



■スパコンSHIROKANEの前で

# ゲノム医療を 数理で支える

数学とスーパーコンピューターと  
人工知能をがん研究に融合

本質的に、ゲノムの異常に起因するがんの病態の理解には、その発症に関わるゲノムの異常とその機能的な帰結の解明が不可欠である。シーケンス技術に革新が起こり、がんゲノムの全読解：がんゲノムの異常を網羅的に同定することが可能になると、同時に大規模データの高精度な解析が求められるようになった。

宮野氏は数学とスーパーコンピューターをがん研究に融合するという着想で、日本におけるがん研究のトップランナーたちと共に集結。文部科学省新学術領域「システムがん」(2010〜2014年度)を創設し、研究を展開した。小川誠司氏(現・京都大学医学研究科教授)と取り組んだ「骨髄異形成症候群(以下、MDS)の原因遺伝子



■ゲノム医学国際シンポジウムにて講演

の解明」(Nature 2011)は、MDS病態解明におけるランドマーク研究であるのみならず、ヒト発がんにRNAスプライシングの体細胞変異が関与することを世界で初めて示したもので、がんゲノミクス研究の歴史に刻まれる発見となった。この研究を皮切りに、宮野氏は革新的ながん研究者として、スーパーコンピューティングに基づく大量のがんゲノムシーケンスデータ・マイクロアレイデータの解析拠点、解析グループを編成し、がん病態解明の分野で世界をリードする多数の顕著な成果をあげると共に、大規模コンピューティングを用いた細胞内ネットワークの解析をはじめとする計算生物学の分野で、長きに亘って世界を牽引することになった。

2011年、宮野氏は東京大学医科学研究所に、全ゲノム解析に基づくがんの臨床シーケンス研究チームを研究所附属病院の古川洋一氏、東條有伸氏などと結成し、医療支援システムの構築に邁進。2013年には、「コンピュテーショナル・バイオロジー」への著しい貢献が評価され、アジア人としては初となるISCIB(国際計算生物学会)フェローに選出された。さらに2015年には、北米を除いて当時では初となる「IBM

Watson for Genomics」を導入し、人工知能を活用したがんゲノム医療の、日本におけるパイオニアとなった。また、MDS研究を機に、小川氏との共同研究は飛躍的に発展。特に、免疫チェックポイントを構成するPD-L1遺伝子の3'UTRを含む構造異常とこれに基づくPD-L1の過剰発現が、広範なヒトのがん種にわたって認められるメカニズムを解明し、世界から注目を集めると、一連の功績を讃えられ、2016年度上原記念生命科学財団上原賞を小川氏と共に受賞した。

宮野氏は大量シーケンス時代の到来に先駆けて、いち早く東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センターの計算機リソースを世界最高レベルに整備し、がんをはじめとする生命科学研究のコミュニティに提供してきた。現在、日本におけるがんゲノムシーケンス研究は、同センターのスーパーコンピューターに多くを依存しており、それはまさに、宮野氏の力によって支えられていると言っても過言ではない。多くの成果と大きな貢献は、国内外を問わず、さまざまなメディアを通して伝え続けられていくことであろう。

## 推薦者

吉栖 正生

広島大学大学院 医系科学研究科  
心臓血管生理医学教室 教授

みやの さとる  
宮野 悟  
Satoru Miyano

1977年九州大学理学部数学科卒業。九州大学理学部教授などを経て、1996年東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター教授に就任。2014年同施設センター長となる。数学とスーパーコンピューターをがん研究に融合するという着想で研究を展開。小川誠司氏との共同研究「骨髄異形成症候群の原因遺伝子の解明」(Nature 2011)をはじめ、がん病態解明の分野で世界をリードする多数の成果をあげた実績を持つ。また、人工知能をがんゲノム医療に導入・活用した、日本におけるパイオニアとしてもその名を広く知られている。

