

PRESS RELEASE

2022 年 4 月 12 日

理化学研究所、東京大学、愛知県がんセンター
国立がん研究センター、佐々木研究所附属杏雲堂病院、昭和大学病院
岡山大学、秋田大学、日本医療研究開発機構

10 万人以上を対象とした *BRCA1/2* 遺伝子の 14 がん種を横断的解析

— 東アジアに多い 3 がん種へのゲノム医療の可能性 —

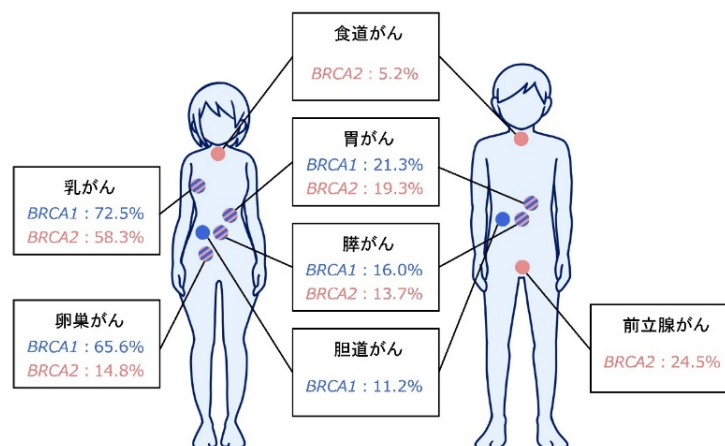
理化学研究所（理研）生命医科学研究センター基盤技術開発研究チームの桃沢幸秀チームリーダー、碓井喜明特別研究員（岡山大学客員研究員、愛知県がんセンター任意研修生）、関根悠哉大学院生リサーチ・アソシエイト（研究当時、現秋田大学大学院生）、東京大学の村上善則教授、松田浩一教授、愛知県がんセンターの松尾恵太郎分野長、国立がん研究センター中央病院の吉田輝彦部門長、佐々木研究所附属杏雲堂病院の菅野康吉科長、昭和大学病院の中村清吾特任教授らの国際共同研究グループ*は、乳がんなど 4 がん種の発症リスクの上昇に關与する遺伝子（原因遺伝子）とされる *BRCA1*・*BRCA2* の両遺伝子（*BRCA1/2* 遺伝子）が胃がん、食道がん、胆道がんの発症リスクも上昇させることを明らかにしました。

本研究成果により、*BRCA1/2* 遺伝子のゲノム情報を用いた個別化医療がより幅広い形で進展することが期待できます。

今回、国際共同研究グループは *BRCA1/2* 遺伝子について、バイオバンク・ジャパン^[1] が保有している日本人集団における 14 種のがんについて、がん患者とその対照群の合計 10 万人以上を対象として、世界最大規模のがん種横断的ゲノム解析を行いました。その結果、*BRCA1/2* 遺伝子は既に関連が知られている乳がん、卵巣がん、前立腺がん、膵がんの 4 がん種に加えて、東アジアに多い胃がん、食道がん、胆道がんの 3 がん種の疾患リスクを高めることを発見しました。この結果は、*BRCA1/2* 遺伝子に病的バリエーション^[2] を持つ患者に対して、既知の 4 がん種だけでなく新たに同定した 3 がん種についても、早期発見スクリーニングの実施や、PARP 阻害剤^[3] の治療効果が期待できることを示しています。

本研究は、科学雑誌『*JAMA Oncology*』オンライン版（4 月 14 日付：日本時間 4 月 15 日）に掲載されます。

本研究で明らかにした病的バリエーション保持者の 85 歳までの累積罹患リスク



※記載が無い部位のがんのリスクが無いという訳ではありません

※国際共同研究グループ

理化学研究所

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 桃沢 幸秀 (ももざわ ゆきひで)

テクニカルスタッフⅡ 笹井 瑠美 (ささい るみ)

特別研究員 碓井 喜明 (うすい よしあき)

(岡山大学医学部血液・腫瘍・呼吸器内科学 客員研究員、

愛知県がんセンター研究所 がん情報・対策研究分野 任意研修生)

技師 岩崎 雄介 (いわさき ゆうすけ)

研究員 水上 圭二郎 (みずかみ けいじろう)

大学院生リサーチ・アソシエイト (研究当時)

関根 悠哉 (せきね ゆうや)

(現 秋田大学大学院医学系研究科腎泌尿器科学講座 大学院生)

テクニカルスタッフⅡ 遠藤 ミキ子 (えんどう みきこ)

テクニカルスタッフⅡ (研究当時)

稲井 智栄 (いない ちひろ)

テクニカルスタッフⅠ 高田 定暁 (たかた さだあき)

がんゲノム研究チーム

チームリーダー 中川 英刀 (なかがわ ひでわき)

統合生命医科学研究センター (研究当時)

副センター長 (研究当時) 久保 充明 (くぼ みちあき)

東京大学 医科学研究所 人癌病因遺伝子分野

教授 村上 善則 (むらかみ よしのり)

東京大学 大学院新領域創成科学研究科メディカル情報生命専攻

クリニカルシーケンス分野

教授 松田 浩一 (まつだ こういち)

複雑ゲノム形質解析分野

教授 鎌谷 洋一郎 (かまたに よういちろう)

(理研 生命医科学研究センター ゲノム解析応用研究チーム

客員主管研究員)

愛知県がんセンター

がん情報・対策研究分野

研究員 谷山 祐香里 (たにやま ゆかり)

分野長 伊藤 秀美 (いとう ひでみ)

がん予防研究分野

分野長 松尾 恵太郎 (まつお けいたろう)

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 白石 航也 (しらいし こうや)

分野長 河野 隆志 (こうの たかし)

中央病院 遺伝子診療部門

医長 平田 真 (ひらた まこと)

(東京大学 医科学研究所 人癌病因遺伝子分野 非常勤講師)

部門長 吉田 輝彦 (よしだ てるひこ)

佐々木研究所附属杏雲堂病院 遺伝子診療科

科長 菅野 康吉 (すがの こうきち)

(国立がん研究センター 中央病院 遺伝子診療部門 非常勤医員)

昭和大学病院

ブレストセンター長・特任教授 中村 清吾 (なかむら せいご)

QIMR ベルクホーファー医学研究所 Division of Genetics and Population Health (豪州)

グループリーダー アマンダ・B・スパードル (Amanda B. Spurdle)

研究アシスタント マイケル・T・パーソンズ (Michael T. Parsons)

研究支援

本研究は、日本医療研究開発機構 (AMED) ゲノム創薬基盤推進研究事業「乳がん・大腸がん・膵がんに対する適切な薬剤投与を可能にする大規模データ基盤の構築 (研究開発代表者：桃沢幸秀)」、同革新的がん医療実用化研究事業「がんリスクに対する環境要因・遺伝的要因の公衆衛生学的インパクトを評価する大規模分子疫学研究 (研究開発代表者：松尾恵太郎)」「全ゲノムクリニカルシーケンスを志向した AYA 世代がん胚細胞系列ゲノム構造変化の解析 (研究開発代表者：河野隆志)」、および同次世代がん医療創生研究事業「難治性若年発症婦人科がんの発症リスクに関わる胚細胞系列変異の同定とその機能評価系の構築 (研究開発代表者：白石航也)」による支援を受けて行われました。また Australian National Health and Medical Research funding (Amanda B. Spurdle および Michael T. Parsons) の支援もを受けて行われました。

1. 背景

がんは、遺伝と環境の両要因により発症すると考えられていますが、一部のがんはゲノム配列上のたった 1 カ所の配列の違い (遺伝的バリエーション^[2]) により発症リスクが大きく上昇することが知られています。その原因遺伝子として *BRCA1* と *BRCA2* (*BRCA1/2*) があり、これらの遺伝子に病気の原因となる遺伝的バリエーション (病的バリエーション) が存在すると、乳がんは約 10 倍、卵巣がんは数十倍ほど発症しやすくなります。

BRCA1/2 遺伝子に病的バリエーションを持つ乳がん患者と卵巣がん患者には、PARP 阻害剤という薬の治療効果が高く、この薬を用いた治療は 2018 年から日本でも保険適用となり、2020 年にはその対象は前立腺がん、膵がんにも広がりました。これまでに桃沢幸秀チームリーダーらは、日本人における *BRCA1/2* 遺伝子を含む遺伝性腫瘍関連遺伝子の病的バリエーションを同定し、その頻度 (保持率)、疾患リスク、臨床情報や家族歴などとの関係を明らかにし、乳がん、前立腺がん、膵がん、腎がんのゲノム医療の進展に貢献してきました^{注 1-4)}。

一方で、*BRCA1/2* 遺伝子の病的バリエーションは他のがん種のリスクも向上させることが示唆されていることから、他のがん種についても大規模なデータで解析する必要があります。そこで、国際共同研究グループはバイオバンク・ジャパンが保有している日本人集団における 14 のがん種について、*BRCA1/2* 遺伝子のゲノム解析を行いました。

注 1) 2018 年 10 月 15 日プレスリリース「乳がんの「ゲノム医療」に貢献」

https://www.riken.jp/press/2018/20181015_1/

注 2) 2019 年 7 月 17 日プレスリリース「前立腺がんの「ゲノム医療」に貢献」

https://www.riken.jp/press/2019/20190717_1/

注 3) 2020 年 11 月 19 日プレスリリース「膵がんの「ゲノム医療」に貢献」

https://www.riken.jp/press/2020/20201119_4/index.html

注 4) 2022 年 1 月 5 日プレスリリース「腎がんの「ゲノム医療」に貢献」

https://www.riken.jp/press/2022/20220105_1/index.html

2. 研究手法と成果

国際共同研究グループは、胆道がん、乳がん、子宮頸がん、大腸がん、子宮体がん、食道がん、胃がん、肝がん、肺がん、リンパ腫、卵巣がん、膵がん、前立腺がん、腎がんの 14 のがん種における計 103,261 人（患者群 65,108 人、対照群 38,153 人）について、*BRCA1/2* 遺伝子のゲノム解析を行いました。

まず、理研が独自に開発したターゲットシーケンス法^[4]を用いて、*BRCA1/2* 遺伝子のタンパク質への翻訳に影響が大きいとされる翻訳領域およびその周辺 2 塩基の合計 16,111 塩基の配列を、103,261 人全員について調べました。その結果、100,914 人（約 97.7%）について十分なシーケンスデータが取得でき、1,810 個の遺伝的バリエーションを同定しました。さらに、世界標準とされる ENIGMA コンソーシアム^[5]の手法を用いて、これらの遺伝的バリエーションから 315 個の病的バリエーションを同定しました。ほとんどの病的バリエーションは、タンパク合成がその変異箇所では停止することなどで機能が低下する機能欠失バリエーションでした。また、315 個中 197 個は 63,828 人の患者のうち、それぞれたった 1 人しか持たない病的バリエーションでした。一方で、10 人以上が共有する、同一祖先に由来すると推定される「創始者バリエーション^[6]」を 11 個同定しました。

同定された *BRCA1/2* 遺伝子上の病的バリエーションが、日本の各地域にどのような頻度で存在しているかを七つの地域に分類して調べた結果、どちらの病的バリエーションも地域間で保持率に差がありました。しかしながら、この保持率の地域差の原因の一つには創始者バリエーションの存在があると考えられ、実際、この創始者バリエーションを除くと、どちらの遺伝子も地域差は見られなくなりました。こうした創始者バリエーションの存在は、患者群・対照群で比較する研究を実施する際に、さまざまな地域から両群の試料・情報を収集する必要性とその意義を示唆しています。また、今後、診療の場面において、*BRCA1/2* 遺伝子のバリエーションの医学的意義を評価する際に考慮することが求められるようになるかもしれません。

図 1 に、これらの病的バリエーションの保持率をがん種ごとに示しました。特徴的なのは、男性の乳がんでは 18.9% の人が *BRCA2* 遺伝子の病的バリエーションを持つことで、これは海外の報告^{注 5)}ともよく一致しています。*BRCA1/2* 遺伝子の病的バリエーション保持率が高いのは卵巣がんであり、*BRCA1* 遺伝子では卵巣がんのほかに 2 がん種（胆道がん、女性乳がん、男性乳がん）、*BRCA2* 遺伝子では男性乳がん、卵巣がんのほかに 4 がん種（胆道がん、女性乳がん、膵がん、前立腺がん）において 1% 以上の患者が保持していました。

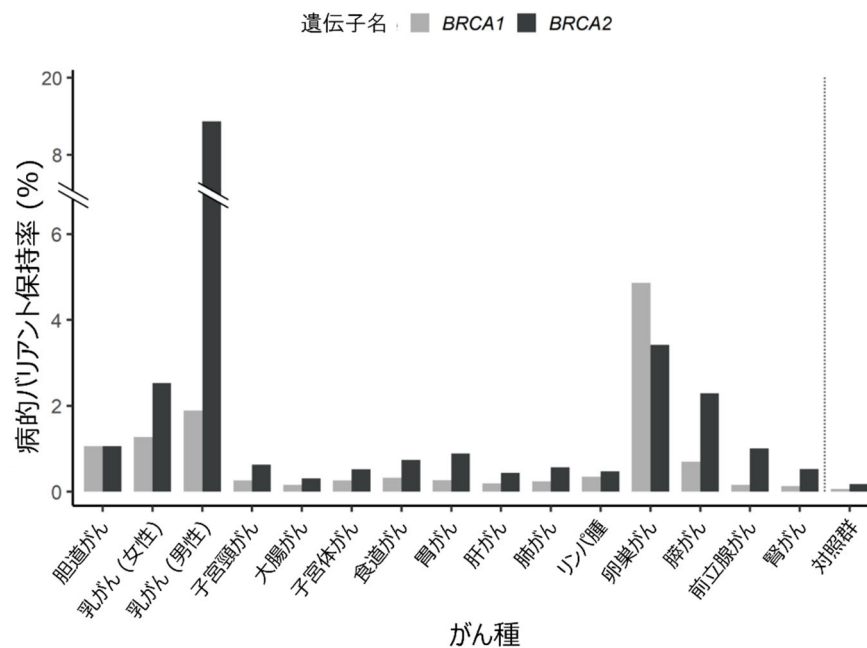


図 1 BRCA1/2 遺伝子におけるがん種別の病的バリエーション保持率

乳がんについては、男女で保持率が大きく異なることが知られているため分けて示した。実際、男性乳がんにおける BRCA2 遺伝子の病的バリエーションは 18.9%と高い保持率を示した。それ以外に、BRCA1 遺伝子では胆道がん、女性乳がん、男性乳がん、卵巣がん、で 1%以上の保持率を示し、BRCA2 遺伝子では男性乳がんのほか、胆道がん、女性乳がん、卵巣がん、膵がん、前立腺がん、で 1%以上であった。

図 1 で示した病的バリエーションの保持率を対照群と比較することで、どのがんになりやすいかの「疾患リスク」を計算で求めた結果を表 1 に示します。BRCA1 遺伝子については、既に疾患リスクとの関連が知られている女性乳がん (16.1 倍)、卵巣がん (75.6 倍)、膵がん (12.6 倍) (前立腺がんは BRCA1 遺伝子では関連が弱いことが知られている)に加えて、胃がん (5.2 倍)、胆道がん (17.4 倍) の関連が明らかになりました。本研究で使用した $P = 1 \times 10^{-4}$ (0.0001) という統計学的基準を満たさないものの、 $P < 0.05$ の基準で関連が認められたのが肺がん (3.7 倍) とリンパ腫 (7.7 倍) でした。

また、BRCA2 遺伝子については、女性乳がん (10.9 倍)、男性乳がん (67.9 倍)、卵巣がん (11.3 倍)、膵がん (10.7 倍)、前立腺がん (4.0 倍)に加えて、胃がん (4.7 倍)、食道がん (5.6 倍) の関連が認められました。P<0.05 の基準まで見ると、子宮頸がん (3.2 倍)、子宮体がん (4.0 倍)、肝がん (2.4 倍)、腎がん (4.5 倍) との関連が認められました。これらの結果から、BRCA1/2 遺伝子の病的バリエーションは、これまで報告されていたがん種よりも幅広く発がんリスクを上昇させており、特に東アジアに多い胃がん、食道がん、胆道がんの 3 がん種の疾患リスクを高めることが明らかになりました。

がん種	BRCA1			BRCA2		
	OR	95% CI	P value	OR	95% CI	P value
胆道がん	17.4	5.8- 51.9	2.96×10^{-7}	-	-	-
乳がん (女性)	16.1	7.1- 36.7	3.50×10^{-11}	10.9	7.0- 17.1	1.98×10^{-25}
乳がん (男性)	-	-	-	67.9	19.2- 239.8	5.74×10^{-11}
子宮頸がん	-	-	-	3.2	1.3- 7.8	8.79×10^{-3}
大腸がん	1.9	0.8- 4.5	0.14	1.0	0.5- 1.9	0.99
子宮体がん	-	-	-	4.0	1.6- 9.9	2.34×10^{-3}
食道がん	-	-	-	5.6	2.9- 11.0	4.83×10^{-7}
胃がん	5.2	2.6- 10.5	3.40×10^{-6}	4.7	3.1- 7.1	1.37×10^{-13}
肝がん	-	-	-	2.4	1.1- 5.0	0.02
肺がん	3.7	1.6- 8.8	3.08×10^{-3}	1.7	0.9- 3.3	0.13
リンパ腫	7.7	2.6- 22.4	1.96×10^{-4}	1.2	0.3- 5.0	0.79
卵巣がん	75.6	31.6- 180.6	2.26×10^{-22}	11.3	5.6- 23.0	1.74×10^{-11}
膵がん	12.6	3.7- 42.8	4.67×10^{-5}	10.7	5.1- 22.6	4.69×10^{-10}
前立腺がん	1.1	0.3- 3.4	0.92	4.0	2.5- 6.5	7.22×10^{-9}
腎がん	-	-	-	4.5	1.4- 14.2	0.01

表 1 がん種別の疾患リスク

各がん種における病的バリエント保持率を、対照群と比較することで算出される疾患リスク (OR)、その 95%信頼区間 (95%CI)、P 値を示す。P<0.05 のものは赤字で示し、本研究における P 値の基準 (P = 1 x 10⁻⁴=0.0001) を下回ったがん種には、更に下線も示した。また、サンプル数不足により計算できなかったがん種は、ハイフンで示した。既に BRCA1/2 遺伝子との関連が明確と考えられている乳がん、卵巣がん、膵がん、前立腺がんに加えて、BRCA1 遺伝子では胆道がんと胃がんが、BRCA2 遺伝子では食道がんと胃がんが関連することが分かった。さらに、P<0.05 では BRCA1 遺伝子で 2 がん種、BRCA2 遺伝子では 4 がん種の関連が認められた。

また、実際の診療では、何歳までにどのくらいの可能性でがんが発症するかが重要となります。これを、国立がん研究センターがん情報サービス「がん統計」(全国がん登録)^{注6)}を基に計算しました。図 2A-D にこれまで関連が報告されている女性乳がん、卵巣がん、膵がん、前立腺がん、図 2E-G に本研究で新たに関連を同定した胆道がん、食道がん、胃がんの結果を示します。

女性乳がんでは、病的バリエントを持っていないと 85 歳までに乳がんになる累積リスクは 10%未満ですが、BRCA1 遺伝子に病的バリエントを持っていると 72.5%、BRCA2 遺伝子だと 58.3%となります (図 2A)。この結果は海外の報告^{注7)}とほぼ同様となります。一方で、85 歳までに前立腺がんになる累積リスクは BRCA2 遺伝子に病的バリエントを持っていると 24.5%となります (図 2D)。海外の報告では 50%程度と報告されており^{注7)}、それより低めとなっています。この理由の一つとして、日本においても前立腺がん患者が増えてきているものの、それでも欧米に比べてまだ少ないことを反映していると考えられます。

また、新たに同定した 3 がん種においては、東アジアで罹患率の高い胃がんの累積リスクが高く算出され、どちらの遺伝子も 85 歳までに 20%程度発症すると計算されました (図 2G)。このことは、既知の乳がんなど 4 がん種で病的バリエントを持つことが判明した患者は、胃がんについても早期発見スクリーニングを行う価値が高いことを示します。

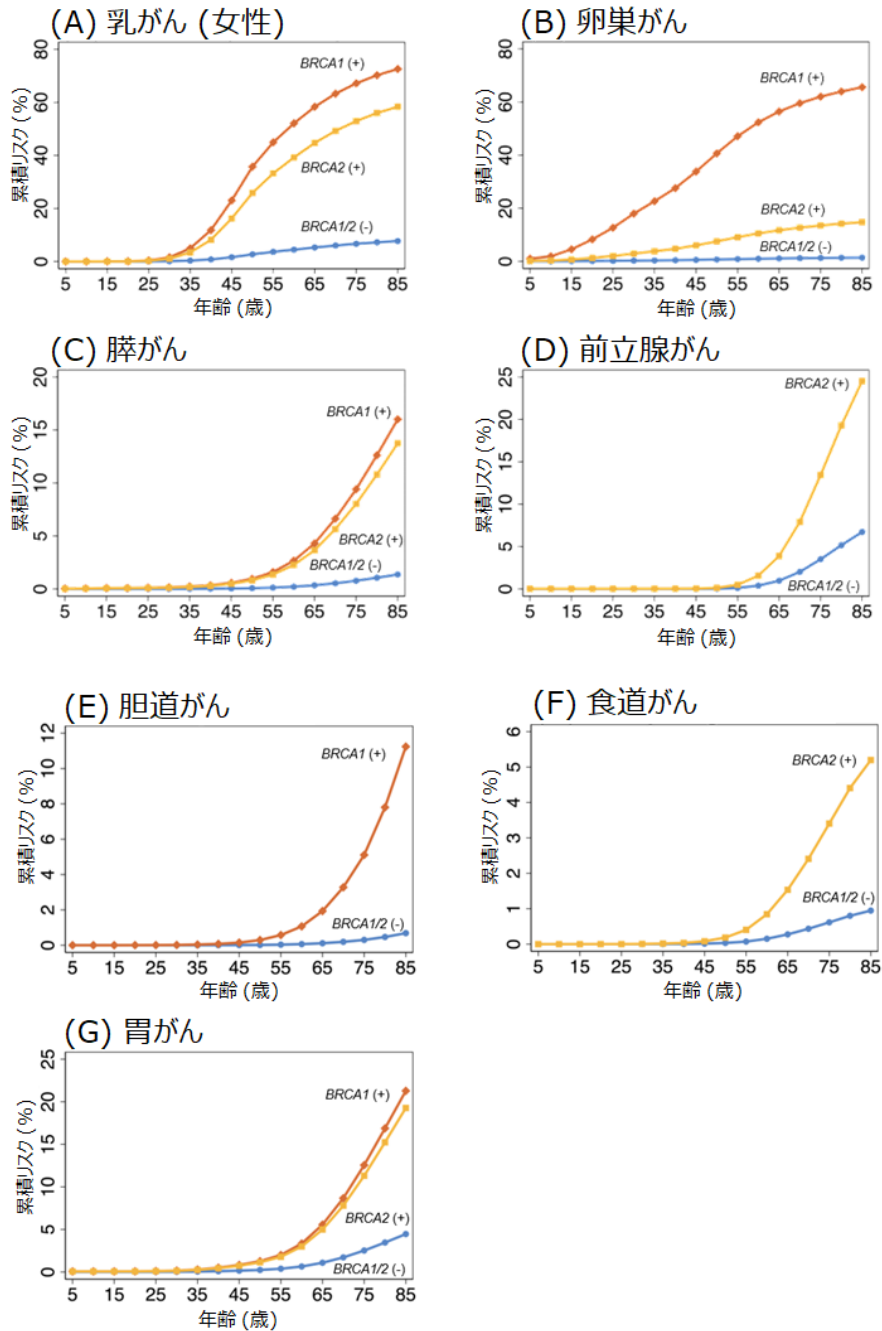


図 2 *BRCA1/2* 遺伝子の病的バリエントが関係する 7 がん種の生涯累積リスク

本研究で、*BRCA1/2* 遺伝子の病的バリエントと関連が認められたがん種について、各年齢までに発症する確率を示した。*BRCA1/2* (-) (青線) はどちらの遺伝子にも病的バリエントを持たない人、*BRCA1* (+) は *BRCA1* 遺伝子に病的バリエントを持つ人 (赤線)、*BRCA2*(+) は *BRCA2* 遺伝子に病的バリエントを持つ人を示す (黄線)。

最後に、病的バリエント保持者が示す特徴的な臨床情報やがんの家族歴との関係を解析し、診断年齢との関係を示しました (図 3)。このうち、*BRCA1/2* 遺伝子の女性乳がんや *BRCA2* 遺伝子の前立腺がんは、年齢が上がるとともに、病的バリエント保持率が下がっていきます。これは、一つの遺伝子が原因となる疾患では、一般的に年齢が若いときに発症しやすいことを反映しています。一方で、

報道解禁：日本時間 2022 年 4 月 15 日午前 0 時・15 日付朝刊

卵巣がんの *BRCA2* 遺伝子では年齢とともにその病的バリエーション保持率は上昇する傾向にあります。*BRCA1* 遺伝子でも比較的似た傾向があり、今後、この関係を明らかにする必要があります。

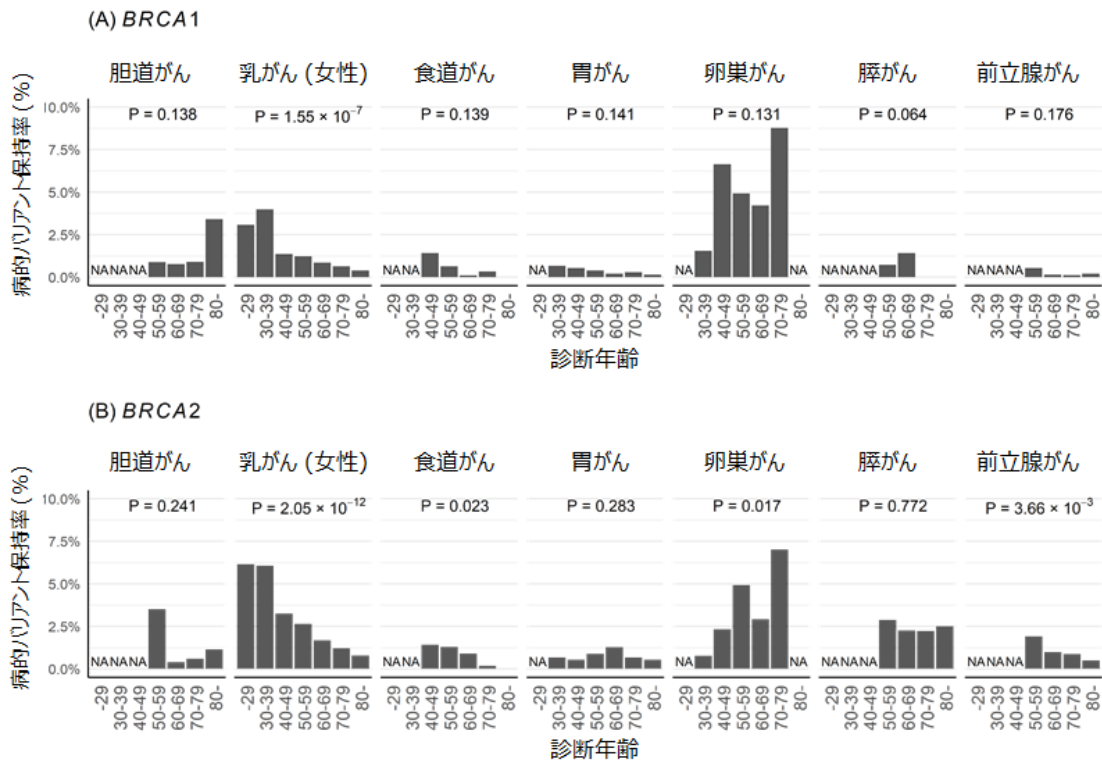


図 3 診断年齢別の *BRCA1/2* 遺伝子に関する病的バリエーション保持率

各遺伝子について、診断年齢別に病的バリエーション保持率を示した。P 値は、年齢帯が上がるについて保持率が上昇（あるいは減少）していくかを解析するコクラン・アーミテージ検定により算出した。NA は、そこに該当する患者数が 50 人未満であり、解析から除外したことを示す。

注 5) *N Engl J Med.* 2018 Jun 14;378(24):2311-2320.

注 6) https://ganjoho.jp/reg_stat/statistics/data/dl/index.html

注 7) *JAMA.* 2017;317(23):2402-2416.

3. 今後の期待

今回の研究成果により、*BRCA1/2* 両遺伝子が関与するがん種が既に PARP 阻害剤の保険適用となっている 4 がん種よりも多く存在することが明らかになり、今後、新たに同定されたがん種についても個別化医療が進むものと期待できます。

また、発症との関連が強い遺伝的要因が明らかになったことで、今後、喫煙・飲酒などの生活習慣や、胃がんのヘリコバクター・ピロリ菌のような細菌感染やウイルス感染、あるいはゲノム全体の遺伝的バリエーションの影響（ポリジェニックリスクスコア^[7]）など、他の要因と解析が可能になります。これらの情報が統合されることで、より一人一人のゲノム情報や生活環境に合わせた個別化医療が可能になると考えられます。

4. 論文情報

<タイトル>

Expansion of Cancer Risk Profile for BRCA1 and BRCA2 Pathogenic Variants

<著者名>

Yukihide Momozawa, Rumi Sasai, Yoshiaki Usui, Kouya Shiraishi, Yusuke Iwasaki, Yukari Taniyama, Michael T. Parsons, Keijiro Mizukami, Yuya Sekine, Makoto Hirata, Yoichiro Kamatani, Mikiko Endo, Chihiro Inai, Sadaaki Takata, Hidemi Ito, Takashi Kohno, Koichi Matsuda, Seigo Nakamura, Kokichi Sugano, Teruhiko Yoshida, Hidewaki Nakagawa, Keitaro Matsuo, Yoshinori Murakami, Amanda B. Spurdle, Michiaki Kubo

<雑誌>

JAMA Oncology

<DOI>

10.1001/jamaoncol.2022.0476

5. 補足説明

[1] バイオバンク・ジャパン

日本人集団 27 万人を対象とした、世界最大級の疾患バイオバンク。オーダーメイド医療の実現プログラムを通じて実施され、ゲノム DNA や血清サンプルを臨床情報と共に収集し、研究者へ分譲している。2003 年から東京大学医科学研究所内に設置されている。

[2] 遺伝的バリエント、病的バリエント

遺伝的バリエントは、遺伝子の塩基配列の変化を指し、生物の多様性を生じさせる。また、遺伝的バリエントのうち疾患発症の原因となるものを病的バリエントという。

[3] PARP 阻害剤

DNA の相同組換え修復機構が機能していないがん細胞に、特異的に細胞死を誘導する新しい分子標的薬のこと。PARP は Poly (ADP-Ribose) Polymerase の略。

[4] ターゲットシーケンス法

全ゲノム領域のうち標的ゲノム領域のみを解析する方法。多くの場合は標的遺伝子を選定して領域を設定するが、ある疾患領域に関連する全ての遺伝子を解析するなど、疾患と関連するイントロン領域や調節領域などの非翻訳領域も組み入れ、標的を拡大して解析する場合もある。

[5] ENIGMA コンソーシアム

主に *BRCA1/BRCA2* 遺伝的バリエントを解析・評価する国際コンソーシアム。ENIGMA は Evidence-based Network for the Interpretation of Germline Mutant Alleles の略。

[6] 創始者バリエント

地理的にまたは文化的に隔離された集団において、先祖の一人に生じ、その後、その集団内で広がった遺伝的バリエントのこと

[7] ポリジェニックリスクスコア

各バリエーションの持つ遺伝的なリスクの積み重なりをスコア化して、病気の発症や進展を予測する手法。

6. 発表者・機関窓口

<発表者> ※研究内容については発表者にお問い合わせください。

理化学研究所 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 桃沢 幸秀 (ももざわ ゆきひで)

特別研究員 碓井 喜明 (うすい よしあき)

(岡山大学医学部血液・腫瘍・呼吸器内科学 客員研究員、愛知県がんセンター研究所 がん情報・対策研究分野 任意研修生)

大学院生リサーチ・アソシエイト (研究当時)

関根 悠哉 (せきね ゆうや)

(現 秋田大学大学院医学系研究科腎泌尿器科学講座 大学院生)

TEL : 045-503-9326 FAX : 045-503-9606

E-mail : momozawa[at]riken.jp (桃沢)

東京大学 医科学研究所 人癌病因遺伝子分野

教授 村上 善則 (むらかみ よしのり)

東京大学 大学院新領域創成科学研究科 メディカル情報生命専攻
クリニカルシーケンス分野

教授 松田 浩一 (まつだ こういち)

愛知県がんセンター研究所 がん予防研究分野

分野長 松尾 恵太郎 (まつお けいたろう)

国立がん研究センター 中央病院 遺伝子診療部門

部門長 吉田 輝彦 (よしだ てるひこ)

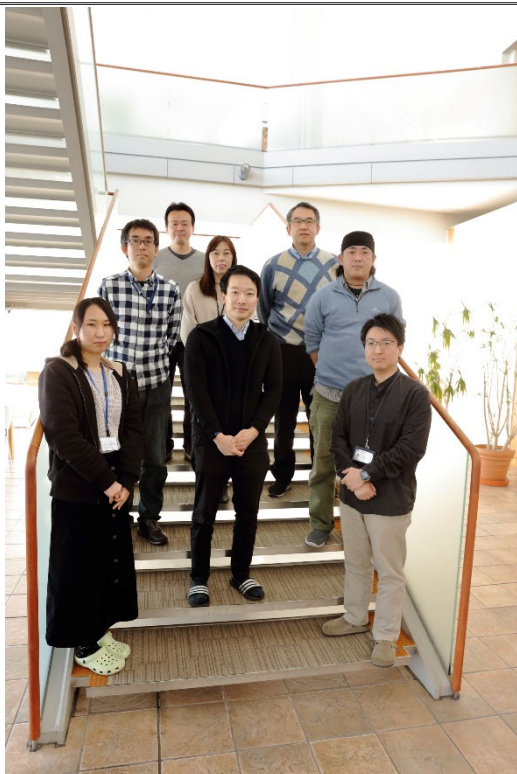
佐々木研究所附属杏雲堂病院 遺伝子診療科

科長 菅野 康吉 (すがの こうきち)

(国立がん研究センター 中央病院 遺伝子診療部門 非常勤医員)

昭和大学病院

プレストセンター長・特任教授 中村 清吾 (なかむら せいご)



(左から) 笹井、岩崎、桃沢、遠藤、水上、中川、高田、碓井

<機関窓口>

* 今般の新型コロナウイルス感染症対策として、理化学研究所では在宅勤務を実施しておりますので、メールにてお問い合わせをお願いします。

理化学研究所 広報室 報道担当
E-mail: ex-press[at]riken.jp

東京大学医科学研究所 国際学術連携室 (広報)
TEL: 090-9832-9760
Email: koho[at]ims.u-tokyo.ac.jp

東京大学大学院新領域創成科学研究科 広報室
TEL: 04-7136-5450
Email: press[at]k.u-tokyo.ac.jp

愛知県がんセンター 運用部経営戦略課企画・経営グループ
TEL: 052-762-6111 (代表)
Email: tmushika[at]aichi-cc.jp

国立がん研究センター 企画戦略局広報企画室
TEL: 03-3542-2511 FAX: 03-3542-2545
Email: ncc-admin[at]ncc.go.jp

佐々木研究所 財団事務局
TEL: 03-3294-3286 FAX: 03-3294-3290
Email: otani[at]po.kyoundo.jp

報道解禁：日本時間 2022 年 4 月 15 日午前 0 時・15 日付朝刊

昭和大学 総務部総務課 大学広報係
TEL：03-3784-8059 FAX：03-3784-8012
Email：press[at]ofc.showa-u.ac.jp

岡山大学 総務・企画部広報課
TEL：086-251-8415
Email：www-adm[at]adm.okayama-u.ac.jp

秋田大学
TEL：018-889-3019
Email：kouhou[at]jimu.akita-u.ac.jp

<AMED 事業について>

日本医療研究開発機構（AMED）
ゲノム・データ基盤事業部ゲノム医療基盤研究開発課
ゲノム創薬基盤推進研究事業事務局
TEL：03-6870-2228 FAX：03-6870-2244
Email：genomic-medicine[at]amed.go.jp

創薬事業部 医薬品研究開発課
次世代がん医療創生研究事業
TEL：03-6870-2219
Email：cancer[at]amed.go.jp

ゲノム・データ基盤事業部 医療技術研究開発課
疾患基礎研究事業部 疾患基礎研究課
革新的がん医療実用化研究事業
TEL：03-6870-2286
Email：kakushingan[at]amed.go.jp

※上記の[at]は@に置き換えてください。