

平成 28 年度 委託研究開発成果報告書

I. 基本情報

- 事業名 : (日本語) 次世代がん医療創生研究事業
(英語) Project for Cancer Research and Therapeutic Evolution
- 研究開発課題名 : (日本語) ヒト上皮性腫瘍の発生・進展機構の解明と新規治療標的の同定
(英語) Elucidation of initiation and progression mechanism of human epithelial tumors towards identification of novel therapeutic targets
- 研究開発担当者 (日本語) 国立大学法人東京大学先端科学技術研究センター ゲノムサイエンス分野
教授 油谷浩幸
- 所属 役職 氏名 : (英語) Research Center for Advanced Science and Technology,
The University of Tokyo
Professor Hiroyuki ABURATANI
- 実施期間 : 平成 28 年 5 月 25 日 ~ 平成 29 年 3 月 31 日
- 分担研究 (日本語) がんゲノム解析手法の開発とデータ解析基盤の構築
開発課題名 : (英語) Development of cancer genome analysis method and data analysis platform
- 研究開発分担者 (日本語) 国立大学法人東京大学先端科学技術研究センター・教授・油谷浩幸
所属 役職 氏名 : (英語) Research Center for Advanced Science and Technology, The University of Tokyo, Professor, Hiroyuki Aburatani
- 分担研究 (日本語) 大腸がんの網羅的ゲノム解析
開発課題名 : (英語) Comprehensive genomic analysis of colorectal cancer
- 研究開発分担者 (日本語) 国立大学法人東京大学大学院医学系研究科ゲノム医学講座・
特任講師・河津正人
所属 役職 氏名 : (英語) Graduate School of Medicine, Department of Cellular Signaling, Project Lecturer, Masahito Kawazu

分担研究 (日本語) 肺がんの網羅的ゲノム解析
開発課題名: (英語) Comprehensive genomic analysis of lung cancer

研究開発分担者 (日本語) 国立大学法人東京大学大学院医学系研究科細胞情報学分野・助教・曾田学
所属 役職 氏名: (英語) Graduate School of Medicine, Department of Cellular Signaling,
Assistant Professor, Manabu Soda

分担研究 (日本語) 肺がんの臨床病理学的解析
開発課題名: (英語) Clinicopathologic analyses of the lung cancer

研究開発分担者 (日本語) 愛知県がんセンター中央病院 遺伝子病理診断部 部長 谷田部 恭
所属 役職 氏名: (英語) Yasushi Yatabe, Chief, Dept of Pathology and Molecular Diagnostics,
Aichi Cancer Center

分担研究 (日本語) 胃がんの治療応答性・再発に関する研究
開発課題名: (英語) Clinical study on treatment sensitivity and recurrence of gastric
cancer

研究開発分担者 (日本語) 公立大学法人横浜市立大学 外科治療 准教授 利野 靖
所属 役職 氏名: (英語) Yokohama City University, Department of Surgery,
Associate Professor, Yasushi Rino

分担研究 (日本語) 胃がんの臨床病理学的解析
開発課題名: (英語) Clinicopathological analysis of gastric cancer

研究開発分担者 (日本語) 国立大学法人東京大学 大学院医学系研究科人体病理学・病理診断学分野
准教授 牛久哲男
所属 役職 氏名: (英語) Department of Pathology, Graduate School of Medicine, The University
of Tokyo. Associate Professor. Tetsuo Ushiku

分担研究 (日本語) 卵巣がんにおける多様性、不均一性からみた治療戦略の確立
開発課題名: (英語) Development of a novel treatment strategy based on clonal diversity
and evolution in ovarian carcinoma

研究開発分担者 (日本語) 国立大学法人東京大学大学院医学系研究科産婦人科学 准教授 織田克利
所属 役職 氏名: (英語) Department of Obstetrics and Gynecology, Graduate School of Medicine,
The University of Tokyo, Katsutoshi Oda

分担研究 (日本語) 卵巣がんにおける多様性、不均一性からみた治療戦略の確立
開発課題名: (英語) Development of a novel treatment strategy based on clonal diversity and evolution in ovarian carcinoma

研究開発分担者 (日本語) 学校法人埼玉医科大学医学部 教授 長谷川幸清
所属 役職 氏名: (英語) Saitama Medical University, Professor, Kosei Hasegawa

II. 成果の概要 (総括研究報告)

1) がんゲノム解析手法の開発とデータ解析基盤の構築

遺伝子変異検出のみならず、全ゲノム解析、RNA-seq 解析、メチローム解析などの解析プラットフォームの確立およびデータ解析パイプラインを提供した。引き続き臨床試料としてホルマリン固定パラフィン包埋組織あるいは血漿中 free DNA など微量あるいは分解した DNA の解析手法の確立に着手した。

germline 変異について、公開されている国際的および日本人ゲノムデータ及びこれまでに収集したエクソーム解析データを用いて発がん高リスク群の同定へ向けての情報基盤構築に着手した。

2) 大腸がんの新規治療標的・バイオマーカー同定

MSI 大腸がん検体の全エクソン解析、トランスクリプトーム解析、メチローム解析を完了した。新規治療標的候補を同定し、その分子生物学的解析を進めた。配分された調整費により、データ取得を加速できた。

3) 肺がんの新規治療標的・バイオマーカー同定

EGFR/ALK/ROS1/RET がん遺伝子陰性の肺腺がんの全エクソン解析、トランスクリプトーム解析を行なった。新規治療標的候補を同定し、その分子生物学的解析を進めた。病理組織学的に特徴のある、EGFR/ALK がん遺伝子陰性の肺腺癌症例の全エクソン解析を完了した。ある組織型において特異的に認められるアミノ酸置換を伴う遺伝子変異候補を同定した。

4) 胃がんの新規治療標的・バイオマーカー同定

東京大学および横浜市大病院で収集された胃がん検体 300 例についてトランスクリプトーム、メチローム解析を実施した。配分された調整費により、さらに化学療法を実施した検体を 90 症例ほど新たに収集し、解析に着手した。

5) 卵巣がんの新規治療標的・バイオマーカー同定

卵巣漿液性がんおよび明細胞がんの臨床検体の収集(原発、再発、正常部位組織由来の検体)の収集をおこない、化学療法前後のマッチした 15 症例、初発一再発のマッチした 8 症例、明細胞がんで腹水の部位からサンプリングした 3 症例から検体が得られ、エクソーム解析及び RNA-seq を進めている。一方、既解析データについてはトランスクリプトーム及びメチロームデータに基づいた分類とゲノム変異との関連づけを進めた。

1) Development of cancer genome analysis method and data analysis platform

We provided a data analysis pipeline for not only genetic variant detection, but also whole genome sequencing, RNA-seq, methylome data analysis. We began to establish an analytical method for trace amount or degraded DNA, derived from formalin fixed paraffin embedded tissue or cell free DNA in plasma. To identify high susceptibility group, we generated an information infrastructure to assess the germline variants using population genomic data from various ethnic cohorts and exome data collected internally.

2) Identification of novel therapeutic targets and biomarkers for colorectal cancer

We completed whole exome, transcriptome, and methylome analysis of MSI-positive colorectal cancer specimens. We identified novel therapeutic target candidates and started their molecular biological analysis. We were able to accelerate data acquisition owing to the additional funding.

3) Identification of novel therapeutic targets and biomarkers for lung cancer

Whole exome and transcriptome analysis of lung adenocarcinoma negative for EGFR/ALK/ROS1/RET oncogene mutation were performed. Novel therapeutic target candidates were identified and their molecular biological analysis was initiated. We completed whole exome analysis of histopathologically distinct EGFR/ALK oncogene negative lung adenocarcinoma cases. Genetic mutations leading to amino acid substitutions were found to be associated with a certain tissue type.

4) Identification of novel therapeutic targets and biomarkers for gastric cancer

Transcriptome and methylome analysis were performed on 300 cases of gastric cancer specimens collected at the University of Tokyo and Yokohama City University Hospital. Owing to the additional funding, we newly collected specimens from more than 90 cases treated by chemotherapy and started genomic analysis.

5) Identification of novel therapeutic targets and biomarkers for ovarian cancer

Clinical specimens of serous carcinoma and clear cell carcinomas of ovary (original and recurrent tumors, normal tissues) were collected and were applied to exome and RNA-seq analysis: tumor tissues from 15 matched cases before and after chemotherapy and 8 cases with original and recurrent tumors. Ascites samples were collected from 3 cases with clear cell carcinoma. Meanwhile, we analyzed the previously obtained data to elucidate association between genomic mutations and subgroups based on transcriptome and methylome data.

III. 成果の外部への発表

(1) 学会誌・雑誌等における論文一覧 (国内誌 4 件、国際誌 22 件)

(油谷浩幸)

1. Komura D, Isagawa T, Kishi K, Suzuki R, Sato R, Tanaka M, Katoh H, Yamamoto S, Tatsuno K, Fukayama M, Aburatani H, Ishikawa S. CASTIN: a system for comprehensive analysis of cancer-stromal interactome. **BMC Genomics**. 17(1):899. 2016

2. Namba–Fukuyo H, Funata S, Matsusaka K, Fukuyo M, Rahmutulla B, Mano Y, Fukayama M, Aburatani H, Kaneda A. TET2 functions as a resistance factor against DNA methylation acquisition during Epstein–Barr virus infection. **Oncotarget**. 7(49):81512–81526. 2016
 3. Makii C, Oda K, Ikeda Y, Sone K, Hasegawa K, Uehara Y, Nishijima A, Asada K, Koso T, Fukuda T, Inaba K, Oki S, Machino H, Kojima M, Kashiyama T, Mori–Uchino M, Arimoto T, Wada–Hiraie O, Yano KK, Fujiwara K, Aburatani H, Osuga Y, Fujii T. MDM2 is a potential therapeutic target and prognostic factor for ovarian clear cell carcinomas with wild type TP53. **Oncotarget**. 7(46):75328–75338. 2016
 4. Matsusaka K, Ushiku T, Urabe M, Fukuyo M, Abe H, Ishikawa S, Seto Y, Aburatani H, Hamakubo T, Kaneda A, Fukayama M. Coupling CDH17 and CLDN18 markers for comprehensive membrane–targeted detection of human gastric cancer. **Oncotarget**. 7(39):64168–64181, 2016
 5. Takane K, Matsusaka K, Ota S, Fukuyo M, Yue Y, Nishimura M, Sakai E, Matsushita K, Miyauchi H, Aburatani H, Nakatani Y, Takayama T, Matsubara H, Akagi K, Kaneda A. Two subtypes of colorectal tumor with distinct molecular features in familial adenomatous polyposis. **Oncotarget**. 7(51):84003–84016. 2016
 6. Ito T, Matsubara D, Tanaka I, Makiya K, Tanei ZI, Kumagai Y, Shiu SJ, Nakaoka HJ, Ishikawa S, Isagawa T, Morikawa T, Shinozaki–Ushiku A, Goto Y, Nakano T, Tsuchiya T, Tsubochi H, Komura D, Aburatani H, Dobashi Y, Nakajima J, Endo S, Fukayama M, Sekido Y, Niki T, Murakami Y. Loss of YAP1 Defines Neuroendocrine Differentiation of Lung Tumors. **Cancer Sci**. 107(10):1527–1538. 2016
 7. Tsuji S, Midorikawa Y, Seki M, Takayama T, Sugiyama Y, Aburatani H. Network–based analysis for identification of candidate genes for colorectal cancer progression. **Biochem Biophys Res Commun**. 476(4):534–40. 2016
 8. Matsusaka K, Ishikawa S, Nakayama A, Ushiku T, Nishimoto A, Urabe M, Kaneko N, Kunita A, Kaneda A, Aburatani H, Fujishiro M, Seto Y, Fukayama M. Tumor Content Chart–Assisted HER2/CEP17 Digital PCR Analysis of Gastric Cancer Biopsy Specimens. **PLoS One**. 11(4):e0154430. 2016
 9. Fujimoto A, Furuta M, Totoki Y, Tsunoda T, Kato M, Shiraishi Y, Tanaka H, Taniguchi H, Kawakami Y, Ueno M, Gotoh K, Ariizumi SI, 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):500–9. 2016
- (河津正人、曾田学)
10. Fukumura K, Kawazu M, Kojima S, Ueno T, Sai E, Soda M, Ueda H, Yasuda T, Yamaguchi H, Lee J, Shishido–Hara Y, Sasaki A, Shirahata M, Mishima K, Ichimura K, Mukasa A, Narita Y, Saito N, Aburatani H, Nishikawa R, Nagane M, Mano H. Genomic characterization of primary central nervous system lymphoma. *Acta Neuropathologica*, 2016, 131, 865–75.

11. Ando M, Kawazu M, Ueno T, Koinuma D, Ando K, Koya J, Kataoka K, Yasuda T, Yamaguchi H, Fukumura K, Yamato A, Soda M, Sai E, Yamashita Y, Asakage T, Miyazaki Y, Kurokawa M, Miyazono K, Nimer SD, Yamasoba T, Mano H. Mutational landscape and antiproliferative functions of ELF transcription factors in human cancer. *Cancer Research*, 2016, 76, 1814–24.
12. Yasuda T, Tsuzuki S, Kawazu M, Hayakawa F, Kojima S, Ueno T, Imoto N, Kohsaka S, Kunita A, Doi K, Sakura T, Yujiri T, Kondo E, Fujimaki K, Ueda Y, Aoyama Y, Ohtake S, Takita J, Sai E, Taniwaki M, Kurokawa M, Morishita S, Fukayama M, Kiyoi H, Miyazaki Y, Naoe T, Mano H. Recurrent DUX4 fusions in B cell acute lymphoblastic leukemia of adolescents and young adults. *Nature Genetics*, 2016, 48, 569–74.
13. 河津正人、急性骨髄性白血病における最近のゲノム研究の進展、「日本臨床」(日本臨床社),2016, 74 (増刊号 10), 441-445.
(渡邊聡明)
14. Kaneko M, Ishihara S, Watanabe T. Carbohydrate Antigen 19–9 Predicts Synchronous Peritoneal Carcinomatosis in Patients with Colorectal Cancer. *Anticancer Research*. 2017, 37(2), 865–70.
(谷田部恭)
15. Yoshida T, Oya Y, Tanaka K, Shimizu J, Horio Y, Kuroda H, Sakao Y, Hida T, Yatabe Y. Differential Crizotinib Response Duration Among ALK Fusion Variants in ALK-Positive Non-Small-Cell Lung Cancer. *J Clin Oncol*. 2016;34(28):3383–9.
16. Wang YW, Ma X, Zhang YA, Wang MJ, Yatabe Y, Lam S, Girard L, Chen JY, Gazdar AF. ITPKA Gene Body Methylation Regulates Gene Expression and Serves as an Early Diagnostic Marker in Lung and Other Cancers. *J Thorac Oncol*. 2016;11(9):1469–81.
17. Roy-Chowdhuri S, Aisner DL, Allen TC, Beasley MB, Borczuk A, Cagle PT, Capelozzi V, Dacic S, da Cunha Santos G, Hariri LP, Kerr KM, Lantuejoul S, Mino-Kenudson M, Moreira A, Raparia K, Rekhtman N, Sholl L, Thunnissen E, Tsao MS, Vivero M, Yatabe Y. Biomarker Testing in Lung Carcinoma Cytology Specimens: A Perspective From Members of the Pulmonary Pathology Society. *Arch Pathol Lab Med*. 2016.
18. Sholl LM, Aisner DL, Allen TC, Beasley MB, Cagle PT, Capelozzi VL, Dacic S, Hariri LP, Kerr KM, Lantuejoul S, Mino-Kenudson M, Raparia K, Rekhtman N, Roy-Chowdhuri S, Thunnissen E, Tsao M, Vivero M, Yatabe Y. Liquid Biopsy in Lung Cancer: A Perspective From Members of the Pulmonary Pathology Society. *Arch Pathol Lab Med*. 2016;140(8):825–9.
19. Travis WD, Asamura H, Bankier AA, Beasley MB, Detterbeck F, Flieder DB, Goo JM, MacMahon H, Naidich D, Nicholson AG, Powell CA, Prokop M, Rami-Porta R, Rusch V, van Schil P, Yatabe Y. The IASLC Lung Cancer Staging Project: Proposals for Coding T Categories for Subsolid Nodules and Assessment of Tumor Size in Part-Solid Tumors in the Forthcoming Eighth Edition of the TNM Classification of Lung Cancer. *J Thorac Oncol*. 2016;11(8):1204–23.
20. Tan DS, Yom SS, Tsao MS, Pass HI, Kelly K, Peled N, Yung RC, Wistuba, II, Yatabe Y, Unger M, Mack PC, Wynes MW, Mitsudomi T, Weder W, Yankelevitz D, Herbst RS, Gandara DR, Carbone DP, Bunn PA, Jr., Mok TS, Hirsch FR. The International Association for the Study of Lung Cancer Consensus Statement on Optimizing Management of EGFR Mutation-Positive Non-Small Cell Lung Cancer: Status in 2016. *J Thorac Oncol*. 2016;11(7):946–63.

21. Sholl LM, Aisner DL, Allen TC, Beasley MB, Borczuk AC, Cagle PT, Capelozzi V, Dacic S, Hariri L, Kerr KM, Lantuejoul S, Mino-Kenudson M, Raparia K, Rekhtman N, Roy-Chowdhuri S, Thunnissen E, Tsao MS, Yatabe Y. Programmed Death Ligand-1 Immunohistochemistry--A New Challenge for Pathologists: A Perspective From Members of the Pulmonary Pathology Society. *Arch Pathol Lab Med*. 2016;140(4):341-4.
22. Tsao MS, Hirsch FR, Yatabe Y, editors. IASLC ALTALS of ALK and ROS1 Testing in Lung Cancer. North Fort Myers, FL: an IASLC publication; 2016.
23. 日本肺癌学会 バイオマーカー委員会(西野 和美, 西尾 和人, 畑中 豊, 井上 彰, 後藤 功一, 里内美弥子, 曾田 学, 豊岡 伸一, 萩原 弘一, 谷田部 恭, 秋田 弘俊) 肺癌患者における EGFR遺伝子変異検査の手引き 第3.05版 2016
24. 日本肺癌学会 バイオマーカー委員会(谷田部恭, 三窪将史, 清水淳市, 池田貞勝, 菓子井達彦, 木村英晴, 後藤功一, 阪本智宏, 里内美弥子, 曾田学, 蔦幸治, 豊岡伸一, 西尾和人, 西野和美, 畑中豊, 松本慎吾, 横瀬智之, 秋田弘俊) 肺癌患者におけるPD-L1検査の手引き 第1版 2017
(牛久哲男)
25. Yamazawa S, Ushiku T, Shinozaki-Ushiku A, Hayashi A, Iwasaki A, Abe H, Tagashira A, Yamashita H, Seto Y, Aburatani H, Fukayama M. Gastric cancer with primitive enterocyte phenotype: an aggressive subgroup of intestinal-type adenocarcinoma. *Am J Surg Pathol*. (in press)
26. 牛久哲男. 胎児消化管上皮癌類似癌. *病理と臨床*. 2016, 34, 954-958.
(織田克利)
27. Makii C, Oda K, Ikeda Y, Sone K, Hasegawa K, Uehara Y, Nishijima A, Asada K, Koso T, Fukuda T, Inaba K, Oki S, Machino H, Kojima M, Kashiyama T, Mori-Uchino M, Arimoto T, Wada-Hiraie O, Kawana K, Yano T, Fujiwara K, Aburatani H, Osuga Y, Fujii T. MDM2 is a potential therapeutic target and prognostic factor for ovarian clear cell carcinomas with wild type TP53. *Oncotarget* 7:75328-75338, 2016. (再掲)

(2) 学会・シンポジウム等における口頭・ポスター発表

(油谷浩幸)

1. Integrated genomic analysis of liver cancer progression. Hiroyuki Aburatani, The 13th International Congress of Human Genetics, 4/4/2016 Kyoto(国内)口頭
2. Early hepatocellular carcinoma, Hiroyuki Aburatani, The 102nd General Meeting of the Japanese Society of Gastroenterology, 4/22/2016 Tokyo(国内)口頭
3. 高悪性度漿液性卵巣がんのゲノム変異と化学療法感受性 油谷浩幸 第20回日本がん分子標的治療学会, 2016年5月31日 別府(国内)口頭
4. Methylation profiling of hepatocellular carcinoma. Hiroyuki Aburatani, The 35th Sapporo International Cancer Symposium 2016, 6/24/2016 Sapporo(国内)口頭
5. Progression of hepatocellular carcinoma: interplay of genome and epigenome, Hiroyuki Aburatani, The 41st Naito Conference on Tumor Heterogeneity and Plasticity, 7/6/2016 Sapporo, Japan(国内)口頭

6. Interplay of genome and epigenome in progression of hepatocellular carcinoma, Hiroyuki Aburatani, 12th Scientific Workshop, International Cancer Genome Consortium, Boston 9/21/2016(国外)口頭
7. Genomic classification of gastric cancer for treatment selection. Hiroyuki Aburatani, AGBT Precision Health, 9/22~24 Scottsdale, AZ USA(国外)ポスター
8. Progression of hepatocellular carcinoma: Interplay of genome and epigenome. Hiroyuki Aburatani, 75th Annual Meeting of Japanese Cancer Association, 10/08/2016 Yokohama, Japan(国内)口頭
9. ゲノム研究と医療の融合 油谷浩幸 日本オミックス医療学会シンポジウム 2016年10月18日 東京(国内)口頭

(河津正人)

10. 思春期・若年成人急性リンパ性白血病における新規融合型がん遺伝子 DUX4-IGH の発見、口頭、安田 貴彦、都築 忍、河津 正人、早川 文彦、小島 進也、上野 敏秀、清井 仁、直江 知樹、間野 博行、第 75 回日本癌学会学術総会、横浜、2016 年 10 月、国内。
11. AYA 世代急性リンパ性白血病における網羅的融合遺伝子解析、口頭、安田 貴彦、都築 忍、河津 正人、早川 文彦、小島 進也、上野 敏秀、清井 仁、直江 知樹、間野 博行、第 75 回日本癌学会学術総会、横浜、2016 年 10 月、国内。

(曾田学)

12. 病理組織学的アプローチによる Non-TRU タイプ肺腺癌の NKX2-1 遺伝子変異の同定、ポスター、松原 大祐、曾田 学、吉本 多一郎、天野 雄介、上野 敏秀、小島 進也、間野 博行、仁木 利郎、第 75 回日本癌学会学術総会、横浜、2016 年 10 月、国内。

(谷田部恭)

13. 腫瘍における分子病理診断の基本原則、口頭、谷田部恭、日本病理学会総会 2016/5/14, 国内
14. PD-L1 免疫染色の実際、口頭、谷田部恭、日本病理学会秋季総会 2016/11/11, 国内
15. Biology and Heterogeneity of EGFR-mutated NSCLC, Oral, Yasushi Yatabe. 2016 KALC Fall Conference, 2016/11/26, 海外
16. Proposal for a consensus report on IHC from the IASLC path panel, Oral, Yasushi Yatabe, IASLC Pathology Panel Meeting, 2016/12/4, 海外
17. Molecular Testing Guideline for Selection of Lung Cancer Patients, Oral, Yasushi Yatabe, World Lung Cancer Conference, 2016/12/5, 海外

(牛久哲男)

18. Carcinoma with primitive phenotype: an aggressive subgroup of intestinal-type gastric cancer, 口頭, Ushiku T, Yamazawa S, Iwasaki A, Shinozaki-Ushiku A, Seto Y, Fukayama M. 日本胃癌学会総会, 2017/3/9, 国内.

(織田克利)

19. 口頭, 卵巣癌における治療標的と個別化への展望~PARP 阻害剤、MDM2 阻害剤、MAPK 経路阻害剤を中心に~ 織田克利、長谷川幸清、池田悠至、曾根献文、谷川道洋、牧井千波、浅田佳代、西島明、黒崎亮、山本尚吾、平池修、川名敬、藤原恵一、油谷浩幸、大須賀穰、藤井知行, 第 48 回日本臨床分子形態学会総会・学術集会 2016/9/23, 国内
20. 口頭, The number of mutations and mutational signatures in ovarian high-grade serous carcinomas, Katsutoshi Oda, Kayo Asada, Kosei Hasegawa, Akira Nishijima, Shogo Yamamoto, Kenji Tatsuno, Hiroki Ueda, Yuji Ikeda, Kei Kawana, Keiichi Fujiwara, Yutaka Osuga, Tomoyuki Fujii, Hiroyuki Aburatani, 第 75 回日本癌学会学術総会, 2016/10/7, 国内

21. 口頭, Whole-exome sequencing of 75 ovarian clear cell carcinomas identifies a subgroup without mutations in *ARID1A* and *PIK3CA*, Akira Nishijima, Katsutoshi Oda, Kayo Asada, Kosei Hasegawa, Takahiro Koso, Shogo Yamamoto, Kenji Tatsuno, Hiroki Ueda, Kei Kawana, Keiichi Fujiwara, Yutaka Osuga, Tomoyuki Fujii, Hiroyuki Aburatani, 第75回日本癌学会学術総会, 2016/10/6, 国内
(長谷川幸清)
22. Immunoediting, neoantigen frequency and clinical outcome in patients with clear cell carcinoma of the ovary, 口頭, Kosei Hasegawa, Hirokazu Matsushita, Katsutoshi Oda, Shogo Yamamoto, Akira Nishijima, Yuichi Imai, Kayo Asada, Yuji Ikeda, Keiichi Fujiwara, Hiroyuki Aburatani and Kazuhiro Kakimi, Annual Meeting on Women's Cancer, 2017/03/12, 国外

(3) 「国民との科学・技術対話社会」に対する取り組み
該当なし

(4) 特許出願
なし