

平 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) 革新的がん医療実用化研究事業
(英語) Practical Research for Innovative Cancer Control

研究開発課題名： (日本語) ゲノム診療体制の構築を目指した AYA 世代がんのリスク要因・治療標的の
同定と検査系の開発
(英語) Identification of risk factors and therapeutic targets of AYA-cancers
for genome-based precision medicine

研究開発担当者 (日本語) 河野隆志
所属 役職 氏名 国立がん研究センター研究所 ゲノム生物学研究分野 分野長
(英語) Takashi Kohno
Chief, Division of Genome Biology
National Cancer Center Research Institute

実施期間： 平成 28 年 4 月 1 日 ~ 平成 29 年 3 月 31 日

分担研究開発課題名

以下の 3 課題を以下に示す分担研究者の共同で進めている。

(日本語)

- (1) AYA 世代がんの体細胞遺伝子異常プロファイル、治療標的分子の把握、研究資源の拡充
- (2) 若年発症を説明する胚細胞系列遺伝子変化、患者背景の同定
- (3) AYA がんの治療、診断に有益なゲノム異常解析ツールの作成

(英語)

- (1) Identification of therapeutic targets
- (2) Identification of risk factors responsible for early occurrence
- (3) Establishment of diagnostic system in genome-based precision medicine

研究開発分担者 (日本語) 落合 淳志
 所属 役職 氏名 国立がん研究センター 研究所 副所長
 (英 語) Atsushi Ochiai
 Deputy Director
 National Cancer Center Research Institute

研究開発分担者 (日本語) 川井 章
 所属 役職 氏名 国立がん研究センター 希少がんセンター センター長
 (英 語) Akira Kawai
 Director, Rare Cancer Center
 National Cancer Center

研究開発分担者 (日本語) 西田 俊朗
 所属 役職 氏名 国立がん研究センター 中央病院 院長
 (英 語) Toshiro Nishida
 Director
 National Cancer Center Hospital

研究開発分担者 (日本語) 市村 幸一
 所属 役職 氏名 国立がん研究センター 研究所脳腫瘍連携研究分野 分野長
 (英 語) Koichi Ichimura
 Chief, Division of Brain Tumor Translational Research
 National Cancer Center Research Institute

研究開発分担者 (日本語) 片野田 耕太
 所属 役職 氏名 国立がん研究センターがん対策情報センター がん統計・総合解析研究部
 部長
 (英 語) Kota Katanoda
 Chief, Division of Cancer Statistics Integration
 Center for Cancer Control & Information Services
 National Cancer Center

研究開発分担者 (日本語) 近藤 格
 所属 役職 氏名 国立がん研究センター研究所希少がん研究分野 分野長
 (英 語) Tadashi Kondo
 Chief, Division of Rare Cancer Research
 National Cancer Center Research Institute

研究開発分担者 (日本語) 市川 仁
 所属 役職 氏名 国立がん研究センター研究所 臨床ゲノム解析部門 部門長

(英 語) Hitoshi Ichikawa
Head, Department of Clinical Genomics
National Cancer Center Research Institute

研究開発分担者 (日本語) 吉田 朗彦
所属 役職 氏名 国立がん研究センター中央病院病理科 医員

(英 語) Akihiko Yoshida
Staff Doctor, Department of Pathology and Clinical Laboratories
National Cancer Center

研究開発分担者 (日本語) 吉田 裕
所属 役職 氏名 国立がん研究センター中央病院病理科 医員

(英 語) Hiroshi Yoshida
Staff Doctor, Department of Pathology and Clinical Laboratories
National Cancer Center

研究開発分担者 (日本語) 渡邊 麗子
所属 役職 氏名 国立がん研究センター中央病院病理・臨床検査科 医員

(英 語) Reiko Watanabe
Staff Doctor, Department of Pathology and Clinical Laboratories
National Cancer Center Hospital

研究開発分担者 (日本語) 桑田 健
所属 役職 氏名 国立がん研究センター東病院病理・臨床検査科 科長

(英 語) Tadashi Kuwata
Chief, Division of Pathology and Clinical Laboratories
National Cancer Center Hospital East

研究開発分担者 (日本語) 今井 俊夫
所属 役職 氏名 国立がん研究センター研究所動物実験支援施設 施設長

(英 語) Toshio Imai
Chief, Central Animal Division
National Cancer Center Research Institute

研究開発分担者 (日本語) 坂本 裕美
所属 役職 氏名 国立がんセンター研究所 臨床ゲノム解析部門 ユニット長

(英 語) Hiromi Sakamoto
Laboratory Head, Department of Clinical Genomics
National Cancer Center Research Institute

研究開発分担者 (日本語) 荻原 秀明
所属 役職 氏名 国立がん研究センター研究所 ゲノム生物学研究分野 研究員
(英語) Hideaki Ogiwara
Staff Scientist, Division of Genome Biology
National Cancer Center Research Institute

研究開発分担者 (日本語) 角南 久仁子
所属 役職 氏名 国立がん研究センター中央病院 病理・臨床検査科 医員
(英語) Kuniko Sunami
Staff doctor, Department of Pathology and Clinical Laboratories,
National Cancer Center Hospital

研究開発分担者 (日本語) 白石 航也
所属 役職 氏名 国立がん研究センター研究所ゲノム生物学研究分野 ユニット長
(英語) Kouya Shiraishi
Laboratory Head, Division of Genome Biology
National Cancer Center Research Institute

研究開発分担者 (日本語) 加藤護
所属 役職 氏名 国立がん研究センター 研究所 バイオインフォマティクス部門 部門長
(英語) Mamoru Kato
Head, Division of Bioinformatics
National Cancer Center Research Institute

研究開発分担者 (日本語) 吉田 輝彦
所属 役職 氏名 国立がん研究センター中央病院 遺伝子診療部門 部門長
(英語) Teruhiko Yoshida
Chief, Department of Genetic Medicine and Services
National Cancer Center Hospital

研究開発分担者 (日本語) 清水 千佳子
所属 役職 氏名 国立がん研究センター中央病院 乳腺・腫瘍内科 外来医長
(英語) Chikako Shimizu
Head, Department of Breast and Medical Oncology
National Cancer Center Hospital

研究開発分担者 (日本語) 近藤 俊輔
所属 役職 氏名 国立がん研究センター中央病院 肝胆膵内科 医員
(英語) Shunsuke Kondo
Staff Doctor, Department of Hepatobiliary and Pancreatic Oncology

National Cancer Center Hospital

- 研究開発分担者 (日本語) 内藤 陽一
所属 役職 氏名 国立がん研究センター東病院 先端医療科/乳腺・腫瘍内科 医員
(英 語) Yoichi Naito
Staff Doctor, Department of Breast and Medical Oncology
National Cancer Center Hospital East
- 研究開発分担者 (日本語) 菅野 康吉
所属 役職 氏名 栃木県立がんセンター研究所 がん遺伝子研究室・がん予防研究室 技幹
(英 語) Kokichi Sugano
Chief Investigator, Oncogene Research Unit/Cancer Prevention Unit,
Tochigi Cancer Center Research Institute
- 研究開発分担者 (日本語) 清野 透
所属 役職 氏名 国立がん研究センター研究所 細胞培養部門 部門長
(英 語) Tohru Kiyono
Chief, Department of Cell Culture Technology
National Cancer Center Research Institute
- 研究開発分担者 (日本語) 大野 ゆう子
所属 役職 氏名 大阪大学大学院医学系研究科 教授
(英 語) Yuko Ohno
Professor, Graduate School of Medicine
Osaka University
- 研究開発分担者 (日本語) 土屋 直人
所属 役職 氏名 国立がん研究センター研究所 分子発がん研究ユニット ユニット長
(英 語) Naoto Tsuchiya
Laboratory Head, Laboratory of Molecular Carcinogenesis
National Cancer Center Research Institute

II. 成果の概要（総括研究報告）

和文

研究開発は主に 3 項目に分かれる。

（1）AYA 世代がんの体細胞遺伝子異常プロファイル、治療標的分子の把握、研究資源の拡充

国立がん研究センターバイオバンクや希少がんネットワークの凍結試料由来の DNA、RNA を用いた体細胞遺伝子異常プロファイルの解析を完遂した（マイルストーン 1-1：終了）。具体的には AYA 世代の、肺腺がん（n=65）、乳がん（n=48）、卵巣がん（n=23）、子宮がん（n=6）の婦人科がん、脳腫瘍（n=38）、肉腫（n=31）の全エクソン/全 RNA シークエンス解析を行った。脳腫瘍においては、上衣腫で既報の C11orf95-RELA 融合遺伝子が、神経膠腫においては、KIAA1549-BRAF 融合遺伝子が検出されたのに加え、druggable なものも含めたいくつかの新たな遺伝子融合が検出された（マイルストーン 1-2：進行中）。卵巣がんにおいては、クロマチン制御遺伝子である ARID1A 遺伝子の失活変異が全体の 25%に見られ、有望な合成致死治療の標的と考えられた。また、SMARCA4 遺伝子の失活変異と発現消失を特徴とする SMARCA4 消失性胸部肉腫は重喫煙成人男性の胸部に発生する高悪性度腫瘍であるが、SMARCA2 発現の消失や SALL4、CDK34、SOX2、TP53 の過剰発現を特徴とし、悪性度ラブドイド腫瘍、類上皮肉腫、SMARCA4 消失を伴う肺がんとは異なる形質を有することを見出した。

PDX モデルおよび細胞株樹立を続けた。肉腫および悪性脳腫瘍を対象として Patient-Derived Model の構築を行った。PDX に関しては、継続 31 症例、新規移植 4 症例、あわせて 35 症例から樹立を試み、平成 28 年度中に 18 株を樹立した。細胞株に関しては、継続 38 症例、新規症例 67 症例、あわせて 105 症例から樹立を試み、平成 28 年度中に 15 株を樹立した。その他の症例については樹立を継続している。今後、その基盤を用いた研究資源の拡充を継続して行う（マイルストーン 1-3：進行中）。

また同時に、今回のオミクス解析が本邦 AYA がんの主体をカバーしているか、地域がん登録やがん拠点病院の院内がん登録等のデータの検討を行った（マイルストーン 1-4：進行中）。地域がん登録に基づく 2009～2011 年 27 県のデータを用いて集計を行った結果、15～29 歳のがんの内訳は、小児がん国際分類別では XI その他の癌 41%、X 胚細胞および他の性腺腫瘍 16%、I 白血病 14%、II リンパ腫 11%、III 脳腫瘍 6%、IX 軟部腫瘍 5%の順に多く、XI その他の癌の部位の内訳では、甲状腺 27%、子宮頸部 19%、乳房（女性）13%、大腸 10%の順に多かった。X 胚細胞および他の性腺腫瘍の部位および組織型の内訳では、精巣胚細胞腫瘍、卵巣胚細胞腫瘍、および卵巣上皮性腫瘍がそれぞれ 40%、19%および 16%を占めた。

（2）若年発症を説明する胚細胞系列遺伝子変化、患者背景の同定

非がん DNA を用いた全エクソンシークエンス解析等を行うことで胚細胞系列遺伝子変化を抽出、バイオインフォマティクス解析により、遺伝子変化の機能的意義を理解する解析系の構築が終了した（マイルストーン 2-1：完了）。具体的には、ゲノム DNA の濃度測定や解析に必要な DNA 濃度の調整や濃縮、新規症例に対する血液・非がん組織検体からの DNA 抽出等を行った。また検出の陽性コントロールデータの得られている AYA 世代がんの血液・非がん組織 DNA の解析結果の整理を行い、解析対象症例のリスト化を完了した。また、併せて調整費の賦与にともない、診断時年齢が 39 歳以下の患者から取得した卵巣がんサンプル 74 例を、国立がん研究センターがバイオバンク・ジャパンから出庫し、理化学研究所にお

いてエクソームシーケンスを同様に実施した（マイルストーン 2-1：完了）。

また、乳がんにおける BRCA1, BRCA2 等、当センターの診療で日本人患者において得られている胚細胞系列変化の情報の整理に着手した（マイルストーン 2-2：着手）。若年発症乳がんの遺伝的素因を明らかにすることを目的として、遺伝相談外来受診者に対する多施設共同研究で得られた AYA 乳がんの BRCA1/2 遺伝子変異を検討した結果、陽性率は 30.4%（17/56 例）であった。この結果は、本邦若年乳がんにおける遺伝素因の関与を示唆している。そこで、散发性 AYA 乳がん症例について、BRCA1, BRCA2 を含めた遺伝子について胚細胞変異を探索することとし、120 症例を選出した。また、合わせて、AYA 肉腫（n=50 予定）についても、上記体細胞遺伝子異常プロファイル解析を行った 23 症例に加え、65 症例の非がん DNA を用いた全エクソームシーケンス解析を行った（マイルストーン 2-2：進行中）

地域がん登録やがん拠点病院の院内がん登録等のデータを用い、がんの既往歴及び治療歴等の患者背景が AYA 世代のがんの発症に影響を及ぼすかの検討に着手した（マイルストーン 2-3：着手）。9 府県から収集した地域がん登録データを用いて二次がん罹患までの年数を検討したところ、第一がん罹患後 5 年以内の罹患が多いこと、つまり小児がん経験者の AYA 世代での二次がん罹患が多いことがわかった。治療歴の収集方法などの検討を行っている。

（3）AYA がんの治療、診断に有益なゲノム異常解析ツールの作成

本結果や既報データ等をもとに、druggable な遺伝子異常を検出するマルチプレックスパネル（NCC オンコパネル）の改良を検討した（マイルストーン 3-1：実行中）。NCC オンコパネルについて、国立がん研究センターバイオバンクや希少がんネットワーク病院で収集される臨床検査/病理検査試料、特に、ホルマリン固定パラフィン包埋がん試料の遺伝子変異データを取得するとともに、変異・増幅・遺伝子融合を検出するプログラムのコードの大規模な再整理（リファクタリング）を行い、高速化を完了し、さらにそのコードに基づいてアルゴリズムを改良し、検出精度を高めた。また、臨床検査企業と標準手順書に基づく品質の保証された検査系を構築し、稼働を開始した（マイルストーン 3-3：実行中）。すでに、AYA 例については、品質保証の下、28 例の解析を行い、結果を担当医に返却した。

また、AYA 世代に多い Ewing 肉腫及び Ewing 類似肉腫の 29 種の融合遺伝子を検出する nCounter 用遺伝子パネルを作製し、21 症例の Ewing 肉腫及び Ewing 類似肉腫の FFPE 検体を用いて、RNA シーケンス解析との比較を行った（マイルストーン 3-4：進行中）。これらの肉腫の融合遺伝子診断には、nCounter 解析より RNA シーケンス解析の方が優れていることが示唆された。

英文

This study has been undertaken as three subthemes.

(1) Identification of therapeutic targets

Somatic mutation profiling has been undertaken for several AYA-cancers, such lung, breast, ovarian, uterine and brain tumors and sarcoma. Gene fusions, such as C11orf95-RELA and KIAA1549-BRAF, have been identified as therapeutic/diagnostic seeds. In ovarian cancer, frequent inactivating mutation in ARID1A, a chromatin modifier gene, was detected in 25% of the cases examined, indicating a promising target for synthetic lethal therapy, beyond BRCA1/2 mutations. Genetic features of SMARCA4-deficient thoracic sarcomas of Japanese patients were clarified as being different from other types of SMARCA4-deficient tumors, such as malignant rhabdoid tumors, epithelioid sarcomas and lung tumors. Patient-Derived Xenografts has been established for sarcomas and malignant brain tumors, for which such materials for therapeutic research are not enough.

Incidence data of AYA-cancers were collected from 40 prefectures, of which data from 27 prefectures meeting quality standards were analyzed. Leading cancers included tumors of uterine, breast, ovary and soft tissue, supporting the coverage of major AYA-cancers by this study.

(2) Identification of risk factors responsible for early occurrence

Germline BRCA1/2 mutations were detected in 30.4% of in AYA-aged breast cancer patients of Department of Genetic Medicine and Services, National Cancer Center Hospital, indicating significant contribution of genetic factors. To clarify genetic factors for sporadic occurrence of AYA-aged cancers, genome wide-sequencing analysis for germline mutations has been started for breast, ovary and bone tumors of AYA-age patients. Incidence data analysis described above also indicates that cancer development in childhood-age might affect the occurrence of AYA-cancers.

(3) Establishment of diagnostic system in genome-based precision medicine

The usage of the NCC oncopanel system, which is a next generation sequencer-based genome diagnosis system, has been considered for precision genome-based medicine of AYA-cancers, focusing on druggable aberrations and germline mutations. This system enables us to analyze DNAs obtained from formalin-fixed and paraffin embedded biopsy samples used in daily cancer clinic. Our original program for mutation detection was improved for diagnostic use. Up to the present, 28 AYA-cancer patients were enrolled for NCC-oncopanel test, supporting the clinical utility of this system. To precisely diagnose Ewing and Ewing-like sarcoma, NGS-based RNA-sequencing method is being developed.

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 7 件、国際誌 9 件)

Yoshida A, Kobayashi E, Kubo T, Kodaira M, Motoi T, Motoi N, Yonemori K, Ohe Y, Watanabe SI, Kawai A, Kohno T, Kishimoto H, Ichikawa H, Hiraoka N. Clinicopathological and molecular characterization of SMARCA4-deficient thoracic sarcomas with comparison to potentially related entities. *Mod Pathol*. 2017, in press.

Asano N, Yoshida A, Mitani S, Kobayashi E, Shiotani B, Komiyama M, Fujimoto H, Chuman H, Morioka H, Matsumoto M, Nakamura M, Kubo T, Kato M, Kohno T, Kawai A, Kondo T, Ichikawa H. Frequent amplification of receptor tyrosine kinase genes in welldifferentiated/dedifferentiated liposarcoma. *Oncotarget*. 2017, 8(8):12941-12952.

Katanoda K, Shibata A, Matsuda T, Hori M, Nakata K, Narita Y, Ogawa C, Munakata W, Kawai A, Nishimoto H. Childhood, adolescent and young adult cancer incidence in Japan in 2009-2011. *Jpn J Clin Oncol*, in press.

Pajtler KW, Mack SC, Ramaswamy V, Smith CA, Witt H, Smith A, Hansford JR, von Hoff K, Wright KD, Hwang E, Frappaz D, Kanemura Y, Massimino M, Faure-Conter C, Modena P, Tabori U, Warren KE, Holland EC, Ichimura K, Giangaspero F, Castel D, von Deimling A, Kool M, Dirks PB, Grundy RG, Foreman NK, Gajjar A, Korshunov A, Finlay J, Gilbertson RJ, Ellison DW, Aldape KD, Merchant TE, Bouffet E, Pfister SM, Taylor MD. “The current consensus on the clinical management of intracranial ependymoma and its distinct molecular variants.” *Acta Neuropathol* 2017, 133(1):5-12

Kubota D, Kosaka N, Fujiwara T, Yoshida A, Arai Y, Qiao Z, Takeshita F, Ochiya T, Kawai A, Kondo T. miR-125b and miR-100 Are Predictive Biomarkers of Response to Induction Chemotherapy in Osteosarcoma. *Sarcoma*. 2016:1390571.

Qiao Z, Pan X, Parlayan C, Ojima H, Kondo T. Proteomic study of hepatocellular carcinoma using a novel modified aptamer-based array (SOMAscan™) platform. *Biochim Biophys Acta*. 2017 Apr;1865(4):434-443.

Kondo T. Proteogenomics for the Study of Gastrointestinal Stromal Tumors. *Adv Exp Med Biol*. 2016;926:139-151.

加藤 護、「最新がん個別化医療—臨床シーケンスのバイオインフォマティクス」、癌と化学療法、2016, 43 (4), 391-397.

Masuda K, Sugano K, Kobayashi Y, Kimura T, Umene K, Misu K, Nomura H, Hirasawa A, Banno K, Kosaki K, and Aoki D. Characterization of the STK11 splicing variant as a normal splicing isomer in a patient with Peutz-Jeghers syndrome harboring genomic deletion of the STK11 gene. Human Genome Variation. 2016, 3, 16002.

Foulkes WD, Sugano K. BRCA2: a grown-up cancer susceptibility gene. Endocr Relat Cancer. 2016, (10):E1-3.

菅野康吉: VUS (variant of unknown significance) Cancer board of the breast, Vol. 2 No. 1 P. 66.

菅野康吉: 遺伝性乳癌・卵巣癌; 産婦人科の実際. 2016, vol. 64 No. 3 361-369.

菅野康吉: 希少がんの観点からみた遺伝性腫瘍症候群; 腫瘍内科. 2016, 17 (3) 316-322.

菅野康吉: 遺伝性腫瘍研究の歴史的背景と今後の課題: 遺伝子医学 MOOK 別冊; 2016, シリーズ 1, 31-38.

藤本英也、渡邊淳、堤正好、山口敏和、伊藤尚志、権藤延久、神山誠、菅野康吉、野村文夫: 衛生検査所における遺伝子関連検査・染色体検査の受託状況: 日本遺伝カウンセリング学会誌. 2016, 第 37 巻 3 号.

菅野康吉: 遺伝学的検査; 臨床検査データブック LAB DATE2017-2018; 第 1 版 株式会社医学書院; 2017, 679-681.

(2) 学会・シンポジウム等における口頭・ポスター発表

河野隆志. Adolescent and young adult (AYA) oncology: current management and future collaborative approaches. 第 14 回日本臨床腫瘍学会学術集会, 2016/ 7/30, 国内.

Katanoda K, Shibata A, Matsuda T, Hori M, Nakata K, Nishimoto H. Cancer incidence pattern from childhood to adolescence and young adult -population-based analysis in Japan, 口頭, The 38th Annual IACR Conference, 2016/10/19, 国外.

Koichi Ichimura. Molecular epidemiology of ependymomas in Japan, 口頭, The 2nd Asian CNS GCT Symposium, 2016/12/17, 国外

土屋直人、エクソソームマイクロ RNA のがん診断マーカーとしての重要性 第 54 回日本癌治療学会学術集会 2016/10/20~22 国内

Farhana Ishrat Ghanil, Takashi Yugawa, Tomomi Nakahara, Kazuaki Takahashi, Takashi Kohno, Mitsuya Ishikawa, Masayuki Yoshida, Hiroshi Yoshida, Tomoyasu Kato and Tohru Kiyono
Patient-derived model of ovarian clear cell carcinoma with ARID1A deficiency
A novel primary culture condition for modeling human ovarian cancer. 第75回 日本癌学会
学術総会, 2016/10/8, 国内.

石ヶ守里加子、高橋真美、河野隆志、佐々木博己、今井俊夫. Comparison of orthotopic and heterotopic graft models using a cell line derived from metastatic pulmonary adenocarcinoma. 第75回日本癌学会学術総会, 2016/10/6 国内.

Tadashi Kondo. Proteomics approach to sarcoma research toward clinical application. Annual Meeting of Asia Oceania Human Proteome Organization. Taiwan 2016年9月18-24日口演、海外.

Tadashi Kondo. Biomarker development by cancer proteomics, 10th Central and Eastern European Proteome Conference, Budapest, Hungary 2016年11-14日、口演、海外.

Akihiko Yoshida, Eisuke Kobayashi, Takashi Kubo, Toru Motoi, Noriko Motoi, Akira Kawai, Takashi Kohno, Hiroshi Kishimoto, Hitoshi Ichikawa, Nobuyoshi Hiraoka. Clinicopathological and Molecular Characterization of SMARCA4-Deficient Thoracic Sarcomas with Comparisons to Potentially Related Disease Entities, 口頭、第106回アメリカカナダ病理学会総会 2017/3/7、国外.

吉田朗彦、小林英介、久保崇、元井亨、元井紀子、川井章、河野隆志、岸本宏志、市川仁、平岡伸介.
SMARCA4欠損型胸部肉腫12例の臨床病理学的・遺伝子の解析. 口演、第106回日本病理学会総会、
2017/4/29、国内.

Mamoru Kato. Cancer omics analysis and clinical sequencing. CREST International Symposium on Big Data Application. Tokyo, Japan, March 4-5, 2016. 国内.

Kokichi Sugano, Chikako Shimizu, Teruhiko Yoshida, Daisuke Aoki, Kenta Masuda, Kenjiro Kosaki, Kouji Tanakaya, Hiroshi Yagata, Mikiko Aoki, Shozo Ohsumi, Keika Kaneko, Shinji Kosugi, Tadashi Nomizu, Shinya Oda, Tomoki Koshou. Cross-sectional Study to Identify Japanese HBOC Kindred at the Maximum Risk Categories Suitable for Expedited Genetic Screening 6th International Symposium on Hereditary Breast and Ovarian Cancer. 10-13 May 2016, Montréal, Canada

菅野康吉、斎藤伸哉、佐藤太、今井一穂、高井響子、牛尼美年子、坂本裕美、吉田輝彦：ターゲットDNA シークエンス法による遺伝子再構成検出プログラム：第75回日本癌学会学術総会、2016/10/6、国内

(3) 「国民との科学・技術対話社会」に対する取り組み

1. 河野隆志 第28回日本癌学会 市民公開講座「基礎研究からプレジジョンメディシンへ：現状と未来」 2016/10/8, 国内.

(4) 特許出願

平 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) 革新的がん医療実用化研究事業
(英語) Practical Research for Innovative Cancer Control
- 研究開発課題名： (日本語) ゲノム診療体制の構築を目指した AYA 世代がんのリスク要因・治療標的の
同定と検査系の開発
(英語) Identification of risk factors and therapeutic targets of AYA-cancers
for genome-based precision medicine
- 研究開発担当者 (日本語) 河野隆志
国立がん研究センター研究所 ゲノム生物学研究分野 分野長
- 所属 役職 氏名： (英語) Takashi Kohno
Chief, Division of Genome Biology
National Cancer Center Research Institute
- 実施期間： 平成28年 4月 1日 ～ 平成29年 3月 31日
- 分担研究 (日本語) 若年発症を説明する胚細胞系列遺伝子変化、患者背景の同定
開発課題名： (英語) Identification of risk factors responsible for early occurrence
- 研究開発分担者 (日本語) 桃沢 幸秀
理化学研究所 統合生命医科学研究センター 基盤技術開発研究 チームチ
ームリーダー
- 所属 役職 氏名： (英語) Yukihide Momozawa
Team Leader, Laboratory for Genotyping Development
Center for Integrative Medical Sciences (IMS), RIKEN
- 分担研究 (日本語) 若年発症を説明する胚細胞系列遺伝子変化、患者背景の同定
開発課題名： (英語) Identification of risk factors responsible for early occurrence

研究開発分担者 (日本語) 鎌谷 洋一郎

理化学研究所 統合生命医科学研究センター 統計解析研究チーム チームチームリーダー

所属 役職 氏名: (英語) Yoichiro Kamatani

Team Leader, Laboratory for statistical Analysis

Center for Integrative Medical Sciences (IMS), RIKEN

II. 成果の概要 (総括研究報告)

研究開発代表者: 国立研究開発法人国立がん研究センター・研究所ゲノム生物学研究分野・分野長・河野隆志 総括研究報告を参照。

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 0 件、国際誌 0 件)

特にありません。

(2) 学会・シンポジウム等における口頭・ポスター発表

特にありません。

(3) 「国民との科学・技術対話社会」に対する取り組み

特にありません。

(4) 特許出願

特にありません