

システムがんNewsletter No. 1 2

2015年3月

システムの統合理解に基づくがんの先端的診断、治療、予防法の開発

文部科学省科学研究費補助金 新学術領域研究（複合領域：4201）

がん研究に新たな学問領域が 誕生し急成長を始めた — その次は？

領域代表者 宮野 悟

東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター



新学術領域「システムがん」は、他のがんに関する新学術領域が「生物系」として審査された研究領域であるのに対し、この領域は「複合領域」（異分野融合）として2010年度～2014年度の5年間の研究として採択されたものです。がんは、親からもらった遺伝的要因（ゲノム）、歳を重ねるうちに腫瘍細胞に蓄積した遺伝子変異（がんゲノム）、そして、環境要因などによるゲノム修飾の変異（エピゲノム）、これらが、正常な細胞の営みを司っている遺伝子ネットワークやシグナル伝達・代謝などのパスウェイに入り込み、システム異常を起こした細胞集団です。こうした変異が、がんの悪性度や治療応答性、副作用の出やすさなどを規定しているといっようでしょう。そのため、この「システム異常を解く」ことが、がん研究の鍵となっています。

しかし、がんはさらに複雑です。原発から浸潤、転移へ、がん細胞は変幻します。がん幹細胞や、正常細胞である血管内皮細胞、免疫炎症細胞などと「つるみ」ながら、薬剤耐性を獲得し、時空間で進化するヘテロな細胞集団であることもわかってきました。複数の原発が進化することもあります。

そこで、私たちはこの「がんの複雑さ」をブレイクするために、この「システムがん」を構想しました。これまでの分子生物学的、遺伝学的解析が中心のがん研究に、数学とスパコンを駆使した計算システム生物学を融合させ、新たながん研究領域を創りました。「システム生物学、

バイオインフォマティクス、遺伝統計学」と「腫瘍学・がん病理学・がん生物学」という異分野を融合し、がんの多様性とダイナミズムをデジタル化するという方法論を研究の推進力としました。ヒトゲノム解析センタースパコンし活用した計算システム生物学や大規模データ解析などの数理的方法論を開発・導入し、若手人材の養成を行い、多彩な共同研究が化学反応のように起こりました。ヒトゲノム解析センターのスパコンも約 22,000 CPU コア（最大性能 225 TFLOP）、高速ディスクアレイも 3PB まで増強され、神戸の計算科学研究機構にある「京」コンピュータ(<http://www.aics.riken.jp/jp/k/>)もがん研究で威力を発揮しました。その結果、がん研究の歴史に残る数々の発見がありました。個々の成果についてはここでは述べませんが、その全体についてはシステムがんのホームページ (<http://cancersystem.hgc.jp/>) に論文のリストを掲載しているとおりです。こうした成果とともに新たな領域が誕生していくことを見ました。アウトリーチ活動も精力的に行い、メディアからも「がん研究に数学とスーパーコンピュータは不可欠」と認識されるようになりました。

この5年の間に、シーケンス技術が革新的に進み、ヒトゲノムの解析が1000ドルでできる時代が到来しました。ゲノム解析の低コスト化・大量化が急激に進みました。そして、同種類のがん検体だけでなく、一人の患者の同じがん組織内においても想像を超えたがんの多様

性が見いだされ、がんのシステム異常の複雑さの本態が次第に解ってきました。その結果、私たちは、がんの発生、進展過程、診断、予防、治療戦略などについて、これまでの考え方を変えなければならなくなると認識するに至りました。

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、データ解析結果や知識情報に基づいて、がんの新たな解明と攻略に向けて的確に目標地点を見出して相互にチャトルする技術的・科学的が不可欠になっています。たとえば、がんに関する論文は2014年から2015年3月の間だけで20万報以上あり、これらに電子的にはほぼアクセスはできますが、全文献を読むには無理があり、専門家の知識は深いが視野は狭いというのが現実です。これまでの成功例は優れたがん研究者の洞察が誘導したものであり、結果として一部の俯瞰情報しか使えていません。また、がん検体の全ゲノムシーケンスをすると2百万～4百万の変異の候補が上がってきます。ここから多様性をもったがんの病態の原因となっているものを探し出すことは、人智・人力を越えたものとなっています。加えて、がん関連ビッグデータが誕生し、そのがん研究・医療への利用が大きなチャレンジです。

この難題に対して、米国の Memorial Sloan-

Kettering Cancer Center, New York Genome Center, Mount Sinai, MD Anderson Cancer Center 等の米国のリーディング研究所に IBM Watson が導入され応用開発が進められています。Memorial Sloan-Kettering Cancer Center の Craig Thomson 博士 (President & CEO) は、「がんのデータは一人の人間が解析することは不可能な時代」と言い切っています (<http://www.mskcc.org/videos/mskcc-and-ibm-collaborate-applying-watson-technology-help-oncologists>)。スパコンと Watson のような学習能力をもったシステムが、がん研究と医療を大きく変える時代になろうとしています。

ほぼほとんどの人が人生の中でがんに直面します。アンジェリーナ・ジョリー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) という社会学と深く関わっていることを象徴しています。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明らかとなり、ビッグデータやゲノム・臨床データシェアリングは、私たちが未だ遭遇していない課題を提示することになるでしょう。医学・生物学という視点に加え、今後のがんゲノム研究・医療を支え、時に対峙できる学問領域としてがんの ELSI 研究分野を構築しなければならないと考えています。



平成26年度のおもなアウトリーチ活動です。
中学生、高校生を対象にしています。

兵庫県宍粟市立山崎西中学校

先輩に学ぶ講演会「ゲノムの情報から知る病気のしくみ」

開催日時：平成26年12月9日（火）13:30～15:00

開催場所：山崎文化会館（サンホールやまさき）兵庫県宍粟市山崎町鹿沢88-1 TEL:0790-62-5300

出席者総数：367名（中学1年生 115名、中学2年生 107名、中学3年生 97名、一般参加者 25名、教員 23名）

稲澤 譲治（計画研究）東京医科歯科大学難治疾患研究所・教授、東京医科歯科大学疾患バイオリソースセンター長

（稲澤）話しは60分間に渡ったのですが、熱心に話を聞いてくれました。講演終了後も多くの生徒から多様な質問を受けました。中学3年生全員から感想文を送ってもらいましたが、「話を聞くまでゲノムの知識はなかったが分かり易い内容で理解できた」との感想が得られて、お話しをさせていただいた私も手応えを感じました。病気は治療だけでなく予防が重要であることを理解してもらえたようです。

先輩に学ぶ講演会

ゲノムの情報から知る
病気のしくみ



稲澤 譲治

東京医科歯科大学難治疾患研究所・教授
東京医科歯科大学疾患バイオリソースセンター長



日時 12月9日（火）
13:30～15:00

会場 山崎文化会館
（サンホールやまさき）
（山崎町鹿沢88-1）
（山崎町バス停から徒歩10分）

システムが、

長崎県立鹿町工業高等学校

講演会「がんとスーパーコンピュータ：なぜがんになるの？」

開催日時：平成26年11月20日（木）13:30～14:20

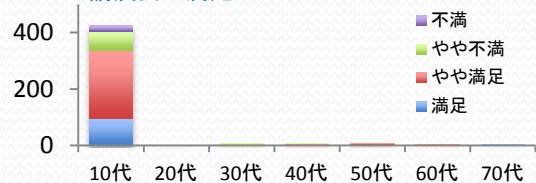
開催場所：長崎県立鹿町工業高等学校 体育館 長崎県佐世保市鹿町町土肥ノ浦110

出席者総数：約530名（高校生 468名、教員 54名、保護者 約10名）

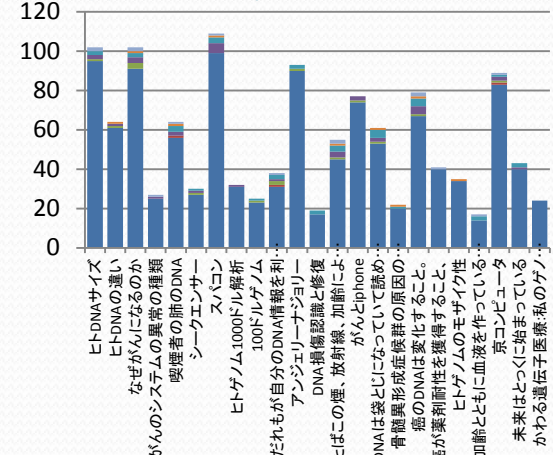
宮野 悟（計画研究・領域代表）

（宮野）長崎県立鹿町工業高等学校の校長をしている嶋田一郎先生のご協力を得て、講演会を開催させていただきました。鹿町工業高校は、佐世保駅から北北西にバスで1時間ほどのところにあります。機械科、電気科、電子工学科、土木技術科の4学科からなる工業高校です。嶋田先生からは「少し難しかったばってん、最先端の話を聞いて、本校の生徒にとってすごく刺激になったと思います。」とコメントをいただきました。年齢、興味深かった内容、理解のしやすさ、満足度などについてアンケートをとりました。この講演については、長崎新聞に「人それぞれに設計図ー鹿町工高」と記事が、平成26年11月21日（金）に写真とともに掲載されました。

講演会は満足でしたか？



興味深かった内容は？



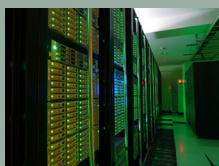


Human Genome Center

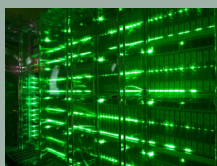
東京大学医科学研究所 ヒトゲノム解析センター スーパーコンピュータ

<http://supcom.hgc.jp>

システムがんで用いられるデータ解析ソフトウェアは、ヒトゲノム解析センターのスーパーコンピュータで動いています。スーパーコンピュータはどなたでもご利用になれます(有償)。



大容量のディスク装置



高密度の計算機



文部科学省新学術領域研究

システムがん

システムの統合理解に基づくがんの
先端的診断、治療、予防法の開発

オフィシャルWebサイト

<http://systemscancer.hgc.jp>

システムがんの研究内容、構成研究者情報、発表論文、研究集会などの詳しい情報はこのWebサイトをご覧ください。



@SystemsCancer

システムがんの研究成果、世界のがん研究、研究拠点、学会情報など最先端な話題をつぶやいています。



新学術領域研究「システムがん」ニュースレター No.12

発行日★平成27年3月16日(初版)

発行★システムの統合理解に基づくがんの先端的診断、治療、予防法の開発
領域代表者★宮野 悟

東京大学医科学研究所 ヒトゲノム解析センター DNA情報解析分野
〒108-8639 東京都港区白金台4-6-1

TEL: 03-5449-5615 FAX: 03-5449-5442

E-mail: miyanolab-jimu@edelweiss.hgc.jp

編集★サトウアユ