

令和 4 年 6 月 20 日現在

機関番号：12602

研究種目：国際共同研究加速基金（国際活動支援班）

研究期間：2015～2021

課題番号：15K21741

研究課題名（和文）システム癌新次元国際連携支援

研究課題名（英文）Support for International Cooperation in Systems Cancer in Neo-dimension

研究代表者

宮野 悟（Miyano, Satoru）

東京医科歯科大学・M&Dデータ科学センター・特任教授

研究者番号：50128104

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 47,800,000円

研究成果の概要（和文）：班員の国際ネットワークを調査し、研究者と国際動向を共有することを始点とした。人的交流（ネットワークを含む）とスーパーコンピュータ・人工知能の活用を融合して活動を行った。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。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本国際連携支援プロジェクトにより、がん研究のみならずELSI研究の世界トップランナーとの強い絆ができた。特にがんゲノミクス研究では、スーパーコンピュータを活用した国際共同研究が高いレベルで行われ顕著な成果が得られ大きな学術的意義があった。また、学生を含む派遣・受入れ交流は、次世代の研究者の育成に大きく貢献したことは人材育成の観点から社会的意義があったと考える。

研究成果の概要（英文）：The starting point was to investigate the international network of the members and share international trends with international researchers. Activities were carried out by fusing human interactions (including networks) with the use of supercomputers and artificial intelligence. We mutually exchanged researchers and held symposiums for international cooperation with researchers from the United States, Sweden, the United Kingdom, Thailand, South Korea, Finland, Mexico, Germany, Denmark, etc. As a result, we have produced world-class research results and solidified international cooperation.

研究分野：バイオインフォマティクス

キーワード：がん システム生物学 ゲノム科学 バイオインフォマティクス 人工知能

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

様式 C-19、F-19-1、Z-19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

システムがんを通じ俯瞰的ながんのシステムの理解が飛躍的に進んだが、ゲノムシーケンシング技術の革新により、様々ながんの本質に関わる新たな新次元の挑戦的課題が見えてきた。

まず、がんが個体レベルまた同一個体内における驚くべき多様性、さらには腫瘍内多様性を示すことが明らかになってきた。そのため、大規模サンプルの全ゲノムシーケンシングや単一細胞シーケンシングによる解析や、胚細胞系列の変異の同定によるがんのクローン進化の全体像の解明が必要であった。がん研究がこれまで集中的に探索してきたゲノム領域はタンパク質をコードしている 2% 弱の領域である。マイクロ RNA についてはがんとの関係が比較的解明されてきたが、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く、ゲノム領域の 70% 以上から転写されているノンコーディング RNA 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未踏の領域が眼前に現れた。がん細胞では老化と関わる因子に変調があることが報告されているが、高齢者のがんは生物学的に自然老化した細胞に生じており、個体あるいはその個体の細胞が一体どのような老化状態あるのかを捉えること、即ち、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必須となっていた。

一方、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、人智・人力を超えるようになっていた。そのため、人工知能分野で開発され、当時、様々な領域で注目されていた IBM Watson が実装している Cognitive Computing などの革新的情報技術の導入が世界で注目されていた。

ほぼほとんどの人が人生の中でがん直面する。ゲノムシーケンシング技術の革新が急速に進む中、生殖細胞系ゲノムだけでも Angelina Jolie さんの告白とその社会への影響は、今やがんゲノム研究が常に ELSI (倫理的・法的・社会的課題) と深く関わっていることを象徴するものであった。最先端のがん研究、特にゲノムに関する情報が、がんの予防や治療後の予後に明確に影響することがしだいに明らかとなり、ビッグデータがもたらす未だ遭遇していない課題も含め、がん、さらにはヒトに関する生命科学は ELSI 研究とともに進むべき領域であることが認識されはじめていた。米国では、さらに一歩進み、データサイエンスの ELSI が学問領域として成長を始めていた。

2. 研究の目的

本研究は、上述の「1. 研究の背景」のもと、以下に述べる「領域として国際活動を支援する必要性と効果」を狙い、並びに「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・向上させること」を実現することを目的とする。

(1) 領域として国際活動を支援する必要性と効果

がん研究は臨床検体を最も多く用いる研究分野であり、がんゲノムだけでなく germline ゲノムの情報ががんの理解には重要となっている。そのため、日本国内だけの検体でがん研究を進めていくことは戦略上の弱さがあり国際活動は不可欠である。班員が有している個人的ネットワークを束ね、相互に win-win の関係を構築していくことが肝要であり、その支援が必要である。また、ゲノム、RNA などオミクスデータは大規模化し、がんのシステムの統合理解のためにはデータを理解・解釈するための情報技術の重要性が相対的に大きくなっている。そのため、圧倒的な計算リソースと優れたデータ解析技術及びそのソフトウェアが必要であり、国際的にイニシアチブをとり計算リソースとその利用環境を国際標準として整備する必要がある。また、データサイエンスの ELSI 研究のように新たな次元が加わっており、データシェアリングが進む中、国内だけで研究は閉じえない状況である。本領域はがんを標ぼうし、がんという比較的班員がよくわかっているつもりになっているテーマをとりあげているが、スーパーコンピュータを駆使し、大きな可能性を秘めたビッグデータ、さらには高度に発達した人工知能システムが引き起こす、私達が遭遇したことのない新次元研究の端緒となることを目指す。

(2) 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存在感を維持・向上させること。

第一の戦略は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システムを国際共同研究に利用することである。ゲノム、RNA シーケンシング、エピゲノムなどのオミクスデータ解析には、メモリを多く積み、高速ディスクアレイからなるストレージが不可欠である。ファイルの生成・アクセスが大量で、小さな大量のジョブ処理に対応することが必須であり、通常の情報基盤センターの計算機では十分な対応ができない。2015 年 4 月から稼働を開始した Shirokane3 は、2 種類の計算ノードを有している。一つは 1 CPU コア当たり 5GB 以上のメモリを有し、全部で 414TFLOP の計算性能を持っている。もう一つは 1 ノード当たり 2TB のメモリを有するもので、全体として 440TFLOP の性能を有している。さらに、ゲノムシーケンシングデータ解析では大規模な高速ストレージが不可欠で、Shirokane3 は、12PB の Lustre File System (高速ディスクアレイで、多数のプロセスからストレージに同時アクセスしても効率が落ちない) を有している。また、大規模データに対応するために 100PB まで拡張可能なストレージ (現時点では 22PB を実装) を有している。そして、グリッドエンジンを導入することにより、ユーザにプロ

グラムの高並列化などの負担をかけることなく、大量かつ大規模なジョブを処理できるようにしている。そして、国際がんゲノムコンソーシアム(22カ国及びEU、77プロジェクト)のPancancer解析の世界6拠点の1つとして大きく貢献してきた。また、米国シカゴ大学が中心となっているが、東京大学医科学研究所、理化学研究所、ワシントン大学、台湾、タイ、中国科学院がMAGiC(Mid-West Asia Genomics Consortium)プロジェクトの推進体制を構築し(2012年開始)現在、前立腺がんの進化とヘテロ性の解明にむけて、ヒトゲノム解析センターがそのスーパーコンピュータを活用して大規模データ解析の拠点となっている。こうした実績を規範として、国際活動を支援し、研究者コミュニティをリードする。

第二の戦略は、領域代表者がPIを務めてきた「システムがん」、及び「京」コンピュータのソフトウェア開発に関して、2006年から始まった文部科学省「次世代スーパーコンピュータプロジェクト」における「次世代生命体統合シミュレーションソフトウェアの研究開発」(データ解析融合)2011年から始まった文部科学省HPCI戦略プログラム戦略分野1「予測する生命科学・医療および創薬基盤」における戦略課題「大規模生命データ解析」で開発してきた全ゲノムデータ解析技術、大規模遺伝子ネットワーク解析技術、データ駆動型研究のためのデータ同化技術など、世界最高レベルのソフトウェア群を国際活動支援に用いることである。特に、全ゲノムデータ解析技術で開発したパイプラインは、小川等の研究を飛躍的に進め、世界を圧倒する研究成果を出している。

また、領域代表者は2014年に採択された『ポスト「京」の重点課題』の重点課題「個別化・予防医療を支援する統合計算生命科学」の課題責任者として、関連する研究プロジェクトとの連携が推進されており、現時点では「京」、その後「ポスト「京」」の利用ができる。これらは、がん研究だけでなく生命科学研究全般においても世界に類のない計算リソースとなっており、戦略上重要である。以上これらにより、国際社会における我が国の存在感を維持・向上することができる。

3. 研究の方法

IBM Watsonを導入しているNew York Genome Center及びMount Sinaiとゲノムビッグデータ解析に関して利用知見の共有を行っていく。また、Memorial Sloan-Kettering Cancer Center及びMD Anderson Cancer Centerについても日本アイ・ビー・エムの協力が得られることになっている。また、International Conference on Advanced Cognitive Technologies and Applicationsのコミュニティに参加し、がん研究応用について国際ネットワークを構築していく。外部諮問委員である中村祐輔教授のいるシカゴ大学を中心として、MAGiC(Midwest-Asia Genomics Consortium:代表Mark Latain(University of Chicago))に領域申請者がはいており、米国シカゴ大学、ワシントン大学、台湾、タイ、中国科学院、日本(理研、ヒトゲノム解析センター)が現在、前立腺がんの進化とヘテロ性の解明にむけて、ヒトゲノム解析センターがそのスパコンを活用して大規模データ解析を進めている。また、領域申請者は、国際がんゲノムコンソーシアムに入っており、このネットワークも活用して領域を発展させる。システムがんで行ってきたSeoul National University Cancer Instituteの国際シンポジウムを継続して活用する。また、シンポジウムその他、メディアをとおして国際情報発信する。

【2015年度の計画】

「システム癌新次元」では総括班に支援班を置いており、総括班内に置く「国際活動支援班」は、この活動とシナジーを出すように以下の項目を実施する。

1. 相互派遣企画委員会及び国際共同研究推進委員会を設置する。委員会は総括班員(本申請の研究代表者及び連携研究者)で構成する。
2. 各計画研究代表者及び分担者が有している国際ネットワークの調査を行い、それらをまとめ、相互派遣企画委員会及び国際共同研究推進委員会の企画、計画立案のベースを作るとともに、研究の国際動向を領域として共有する。当初の計画にある国際がんゲノムコンソーシアム(宮野はメンバーの一人)のネットワークやMAGiCネットワークは既に確固としたものとなっている。
3. 前述の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・戦略に基づき、スーパーコンピュータリソース及びソフトウェアを国際利用可能なように調整・整備を開始する。
4. 米国IBM本社のWatson事業部とWatsonの本領域を初めとする研究開発利用について定期的に打合せを行う(既に、2~3週間おきに電話会議を実施している)。

【2016年度~2017年度】

1. 2015年度の調査に基づき、相互派遣企画委員会において派遣と受入についての企画を検討し、海外の研究グループとの調整を行う。その後、応募要領を作成し、応募を行う。応募者に対しては、随時委員会において審査を行い、派遣する研究員を決定する。また、海外からの受入れについても同様に、領域内の研究室への受け入れ研究員の決定を行う。派遣及び受入の期間については、効果をねらい、短期から長期まで経費の範囲内で柔軟性を持たせる。
2. シークエンス技術の革新にともなって研究の方法論が大きく変わる可能性があるため、国際共同研究推進委員会において国際動向の分析を行う。国際がんゲノムコンソーシアムの動向を見ながらデータ解析、並びにデータシェアリングについて検討する。また、がん研究及び革新的情報技術のステークホルダーを招聘し、領域の活性を図る。
3. 総括班内の研究支援班は、領域申請時においては領域内の支援を想定していたが、本国際活動

支援班の活動指針と連動して、国際共同研究の支援にあたる。また、相互派遣の仕組みにより、国際的にリードをとりながら、本領域内では補足できない技術・ノウハウなどを、海外からの研究員を受け入れ、並びに研究員の海外派遣によって取り入れる。

4. スーパーコンピュータリソース及びソフトウェアの国際利用の調整・整備を継続して行う。

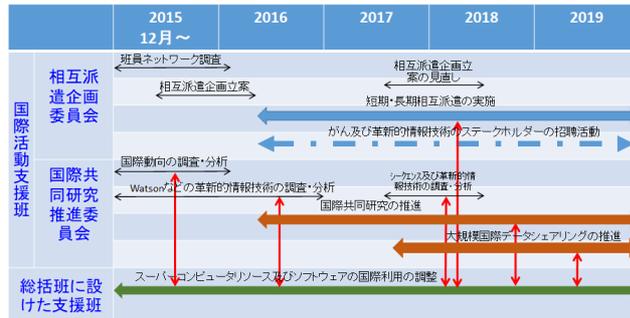
5. IBM 本社の Watson 事業部と Watson の本領域を初めとする研究開発利用について定期的に打合せを行いながら、共同研究への道筋について合意を得ることを目指す。

【2018年～2019年度】

1. 世界中から膨大なデータが産生されるため、国際的なデータシェアリングの活動の支援を行う。これには本領域のがん ELSI 研究が担う。

2. Watson に類似または同等の様々な人工知能の応用技術が実現されていると想定されるため、革新的情報技術に関する分野との相互派遣を実施する。

国際活動支援の体制として総括班内に「国際活動支援班」を設け、研究支援班と連動させる。そして、ヒトゲノム解析センター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する。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人材を育成する。こうして、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する。



4. 研究成果

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。以下、年度ごとの活動を記載する。論文等の成果は「5. 主な発表論文等」にまとめているが、世界トップレベルの成果を創出した。

2015年度:小川誠司(計画研究代表者)が、タイより研究員を受け入れ、連携を開始した。各計画研究代表者及び分担者が有している国際ネットワークの調査を行い、研究の国際動向を領域として共有した。その結果、2015年度は、武藤香織(計画研究代表者)が、これまで研究者を派遣していた実績に基づき、フィンランドでの会議(ACMG Annual Clinical Genetic Meeting)に連携強化のため研究員を派遣した。また、中国科学院生命科学研究所と連携強化の協議を行った。さらに、国際共同研究推進委員会では、韓国、米国等でのシンポジウム等を使い、ソウル大学がん研究所及びオクラホマ大学に、システム癌新次元の研究展開を企画した。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・戦略に基づき、スパコンリソース及びソフトウェアを国際利用可能なように調整・整備を開始した。その結果、ヒトゲノム解析センターに国際がんゲノムコンソーシアムの全ゲノムデータのアジア・ミラーサイト(約1PBストレージを用意)を設置する方向で検討を開始し、実現した。シカゴ大学を中心としたMidwest-Asia Genomics Consortiumにおいて、前立腺がんの進化とヘテロ性の解明にむけて、ヒトゲノム解析センターがそのスパコンを活用した大規模データ解析を進めた。さらに、Watsonを通して、がん研究応用について国際ネットワークの構築を開始した。

2016年度:国際共同研究先への派遣準備・派遣、国際共同研究を推進するためのハブ形成のためのワークショップを準備した。小川誠司(計画研究代表者)が、タイ国チュラロンコン大学より研究員を2回に分けて受入、国際共同研究が進展した。また、同計画研究からハーバード大学へ研究者を派遣することに加え、これまでに作り上げた研究者ネットワークから多くの共同研究が推進され、世界トップレベルの成果を創出した。また、岡田随象(計画研究代表者)が英国サンガー研究所より研究者を招聘し共同研究が進んだ。また、宮野悟(計画研究代表者)はシカゴ大学とは1回/月の頻度でビデオ会議により共同研究を進めるとともに、シカゴ大学の経費で研究者が東大医科学研究所に来訪し、共同研究成果が論文として出た。シカゴ大学とはヒトゲノム解析センターのスーパーコンピュータと本新学術領域で開発したソフトウェアにより、共同研究が実施された。稲澤譲治(計画研究代表者)は、韓国のソウル大学、及び米国オクラホマ大学と交流で、計画研究等の研究者を巻き込んで国際共同研究の推進をはかった。武藤香織(計画研究)がELSI関係でフィンランドへ研究者を派遣したが、その基礎に基づき共同研究が芽生えた。また、宮野悟(計画研究)が中国科学院生命科学研究所を訪問し連携を強化した。その結果2017年3月に上海でのシンポジウムに招待され、研究の施策も含め議論が始まった。人工知能応用について世界最大の国際ネットワーク(IBM World of Watson, Las Vegas, USA)に招待された(2万人の参加者、40万人がウェブ受信)。

2017年度:海外の研究先への派遣、国際共同研究を推進するために海外から研究者を招聘してネットワークを形成することが主な活動となった。2017年度は、5月にほぼ1ヶ月間2名の若手研究者をMD Anderson Cancer Centerに派遣した。6月にはSystems Genomicsをテーマにハブ形成のために、若手研究者達により東大医科学研究所に招聘し、セミナー、交流会を開催

しネットワーク作りを行った。内訳は、韓国 University of Ulsan College of Medicine(1名)、The Wellcome Trust Sanger Center(3名)、Harvard Medical School(1名)、University of Michigan(1名)、Mount Sinai(2名)であった。6月に東京医科歯科大学に韓国 Seoul National University(1名)、米国 UC San Diego(1名)を招聘し、シンポジウムに参加、交流を行った。

7月には宮野悟と小川誠司がシカゴ大学 Center for Personalized Therapeutics を訪問し、外部諮問委員である中村祐輔教授のコーディネーションによりセミナーを行うとともに同センターの主要な研究者と研究討論を行った。さらに、フンボルト大学及びボストン大学との連携のため、7月下旬に宮野悟他3名がベルリンのフンボルト大学に集まり議論を行った。小川誠司はカロリンスカ研究所へ1名を派遣、またタイ・チュラロンコン大学から1名(2回)の研究者を招聘して共同研究が進展した。米国 George Mason University へも2名を派遣した。

2018年度:2017年度から年度をまたがる形で2018年3月~4月にタイ・チュラロンコン王立記念病院からがんゲノミクスの研究者1名を京都大学医学研究科に招聘して共同研究を実施した。5月にメキシコ El Colegio Nacional へ3名を東大医科学研究所から派遣し、バイオインフォマティクス・システムズバイロロジー及びがん研究に関する国際連携拠点の形成を開始した。2019年に継続して連携することが決まった。6月には、英国サンガー研究所から研究者1名を招聘し、名古屋、京都大学においてがんゲノミクスに関する共同研究の打合せと今後の計画について詳細を詰めた。10月には、米国ミシガン大学よりバイオスタティスティクスの研究者1名、デンマーク・コペンハーゲン大学より研究者1名を東大医科学研究所に招聘して、癌のゲノム・オミックスデータ解析のための統計手法の開発についての研究の打合せを実施した。また、スウェーデン・ヘルシンキ大学よりがんゲノミクスの研究者を京都大学医学研究科に招聘し、がんゲノム解析についての研究打合せを行った。11月には、香港大学より7名のバイオインフォマティクスおよびゲノミクスの研究者を東大医科学研究所に招聘し、セミナー等により連携を深めた。これらの活動は、若手国際ネットワーク形成に大きく貢献したと考えている。また、こうした国際共同研究をふくめ複数の国際共同研究を実施するにあたり、ヒトゲノム解析センターのスパコンシステムを利用した支援が極めて有効であった。

2019年度:これまでに形成してきた国際共同研究拠点での研究活動の推進と深化、新たな国際共同研究ネットワーク形成を行った。2019年度は、6月~8月に大阪大学の大学院生を米国 Icahn School of Medicine at Mount Sinai に派遣し、疾患ゲノムデータ解析の国際共同研究とその拠点構築に当たった。9月には英国 Sanger Institute より研究者1名を招聘し、京都大学においてがんゲノミクスの共同研究打ち合わせを行った。10月には東京大学医科学研究所より5名をメキシコの Center for Research & Advanced Studies (CRAS) に派遣し、システムズバイオロロジーとがん研究に関する国際共同研究拠点での共同研究、並びに CRAS からの要請によりバイオインフォマティクス・ハンズオン支援活動 Practices in Bioinformatics and Systems Biology を実施した(メキシコ側参加者約30人)。2020年1月29日に、Sheraton Miyako Hotel Tokyo で国際会議 International Conference on Cancer Systems Biology Beyond を開催し、米国・韓国・カナダ・ドイツ・スウェーデンから、がん、システムズバイオロロジー、ゲノム科学、ELSI の研究者7名を招聘した。数十名の国内研究者も参加し、国際共同研究の推進を図った。この国際会議の前後において研究交流を実施した。2020年3月に東京医科歯科大学で開催予定国際連携に基づくシンポジウムは COVID-19 のため2020年度に延期した。

2020年度:COVID-19 が収束せず、対面での交流はできなかったが、小川誠司等のカロリンスカ研究所との交流は、データ解析を通じてほぼ順調に行われた。また、台湾、ドイツがん研究コンソーシアム、German Cancer Research Center、ヘルシンキ大学、米国 Memorial Sloan Kettering Cancer Center 等、共同研究の成果に到達できた。データ解析は、東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センターのスパコン SHIROKANE を活用した。総合的研究成果を国際会議 Recomb2020 Computational Molecular Biology Conference (2020年6月22日-2020年6月25日)で基調講演として発表した(Miyano S: Cancer Big Data Challenges from Genomes to Networks)。延期していた東京医科歯科大学で開催予定の国際シンポジウムは、COVID-19 が収束しなかったため、最終的にはその国際シンポジウムを中止する決断をした。

2021年度: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。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した。連携のベースは、がんに関するデータ解析であり、東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センターのスパコン 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。その成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、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。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計22件（うち査読付論文 22件／うち国際共著 21件／うちオープンアクセス 12件）

1. 著者名 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.	4. 巻 -
2. 論文標題 The landscape of genetic aberrations in myxofibrosarcoma	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Int J Cancer	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1002/ijc.34051	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する
1. 著者名 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	4. 巻 -
2. 論文標題 Prediction of drug candidates for clear cell renal cell carcinoma using a systems biology-based drug repositioning approach	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 EBioMedicine	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.ebiom.2022.103963	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する
1. 著者名 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	4. 巻 24(3)
2. 論文標題 Pseudouridine-modified tRNA fragments repress aberrant protein synthesis and predict leukaemic progression in myelodysplastic syndrome	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Nat Cell Biol	6. 最初と最後の頁 299-306
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41556-022-00852-9	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する
1. 著者名 Chin DWL, Yoshizato T, Viriding Culleton S, Grasso F, Barbachowska M, Ogawa S, Jacobsen SEW, Woll PS	4. 巻 139(4)
2. 論文標題 Aged healthy mice acquire clonal hematopoiesis mutations	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Blood	6. 最初と最後の頁 629-634
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1182/blood.2021014235	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する

1. 著者名 COVID-19 Host Genetics Initiative	4. 巻 600(7889)
2. 論文標題 Mapping the human genetic architecture of COVID-19	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Nature	6. 最初と最後の頁 472-477
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41586-021-03767-x	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 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	4. 巻 35(8)
2. 論文標題 Co-mutation pattern, clonal hierarchy, and clone size concur to determine disease phenotype of SRSF2P95-mutated neoplasms	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Leukemia	6. 最初と最後の頁 2371-2381
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41375-020-01106-z	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 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 Miyano S, Coleman JA, Homma Y, Solit DB, Kume H, Ogawa S	4. 巻 39(6)
2. 論文標題 Molecular classification and diagnostics of upper urinary tract urothelial carcinoma	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Cancer Cell	6. 最初と最後の頁 793-809
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.ccell.2021.05.008	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Li X, Kim W, Juszczak K, Arif M, Sato Y, Kume H, Ogawa S, Turkez H, Boren J, Nielsen J, Uhlen M, Zhang C, Mardinoglu A	4. 巻 24(7)
2. 論文標題 Stratification of patients with clear cell renal cell carcinoma to facilitate drug repositioning	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 iScience	6. 最初と最後の頁 102722
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.isci.2021.102722	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 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, Hellström-Lindberg E, Papaemmanuil E, Papapetrou EP	4. 巻 6(10)
2. 論文標題 Patient-specific MDS-RS iPSCs define the mis-spliced transcript repertoire and chromatin landscape of SF3B1-mutant HSPCs	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Blood Adv	6. 最初と最後の頁 2992-3005
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1182/bloodadvances	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Ochi Y, Yoshida K, Huang YJ, Kuo MC, Nannya Y, Sasaki K, Mitani K, Hosoya N, Hiramoto N, Ishikawa T, Branford S, Shanmuganathan N, Bera R, Shiozawa Y, Zhao L, Takeda J, Watatani Y, Okuda R, Makishima H, Shiraishi Y, Sanada M, Takaori-Kondo A, Miyano S, Ogawa S, Shih LY	4. 巻 12(1)
2. 論文標題 Clonal evolution and clinical implications of genetic abnormalities in blastic transformation of chronic myeloid leukaemia	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Nat Commun	6. 最初と最後の頁 2833
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41467-021-23097-w	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Bernard E, Nannya Y, Hasserjian RP, Devlin SM, Follo MY, Thol F, Pinheiro RF, Schanz J, T, Polprasert C, Bennett JM, Klimek VM, Savona MR, Belickova M, Ganster C, Palomo L, Sanz G, Ades L, Della Porta MG, Elias HK, Smith AG, Werner Y, Patel M, Viale A, Vanness K, Neuberg DS, Stevenson KE, Ogawa S, Papaemmanuil E	4. 巻 27(5)
2. 論文標題 Implications of TP53 allelic state for genome stability, clinical presentation and outcomes in myelodysplastic syndromes	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Nat Med	6. 最初と最後の頁 927
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41591-021-01367-w	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Lundgren S, Kankainen M, Huuhtanen J, Walldin G, Kerr CM, Clemente M, Ebeling F, Rajala H, Brck O, Lki H, Hannula S, Hannunen T, Ellonen P, Young NS, Ogawa S, Maciejewski JP, Hellstroem-Lindberg E, Mustjoki S	4. 巻 35(5)
2. 論文標題 Somatic mutations in lymphocytes in patients with immune-mediated aplastic anemia	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Leukemia	6. 最初と最後の頁 1365-1379
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41375-021-01231-3	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 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	4. 巻 66
2. 論文標題 A genetically defined signature of responsiveness to erlotinib in early-stage pancreatic cancer patients: Results from the CONKO-005 trial	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 EBioMedicine	6. 最初と最後の頁 103327
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.ebiom.2021.103327	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 14.Kakiuchi N, Ogawa S	4. 巻 21(4)
2. 論文標題 Clonal expansion in non-cancer tissues	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Nat Rev Cancer	6. 最初と最後の頁 239-256
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41568-021-00335-3	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Ochi Y, Yoshida K, Huang YJ, Kuo MC, Nannya Y, Sasaki K, Mitani K, Hosoya N, Hiramoto N, Ishikawa T, Ohyashiki K, Takahashi N, Takaku T, Tsuchiya S, Kanemura N, Nakamura N, Ueda Y, Yoshihara S, Watatani Y, Okuda R, Makishima H, Shiraishi Y, Chiba K, Tanaka H, Sanada M, Takaori-Kondo A, Miyano S, Ogawa S, Shih LY	4. 巻 12(1)
2. 論文標題 Clonal evolution and clinical implications of genetic abnormalities in blastic transformation of chronic myeloid leukaemia	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Nat Commun	6. 最初と最後の頁 2833-2833
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41467-021-23097-w	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Lundgren S, Kankainen M, Huhthanen J, Walldin G, Kerr CM, Clemente M, Ebeling F, Rajala H, Brck O, Lki H, Hannula S, Hannunen T, Ellonen P, Young NS, Ogawa S, Maciejewski JP, Hellstroem-Lindberg E, Mustjoki S	4. 巻 35(5)
2. 論文標題 Somatic mutations in lymphocytes in patients with immune-mediated aplastic anemia	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Leukemia	6. 最初と最後の頁 1365-1379
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41375-021-01231-3	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 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, Peizer U, Hummel M, Riess H, Ogawa S, Sinn M, Damm F	4. 巻 66
2. 論文標題 A genetically defined signature of responsiveness to erlotinib in early-stage pancreatic cancer patients: Results from the CONKO-005 trial	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 EBioMedicine	6. 最初と最後の頁 103327-103327
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.ebiom.2021.103327	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Li X, Kim W, Arif M, Gao C, Hober A, Kotol D, Strandberg L, Forsstr B, Sivertsson, Oksvold P, Turkez H, Grotli M, Sato Y, Kume H, Ogawa S, Boren J, Nielsen J, Uhlen M, Zhang C, Mardinoglu A	4. 巻 13(2)
2. 論文標題 Discovery of Functional Alternatively Spliced PKM Transcripts in Human Cancers	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Cancers (Basel)	6. 最初と最後の頁 348-348
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/cancers13020348	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 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	4. 巻 62(1)
2. 論文標題 Frequent mutations in HLA and related genes in extranodal NK/T cell lymphomas. Leuk Lymphoma	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Leuk Lymphoma	6. 最初と最後の頁 95-103
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1080/10428194.2020.1821011	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 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	4. 巻 --
2. 論文標題 Co-mutation pattern, clonal hierarchy, and clone size concur to determine disease phenotype of SRSF2P95-mutated neoplasms	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Leukemia	6. 最初と最後の頁 --
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41375-020-01106-z	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Dingler FA, Wang M, Mu A, Millington CL, 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, Hodskinson MRG, Takata M, Patel KJ	4. 巻 80(6)
2. 論文標題 Two Aldehyde Clearance Systems Are Essential to Prevent Lethal Formaldehyde Accumulation in Mice and Humans	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Mol Cell	6. 最初と最後の頁 996-1012
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.molcel.2020.10.012	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Bernard E, Nannya Y, Hasserjian RP, Ogawa S, Papaemmanuil E	4. 巻 26(10)
2. 論文標題 Implications of TP53 allelic state for genome stability, clinical presentation and outcomes in myelodysplastic syndromes	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Nat Med	6. 最初と最後の頁 1549-1556
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41591-020-1008-z	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計36件 (うち招待講演 33件 / うち国際学会 28件)

1. 発表者名 Seishi Ogawa
2. 発表標題 Cancer mutations in normal tissues
3. 学会等名 The 1st International Symposium of CCII-Bioinformatics and its application to cancer and other diseases (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Seishi Ogawa
2. 発表標題 Clonal Expansion in Apparently Normal Tissues
3. 学会等名 JCA-AACR Precision Cancer Medicine International Conference (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Seishi Ogawa
2. 発表標題 Inflammation
3. 学会等名 AACR-JCA Joint Session explores tumor evolution (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Satoru Miyano
2. 発表標題 Important Issues for Realizing AI Hospital : from cancer genomic medicine
3. 学会等名 German Centre for Research Innovation Workshop (Online) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Satoru Miyano
2. 発表標題 Network Approaches to Drug Target/Resistance with Supercomputers
3. 学会等名 第80回日本癌学会学術総会Symposia 20: Drug discovery and diagnosis enhanced with AI (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Satoru Miyano
2. 発表標題 Challenges to Personalized Medicine by AI and Big Data - Genomes to Networks
3. 学会等名 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” (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 宮野 悟
2. 発表標題 がんゲノム医療と人工知能
3. 学会等名 第59回日本癌治療学会学術集会会長企画シンポジウム「AI oncology の現状と今後の展望」(招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 宮野 悟
2. 発表標題 医療の未来を拓くために必要なAI技術
3. 学会等名 第158回日本医学会シンポジウム(招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 宮野 悟
2. 発表標題 メディカルデータサイエンスの現状
3. 学会等名 第110回日本病理学会総会. 特別企画(招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 宮野 悟
2. 発表標題 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
3. 学会等名 第39回日本脳腫瘍学会(招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 宮野 悟
2. 発表標題 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
3. 学会等名 第6回医療と創造性及び世界平和シンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Satoru Miyano
2. 発表標題 Cancer Big Data Challenges from Genomes to Networks
3. 学会等名 The 24th International Conference on Research in Computational Molecular Biology (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 宮野 悟
2. 発表標題 がん研究・医療のための自然言語処理と説明可能 AI
3. 学会等名 第79回日本癌学会学術集会 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 宮野 悟
2. 発表標題 AIで支援する臨床ゲノム解析
3. 学会等名 日本がん分子標的治療学会TRワークショップ (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 宮野 悟
2. 発表標題 がん研究・医療とAIに関わる進捗と課題
3. 学会等名 第17回日本婦人科がん会議（招待講演）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Satoru Miyano
2. 発表標題 Digesting Cancer Big Networks by Explainable AI and Supercomputers
3. 学会等名 The 3rd R-CCS International Symposium（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 宮野 悟
2. 発表標題 AIでがんのゲノム医療はどこまでの確にかつ効率的になるのか
3. 学会等名 第85回日本循環器学会_第三回医療AIコンテスト（招待講演）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Satoru Miyano
2. 発表標題 Cancer Big Data Analysis with Supercomputers
3. 学会等名 The 2nd Workshop “PRACTICES IN BIOINFORMATICS AND SYSTEMS BIOLOGY”（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Kotoe Katayama
2. 発表標題 Genomon: A cancer genome mutation detection pipeline
3. 学会等名 The 2nd Workshop “ PRACTICES IN BIOINFORMATICS AND SYSTEMS BIOLOGY ” (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Seiya Imoto
2. 発表標題 Computational Prediction of Gene Networks for Drug Target Discovery
3. 学会等名 The 2nd Workshop “ PRACTICES IN BIOINFORMATICS AND SYSTEMS BIOLOGY ” (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Yaozhong Zhang
2. 発表標題 Nanopore sequencing: from basecalling to structural variant detection
3. 学会等名 The 2nd Workshop “ PRACTICES IN BIOINFORMATICS AND SYSTEMS BIOLOGY ” (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Takuya Moriyama
2. 発表標題 Flexible Bayesian Modeling for Accurate Mutation Calling from Multi-Regional Tumors
3. 学会等名 The 2nd Workshop “ PRACTICES IN BIOINFORMATICS AND SYSTEMS BIOLOGY ” (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Seishi Ogawa
2. 発表標題 On the origin of cancer
3. 学会等名 International Conference on Cancer Systems Biology Beyond (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Matthew Meyerson
2. 発表標題 Lung cancer biology: from genomes to function
3. 学会等名 International Conference on Cancer Systems Biology Beyond (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Takashi Takahashi
2. 発表標題 Divergent lncRNA MYMLR regulates MYC by eliciting DNA looping and promoter-enhancer interaction
3. 学会等名 International Conference on Cancer Systems Biology Beyond (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Edda Klipp
2. 発表標題 Mathematical modeling of metabolism in cancer and physical constraints for cell growth
3. 学会等名 International Conference on Cancer Systems Biology Beyond (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Rune Linding
2. 発表標題 Deep Hidden Physics Modeling of Cell Signaling Networks
3. 学会等名 International Conference on Cancer Systems Biology Beyond (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Guillaume Lettre
2. 発表標題 Exploring the genetics of population diversity to study hematological trait variation and diseases
3. 学会等名 International Conference on Cancer Systems Biology Beyond (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Yukinori Okada
2. 発表標題 Statistical genetics, disease biology, and drug discovery
3. 学会等名 International Conference on Cancer Systems Biology Beyond (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Olli Kallioniemi
2. 発表標題 Systems Precision Medicine for Tailoring Treatments to Patients with Acute Myeloid Leukemia
3. 学会等名 International Conference on Cancer Systems Biology Beyond (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Johji Inazawa
2. 発表標題 MicroRNA Therapeutics in Precision Cancer Medicine (PCM)
3. 学会等名 International Conference on Cancer Systems Biology Beyond (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Ock-Joo Kim, Yoon-Jung Chang
2. 発表標題 Ethics of Cancer Genomics and Discrimination in East Asia: South Korean Experience and Beyond
3. 学会等名 International Conference on Cancer Systems Biology Beyond (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Kaori Muto, Akiko Nagai
2. 発表標題 What Public Concerns Exist Regarding Cancer Genomic Medicine? The Japanese Experience and Beyond
3. 学会等名 International Conference on Cancer Systems Biology Beyond (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Tsuyoshi Osawa
2. 発表標題 Integrative Nutriomics Approach for understanding Cancer and Metabolism
3. 学会等名 International Conference on Cancer Systems Biology Beyond (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Satoru Miyano
2. 発表標題 Cancer Big Data Challenges by Supercomputers and Artificial Intelligence
3. 学会等名 International Conference on Cancer Systems Biology Beyond (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 宮野 悟
2. 発表標題 Accelerating Cancer Clinical Sequence by Artificial Intelligence and Supercomputer
3. 学会等名 Seminar Precision Medicine in the 21st Century in Mexico (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

システム癌新次元ホームページ http://neosystemscancer.hgc.jp/ 国際会議"Cancer Systems Biology Beyond"ホームページ http://neosystemscancer.hgc.jp/csbbeyond 国際会議"ISPCM2020"ホームページ https://www2.aeplan.co.jp/ispcm2020/index.html

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

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計5件

国際研究集会 International Conference on Cancer Systems Biology Beyond	開催年 2020年～2020年
国際研究集会 II WORKSHOP "PRACTICES IN BIOINFORMATICS AND SYSTEMS BIOLOGY"	開催年 2019年～2019年

国際研究集会 Joint Hong Kong-Japan Bioinformatics and Systems Biology Workshop	開催年 2018年～2018年
国際研究集会 The Workshop on Bioinformatics at the Supercomputing Facility of Cinvestav	開催年 2018年～2018年
国際研究集会 Precision Medicine in the 21st Century, El Colegio Nacional Mexico	開催年 2018年～2018年

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関			
スウェーデン	カロリンスカ研究所			
英国	Sanger Institute			
米国	Ichahn School of Medicine at Mount Sinai	Harvard Medical School	ミシガン大学	他5機関
ドイツ	フンボルト大学			
韓国	Seoul National University	National Cancer Center	University of Ulsan College of Medicine	
タイ	チュラロンコン大学	Thammasat University		
中国	The University of Hong Kong	The Chinese University of Hong Kong	City University of Honk Kong	他1機関
カナダ	Ontario Institute for Cancer Research			
フィンランド	ヘルシンキ大学			