Watson が起こしたがん研究革命」(招待講演). nano tech 国際ナノテクノロジー総合展・技術会議特別シンポジウム「ライフナノテクノロジーが拓く最先端医療と健康長寿社会」. 東京ビッグサイト.
54. 2018年1月 宮野 悟. 人工知能がもたらす新時代の医療診断支援 (招待講演). Circulation Forum 2018. 慶應義塾大学総合研究棟.
55. 2018年1月 宮野 悟. AIによるがんの臨床シーケンス支援研究の現場から (招待講演). 第41回日本眼科手術学会学術総会. 国立京都国際会館.
56. 2018年12月 Satoru Miyano. Cancer Genomics and Clinical Sequencing - Revolutionizing the Precision - (Invited Talk). International Expert Working Group on Precision Medicine. Grand Hyatt New York.
57. 2018年12月 Johji Inazawa. Exploring novel cancer-related microRNAs and their diagnostic and therapeutic potentials in Personalized Cancer Medicine (PCM). 9th International Conference on Nutrition and Physical Activity “Food, Nutrition and Health; Intervention of Disease (Precision Cancer Medicine); Sport Health; Intestinal, Brain and Health; Personal Nutritional Program.” Hotel National, Taichung, Taiwan. 17/December/2018.
58. 2018年11月 Satoru Miyano. Perspective on the Genomic Medicine Based on the Integrated Computational Life Science (Keynote Lecture). 15th DIA Japan Annual Meeting 2018. Tokyo Big Sight.
59. 2018年10月 Satoru Miyano. Revolutionizing Cancer Genomic Medicine by IBM Watson and Supercomputer with Big Data (Invited Talk). The 1st Baodi Forum Medical Innovations in Health and Disease. Tianjin, China.
60. 2018年10月 Satoru Miyano. Current of Cancer Genomic Medicine (Invited Talk). BioJapan 2018. Pacifico Yokohama.
61. 2018年10月 Satoru Miyano. Accelerating Cancer Genomics by Supercomputer and AI (Invited Talk). AI and Precision Medicine, Asia University. Taichung, Taiwan.
62. 2018年 Seishi Ogawa, Interim analysis of 300 whole genomes of myeloid malignancies, KAW Conference on Normal & Malignant Hematopoiesis
63. 2018年 Seishi Ogawa, 3'-UTR disruption of PD-L1 in malignant lymphoma, Inaugural AACR International Meeting
64. 2017年9月 宮野 悟. 大規模データ解析によるがんの分子病態の理解 (招待講演). Molecular Cardiovascular Metabolic Conference. 神戸ベイシェラトンホテル&

- タワーズ.
65. 2017年9月 宮野 悟. 人工知能をもたらす新時代の医療診断支援 (招待講演). 第17回抗加齢医学の実際2017. 時事通信ホール. 東京都中央区銀座.
 66. 2017年9月 Satoru Miyano. Supercomputer Challenges for Cancer Genomics and TCR Data Analysis (Invited Talk). Cold Spring Harbor Asia conference on Precision Cancer Biology September 18-22, Suzhou, China.
 67. 2017年8月 宮野 悟. AI とスパコンが拓く新生命科学—その端緒 (招待講演). 平成29年度京都バイオ計測センターシンポジウム「データサイエンスの波がバイオの世界に—AI (人工知能) とバイオテクノロジーへの融合へ—」. 京都リサーチパーク.
 68. 2017年7月 宮野 悟. スパコンと人工知能でがんの臨床シーケンス支援を新ステージへ (招待講演). 京都大学大学院薬学研究科 医薬創成情報科学専攻 10周年記念シンポジウム. 京都大学大学院薬学研究科 医薬系総合研究棟 藤多記念ホール.
 69. 2017年7月 宮野 悟. 人工知能とスパコンで牽引するがんの臨床シーケンス研究～不可能に直面したとき人は進化する～ (招待講演). 第141回小児血液・腫瘍・免疫懇話会. ホテルメトロポリタンエドモント. 東京都千代田区飯田橋.
 70. 2017年7月 Satoru Miyano. Why AI is indispensable for biomedical research? – From a viewpoint of cancer genomic medicine (Keynote Lecture). The Inaugural Academia Sinica Data Science Frontiers Workshop in Taipei Auditorium, Institute of Information Science, Academia Sinica.
 71. 2017年6月 宮野 悟. 人工知能で拓く未来の医療 (招待講演). 第17回日本抗加齢医学会総会. 東京国際フォーラム.
 72. 2017年6月 宮野 悟. がんの医療と研究を進化させる人工知能とスパコン～不可能に直面したとき人は進化する～ (基調講演). 読売テクノ・フォーラム. 日本プレスセンター. 東京.
 73. 2017年6月 Satoru Miyano. Cancer Clinical Sequence with Genomon and Watson for Genomics Using Supercomputers (Invited Talk). International Conference on Precision Cancer Medicine. Akio Suzuki Memorial Hall, Tokyo Medical and Dental University.
 74. 2017年6月 Johji Inazawa. Exploring novel cancer-related microRNAs and their diagnostic and therapeutic potentials in Precision Cancer Medicine. International Conference for Precision Cancer Medicine 2017. Tokyo Medical and Dental University, Tokyo. 29/June/2017
 75. 2017年6月 Inoue J: Role of autophagy under L-asparaginase-induced metabolic stress in acute lymphoblastic leukemia cells. International Conference for Precision Cancer Medicine 2017. Tokyo Medical and Dental University, Tokyo. 29/June/2017
 76. 2017年5月 宮野 悟. 先端ゲノミクスによる癌の分子基盤の解明 (招待講演). 第226回生命科学フォーラム. 日本プレスセンター. 東京都千代田区.
 77. 2017年3月 宮野 悟. 薬剤応答ネットワークの探索 (招待講演). 脳とこころの研究センター ウィンタースクール. 名古屋大学医学研究科 鶴友会館.
 78. 2017年3月 宮野 悟. 東京大学医科学研究所におけるがん臨床シーケンス研究～IBM Watson とスパコンによる推進～ (招待講演). ダイバーシティ推進事業、スキルアップセミナー. 放射線医学研究所.

79. 2017年3月 宮野 悟. 先端ゲノミクスによる癌の分子基盤の解明 (小川誠司教授との共同研究) (招待講演). 上原賞受賞講演. 公益財団法人 上原記念生命科学財団.
80. 2017年3月 宮野 悟. IBM Watson のがんの個別化ゲノム医療研究への導入の背景・実践・課題 (招待講演). NII コグニティブ・イノベーションセンター第一回研究会. 丸の内永楽ビル 18 階, IBM 戦略共創センター.
81. 2017年3月 Satoru Miyano. Challenging Cancer Omics Big Data with Supercomputers. Computational Biology for Big Data: New Opportunities and Challenges (Invited Talk). Ming De Lecture Hall, 2nd Floor, Building A. Shanghai Information Center for Life Sciences (SICLS), CAS, 319 Yueyang Road, Shanghai, China.
82. 2017年3月 Satoru Miyano. Analyzing and Interpreting Cancer Big Data. NSF Big Data PI Meeting (Invited Talk). Omni Shoreham Hotel, Washington DC.
83. 2017年2月 Johji Inazawa. Autophagy, p62-NRF2-Keap1-ARE Pathway and Micro RNAs in Ovarian Cancer. The 4th Annual Meeting of the International Ovarian Cancer Consortium on Tumor Microenvironment and Drug Discovery. Seoul, Korea. 23-25/February/2017
84. 2017年12月 Johji Inazawa. Exploring novel cancer-related microRNAs and their diagnostic and therapeutic potentials in Precision Cancer Medicine (PCM). 8th International Conference on Nutrition and Physical Activity “Health, Beauty and Well-beings with Nutrition and Exercise.” The Empress International Convention Center, Chiang Mai, Thailand. 10-13/December/2017.
85. 2017年11月 Satoru Miyano. Challenges for Complexity of Cancer by Supercomputer - from Genomes to Networks (Invited Talk). The 48th International Symposium of The Princess Takamatsu Cancer Research Fund“Complexity in Cancer-host Crosstalk”. Palace Hotel Tokyo.
86. 2017年10月 Satoru Miyano. Challenging Big Cancer Sequence Data by Supercomputer and Artificial Intelligence (Invited Talk). “DNA sequencing technologies and their application in practice” ISTC Scientific Workshop. Ani Plaza Hotel, Yerevan, Armenia
87. 2017年 Takashi Takahashi, ROR1: An Achilles Heel of Lung Cancer, 24th Asia Pacific Cancer Conference
88. 2017年 Seishi Ogawa, The Aberrant Spliceosome Machinery, THE 14 th International SYMPOSIUM on MYELODYSPLASTIC SYNDROMES
89. 2017年 Seishi Ogawa, Aplastic anemia and clonal evolution: risk factors, International Meeting on Childhood MDS and SAA
90. 2017年 Seishi Ogawa, Aberrant RNA Splicing in splicing facto-mutated Myelodysplastic Syndromes, mRNA Processing and Human Disease
91. 2017年 Seishi Ogawa, A novel mechanism of cancer immune evasion via the disruption of PD-L1 3'-UTR, Cold Spring Harbor Conferences Asia on Precision Cancer Biology & Medicine
92. 2017年 Seishi Ogawa, A novel mechanism of cancer immune evasion via the disruption of PD-L1 3'-UTR, The Sixteenth Annual KICancer Retreat
93. 2017年 Seishi Ogawa, A novel mechanism of cancer immune evasion vis 3'-

- UTR disruption of PD-L1, the EMBL Cancer Genomics Conference 2017
94. 2017 年 Seishi Ogawa, A Novel Genetic Mechanism of Evading Anti-tumor Immunity In Multiple Human Cancers, 2017 AACR Annual Meeting
 95. 2016 年 9 月 宮野 悟. がん研究におけるスパコンと人工知能の利用 (招待講演). 第 53 回臨床研究センターセミナー. 国立病院機構名古屋医療センター.
 96. 2016 年 8 月 Satoru Miyano. Netxt-Generationn Cancer Research with Artificial Intelligence (Invited Talk). The 3rd Meeting of the International Ovarian Cancer Consortium in conjunction with the International Symposium on Tumor Microenvironment and Therapeutic Resistance. The Sheraton Hotel in Oklahoma City
 97. 2016年8月 Johji Inazawa. Identification of Novel Tumor-suppressor Micro-RNAs and Their Application for Cancer Diagnosis and Therapeutics. Third Annual Meeting of the International Ovarian Cancer Consortium in conjunction with International Symposium on Tumor Microenvironment and Therapy Resistance. Oklahoma City, USA. 28-30/August/2016
 98. 2016 年 7 月 Satoru Miyano. Cancer Clinical Sequence Research with IBM Watson (Invited Talk). The 19th Annual Meeting of Korean Urogynecology Society. Seoul National University Hospital, Korea.
 99. 2016 年 7 月 Johji Inazawa. Cancer Omics for Precision Medicine. 19th Annual Meeting of the Korean Urogynecologic Society. Soul, Korea. 2-3/July/2016
 100. 2016 年 6 月 宮野 悟. 人工知能とスパコンで加速するがんの臨床シーケンス研究 (基調講演). イルミナゲノムサミット 2016 「ゲノム情報で変わる未来」. 東京コンファレンスセンター. 品川.
 101. 2016 年 6 月 Satoru Miyano. Cancer Big Data Challenges with Supercomputers (Invited Talk). International Supercomputing Conference 2016. Frankfurt, Germany.
 102. 2016 年 5 月 宮野 悟. スパコンと人工知能が照らす明日の分子標的治療 (特別講演). 日本がん分子標的治療学会. ビーコンプラザ, 別府.
 103. 2016 年 5 月 宮野 悟. がんのシステム異常を暴き出す. 日本磁気学会第 4 回岩崎コンファレンス. 日立金属・高輪和彊館. 東京都港区高輪.
 104. 2016 年 3 月 Satoru Miyano. Mining Gene Networks in Cancer by Supercomputers (Keynote Lecture). Symposium of Biodynamical Systems. South University of Science and Technology of China, Shenzhen, China.
 105. 2016 年 2 月 Satoru Miyano. Analyzing Systems Disorders in Cancer with Supercomputers and Applications to Cancer Clinical Sequence at Institute of Medical Science (Invited Talk). Shanghai Institutes for Biological Sciences, Chinese Academy of Sciences. Shanghai, China.
 106. 2016 年 12 月 宮野 悟. 東京大学医科学研究所におけるがん臨床シーケンス研究 (招待講演). 日本オミックス医療学会シンポジウム「A I 創薬・A I 医療応用への挑戦～ A I はライフサイエンス分野で活躍できるのか～」. ソラシティーカンファレンスセンター 1 階 ルーム B. 東京.
 107. 2016 年 12 月 宮野 悟. AI の現状-未来の医療に向けて (招待講演). J S P S 主任研究者会議セミナー.
 108. 2016 年 11 月 宮野 悟. 人工知能とスパコンで推進するがんの個別化ゲノム医療 (招待講演). 千里ライフサイエンスフォーラム・2016 年度 11 月フォーラ

ム. 千里ライフサイエンスセンタービル.

109. 2016年11月 Satoru Miyano. Cancer Big Data Challenges (Invited Talk). The Computational Science Alliance of the University of Tokyo: 1st International Symposium on Research and Education of Computational Science. The Koshiba Hall, The University of Tokyo.
110. 2016年11月 Johji Inazawa. Autophagy, Nutrition and Cancer. Wellness Symposium with NAPA2016. Seoul National University, Korea. 3-5/Nov/2016
111. 2016年10月 Satoru Miyano. Understanding and Interpreting Cancer Big Data by Supercomputer and Artificial Intelligence (Keynote Lecture). IEEE 16th International Conference on BioInformatics and BioEngineering. The Splendor Hotel, Taichung, Taiwan.
112. 2016年 Seishi Ogawa, A Unique mechanism of cancer immune evasion. Sala Federica Monteleone QOL-ONE MDS and AML MEETING.
113. 2016年 Seishi Ogawa, Integrated molecular analysis of adult T-cell leukemia lymphoma, Tenth AACR-JCA Joint Conference on Breakthroughs in Cancer Research: From Biology to Therapeutics
114. 2016年 Seishi Ogawa, Integrated molecular analysis of adult T-cell leukemia/lymphoma, OOTR 12th & KBCCC 2016 Conference
115. 2016年 Seishi Ogawa, Epigenetic & Genetic Alterations/Clonal Evolution in Bone Marrow Failure, 5th TSH International Symposium
116. 2016年 Seishi Ogawa, Cohesin mutations and their functional implications, 第21回欧州血液学会
117. 2016年 Seishi Ogawa, Aplastic anemia and preleukemia, 2016 Justen Passwell Symposium
118. 2016年 Seishi Ogawa, A Novel Genetic Mechanism of Evading Anti-tumor Immunity in Multiple Human Cancers, The 1st Meeting of Taiwan YLH Symposium series
119. 2015年9月 宮野 悟. 『私の』がんゲノム情報を解釈してどのように『私の』がんの予防と医療に取り込むかー未来はここに. 神奈川県 ドイツ・バーデン・ビュルテンベルク州ヘルスケアワークショップ. 横浜シンポジウム.
120. 2015年9月 Satoru Miyano. Unraveling cancer heterogeneity with supercomputer (Invited Talk). Symposium “Biosupercomputing opened by next-generation supercomputer post-K”. The 53rd Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan. Kanazawa University
121. 2015年9月 Satoru Miyano. Boosting Systems Understanding of Cancer in New Dimension by Supercomputers (Invited Talk). SIMS Inauguration Symposium. Soochunhyang Institute of Medi-bio Science, Soochunhyang University, Cheonan 31151, South Korea.
122. 2015年8月 Satoru Miyano. Boosting Systems Understanding of Cancer into Another Dimension (Invited Talk). QBIC Symposium 2015 “High-Dimensional Data for the Design Principles of Life”. RIKEN Quantitative Biology Center (QBIC), Osaka.
123. 2015年8月 Satoru Miyano. Analyzing Cancer Gene Networks with Supercomputers (Invited Talk). The 2nd Annual Meeting of the International Ovarian Cancer Consortium and the Symposium on Tumor Microenvironment and Therapy Resistance, Samis Center, The Oklahoma University, Oklahoma City.

124. 2015年8月 Johji Inazawa. High expression of SQSTM1/p62 protein is associated with poor prognosis in epithelial ovarian cancer. 2015. Second Annual Meeting of the International Ovarian Cancer Consortium in conjunction with International Symposium on Tumor Microenvironment and Therapy Resistance. Oklahoma City, USA. 17-18/August/2015
125. 2015年7月 Satoru Miyano. Supercomputers for Cancer Research and Cancer Big Data (Keynote Lecture. 4th IIAI International Congress on Advanced Applied Informatics (IIAI AAI 2015). Okayama Convention Center, Okayama.
126. 2015年6月 Satoru Miyano. Analyzing Cancer Gene Networks with Supercomputers (Invited Talk). The 34th Sapporo International Cancer Symposium. Ryton Sapporo, Sapporo.
127. 2015年4月 Johji Inazawa. Function-based screening of cancer-related miRNAs. 2015 SNUCRI Cancer Symposium. Hwasun Kunho Resort, Korea. 3/April/2015
128. 2015年12月 Satoru Miyano. Boosting Systems Understanding of Cancer in New Dimension by Supercomputers (Invited Talk). The 2015 CSHA/AACR Joint Conference "Big Data, Computation and Systems Biology in Cancer". Suzhou, China.
129. 2015年12月 Johji Inazawa. Function-based screening of cancer-related miRNAs. The 20th Japan-Korea Cancer Research Workshop. Tokyo. 1/Dec/2015
130. 2015年11月 Satoru Miyano. Cancer Genomes and Clinical Sequence (Keynote Lecture). Princess Al Jawhara Center for Molecular Medicine: The 9th Scientific Conference "Towards Bahrain Genome Project: Building on International Experiences". Bahrain.
131. 2015年10月 宮野 悟. スーパーコンピュータが暴き出したがんのシステム異常 (基調講演). 日本癌治療学会「バイオインフォマテイクス実践講座」. 国立京都国際会館.
132. 2015年10月 宮野 悟. ゲノム個別化医療は医療費を削減できるか (招待講演). 日本癌治療学会・パネル・ディスカッション「ゲノム解析に基づくがん治療個別化の時代を迎えて」. 国立京都国際会館.
133. 2015年10月 宮野 悟. ゲノムとビッグデーターがん研究の視点からー (特別講演). 「進展するがんゲノミクス・エピゲノミクス研究」. 日本人類遺伝学会第60回大会. 京王プラザホテル.
134. 2015年 Seishi Ogawa, Molecular profiling of MDS, the 56th Autumn Meeting of the Korean Society of Hematology
135. 2015年 Seishi Ogawa, Integrated molecular analysis of adult T-cell leukemia lymphoma, Tenth AACR-JCA Joint Conference on Breakthroughs in Cancer Research: From Biology to Therapeutics
136. 2015年 Seishi Ogawa, Clonal Hematopoiesis and somatic mutations in Aplastic Anemia, the 56th Autumn Meeting of the Korean Society of Hematology

【公募研究代表者による発表】

137. 2020年 大澤 毅. Integrative Nutriomics Approach for understanding Cancer and Metabolism. International Conference on Cancer Systems Biology Beyond
138. 2019年年 大澤 毅. がん細胞におけるグルタミン欠乏適応機構の解明.

第7回がんと代謝研究会

139. 2019年9月 Hiroshi Harada. A link between HIF-1 and defect in p53 under hypoxic stress. Core Symposium 1: Microenvironmental Stress, The 78th Annual Meeting of Japanese Cancer Association. Kyoto. Sep. 26. 2019.
140. 2019年8月 Hiroshi Harada. Radioresistance of hypoxic tumor cells; Lessons from hypoxia& HIF-1 biology and beyond. The 16th International Congress of Radiation Research 2019 (ICRR2019). Manchester, UK. Aug 25-29. 2019.
141. 2019年3月 西塚 哲. Genomic and proteomic evaluation in post-therapeutic gastrointestinal cancer relapse. 第8回国際逆相タンパクアレイワークショップ, 2019年3月24-25日, 東京
142. 2019年12月 Hiroshi Harada. A link between activation of HIF-1 and defect in p53 in malignant progression of cancers. International Seminar on Stress Medicine and Precision Healthcare; from Hypoxia and DNA Damage Response to Therapeutic Intervention. National Taiwan University. Taipei. Dec 30, 2019.
143. 2019年11月 Hiroshi Harada. Radioresistance of hypoxic tumor cells; Lessons from hypoxia and HIF-1 biology. The 3rd isRTB. Suzhou, China. Nov. 28, 2019.
144. 2019年10月 Yoshio Miki. BRCA1 and BRCA2 responsible for HBOC: molecular mechanisms and clinical impact in cancer therapy. 6th Annual Meeting, DEL COLEGIO MEXICANO PARA LA INVESTIGACION DEL CANCER
145. 2019年10月 Yoshio Miki. BRCA1 and BRCA2 responsible for HBOC: molecular mechanisms and clinical impact in cancer therapy. Academic Session, National Institute of Genomic Medicine, Mexico
146. 2019年10月 Hiroshi Harada. Tumor hypoxia; its influences on malignant progression and therapy resistance of cancer cells. Special Seminar in Kobe University Graduate School of Medicine. Kobe. Oct. 9, 2019.
147. 2019年 浜本隆二. Application of A.I. in Cancer Research. The 2nd Korea-China-Japan Cancer Control Workshop
148. 2019年 浜本隆二. AIの医療応用: Precision Medicine時代におけるAI研究. 台日AI・IoTの活用によるスマート・ホスピタル・医療産業の展開シンポジウム
149. 2019年 大澤 毅. Tumor progression though amino acids metabolic shift. The 78th Annual Meeting of the Japanese Cancer Association
150. 2019年 大澤 毅. Integrative understanding and control of biological phenomena through specio-temporal omics. The 92nd Annual Meeting of the Japanese Biochemical Society
151. 2019年 大澤 毅. Information and life science fusion brings innovation-To break through the limits of omics analysis. The 42nd Annual Meeting of the Molecular Biology Society of Japan
152. 2019年 大澤 毅. Adaptation of Cancer cells against amino acid deprivation to promote tumor progression. 2019 Spring International Convention of The Pharmaceutical Society of Korea
153. 2019年 Matsui Y. Toward Achieving Precision Health Driven by Biomedical Informatics with Data Science. DSSV2019.

154. 2018 年 8 月 Hiroshi Harada. Radioresistance of hypoxic tumor cells. Radiation Biology School, Hokkaido Summer Institute 2018. Hokkaido. Aug. 3. 2018.
155. 2018 年 6 月 Hiroshi Harada. HIF-1 and tumor progression. The 24th Conference of International Union of Biochemistry and Molecular Biology. Seoul. Jun. 10. 2018.
156. 2018 年 2 月 Hiroshi Harada. Hypoxia microenvironments in malignant solid tumors. International mini-symposium on organs under stress. CiRA, Kyoto. Feb. 16. 2018.
157. 2018 年 12 月 Hiroshi Harada. Functions of HIF-1 in tumor hypoxia and beyond. Bio-group Symposium2018. Taipei. Dec. 23. 2018.
158. 2018 年 11 月 Shinichi Yachida, Comprehensive genomic analysis of rare gastroenterological cancers, The Forty-ninth International Symposium of The Process Takamatsu Cancer Research Fund, November 6 2018, Tokyo
159. 2018 年,大澤毅, Glutamine Deprivation Promotes Tumor Progression through Down-regulation of PCYT2, コールドスプリングハーバーミーティング
160. 2018 年 片岡圭亮. T 細胞リンパ腫における遺伝子異常. 第 49 回高松宮妃癌研究基金国際シンポジウム
161. 2018 年 浜本隆二. Utilization of AI in Oncology An Example at NCH of Japan [Keynote Speaker from Japan], 6th US – Japan Clinical Trials in Oncology Workshop
162. 2018 年 大澤毅. Comprehensive Nutriomics Approach Reveals Mechanism of Tumor Aggressiveness, 16th Korea-Japan Joint Symposium on Vascular Biology
163. 2018 年 大澤 毅. ニュートリオミクスでがん悪性化機構を解き明かす. 第 4 1 回日本分子生物学会
164. 2018 年 大澤 毅. アミノ酸飢餓における代謝変動ががんの悪性化に寄与する. 第 7 7 回日本癌学会学術大会
165. 2018 年 大澤 毅. Glutamine Deprivation Promotes Tumor Progression through Down-regulation of PCYT2. 第 11 回 JCA-AACR Joint Conference
166. 2018 年 三森功士. Evolution of Colorectal Cancer via Genomic Alterations Hampering the Tumor Immune Responses. The 33rd Nagoya International Cancer Treatment Symposium.
167. 2018 年 三森功士. 大腸癌がんから進行がんとなり難治性を呈するまでの新たな大腸がんモデル. 公益財団法人高松宮妃癌研究基金 第 49 回国際シンポジウム.
168. 2017 年 9 月 西塚 哲. Microbiota and Chemotherapy: A Downstream Finding of RPPA Biomarker Screening. 第 7 回国際逆相タンパクアレイワークショップ, 2017 年 9 月 14-16 日, マラハイド, アイルランド
169. 2017 年 7 月 永瀬浩喜. 新規抗がん剤の開発について (招待講演). 中国河北医科大学第四病院講演会 中国 河北医科大学第四病院. 2017/7/11,海外
170. 2017 年 6 月 Hiroshi Harada. Tumor hypoxia; an imaging and therapeutic target of interest for innovative radiation therapy. The 3rd Bordeaux-Kyoto Symposium. Bordeaux. Jun. 29. 2017.
171. 2017 年 2 月 Pyrrole-imidazole polyamide conjugates targeting the cancer genome, 口演、永瀬浩喜, 平成 28 年度日本大学学部連携研究推進シンポジウム新規バイオ

- 医療ピロール・イミダゾール (P I) ポリアミドの創薬開発国際シンポジウム,
東京都千代田区, 2017/02/24
172. 2017年12月 永瀬浩喜. がんのアキレス腱を標的に KRAS 変異標的配列特異的アルキル化. 第22回がん研究会 国際がん化学療法シンポジウム. 東京都江東区未来館ホール 2017/12/13
173. 2017年10月 Hiroshi Harada. How can we overcome tumor radioresistance; lessons from hypoxia biology. The 1st China-Japan Int'l Joint Symposium on 4Rs. China. Oct.31. 2017.
174. 2017年 大澤 毅. ニュートリオミクスから迫るがんの病態解明と治療戦略. ConBio2017. 兵庫
175. 2017年 大澤 毅. がん代謝と血管生物学の融合を目指して. 第3回血管生物若手研究会. 兵庫
176. 2017年 大澤 毅 . Down-regulation of PE Synthesis promotes tumor progression under starvation. 第76回日本癌学会学術総会. 神奈川
177. 2017年 Matsui Y, Miyano S, and Shimamura T. Classification of tree-valued data and its application to cancer evolutionary trees. IFCS2017
178. 2016年9月 西塚 哲. 「Profiling Drug-Tolerant Cancer Cell Subpopulations using RPPA (Ulrike Korf Memorial Lecture)」第6回国際逆相タンパクアレイワークショップ, 2016年9月25-27日, チュービンゲン, ドイツ
179. 2016年9月 Hiroshi Harada. Function of the UCHL1-HIF-1 Axis in Distant Metastasis and Radioresistance of Cancer Cells. International Symposium of Radiation Biology Center, Kyoto University 2016. Kyoto. Sep. 1-2. 2016.
180. 2016年9月 Hiroki Nagase, Atsushi Takatori Takayoshi Watanabe, Nobuko Koshikawa, Kiriko Hiraoka, Takahiro Inoue, Hiroyuki Yoda, Jason Lin, Yoshinao Shinozaki Krishnamurthy Sakthisri, Nina Matsuo, Asuka Hattori Pyrrole-Imidazole polyamide conjugates targeting the cancer genome. 第89回日本生化学会 異分野融合によるがん分子標的薬開発シンポジウム. 2016年9月25~27日. 仙台
181. 2016年6月 Hiroshi Harada. Radioresistance of Cancer Cells; Lessons from HIF-1 Biology. Annual Meeting of Association for Radiation Research 2016. Leicester. UK. Jun 27-29. 2016.
182. 2016年4月 永瀬浩喜. Target epigenetic regulation using Pyrrole-Imidazole polyamide conjugates (招待口演). カリフォルニア工科大学 学術講演, アメリカ・カリフォルニア 2016/04/15
183. 2016年4月 Hiroshi Harada. Tumor Hypoxia; a Potent Inducer of Malignant Phenotypes and Radioresistance of Cancer Cells. The 2nd KU RBC-CEA Joint Workshop. Kyoto. Apr 11-12. 2016.
184. 2016年1月 Hiroshi Harada. Tumor Hypoxia; a Potent Inducer of Tumor Malignant Phenotypes. International Symposium@ The 4th Military Medical University. Xi'an. China. Jan. 7. 2016.
185. 2016年 大澤 毅. 腫瘍微小環境から捉えたがんの代謝戦略. 第4回がんと代謝研究会. 鹿児島
186. 2016年 大澤 毅. 栄養飢餓におけるがんのトランスメタボロミクス 第39回日本分子生物学会. 神奈川

187. 2016年 大澤 毅. マルチオムクスが解き明かす腫瘍微小環境とがん代謝. 第 89 回日本生化学会大会. 宮城
188. 2016年 大澤 毅. がん微小環境と代謝エピエノム制御の研究. 第 25 回日本がん転移学会. 鳥取
189. 2016年 大澤 毅. Phosphoethanolamine Stimulates Cancer Cell Tolerance against Nutrient Starvation through Alteration of PE Biosynthesis. 神奈川

【図書】

1. 宮野悟, 片岡圭亮, 高島響子. 「新次元の「がんゲノム医療」とゆるる私たちの個人情報へのまなざし (Miraikan トークス)». 集英社. (Kindle 版). 2020年7月31日. 2MB
2. 宮野悟, 山口類, 中田はる佳. 「どう変わる? がんとの向き合い方 人とAIでひらく新たな医療 (Miraikan トークス)」 (集英社 e 選書トークス) (Kindle 版). 2020年09月25日. 3MB
3. 丸祐一, 第8章 権利の本質と価値. J・ファインバーグ 著、嶋津格、飯田亘之 監訳「倫理学と法学の架橋: ファインバーグ論文選」東信堂, 2018年. ページ数: 544
4. 井上悠輔, 一家綱邦 編著. 船橋亜希子. 「医学研究・臨床試験の倫理 わが国の事例に学ぶ」日本評論社, 2018年. ページ数: 352
5. 井上悠輔, 船橋亜希子. 井上担当: 「移植医療」、「移植コーディネーター」、「遺伝子変異」、「ジェネリック」、「世界保健機関」、「ヘルシンキ宣言」、船橋担当: 「DNA型鑑定」. 甲斐克則 編「医事法辞典」信山社出版, 2018年. pp.73-87.
6. 高島響子, 武藤香織. 第7章 3. ゲノムシーケンス解析の臨床応用における倫理的配慮. 松本 直通、難波 栄二、古川 洋一 編「遺伝子医学MOOK34号「臨床応用に向けた疾患シーケンス解析」メディカルドゥ, 2018年. ページ数: 228
7. 高島響子. 網羅的ゲノム解析時代における倫理的法的社会的課題—遺伝情報に基づく差別に対する諸外国の法的規制の動向」櫻井晃洋 編「viva 遺伝子医学MOOK 別冊シリーズ: 最新遺伝医学研究と遺伝カウンセリング シリーズ3 最新多因子遺伝性疾患研究と遺伝カウンセリング」メディカルドゥ, 2018年. ページ数: 300
8. 武藤香織. 第11章 臨床研究への患者・市民参画政策の黎明期に —「経験ある被験者」の貢献を考える—. 公益財団法人 医療科学研究所 監修「徹底研究「治験」と「臨床」: 運用の視点・患者の視点で読み解く」法研, 2018年. pp.249-268.
9. 武藤香織. 第5章 ヒトゲノム解析と医療への応用をめぐる倫理的課題. 塚田敬義・前田和彦編著「改訂版 生命倫理・医事法」医療科学社, 2018年2月. Pp.73-88.
10. 武藤香織. II章 4.日本の保健医療政策—遺伝医療からゲノム医療, 5.遺伝/ゲノム医療と倫理的な配慮—「自分ごと」として考える未来に向けて. 有森直子, 溝口満子 編著「遺伝/ゲノム看護」医歯薬出版, 2018年2月. pp.30-46.
11. 神里彩子, 武藤香織 編. 「医学・生命科学の研究倫理ハンドブック (第3刷)」東京大学出版会, 2018年. ページ数: 192

12. 船橋亜希子. 伊藤文夫(編集代表)「人身損害賠償法の理論と実際」保険毎日新聞社, 2018年. ページ数: 632
13. 武藤香織. 第5章ヒトゲノム解析と医療への応用をめぐる倫理的課題. 塚田敬義・前田和彦編著「改訂版 生命倫理・医事法」医療科学社, 2015年. pp. 67-79.

5. 研究成果

【研究領域の目的及び概要】

1) **研究の学術的背景**：新学術領域研究「システムがん」(システムの統合理解に基づくがんの最先端診断、予防、治療法の開発)(領域番号:4201、領域代表:宮野 悟、2010～2014 年度)では、がんオミクス研究にスーパーコンピュータを駆使した数理/統計モデリングやデータ解析の手法を融合させることで、がん研究を大きく加速し、規模を拡大し、がん研究の歴史に画期的成果を出した。しかし、次世代シーケンサー等の急速な発展と共に、**同種類のがん検体だけでなく、一人の患者の同じがん組織内においても想像を超えたがんの多様性が見いだされ、がんのシステム異常の複雑さの本態が見えてくるにつれ、がんの発生、進展過程、診断、予防、治療戦略などについて、従来の考えを変え、本領域の提案となった。**

がんの複雑性のシステムの理解を目指した新次元の統合的研究



前「システムがん」では、ヒトゲノム解析センターのスーパーコンピュータを巧みに使い、高精度のゲノムシーケンスデータ解析システムや高並列化遺伝子ネットワーク解析ソフトウェアなど、システムの解析及びシーケンスデータ解析環境を世界トップレベルで構築した。そのシステムは国際がんゲノムコンソーシアム(ICGC)に多大の貢献をすることとなった。そして、これまでの小サンプル・既知の少数分子を対象に、増殖、浸潤、転移、薬剤耐性などのがんの特性を個々独立の現象として見ながら、がんの分子病態の一部を垣間見る研究を、俯瞰的にがんをシステムとして捉える研究へと一変させた。その結果、骨髄異形成症候群(MDS)におけるRNAスプライシング変異が同定された

(Yoshida et al. Nature, 2011)。これは世界で長年不明であった MDS の原因遺伝子を初めて発見したという意義だけでなく「RNA スプライシング」という DNA から mRNA が作られるプロセスの異常が、がんの発症に関わることを示した世界で初めてのもので、がん研究の歴史に刻まれる発見となった。その後の一連の研究は世界を圧倒した。また、システムがんでは、マイクロ RNA を含む大規模遺伝子ネットワーク推定法が威力を発揮した。マイクロ RNA の果たす役割の全貌解明には、マイクロ RNA と標的遺伝子の一對一対応関係の解明では不十分であり、遺伝子制御ネットワーク全体を俯瞰するシステム生物学的なアプローチによる研究が必須であるという知見があった。そこで、非線形ベイジアンネットワーク法でマイクロ RNA と転写因子からなる肺がんの遺伝子ネットワークをスーパーコンピュータで推定し、再発・死亡と優位に関連する 14 個の部分ネットワークとそのハブ遺伝子を見出し、さらに肺腺がんの予後の良・不良のスイッチを入れる新規のマイクロ RNA とともに、そのサバイバルシグナルを送り出すメカニズムの解明、すなわち肺がんのアキレス腱の発見にシステム的方法論威力を発揮した(Arima et al. Carcinogenesis, 2014; Yamaguchi et al. Cancer Cell, 2013)。

がんの俯瞰的なシステムの理解は飛躍的に進んだが、同時に次の挑戦的課題が立ち上がった。

1. 個体レベルまた同一個体内における驚くべき腫瘍内多様性が明らかに、浸潤・転移能・治療抵抗性獲得をもたらすがんゲノムの進化の仕組みを究明し、ドライバー変異の多様性や胚細胞変異が体細胞性変異のクローン選択に及ぼす効果を解明すること、並びに、個体内に存在するモザイク性による多層的な遺伝学的多様性と発がんとの関連性を究明することが喫緊の課題となった。
2. 当時、ロングノンコーディング RNA (lncRNA) についてはごく少数のものしか手をつけるすべがない状態であった。lncRNA は、ゲノム領域の 70% 以上から転写されている。それらが、がんの病態にどのようにシステム的に関わっているか解明するという巨大な未踏の領域が眼前に現れた。
3. がんの悪性度について、細胞や個体の時間的・空間的多様性を考慮して、がんの細胞文脈のシステムの統合理解を図ることが、がん診断と攻略には必須であることが見えてきた。
4. 大規模データを解析し、数理モデリングや遺伝統計解析などにより全体像を様々な観点から俯瞰する技術は京を含むスーパーコンピュータ上で磨きあげられているものの、そこから 1~3 の解明と攻略に向けて的確に目標地点へと、データ解析結果や知識情報に基づいて誘導する技術の欠如が前進を阻んでおり、その解決が急務となった。実際、これまでの成功例は優れたがん研究者の洞察が誘導したものであり、結果として一部の俯瞰情報しか使えていなかった。加えて、がん関連ビッグデータが誕生し、多様性をもったがんの病態の原因を探し出すことは人智・人力を越える世界に放り込まれてしまっていた。
5. ほぼほとんどの人が人生の中でがん直面する。最先端のがん研究が、がんの予防や治療後の予後に明確に影響することが明らかとなり、ビッグデータ

がもたらす未だ遭遇していない社会的課題も含め、システムがん研究は ELSI 研究とともに行うべき領域であるとの考えに至った。

2) 対象とする学問分野、及び本領域の重要性・発展性

本「システム癌新次元」は、がん研究として、がんの多様性・進化、ノンコーディング RNA、がん細胞文脈という概念でシステムの統合理解を深化させる基礎研究分野として計画した。その推進の鍵は、スーパーコンピュータを大規模に活用することではじめて実現できる数理モデリング・大規模データ解析、遺伝統計解析などの数理的方法論で一貫している。しかし、スーパーコンピュータの能力の増大とデータの超大規模化により俯瞰情報は広大になり、目標地点を見出して相互にシャトルする技術的・科学的すべがあまりなく、上述の例のように人智・人力を超えたものとなっている。そのため、本領域の格段の発展・飛躍的な展開を目指すために、人工知能分野で開発され現在、様々な社会領域で注目されている IBM Watson が実装している Cognitive Computing などの革新的情報技術を新たにがん研究に融合し、がんの全体象を把握した上で、その細部へと自在にシャトルする術を獲得することである。

この5年間のうちに世界においてシステムがん的な研究が広く行われるようになり、我が国においてがん・数理情報・スパコンを融合したシステムがん領域が立ち上がったことは、タイムリーかつ適切な判断であった。**本領域の独創性は、そのボトルネックを、ビッグデータ活用と Cognitive Computing などの革新的な技術導入とスーパーコンピュータのさらなる大規模化により解決し、がん ELSI 研究を構築・融合することでシステムがんを新次元にもっていくことである。**そのための準備・調査も十分に行って本計画を立案したが、米国等での開発はまだ初期の段階にあり、人工知能に関しては緊急に取り組みねばならない応用技術であることを確信した。さらに、ELSI 研究は、米国で 1990 年に国際ヒトゲノム計画が開始された当初、成果の応用をめぐる中長期的な諸問題を議論するため、新たに学際的な研究領域として開始された。しかし日本においては 2000 年代には研究倫理支援業務と同一視されるなど、学問領域としての人材の育成にも遅れをとっている。ゲノム研究の国際的趨勢から極めて重要であるがまだ我が国には育っていない学問領域としてのがん ELSI 研究を本領域の中で構築することで、本領域の国際的優位性を確立できると考えた。

3) 研究期間終了後に期待される成果等、及び過去に新学術領域研究として採択された研究領域

ゲノム・ノンコーディング RNA・細胞文脈をとおしたがんの多様性と複雑さのシステムの理解が、その方法論とともに格段に進歩する。がんの多様性と複雑性の基礎研究を踏まえ、がんの未病状態、予防、超早期／高精度診断、治療戦略、治療耐性の回避、既存薬再配置、がんのクリニカルシーケンスの基盤、創薬概念に革新を引き起こすことが強く期待される。同時に、社会全体として必要な情報インフラ（クラウドコンピューティングや Cognitive Computing/Environment など）の整備の範囲と必要性が明確になる。学問領域としてのがん ELSI 研究の構築をとおしたデータシェアリングは患者参加型の研究・医療開発・創薬を推進し、ビッグデータの収集と活用に画期的な道筋を作るという期待があり、社会的に大きな意

義がある。生命科学全体にも強い影響がきたいできると考えている。前**システムがんは、中間評価、最終評価共に A+の評価**をあたえられた。

4) 基本的な研究戦略

がんビッグデータの活用も含め、がんのシステム統御からの逸脱を大規模かつ精緻に俯瞰する術を獲得し、ヒトのあらゆる個々の部位（遺伝子やパスウェイなど。以下、局所）に自在にシャトルしつつ解明し攻略するために、次の二つの研究項目（A01, A02）及び公募研究を融合させて推進する。

【A01】がんのシステムの統合理解の新展開

大規模オミクスデータとフェノームデータに基づき、がんゲノムを疾患単位やヒト集団として捉える「全ゲノム・ヒト集団の俯瞰的な研究」と、がんゲノムの機能的理解を目指す「ゲノムの局所に関わる研究」は、ゲノム解析の革新とスーパーコンピュータにより近接し、その両者をシステムの的に統合解析していくことで、がんのシステムの統御からの逸脱に関する理解を深化させる。計画研究では、がんの細胞文脈、進化と多様性、ノンコーディング RNA に絞り、がんを時空間・位相的に解析することで、予防・早期診断・治療・治療耐性の革新を目指す。

【A02】がんビッグデータ — 情報解析の革新と ELSI

大規模なスーパーコンピュータ活用による数理モデリング・データ解析・遺伝統計学・疫学などの数理的手法などをがんビッグデータ等に邂逅させるとともに、Cognitive Computing などの新たな革新的情報技術を導入することにより、シャトルしながら行うがんのシステムの理解の方法を格段に飛躍させる。また、ゲノム解析の革新により個々人の全ゲノムへのアクセスが可能になり、またモザイク状態の細胞系の遺伝子変異や未病状態の個体の造血幹細胞に加齢により蓄積していく変異の全貌が見えてくる。そのため、がん研究とその成果の応用について、新たながん領域の ELSI（倫理的法的社会的課題）研究を構築し、がん研究との融合と整合を図り、急激に進歩するがんビッグデータ社会に臨む。

【公募研究】A01 では、計画研究でカバーしきれない、もしくは補完する課題について、A02 では革新的情報技術や数理的方法論を導入したがん研究、及びがん ELSI 研究を深める研究を導入する。公募研究は、がん研究者、システム生物学を始めとするバイオインフォマティクス研究者、及び ELSI 研究者の共同研究を促進するために活用し領域を深化・発展させる。

【研究目的の達成度及び主な成果】

(1) 領域設定期間内に何をどこまで明らかにしようとし、どの程度達成できたかを以下に説明する。

本領域は2つの研究項目【A01】と【A02】を近未来に対して定義し、過去の研究パラダイムの延長線から飛翔し、がんに限らず生命科学を新たな次元へと昇華させようという強い意志をもった我が国のトップランナー達の計画研究へ参加を得て、想定を遥かに超える科学的成果を創出し世界を驚愕させた。

なかでも、小川等による、一見正常に見える食道組織は、加齢に伴いがん遺伝子の変異を獲得した細胞で再構築され、70歳を超える高齢者では、全食道面積

の40%から80%が、こうしたがん遺伝子の変異をもった細胞で置き換わっているという「加齢に伴う正常組織の遺伝子異常とがん化のメカニズムの解明」(*Nature* 2019)は、その重要性から *Nature* に解説記事が同時に出版されたほどに重要視された。また、再生不良性貧血の寛解後、12年を経てまるで歴史における民族の興亡のように、クローンが進化し骨髄異形成症候群へ移行する発見(*N Eng J Med* 2015)は、人がいつからがんといえるかについて社会的な課題を提示することにもなった。さらに潰瘍性大腸炎による上皮再構築メカニズムと発がんとの関係を解明では IL-17 シグナル経路に変異を獲得した上皮細胞は発がん過程で陰性に選択されるという成果(*Nature* 2020)も、今後のがん研究だけでなく他の生命科学へ強烈なインパクトを与えた。こうした研究は、ゲノムデータ解析パイプライン Genomon とスーパーコンピュータを駆使するなかで、超人的な研究者達の努力の成果といえる。また、2015年の研究開始当時、世界最高レベルであった人工知能技術を(計画段階では Cognitive Computing と呼んでいた)を研究開始時点で北米を除いて初めて導入し、がん研究への融合に挑戦した。自然言語処理とビッグデータ解析を得意とする Watson for Genomics は、がんゲノム研究の様々な場面で活躍し、また課題を提示することで人工知能活用により多くの知見をもたらし、その社会的な影響力は極めて大きかった。

ロングノンコーディング RNA(lncRNA)への挑戦は、文部科学省「京」コンピュータプロジェクトの協力を得て、まさにこの「京」を駆使することで初めて得られた発見となった。iPS 細胞で有名ながん遺伝子 MYC(iPS 細胞構築では c-MYC を導入)は1982年に発見されて以後、2万7千を超える論文が発表され、MYC を操っていることが知られている遺伝子は数千に及んでいる。しかし、MYC が様々な細胞でどのように遺伝子群を制御・調整しているかは38年の間ミステリーであった。高橋等は、宮野のチームの島村とともに「京」コンピュータ用の GIMLET という数理的方法を開発し、7,988の遺伝子ネットワーク(それぞれのネットワークは約8,000の遺伝子からなる)と数万あると考えられていた lncRNA をあわせて解析することにより、MYC を制御する lncRNAMYMLR(高橋命名)を見出した。その後、生物学的に検証され、MYC を制御する初めての lncRNA の発見となった(*EMBO J* 2019)。その後の躍進は本領域を象徴する成果を次々に生み出すことになった。

がんの細胞文脈のシステムの統合理解は、公募研究においても後に触れるように複数の優れた研究があった。がん細胞代謝ネットワークは、各患者によって異なっている。2,565種類の miRNA を用いたスクリーニング法を開発し、その結果、ストレス応答性転写因子 NRF2 を標的にするマイクロ RNA miR-634 を同定した。そして、この miR-634 を導入した核酸軟膏製剤化にも成功した。まさに、「塗るだけで癌が消える!? 癌が治る?!」ことが実現できる可能性が見いだした。こうした研究には、岡田及び宮野のチームが協力してきた。

がんの理解が進むとともに、人工知能、がん、を含めた ELSI(倫理的・法的・社会的課題)研究を武藤は、計画研究、及び公募研究の研究者、さらには本領域外の研究者とのなかで構築してきた。論文としてまとめられた成果は今後の ELSI 研究の礎となるものと考えている。アウトリーチ活動の紙面はないが、2016年10月、米 IBM の最大イベントがラス・ベガスで催されたときには、CEO Ginni Rometty のキーノートセッションに GM CEO Mary Barra とともに領域代表者が呼ばれ、その成果について2万人の聴衆のもとで対談した(40万人に配信)。その後の挑戦は我が国の科学・社会・政治・国家戦略へ大きな影響を与え、2020年の現在、世界レベルでは、人工知能とがん、COVID-19、さらには生命科学研究とは切り離せないものとして認識されることとなった。そこでは ELSI の基礎研究が重要な役割を果たしたことは特筆に値する。【A01】と【A02】は相互に深く

共同して研究が行われたことは言うまでもない（【研究組織の連携体制】を参照のこと）。

（2）研究項目ごとに計画研究・公募研究の順で記載する。

【計画研究 A01：がんのシステムの統合理解の新展開】

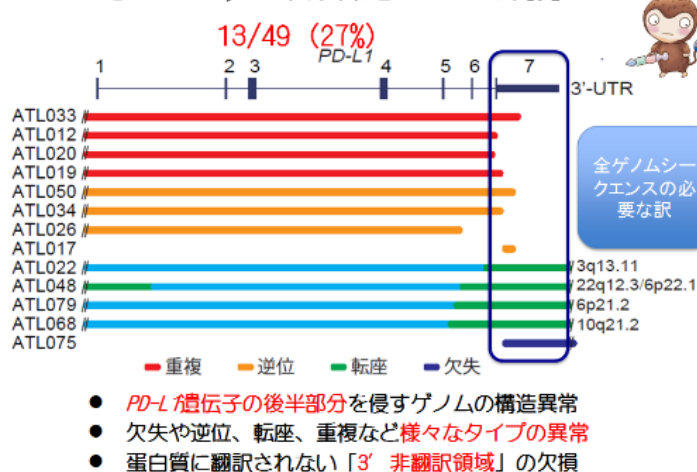
【A01-1】稲澤譲治：がん細胞文脈のシステムの統合理解による新たながん診断・治療概念の確立

ヒトマイクロ RNA (miR) の 95% をカバーする 2,565 種類の miR ライブラリーの cell-based assay により新規癌関連 miR 候補をスクリーニングし、機能検証を経て *miR-634*、*miR-3140*、*miR-1293-3p* などの miR 核酸抗がん薬の候補となるがん抑制型 miR を含む 25 種類のがん関連 miR を同定した。なかでも *miR-634* は、上述のとおりであり (*Cancer Res.* 2015、特願 2018-094747、欧州特許取得)。*miR-634* 核酸軟膏製剤を開発し、マウス皮膚化学発癌モデルやヒト皮膚癌細胞株 A431 のマウス皮下 Xenograft を対象に皮膚塗布による経皮的投与で顕著な腫瘍抑制効果を認めた (論文投稿中)。さらに、独自開発の DDS 化による *miR-634*-LNP 製剤を開発し全身投与での顕著な抗腫瘍効果を確認した (*Mol Ther-NA* 2019)。岐阜大学動物病院において既存治療不応ペット犬の自然発症 StageIV 進行性メラノーマを対象に *miR-634* 核酸製剤腫瘍内局所注射投与方法による犬臨床試験 (10 例) を行い、うち 2 例で部分奏効 (PR) を認めた。一例では、顕著な腫瘍退縮効果により、治療開始後 18 か月を経た現在も全身状態良好であり有害事象も認めない。StageIV 犬メラノーマの 50% 生存は 3 か月であることから、*miR-634* 核酸抗がん薬局所投与の効果が中動物・犬自然発症癌において検証されたといえる。これにより、*miR-634* 核酸抗がん薬の霊長類による前臨床試験および First-in-human 試験実施に向けての概念実証 (POC) が得られた。同様に、MYC を含む癌遺伝子の転写を促進する epigenetic reader の BRD4 を直接標的としてその機能を抑制する癌抑制型 *miR-3140* と *miR-1293* を同定し現在、これらをシーズとした miR 核酸抗がん薬研究を産学共同で進めている。

【A01-2】小川誠司：大規模シーケンスとコンピューティングによるがんの進化と多様性の解明

先端的ながんの生物学的研究手法を、異分野の知識・技術と融合することにより、(1)がんの起源から多様性の獲得にいたる過程を遺伝学的・生物学的に明らかにすること、(2) 全ゲノムシーケンスを用いた蛋白をコードする領域以外の異常の同定、(3) 胚細胞系列における変異の同定、および(4) 標的シ

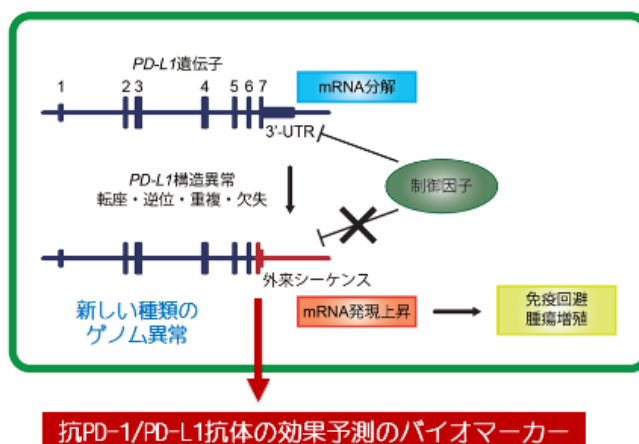
全ゲノムシーケンスでATL(成人T細胞白血病リンパ腫)における PD-L1ゲノムの異常をGenomonが発見



シーケンス法を用いた効率的な遺伝子プロファイリングシステム(臨床シーケンス)の開発、これらの課題に取り組んだ。

がんの起源と進化の過程の解析では、微量パンチ・バイオプシーや単一細胞培養、接着剤を用いた単一陰窩上皮細胞の採取、オルガノイド培養などの先端技術を開発して、一見正常な組織における遺伝子変異を獲得した細胞による再構築を明らかにした。食道上皮は加齢に伴い再構築が進行し、この再構築は飲酒・喫煙で強く促進され、特にがん化に重要と思われる

PD-L1ゲノムの異常を発見と遺伝子発現の相関の発見



る *TP53* 変異や染色体異常が顕著に増加していた (*Nature 2019*)。潰瘍性大腸炎の長期罹患患者の大腸上皮では、大腸がんで認められる遺伝子変異の他に、炎症に関わる *IL-17* シグナル経路の遺伝子変異を獲得した細胞で再構築されていた。重要なことに *IL-17* シグナル経路の遺伝子のうち、*NFKBIZ* (*IκBζ*) や *ZC3H12A* (*Regnase-1*) の変異は大腸がんではほとんど認められず、さらに、これらの遺伝子に変異を獲得した上皮細胞は発がんしがたい傾向にあり、新規治療標的としての開発も期待される結果であった (*Nature 2020*)。がんの進化の解析では、2000 例を超える骨髄異形成症候群(MDS)と二次性急性骨髄性白血病(sAML)の全エクソンあるいはパネルシーケンス解析により、MDS から sAML に進展する際のクローン進化を解明した(*Nature Genetics 2017*)。

全ゲノムシーケンスでは、成人 T 細胞白血病/リンパ腫(ATL)の発症に関わる体細胞変異の全体を解明すると共に(*Nature Genetics 2015*)、宮野らの開発した高度な情報解析技術 *Genomon* を用いて、*PD-L1* 遺伝子の 3'-UTR の構造異常によるがんの免疫監視機構からの回避のメカニズムを解明した(*Nature 2016*)。これは平成 28 年度のがんゲノム研究とがん免疫をつなぐ本邦最大の社会的インパクトを持つともいえる成果となった。

胚細胞変異の解析では、日本骨髄バンクや本事業での国内施設あるいは国際共同研究で収集した合計約 2000 の MDS、および日本バイオバンクの 1 万例を超える健常試料について、骨髄腫瘍の発症に関わる胚細胞変異の種類と頻度を解析し、*DDX41* の新たなリスクアレルを同定した。また、*DDX41* の遺伝子改変マウスの樹立・解析により、*DDX41* の造血器における生理的機能を明らかにした。

臨床シーケンスを念頭においた臨床シーケンス技術の開発では、白血病、リンパ腫、乳癌、大腸癌など様々ながん種について、ゲノムコピー数変化と遺伝子変異を同時に検出することを可能とするプラットフォームを構築し、800 例の MDS や 2000 例の大腸癌などの大規模コホートの解析を行うことにより、これらのプラットフォームを用いた臨床シーケンスの有用性を明らかにした(Yoshizato et al.

Blood 2017, Marcovati et al. *Blood* 2017 など)。

【A01-3】高橋 隆：肺がんの分子病態をノンコーディング RNA から俯瞰するシステムの統合研究

「京」を駆使したシステム生物学と最先端の次世代シーケンス解析とプロテオミクス解析を用いたがんの分子生物学的研究の融合を通じ、未だ手つかずであった肺がんの発生・進展に関わる lncRNA の探索・同定とその分子機構の解明という未踏の地に到着した。がんの発生・進展の分子機構を理解するには、マイクロRNA に加えて、未だほとんど機能が解明されていない長鎖 ncRNA (lncRNA) を含む、全ゲノム的な遺伝子制御ネットワークの俯瞰的理解が不可欠であった。そこで、local distance correlation 統計量を基盤とする GIMLET ソフトウェアと「京」を用いて、肺がんの発生・進展

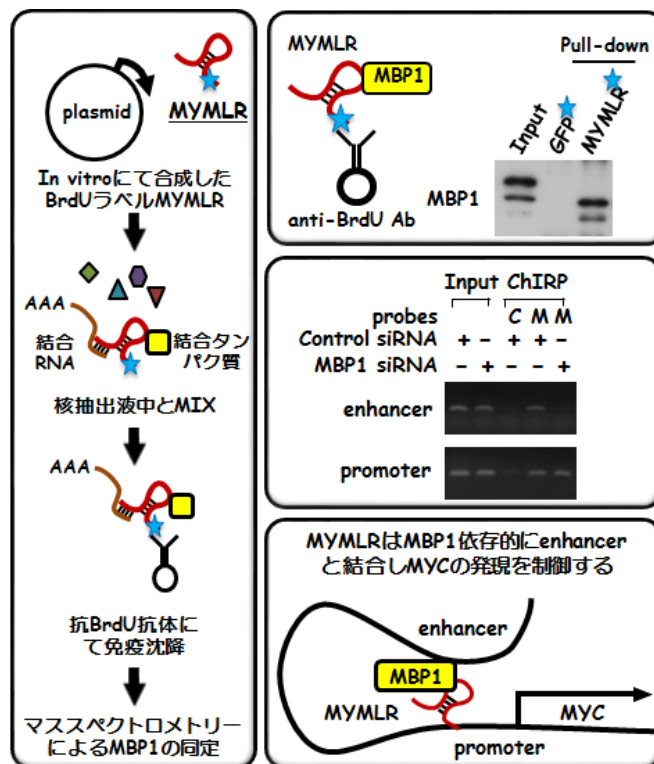


図1 MYMLRとMBP1によるMYCの発現制御機構

に関わるノンコーディング RNA の全ゲノム俯瞰的な探索を進めた。ヒト肺がん腫瘍組織及び培養細胞株の大規模な遺伝子発現プロファイルをもとに、MYC の転写制御活性を反映する MYC モジュールを規定した上で、MYC 遺伝子の活性に影響を与える候補 lncRNA を全ゲノム的に網羅的に探索した。最上位候補遺伝子として機能未知の新規 lncRNA を同定し、MYC-modulating lncRNA (MYMLR) と名付けた。詳細な分子生物学的解析を通じて、MYMLR が PCBP2 タンパク質と結合して協調的にゲノム DNA を屈曲させることによって、MYC 遺伝子上流のエンハンサー領域をプロモーター領域に近接させ、MYC の転写活性化を維持していることを明らかにした。また、肺がんにおいてしばしば遺伝子増幅を伴って高発現することを見出している miR-17-92 miRNA クラスターに着目し、miR-20a によって制御される lncRNA を網羅的に探索した。最も顕著に miR-20a による制御を受けることを見出した新規 lncRNA に着目し、さらに細胞生物学的な検討を行ったところ、p53 欠損変異細胞株と比較して p53 野生型細胞株において顕著な細胞死が誘導された。また、当該 lncRNA のノックダウンによって p53 遺伝子発現の顕著な誘導と共に、その標的遺伝子である p21 及び MDM2 の発現誘導を観察し、TP53-inhibiting lncRNA (TILR) と名付けた。TILR lncRNA の詳細な分子機能を明らかにすべく TILR 結合タンパク質を網羅的に探索し、TILR-binding protein 1 (TBP1) を同定し、TILR と TBP1 による p53 標的遺伝子群の発現抑制に

関わる分子機構について、少なくともその一部が p53 タンパク質の翻訳レベルの抑制によることを明らかにした。さらに、我々が肺がんのリネジ生存がん遺伝子として報告した TTF-1 遺伝子の転写活性を制御する lncRNA、或いは TTF-1 によって制御される lncRNA に関する網羅的探索も進めた。その結果、TTF-1 によって直接転写活性化されて発現誘導を受けると共に、我々がこれまでに TTF-1 の標的遺伝子として同定したがん細胞の運動抑制遺伝子 MYBPH の発現を抑制する機能未知の新規 lncRNA を同定し、Motility-regulating lncRNA induced by TTF-1 (MLIT) と名付けた。

[公募研究 A01 第 2 期] (平成 30 年度～令和元年度)

【A01-1-18】田中耕三：加齢の細胞文脈におけるがんの発生基盤となる染色体構造および動態の解明

様々な月齢のマウスの肺由来の線維芽細胞を低酸素状態で長期間培養して解析し、老齢マウスの細胞では 53BP1 陽性細胞が増加し、加齢に伴ってゲノムの不安定化が起こることを発見した (*Sci Rep* 2019)。

【A01-2-18】大澤 毅：がん微小環境における「細胞文脈と行間」の俯瞰的解読と攻略

非コード領域のがん悪性化機構の解明も含め、ホスホタウリンの蓄積は PCYT2 の抑制を通じてグルタミン飢餓下のがん細胞を保護することを発見した(*Cell Rep* 2019) (A02-3 (計画・宮野) と共同)。

【A01-3-18】三木義男：MLL-Menin-BRCA2 複合体によるがん抑制機能ネットワークの解析

同定した 645 遺伝子からネットワーク解析アプリ SiGN-BN (A02-3 (計画・宮野) と共同) と GNP-PPI を用いた尤度比統計量から、パクリタキセル感受性と関連する GUCY1A2、ERBB2、FGB-FGG を同定した。

【A01-4-18】松本有樹修：ノンコーディング RNA から翻訳される癌関連ポリペプチドの網羅的同定

lncRNA から翻訳される新規ポリペプチド群でがんの発生や進展に寄与するポリペプチドを同定・解析を実施した (*Sci Rep* 2020; *Cell Res* 2019(国際共同研究); *Cell Struct Funct* 2018)。(公募・押川と共同研究)。

【A01-5-18】押川清孝：トランスオミクス解析によるがん悪性進展機構の解明
iMPAQT システムによる代謝酵素群の大規模定量解析により、グルタミンからの窒素代謝シフトが、がんの悪性化の過程に必須であることを明らかにした (*Nat Commun.* 2020)。(公募・松本と共同研究)。

【A01-6-18】前原一満：クロマチン組成変化が引き起こすがん化メカニズムの解明

クロマチン構造を構成する未知ヒストン亜種分子の同定と機能解析を実施し、マウス骨格筋幹細胞に発現するヒストンバリエント H3mm7 が、遺伝子発現量の倍率調整を通して骨格筋の再生を制御することを大規模トランスクリプトーム・エピゲノムデータの解析で解明した (*Nat Commun* 2018)。

【A01-7-18】田中伸之：シングルセルレベルの腫瘍内不均一性をターゲットとする革新的な創薬研究

Diagnosing in situ immunofluorescence-labelled cleared oncosamples を開発し、コーディング/非コーディング RNA の発現を単一セルの解像度で空間的にプロファイリングすることに成功した(*Nat Biomed Eng* 2020)。

【A01-8-18】片岡圭亮：成人 T 細胞白血病リンパ腫におけるノンコーディングゲノム異常の解明

成人 T 細胞白血病リンパ腫 (ATL) において、ATL119 症例の十分な深度の全ゲノムシーケンスと Genomon を用いて解析を行った結果、ATL においてノンコーディング領域にも反復する体細胞異常が存在し、ドライバーとして機能する可能性が示唆された(*Nature* 2020)。(計画・宮野、小川との共同研究)。

【A01-9-18】西浦 博：データ同化及び深層学習を利用した発癌予測モデルの構築と実装

発がん過程のメカニズムを数理モデルによって記述し、粒子フィルタを用いたデータ同化と深層学習を利用したニューラルネットワークの両方で実装した。

[公募研究 A01 第 1 期] (平成 28 年度～平成 29 年度)

【A01-1-16】松田 浩一：p53 制御経路の網羅的解析による腫瘍細胞の特性の解明と治療法の開発

マウス 24 臓器における網羅的遺伝子解析により、p53 によって 5000 以上の遺伝子が制御されることを明らかとした(*Ebiomedicine* 2017) (A02-2 (計画・宮野) と共同研究)。

【A01-2-16】大澤 毅：腫瘍微小環境の新次元俯瞰と攻略

腫瘍微小環境における低酸素・低栄養・低 pH という「細胞文脈」において、重要なエピゲノム変化と各転写因子群を同定した(*Cell Rep* 2017) (A02-2 (計画・宮野) と共同研究)。

【A01-3-16】三木 義男：システムの統合理解に基づく乳がん術前化学療法の応答性予測

①FGB-FGG ネットワーク、②ERBB2/HER2、ERS1、③GUCY1A2、SMTN 等のネットワーク及び分子を同定した (A02-2 (計画・宮野) と共同研究)。

【A01-4-16】原田浩：多段階発癌に於ける低酸素応答機構と癌抑制遺伝子のクロストークに迫るオミクス解析

p70 が HIF-1 を活性化することを介して HIF-1 下流のマトリックスメタロプロテアーゼ群の発現が誘導され、p70 の過剰発現によって浸潤能が亢進し、それが HIF-1 α のノックダウンで止まる (*Int J Mol Sci.* 2019)。

【A01-5-16】片桐豊雅：新たなエストロゲン依存性乳癌の多段階発癌機構のシステムの統合理解

BIG3 の新たな結合タンパク質として PKA を同定し、BIG3-PKA-PP1 α と三者複合体を形成し、A キナーゼアンカータンパク質 (AKAP) として乳癌細胞のエストロゲンシグナルを制御することを明らかにした。

【A01-6-16】三森功士：大腸がんの遺伝学的不均一性発生様式の生体時空間にわたるシステムの統合理解

BIG3 の新たな結合タンパク質として PKA を同定し、BIG3-PKA-PP1 α と三者複合体を形成し、A キナーゼアンカータンパク質 (AKAP) として乳癌細胞のエス

トロゲンシグナルを制御することを明らかにした。

【A01-7-16】前原一満：クロマチン構造変化が引き起こすがん化メカニズムの解明

ヒト H3T のホモログである精巣特異的バリエーションとして同定されたヒストン H3t を破壊したノックアウトマウスでは、雄が無精子症となり、不妊となることを明らかとした(*NAR* 2017)。

【A01-8-16】西塚 哲：薬剤耐性癌細胞の多様性に対応する至適分子標的薬選定プロセスの体系化

CIS と 5-FU という消化器癌治療における抗癌剤耐性細胞に対応する分子標的を明らかにし *in vivo* での阻害剤の腫瘍増殖抑制効果、および臨床検体を用いた生物学的・臨床的妥当性を検証した。

【A01-9-16】永瀬浩喜：組織と病期分類を規定する腫瘍エピゲノムへの介入によるシステム理解

LS180 結腸直腸癌ゲノムにおけるピロール-イミダゾール-リアミド KR12 の結合標的を同定した(*PLoS One* 2016)。

【A01-10-16】谷内田真一：新しい組織分取法を用いたがんゲノム進化の探索とそれに基づく臨床病態予測の可能性：消化器がん原発巣の各部位（20ヶ所）と肝転移巣 4ヶ所から、核酸（DNA と RNA）を抽出した。がんのゲノム進化を多角的に評価した。

【A01-11-16】岡本康司：個体モデルを用いた大規模シングルセル解析によるがん組織の要素還元論的な理解

マウス大腸癌がんモデルを用いた、がん細胞のシングルセル定量 PCR 発現解析を行った(*Cell Rep* 2017)。

【計画研究 A02：がんビッグデータ — 情報解析の革新と ELSI

【A02-1】岡田 随象：遺伝統計学とビッグデータの邂逅がもたらす新たながんゲノム創薬

ヒト白血球型抗原 (HLA) 遺伝子多型をコンピュータ上で高精度に予測する遺伝統計解析手法である HLA imputation 法の日本人集団への実装を行った。次世代シーケンシング技術を用いて参照パネルを構築することで、従来の古典的 HLA 遺伝子だけでなく非古典的 HLA 遺伝子、がんを含む複数のヒト疾患を対象に、大規模ゲノムデータへの HLA imputation 法の適用による Phenome-wide association study (PheWAS) を実施し、従来より広範囲の疾患において HLA 遺伝子型が発症に関与することを明らかにした。非線形機械学習により白血球の血液型が 13 パターンの組み合わせで表現されることを報告し、ヒトゲノム情報に対する機械学習の先進的な適用例と考えられた (*Nat Genet* 2019)。その他、大規模コホートを用いた国際共同研究で多大の成果をあげた(*Nat Med.* 2020, *Nat Hum Behav.* 2020, *Nat Commun.* 2020, *Nat Genet.* 2018, *Nat Commun.* 2018, *Nat Genet.* 2015)。また、稲澤との共同研究も展開した(*Nat Genet* 2020, *Sci Rep.* 2016)。

【A02-2】宮野 悟：スーパーコンピューティングと革新的情報技術によるがんシステムの新たな探索

ゲノムの一次元地図から、時間軸・空間軸に広がるがんのシステム異常の複雑さの本態を捉え、それに基づいて、がんの発生、進展過程、診断、予防、治療戦略の探求を展開できるためのプラットフォームと方法論を構築した。革新的情報技術を開発・導入し、システムがん研究が新たに直面している挑戦的課題に解決法を与え、がん研究を新次元へと昇華させた。具体的には、①大規模シーケンス

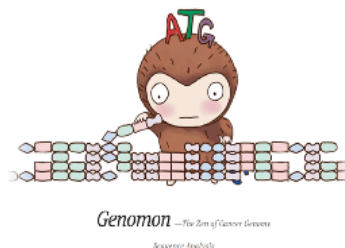
データ解析パイプライン Genomon の整備とがんゲノミクスへの応用、②がんのシステム異常解析技術の開発(GIMLET の開発(LNCS 2019), DNA メチル化パターンを同定する統計解析手法の開発(Bioinformatics 2016), 薬剤感受性・耐性ネットワークの解析手法の開発(PLoS One 2015; IEEE/ACM Trans Comput Biol Bioinform 2017; J Comput Biol 2017; J Comput Biol 2018)、③大規模遺伝子ネットワークの説明可能な深層学習法の開発—Deep Tensor (富士通研究所人工知能研究所との共同研究)：がんのシステム異常をネットワークの観点から捉えるために、Deep Tensor はデータの要約のしかたを NN で学習する技術で、NN を解釈可能モデル群で近似して要約の理由を説明する。深層学習をグラフデータに対して行う研究では、Deep Tensor (Maruhashi K, et al. AAAI 2018:3770-3777)を発展させ、深層学習においてブラックボックスと言われていたものを説明可能な Deep Tensor へと発展させた(投稿中)。深層学習を用いた多くの AI が画像、自然言語、音声、計測器からの信号・記号列などのデータを対象としている。一方、この説明可能な Deep Tensor は、複雑なネットワーク構造データを対象としたもので、ネットワークがどのように分類されたかを説明できるようにしたものである。その結果、当初の目標である「革新的情報技術を新たにごん研究に融合し、がんの全体象を把握した上で、その細部へと自在にシャトルする術を獲得すること」を達成できた。④腫瘍内不均一性生成原理の探索として、腫瘍内不均一性のシミュレーションモデルの構築(PLoS One 2019; Cancer Sci. 2018; Nat Commun. 2018; PLoS Genet. 2016)により、進化原理はダーウィン進化から中立進化へ(PLoS Comput Biol. 2017)。⑤がんのシステム生物学解析手法の開発、及び Genomon による小川・高橋・稲澤との共同研究を世界トップへと導いた。

【A02-3】武藤香織：ゲノム解析の革新に対応した患者中心主義 ELSI の構築

学際的学問としての ELSI 研究の在り方を再構築し、がんを事例として、中長期的な ELSI 課題を探究した。領域内外の自然科学者と連携をはかり、患者・市民の視点を重視しながら進めた。人文・社会科学領域で ELSI 研究に寄与してきた人材を集め、学際的な研究班を編成した。①質問紙調査やインタビュー調査を基盤とした実証研究、②専門家と市民の間を結ぶ対話の設計と施行などの実践研究、③法学や法哲学の立場からの理論研究、④国内外の状況を踏まえた比較政策研究である。「患者を軸として考える ELSI」という枠組みの中で、取り組むべき課題と優先順位の洗い出しを行った。「(1)中長期的な ELSI 課題の検討」とし

がんの変異を正確に暴き出すソフトウェア

Genomon <https://github.com/Genomon-Project>
ゲノモンGO Mutationをゲットしようぜ！



ては、①医療 AI 技術をめぐる課題抽出と規制政策の検討、②ゲノム医療が家族性疾患当事者に与える影響と法制度の検討、③個人データの蓄積・共有・利用・配分及びデータサイエンスに関わる課題抽出と諸原則の検討を行った。また、「2. 学問としての ELSI 研究の基盤づくり」として、①ELSI 研究史の整理、②患者・市民参画をめぐる概念整理と自然科学領域の研究者との対話設計に取り組み、患者・市民参画のノウハウの蓄積がなされた。本計画研究が得た知見は、①近年のがんゲノム医療の進展により、90 年代に確立した「遺伝学的検査の結果を知らないでいる権利」に揺らぎが生じていること、②ゲノムデータの利活用に対する市民の抵抗意識は他の機微情報と比べて低いこと、③医療 AI の活用に関する患者の懸念や抵抗感は応用される形態によって多様であるが、医療過疎地域における医療を代替する戦力としての期待も見られたこと、④遺伝的特徴による差別に対する日本の施策に大幅な遅れがあること、⑤リスクの高い臨床試験にアクセスする権利が正当化され、被験者保護との比較考量に関する課題が増加していること等が挙げられる。これらの結果は、医療 AI の力も借りて自分のゲノムを早期に知り、治療や臨床試験の選択につなげる時代において、がん以外の領域での施策にも応用されうるものである。本領域の成果は画期的であり、今後、さらなる発展を強く期待できる。

[公募研究 A02 第 2 期] (平成 30 年度～令和元年度)

【A02-1-18】松井佑介：がんシステムの新次元理解に向けたプロテオゲノムビッグデータ解析基盤の構築

プロテオーム情報に基づくタンパク質複合体の推定手法とがん特異的な活性異常の同定手法の開発、及びタンパク質複合体のがん特異的異常へ繋がるゲノム変異因子の同定手法を開発した。

【A02-2-18】浜本 隆二：がんの統合的解明を目指した生体情報の階層的ネットワークに対する深層学習の応用

入力に関して誤差逆伝播法に基づく学習可能なスケール因子を導入した改変型 Diet Networks に基づく解析手法を開発し高い分類精度を達成した。

【A02-3-18】笹沼博之：BRCA 関連遺伝子の変異による乳がんの発がん機構の解明

BRCA1 欠損乳腺細胞ではエストロゲンによる DNA 損傷修復が異常であること、エストロゲンによる DNA 損傷がトポイソメラーゼ 2 に依存、前立腺上皮細胞においてもアンドロゲンによる DNA 毒性をもつことを解明した。

[公募研究 A02 第 1 期] (平成 28 年度～平成 29 年度)

【A02-1-16】古川洋一：粘膜上皮恒常性維持の破たんによる腫瘍発生機序のシステムの理解

同一遺伝的背景をもつ大腸腺腫症患者の 5 つの腺腫について全ゲノム解析を行い、3 つの腺腫で APC 遺伝子のセカンドヒット (SNV) を同定した (*Sci Rep* 2016)。(A02-2 (計画・宮野) との共同研究)。

【A02-2-16】松井佑介：がんの多様性を多角的に捉えて解析するためのオブジェクト指向型データ解析法の構築

治療抵抗性に関わるがんサブクローン進化構造の分類手法を開発した (*PLoS*

Comp Biol 2017) (A02-2(計画・宮野)、及び A01(公募・三森)との共同研究で、プレス発表を行った)。

【A02-3-16】 富田秀太：Cクラス・Mクラスシグナルを統合したECM分類によるがん分子病態の解明

非小細胞肺癌細胞株 34 株を用いた解析により、分子標的治療薬に対する耐性獲得メカニズムとして重要な EMT と miR-200c および LIN28B の発現パターンが相関することを示した(*Sci Rep* 2017)。

【A02-4-16】 鈴木絢子：ナノポアシーケンサーによるがん細胞の変異検出およびフェーズ情報解析手法の確立

がん培養細胞を用いたナノポアシーケンサー MinION による変異検出およびフェージング解析の実験および情報学的な基礎的検討し多くはシーケンスに供した cDNA 長に対して全長に近い長さであった。

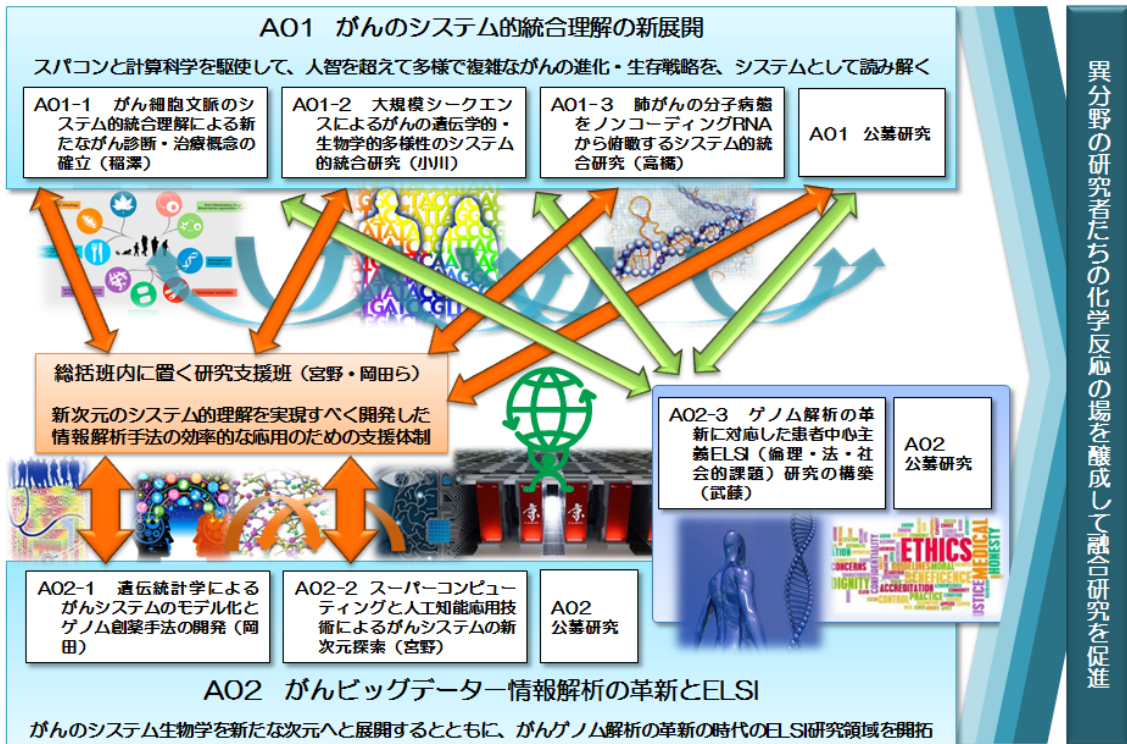
【A02-5-16】 白石航也：難治性肺癌に対する術後再発リスクや治療応答性に関わる HLA アレルの同定

診療情報の得られている非小細胞肺癌 1,840 例の既取得の SNP チップデータに基づき、HLA imputation を行い、複数の候補となる HLA アレルを同定した (A02-1 (計画・岡田) との共同研究)。

【研究組織の連携体制】

領域内の各計画研究と公募研究班の研究組織の構成と連携機能を、次図に示すかたちで実施した。

各研究項目、各計画研究の必要性及び研究項目間、計画研究間での有機的連携を図るための具体的方法として、2015 年度は、人材を雇用し、多様な能力を有する人材育成を開始した。総括班に設けられた支援機能と調整機能に基づき、宮野[A02-2]と岡田[A02-1]が、稲澤[A01-1]、小川[A01-2]、高橋[A01-3]と後述の各研究概要に触れているように強く連携する。また、がん ELSI 研究の構築には、中間評価の所見に対応して、領域代表者のリーダーシップのもと、武藤[A02-3]は全計画研究とインタラクションを持つようにした。その結果、書籍もふくめ一般を対象としたメッセージをだすことができた。人材養成の方法は、その方法論



異分野の研究者たちの化学反応の場を醸成して融合研究を促進

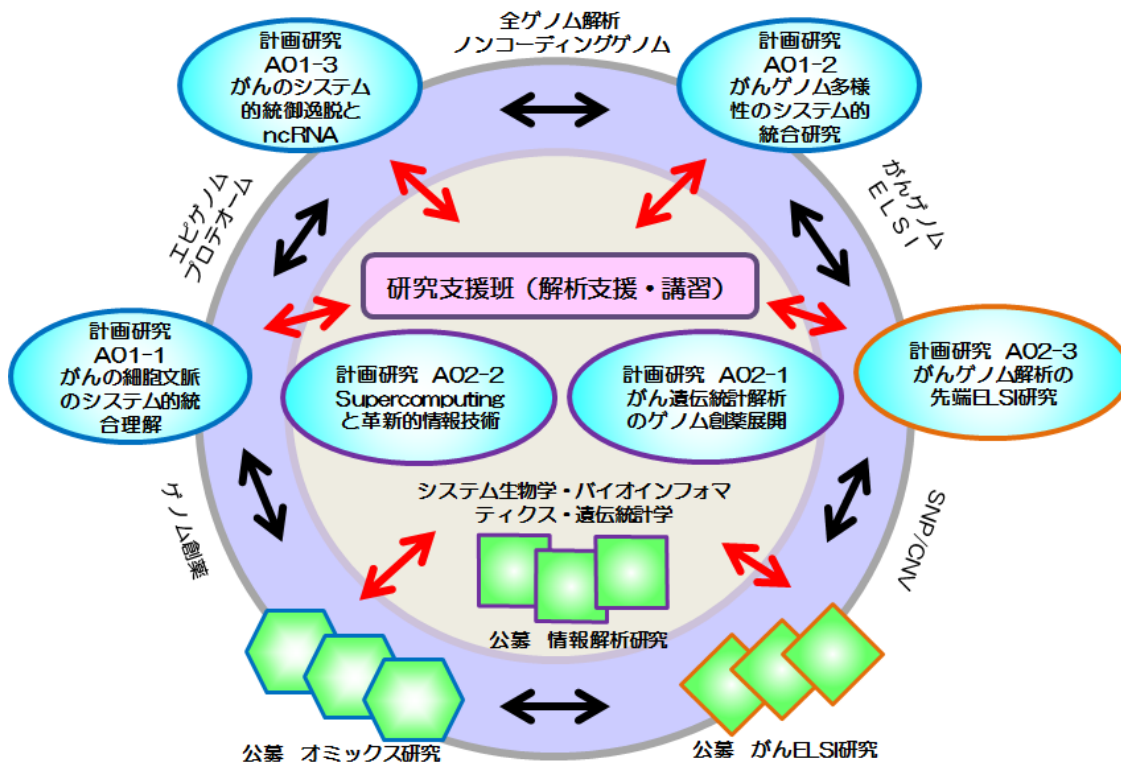
を利用できるよう、トレーニングのために宮野[A02-2]と岡田[A02-1]の研究室に研究員等を受け入れ、サマースクールやヒトゲノム解析センターのスーパーコンピュータ室の機能をいかしたハンズオン実習を実施した。

次図に示す総括班機能をとおして、改善点、連携強化のための新たなアイデアの導入を図った。公募研究に対して、計画班[A01-1, A01-2, A01-3, A02-1, A02-2]も加わり、実験系と情報系のマッチング作業を行い、また設備機器の相互利用をはかり、研究を効率的に拡大する。がん ELSI 研究構築のため、武藤[A02-3]はすべての計画・公募研究へアクセスすることを目指した。

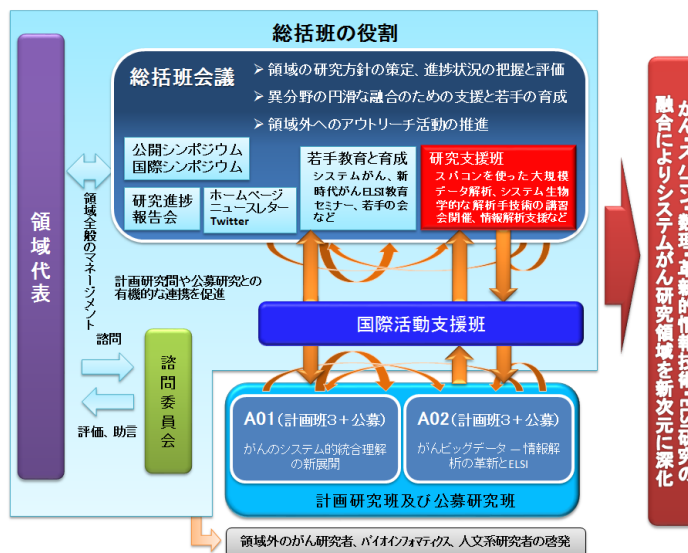
また、**領域代表者を中心とした領域推進に十分貢献できる研究者による有機的な連携体制**がとられた。本領域は、がん生物学と臨床応用研究を計算システム生物学で融合した領域「システムがん」を、ライフサイエンスにおいてかつてない規模のスーパーコンピュータの活用(「京」コンピュータを含む)と Cognitive Computing (人工知能技術) やネットワークデータの深層学習を発展させた説明可能 AI (explainable AI) などの革新的情報技術を開発・利用して深化させた。同時にゲノム解析の革新に対応した患者中心主義の ELSI 研究を融合させることにより、新次元のがん研究融合領域が形を見せてきた。ことは達成するために次図に示している研究体制をとることで実現したといえる。

6人の研究遂行能力はその研究業績及び活動から明白であるが、6つの計画研究のなかで、宮野[A02-2]と岡田[A02-1]は、情報チームとして領域全体の課題解決の支援にあった。特に、岡田の実施した「遺伝統計学夏の学校」若手人材の育成に多大の貢献をした。支援のノウハウはすでにシステムがんにおいて確立している。武藤[A02-3]は、がん ELSI 研究を構築するなか、本領域全体の ELSI を支え、また課題を掘り出していった。宮野[A02-2]は、システムがんにおいて、

稲澤[A01-1]、小川[A01-2]、高橋[A01-3]と既に極めて強力な連携をしてきており、優れた共同研究の成果を出している実績がある、それに基づいた成果がえられた。



総括班は、計画研究代表者の6人から構成した。本新学術領域「システム癌新次元」は、システム生物学的な方法論と革新的情報技術をスーパーコンピュータの活用によりがん研究に融合させ、同時に新たながん領域のELSI研究を構築する挑戦的な試みによってシステムがん研究領域を新次元に深化させるものであり、それだけに円滑かつ効率的な計画研究の遂行や、計画研究間或いは公募研究との有機的な連携を推進するうえで、総括班の役割は大きい。当初の総括班の計画の特色は、上図に示しているように総括班内に研究



領域代表、総括班における研究支援班、国際活動支援班、及び計画研究との関係

支援班を設置し、新次元のシステムの理解を実現すべく開発した情報解析手法の効率的な応用のための支援体制をとっていることである。この研究支援班を総括班内の設置した体制は、終了した新学術領域「システムがん」においても研究を飛躍的に進め、計画研究間で若手人材の派遣を相互に行い、大きな成果を多数生みだすとともに複合領域の若手人材（スーパーコンピュータを駆使してデータ解析をする臨床バックグラウンドの研究者など）を育てることとなった。しかし、この体制はあくまで領域内の体制であったため、国際共同研究は多数行われたが、国際的な研究者コミュニティをリードし、国際社会における我が国の存在感を維持・向上させることはもう一つ別の次元であった。こうした状況の認識のもとで、総括班内に「国際活動支援班」を設け、研究支援班と連動させ領域を活性化させた。2015年12月19日に、東京大学医科学研究所、及びwebを利用して会議を開催し、1) 相互派遣企画委員会（委員長：小川誠司）、2) 国際共同研究推進委員会（委員長：稲澤譲治）を設置した。その後、相互派遣企画委員会メール審議にて、国際相互派遣の人選を行い、派遣及び受入を開始し、同時にスーパーコンピュータ及びソフトウェアの整備を行って、国際共同研究の場に持ち込んだ。本領域に関連する国際的な研究者コミュニティをリードし、国際社会における我が国の存在感を維持・向上するための方針・戦略として、ヒトゲノム解析センターに生物・医学系に最適な世界的に類を見ない規模のスーパーコンピュータリソースをシェアし、生物・医学系研究者が容易にソフトウェア利用できる運用環境を用意し、そのもとで国際的に人材の相互派遣を実施し、また国際共同研究を推進した。米国、スウェーデン、英国、タイ、韓国、フィンランド、メキシコ、ドイツ、デンマーク等の研究者と人的交流を実施し、また国際連携のためのシンポジウム等を開いた。その結果、世界トップレベルの研究成果を創出し、国際連携を確固たるものにした。

加えて、外部指紋委員として中村祐輔（シカゴ大学教授→がん研究会・がんプレジジョン医療研究センター所長）、北川源四郎（情報・システム研究機構長→東京大学特任教授）、鎌谷直之（株式会社スタージェン・会長）の3氏を迎え、奇譚のない意見と指導をいただいた。

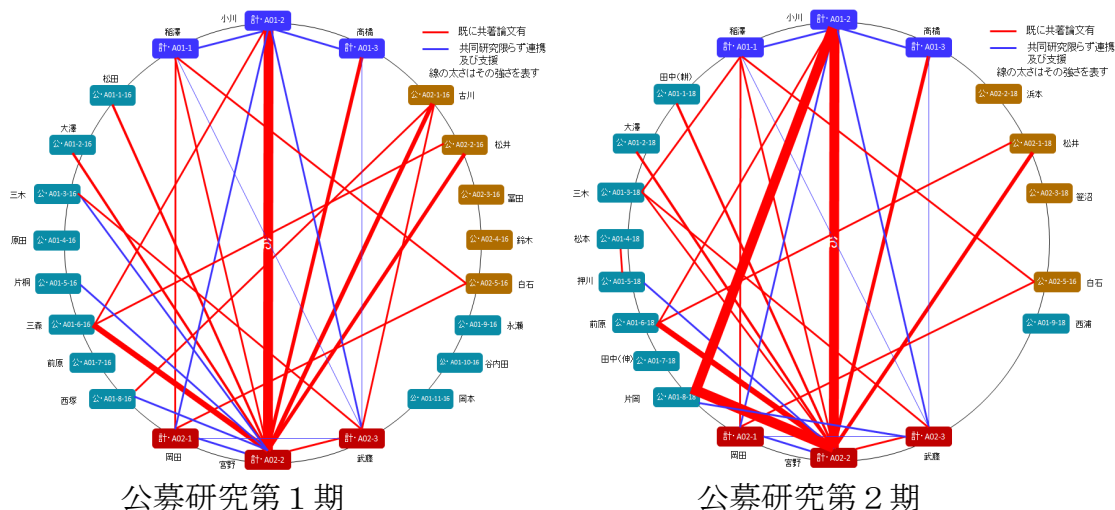
また、総括班はアウトリーチ活動にも力を入れ、ホームページ、電子版ニュースレター、ニコニコ動画配信、市民セミナー、メディア発表などにより社会とのコミュニケーションを図った。その数は膨大であるため、その一部のみ「その他」の項目に数例あげておくに留めた。

さらに、本領域は、領域外の研究者へのメッセージも出すことができたと考えている。その実績は領域代表者の「学会発表」の場が極めて多様であることからわかる。ELSIについては、一般向け出版および専門家向け出版をとおして突破口が開かれたと考えている。

このような幅広い取り組みによって、がん研究、数理・情報、ELSI という三つの異分野を融合した新しい学術領域を創成できたと考える。

6つの計画研究（A01は3つの計画研究、A02は3つの計画研究）、及び22の公募研究（A01は11の公募研究、A02は5つの公募研究）の間の共同研究の

状況を以下の図に示す。計画研究・公募研究に付けている番号については「4. 主な研究成果」で番号を振っているのので、それを参照されたい。



このように、計画研究間の年度が進むにつれて連携は深く、計画研究と公募研究の共同研究・連携体制は作られていった。第2期の公募研究については継続した公募研究は発展したが、新規の課題はやや独立感があつた。支援班は可能な限りの支援をしてきた。また、国際連携推進についても公募研究は積極的に参加した。最終年度は、COVID-19の影響があり、2020年1月以降の活動に支障がでたが、スーパーコンピュータ利用については問題はまったくなかった。「7. 若手研究者の育成」については、上図にはうまく反映できていないが、支援も含め、情報系の岡田(計画・A02-1)と松井(公募・A02-2)は連携・共同研究体制の推進に機能し始めている。武藤(計画・A02-3)は全体をみてELSI研究の構築を進めた。宮野(計画・A02-2)のチームは全体に渡って活動を限界近くまで進めた。ただし、2020年3月に予定していた国際シンポジウムは、2020年の11月を目処に延期せざるを得なかったが、新型コロナ禍が長引き、2021年の開催は中止とう決断に至った。COVID-19が2021年度も治まることなく、研究者の派遣や受け入れについては極めて限定的にならざるを得なかった。しかし、ZoomやWebExなどの活用が全世界的に普及し、コミュニケーションは加速したといってもよい。特に、スウェーデンのカロリンスカ研究所の客員教授の小川誠司の連携は優れた実績を生み、拠点形成に大きく貢献した。また、スウェーデン、ドイツ、米国とも共著の研究成果を発表できている。連携のベースは、がんに関するデータの解析であり、これまでと同様、東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センターのスーパーコンピュータSHIROKANEをフルに活用する支援を実施することでCOVID-19の影響を受けることなく研究を発展させた。その結果は、一連の国際共同研究論文や、国際学会でのリーダーシップ的講演(オンライン)として結実している。人的交流がほぼ不可能であったなかで、本国際共同研究支援班のこれまでの活動から、ドイツ・フンボルト大学Edda Klipp教授などが、来

日し、基金として繰り越した経費はこれまでの研究で産生されたデータ及び 2021 年度に新たに産生されたデータを高速ディスクアレイに保管して解析することに用いることで、国際連携と拠点形成のミッションを果たすことができた。この連携活動は、班員の岡田随象、小川誠司、宮野悟等により COVID-19 Host Genetics Initiative という国際連携への参加を実現した(Nature 2021)。「システム癌新次元」は、がん研究に限るという方針ではなく、新たな方法論を生命科学に導入・展開し有効性をみることも目的の一つであり、結果、大きな波及効果があった。

【当該学問分野及び関連学問分野への貢献の状況】

本新学術領域は「②当該領域の各段の発展・飛躍的な展開を目指すもの」として計画した。

がん研究者はこれまでゲノム変異、老化に関するパスウェイ、オートファジーなど既知の概念に基づき、一部、最先端の次世代シーケンサーや大規模網羅的プロテオミクス定量解析装置などで、その知見を徐々に広げ、知識を深めてきていた。しかし、大規模シーケンスデータの解析とそのデータ解析を一研究室レベルでやる家内制手工業の時代は去り、世界のがんを始めとする最先端の生命科学研究(iPS 研究を含む。因みに、CIRA は東大医科研ヒトゲノム解析センターのスーパーコンピュータシステムの大型ユーザーになっている)は、新たな次元への出発を余儀なくされた。そのことを領域代表者が認識したのは 2013 年のことであった。当時は、Google の「ネコの画像認識」が深層学習の力で可能になったことが話題をさらっていた。しかし、文献情報に象徴される電子化された「知識」はすでに、人智を越えた領域にはいっており、米国をはじめとして、知識処理のための人工知能技術開発とデータ獲得プラットフォーム構築に莫大な投資がおこなわれていた(米 IBM は 2 年間で 4000 億円の投資を行っていた)。Google は BIOBIRT という自然言語処理のためのデータ収集プラットフォームを構築し、また、今では人口に膾炙されるようになったナレッジ・グラフの活用など、こうした現実を、米国現地を訪問し、世界とのヒューマンネットワークを作る中で、当時、旧新学術領域「システムがん」の領域代表は、未来に対して大きな不安をもち、その解決法を 2013 年 3 月に探索を始めた。富士通研究所人工知能研究所(約 100 名の研究者がいます)にも入り込んだ。旧新学術領域「システムがん」(4 2 0 1)は 2015 年度をもって終了することになっていたが、がんに限らず生命科学の格段的発展と飛躍的な展開を行うには、新たなコンセプトを作らねばと強く考えた。そこで、その方向に賛同してくれる我が国のトップランナーを説得し、次の 5 年間を作ろうと決意した。これが、本新学術領域「システム癌新次元」を計画した理由である。そのため、まず革新的人工知能技術の生命科学への導入をはからねばと考えた。残念ながら、我が国に実用化レベルのものは当時存在していなかった(現在は、富士通研究所などが実用化レベルに達しようとしている)。そのため、米 IBM にアクセスを行い、幸い強い協力関係を作り上げることができた。これはがん研究、並びに生命科学の革新といえいと信じている。同時に、ゲノムのシーケンスに誰もがアクセスできる時

代が到来してしまい、法律などが十分に整備されていない我が国（個人情報保護法と3省ガイドライン等）では、倫理的・法的・社会的課題(ELSI)を真摯に学問として取り組む必要があると痛感した。

がんの ELSI は通常文科省マターではないような雰囲気の中、領域代表者は、がんゲノムの新たな到来を見据えて、がんの基礎研究を考えねばならないと感じた。すなわち、新たながん研究が生み出す知見は、ELSI 研究とははきっても切り離せないものであるという認識をもった。しかし、我が国には ELSI 研究を基礎研究として行う機関は組織的にほとんどなく、本新領域を発端としてがん ELSI 研究を正当な学問として作らねばならないと確信した。一方、がんゲノムの重要性は政権与党も強く賛同し、パネル検査という形で保険適用されることになった（宮野は今のやり方に 100% 賛同しているわけではない）。論文を書くことががん研究ではないという研究パラダイムを国が提示すべきと強く考えている。現場の「若手研究者からすると、現時点でのアカデミア等の評価基準からとんでもないことを本領域代表者はいつていることは認識しているが、Newton の時代のサイエンスは研究者に利することが目的ではないことは歴史が証明している。本領域は「①既存の学問分野の枠に収まらない新興・融合領域の創成を目指すもの」として開始されたものではないが、結果として、振興・融合領域を創生したといえると考えている。

社会・国民から見た新たなサイエンスの推進の仕組みが必要であると本領域を終わるにあたって思うに至った。

【若手研究者の育成に関する取組実績】

若手研究者の育成は、本領域で研究成果と同レベルで重要と考えている課題であることで、総括班、及び外部諮問委員は、複合領域というハードルの高さを認識し、意見の一致しているところである。このための取り組みとして次のことを実施・計画している。諮問委員会からも、今後の領域の推進のとして、「がん特定」が蓼科で行ってきた「がん若手ワークショップ」に対応するものを開催することの提言を受けている。2017 年度から企画する予定である。旧新学術領域「システムがん」ではこれに対応するものを開催しており、その有効性を認識しているが、総括班経費の中でどのように運用した。また、国際共同研究経費も有効に活用し、特に、メキシコ大使からの要請で、以下のプログラムをメキシコシティにおいて実施した。極めて強い協力関係ができた。

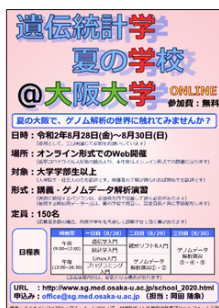
1. ヒトゲノム解析センターのスパコン利用講習会のなかに、「システム癌新次元」の内容をプログラムし、研究支援と合わせて若手研究者の研究能力の幅を広げることを行ってきた。用いた資料は、公開している。
 - Genomon2 Tutorial の開催。平成 28 年度は毎年 2 回開催し、その後毎年開催した。いずれの会も若手研究者で定員いっぱいとなり、複数回の開催になったものもある。その後のコミュニケーションから、よい若手研究者のネットワークが形成されていると推察される。おおよそのプログラムは次のようになっている。

13:00 - 14:20 がんゲノムシーケンス解析の原理と Genomon の紹介

- 14:20 - 15:00 Genomon を利用したがんゲノム解析の実際 (吉田 (計画・小川))
- 15:20 - 16:00 Genomon ハンズオンセミナー (千葉・白石 (計画・宮野))
- 16:00 - Q & A。
- 遺伝子ネットワーク推定ソフトウェア実習の開催 (平成 28 年度～令和元年度開催)。
 - 統計解析パッケージ「R」の利用講習会 (平成 28 年度～令和元年度開催)。
2. 若手研究者の計画研究間の相互交流の推進。若手人材のトレーニングと、研究現場を生身で理解することから、若手研究者をドライとウェットのラボ間で相互に派遣してきたが、これに加え、ELSI 研究についても同様の活動を行ってきた。遺伝統計学については4に述べる。
 3. 平成 28 年 8 月 8 日～10 日には、システム生物学とバイオインフォマティクスの若手人材の養成を目的として、東京大学医科学研究所と国立科学博物館において、The 16th Annual International Workshop on Bioinformatics and Systems Biology (IBSB 2016) (<http://ibsb2016.hgc.jp/>)を開催した。このワークショップは、2001 年より、東大医科研ヒトゲノム解析センター、京都大学化学研究所、米国ボストン大学、ドイツ・フンボルト大学 (関連するマックスプランク研究所を含む) が、大学院生、博士研究員、若手研究者が研究成果を発表し、相互交流するワークショップで、4 機関の持ち回りでやってきた。
 4. 遺伝統計学の若手人材の育成のために、岡田随象 (計画) が「遺伝統計学・夏の学校@大阪大学」(平成を毎年開催した。さらに、平成 29 年度は、国際ネットワーク形成と若手人材の育成を目的として、International Workshop for Systems Genetics – towards creation of research hub for sharing knowledge on statistical genetics (<http://iwsg2017.hgc.jp/>))を企画し、東京大学医科学研究所で開催した。遺伝統計学・バイオインフォマティクス分野の若手人材育成への

次代を担う若手研究者の人材育成とキャリアパスモデル構築

遺伝統計学・夏の学校@大阪大学の開催
(2020年度はオンライン開催：8/28-30)



医学部正規カリキュラムとして
ゲノムデータ解析演習の導入



キャリアパスモデルの構築

岡田随象：テニュアトラック講師 → 教授
鎌谷洋一郎：上級研究員 → 教授
浦山ケビン：テニュアトラック講師 → 部長
川上英良：研究員 → 教授
藤本明洋：研究員 → 教授

- 公開データを用いたゲノム解析体験の提供を通じて、有望な国内若手人材を発掘中。
- ゲノムデータ解析実践演習講義「遺伝統計学・夏の学校@大阪大学」を毎年自主開催。
- ゲノムデータ解析演習を大阪大学医学部2回生の正規カリキュラムとして開始。
- 研究代表者・分担者が研究期間中に全員PIへ昇進。キャリアパスモデルの構築を果たした。

取り組みを行った。2016年に研究代表者が大阪大学に着任後、短期演習実践セミナー「遺伝統計学・夏の学校@大阪大学」を毎年開催しており、延べ150人以上の参加者を記録した。講義内容が書籍化されるなど社会的反響が大きかった（岡田随象著、ゼロから実践する 遺伝統計学セミナー、羊土社）。研究代表者・分担者の5名が実施期間中に全員教授に就任するなど、若手研究者キャリアパスのモデルケース構築に貢献した。

5. また、若手公募研究者を含め、2020年1月29日には、世界のトップ研究者を招聘し、Sheraton Miyako Hotel において“International Conference on Cancer Systems Biology Beyond”を開催し、今後の人材の交流を促進することができた。
6. 人工知能に関しては、東京大学医科学研究所のがん臨床シーケンス支援研究のなかで、人材育成の努力を行ってきた。倫理審査を受けた研究員に限定されている点からクローズの会となっているが、古川洋一（公募）、宮野悟（計画）、東條有伸（宮野・計画の連携研究者）により、月2回程度、ミーティングを行ってきた。ただし、100回を超えるアウトリーチ活動（教育講演、メディアと通じたメッセージ等）の中で、領域外にその未来を語ってきた。様々な分野のステークホルダーの方々に強い関心を得ることができ、未来を担う多くの若手研究者にメッセージが伝わったと考えている
7. また、若手人材のキャリアについては枚挙にいとまない。島村徹平（東大医科研ヒトゲノム解析センター→名古屋大学大学院医学研究科・教授）、山口類（東大医科研ヒトゲノム解析センター→愛知県がんセンターシステム解析分野（新設）分野長）、白石友一（東大医科研ヒトゲノム解析センター→国立がん研究センター）、片岡圭介（東大→京大→慶應大医学部・教授）。

【アウトリーチ活動】

1. ホームページ「システム癌新次元」<http://neosystemscancer.hgc.jp/>
2. 主催シンポジウム
 - 1) International Conference on Cancer Systems Biology Beyond, Sheraton Miyako Hotel Tokyo, 29/01/20
 - 2) The Joint Hong Kong-Japan Bioinformatics and Systems Biology Workshop, Tokyo-Gajoen, 19/11/18
3. 一般向けアウトリーチ活動
 - ・ Miyano S. World of Watson, “Keynote Talk”, T-Mobile Arena, Las Vegas, USA, Oct 25, 2016（1.7万人、全世界40万人に同時配信）
 - ・ 日本科学未来館イベント2020年3月8日：「どう変わる！？がんと向き合い方—人とAIでひらく新たな医療」（ニコニコ動画配信により7000名を超える2方向の参加者あり）。その内容は、集英社より電子書籍として2冊出版。武藤香織が企画した。
 - ・ フライデー：「がんをスパコンとAIで撲滅」宮野 悟

URL: <https://friday.kodansha.co.jp/article/47960>

- ・ 他、プレス・新聞・雑誌・ウェブ発表も含め多数。

講演会等の国内外アウトリーチ活動

- ・ 「人工知能とスーパーコンピュータでがんをチャレンジ」
- ・ 2016年12月25日（日）
- ・ 日本未来科学館 7階 未来館ホール
- ・ 一般対象（参加者約250名）
- ・ “World of Watson 2016” Keynote Session
- ・ 2016年10月26日（火）：T-Mobile Arena, Las Vegas, USA
- ・ 1万7千人（120ヵ国）-40万人に同時配信
- ・ Ginny Rometty (IBM CEO), Chair + 4名のスピーカー

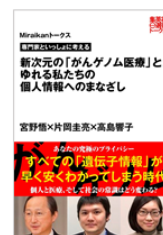


“新型コロナにも負けず”



「対話・共考・協働」の場をいかに設計するか？
日本科学未来館との協働による、患者・市民との対話イベント
「どう変わる！？がんとの向き合い方」

トークセッション&ワークショップ
「ゲノム研究で広がる可能性」
2020年2月16日（日）日本科学未来館
宮野 悟（東京大学）
片岡圭亮（国立がん研究センター）
高島響子（国立国際医療研究センター）
25名との丁寧な対話の実施



電子書籍で発売
(集英社e選書)



トークセッション「人とAIでひらく新たな医療」
2020年3月8日（日）ニコニコ生放送
宮野 悟（東京大学）
山口 類（名古屋県立がんセンター）
中田はる佳（国立がん研究センター）

7,400名以上の視聴者、2,000件を超えるコメント

【受賞】

1. 2020 宮野 悟 ヘルシーソサエティ賞（パイオニア部門）
2. 2019 小川誠司 ベルツ賞「骨髄異形成症候群（MDS）の分子遺伝学的基盤の解明と分子診断への応用」
3. 2018 岡田随象 井上リサーチアワード賞「横断的オミクス解析を活用したマイクロ RNA 創薬の推進」
4. 2017 小川誠司 武田医学賞「成人 T 細胞白血病の分子基盤とがんの免疫回避に関わるメカニズムに関する研究」
5. 2017 高橋 隆 日本癌学会第 26 回吉田富三賞「ヒト肺がんの発生機序に関わる分子機構の解明」
6. 2017 稲澤譲治 日本人類遺伝学会賞
7. 2016 小川誠司・宮野 悟「上原賞」「先端ゲノミクスによる癌の分子基盤の解明」2016 岡田随象 読売テクノ・フォーラム ゴールド・メダル賞「遺伝統計学によるゲノム創薬の研究」
8. 2016 小川誠司 紫綬褒章「腫瘍学研究」

6. 中間評価・事後評価の結果および所見

中間評価：A+

評価結果の所見

本研究領域は、前身にあたる新学術領域研究「計算とシミュレーションによるがんシステム学の創成」を発展させ、生命科学におけるビッグデータと先端的数据解析技術を活用した新しい方法論を提案し、「がん」のシステム的理解を目指すものである。領域全体としてスーパーコンピュータを用いた計算システム生物学の確立を目指し、数理・情報技術の開発を行うとともに、人工知能の導入を図り、人工知能を導入したがんの診断・治療法の確立に向けた挑戦においても際立った成果が上がっており、高く評価される。また、がん細胞文脈、がんの進化と多様性、ノンコーディング RNA 等の各研究項目においても多くの優れた研究成果が上がっており、期待以上の研究の進展が認められる。今後これらの成果を他の疾患へ応用することも含めて実用的なレベルまで高めていくことが期待される。

生命科学と情報科学の融合など、研究組織や分野を横断した有機的な共同研究体制が形成されている。国際活動支援、若手研究者の育成、社会への成果発信に関して、工夫した取組の下で着実に進展している。一方、ELSI 研究については、進展は認められるものの、一層の進展のために、他の領域組織との連携について、具体的にどうあるべきかを示すことが必要である。今後、学問的基盤の確立に向けた提言及び、世界に向けてリーダーシップを発揮していくことが期待される。

事後評価：A

評価結果の所見

本研究領域は、スーパーコンピュータを駆使した数理モデリングや大規模データ解析、及び遺伝統計解析などの方法論に加え、ビッグデータの活用、人工知能技術の導入やスーパーコンピュータの更なる大規模化によって、がんをシステムとして俯瞰ふかんととらえ、その多様性と複雑さの解明に挑んだ。さらに、新たながん領域の ELSI（倫理的・法的・社会的課題）研究を構築して、がん研究との融合を図った。がんの進化、ノンコーディング RNA 及びがん細胞文脈という概念の下で、がんのシステムの統合理解を深化させるとの設定目標に向かい、大規模な全ゲノム解析を中心とした注目に値する世界トップレベルの研究成果を上げた。また、領域代表者の強力なリーダーシップの下、がんの生物学と情報科学との融合が見事に行われ、がんの診断や治療へとつながる知見を創出したことは高く評価される。以上を踏まえ、新学術領域研究の形成に至る重要な前進があったと評価でき、研究領域の設定目的に照らして、期待通りの成果があったと認められる。今後は、がん組織における単一細胞レベルでの解析とその統合など、本研究領域において残された課題を十分に精査するとともに、次の研究展開について議論を深めることによって、本研究領域の一層の発展が期待される。