

システム癌新次元Newsletter No. 2

2016年11月

がんシステムの新次元俯瞰と攻略

文部科学省科学研究費補助金 新学術領域研究 (研究領域提案型)(複合領域:4701)

癌遺伝統計学とビッグデータの邂逅がもたらす 新たながんゲノム創薬

計画研究 A02-1 研究代表者 岡田 随象 OKADA Yukinori

大阪大学大学院医学系研究科遺伝統計学 教授

遺伝統計学とは？

遺伝統計学は、ヒトの遺伝情報と形質情報の関わりを統計学の観点から検討する学問分野です。ヒトの遺伝情報はゲノム配列として保存され、個人間で少しずつ異なります。次世代シーケンサーに代表されるゲノム配列解読技術の著しい発達により、安価に個人のヒトゲノム配列を決定することが可能になりました。得られたヒトゲノムデータと疾患発症履歴などの形質情報とを統合することで、疾患の原因遺伝子の同定、病態解明、新規創薬が可能になります（図1）。医学・情報

学・統計学と、複数分野が交叉するニッチな領域、ということができるかもしれません。

私は遺伝統計学を専門に、コンピューターを使ったヒトゲノムデータ解析の研究に取り組んでいます。一方で、私自身が実験を行なうことはほとんどありません。研究者というと、試験管を手にとって日々実験に明け暮れる姿を想像される方も多いと思いますが、私のように、パソコンのキーボードを叩くことで研究活動を進めている研究者も、最近は増えてきています。

ヒトゲノム解析から疾患病態・新規創薬へ

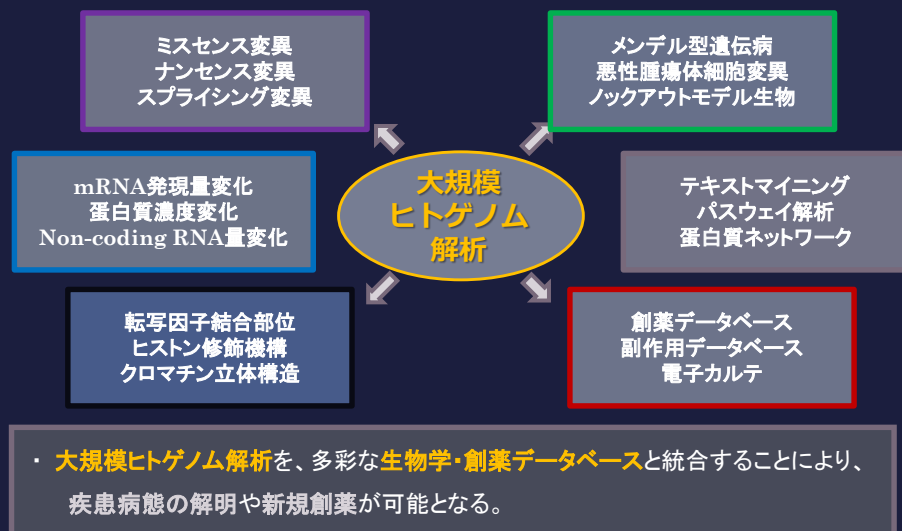


図1 遺伝統計学に基づく疾患病態の解明とゲノム創薬。遺伝統計学により、ヒト疾患ゲノムデータを多彩な生物学・創薬データベースと分野横断的に統合することにより、疾患病態の解明やゲノム創薬が可能になります。

(Okada Y et al. *Nature* 2014)

医者を辞めて基礎研究に

「どうして遺伝統計学（というマイナーな研究分野）に進んだのですか？」とよく訊かれます。「〇〇先生の著書に感銘を受けて…」とか「〇〇病の患者さんを助けるために…」などと模範解答を返せると格好いいのですが…、実際には紆余曲折の結果です。何となく医学部に進学した私は、臨床医学への情熱や体力に満ちあふれた同級生達に圧倒されつつ、漫然と憧れていた基礎研究の道を模索していました。当時は、特定の遺伝子の機能を掘り下げる基礎研究が主流でしたが、どうも乗り気がしませんでした。臨床研修医の時にヒトゲノム配列の個人差を網羅的に調べ上げた国際HapMap計画の成果が報告され、大きな衝撃を受けました。これからはゲノム全領域の情報を駆使した医学研究へと変革が生じ、特にデータ解析を担う人材への需要が高まると予測し、医者を辞めてゲノムデータ解析の基礎研究分野へ進むことを決めました。米国も含め幾つかのラボを転々としながら勉強を進めるうちに、いつのまにか遺伝統計学が専門分野になっていました。有り難いことに、平成28年から大阪大学医学部ににて教室を主宰する機会に恵まれました。人生初の関西ではありますが、大阪の気質に触れながら楽しく暮らしています。

システム癌新次元との出会い

そんな折、システム癌新次元の立ち上げに際して、班員として参加しないかとお誘いを頂きました。システム癌新次元は、領域長の宮野悟先生をはじめ、がん研究の分野で世界をリードするトップレベルの先生方で構成されています。私はそれまで、がん疾患の研究自体にすら取り組んでいなかったわけで、そんな凄い先生達の間に、私のような新参者が入っていいものかと、大層驚いたのを記憶しています。システム癌新次元が発足した現在も、班員の先生方のハイレベルな打ち合せに参加させて頂きながら、がん疾患について勉強する日々が続いています。

一方で、遅れてきた新参者なりにも、がん疾患の研究に貢献できる点あるのではないかと思います。がん疾患の研究では、腫瘍組織部位において後天的に獲得された遺伝子変異（体細胞遺伝子変異）の研究が主流です。がん以外の疾患では、先天的に決まっている遺伝子配列の個人差（生殖細胞系列の遺伝子変異）の研究が主流です。生殖細胞系列の遺伝子変異を対象に構築されてきた遺伝統計解析手法を体細胞遺伝子変異に適用することや、これら2種類の遺伝子変異情報を多彩なデータベースと分野横断的に統合することで、疾患病態の解明やゲノム創薬に貢献できるのではと期待しています。

遺伝統計学

夏の学校

@大阪大学

参加費：無料

夏の大阪で、ゲノム解析の世界に触れてみませんか？

日時：平成28年8月26日(金)～8月28日(日)

場所：大阪大学吹田キャンパス 大学院医学系研究科
バイオメディカル教育研究棟9F 遺伝統計学教室
(夏の学校では宿泊・交通の手配は行わず、参加者自身にお願しています)

対象：大学学部生以上 (大学院生・勤務医・社会人の方も歓迎です)

形式：講義・ゲノムデータ解析演習・特別セミナー
(演習に使用するPCおよび解析用ゲノムデータは、夏の学校で用意いたします)

定員：20名 (応募者多数の場合、所属や学年を考慮して調整させて頂く場合があります)

日程表

時間帯	一日目 (8/26)	二日目 (8/27)	三日目 (8/28)
午前 (9:00~12:00)	遺伝統計学概論	Linux入門 プログラミング入門	ゲノムデータ 解析演習
午後 (13:00~16:30)	Webツール入門 統計ソフトR入門	ゲノムデータ 解析演習	特別セミナー

特別
セミナー
講師陣

山田 亮 先生 (京都大学大学院医学研究科 附属ゲノム医学センター)
鎌谷 洋一郎 先生 (理化学研究所 統合生命医学科学研究センター)
川上 英良 先生 (理化学研究所 統合生命医学科学研究センター)
(講義演習内容および特別セミナーの内容は、変更となる場合があります)

URL : <http://www.sg.med.osaka-u.ac.jp/school.html>
申込み : office@sg.med.osaka-u.ac.jp (担当：岡田 随象)

共催：医学系研究科バイオインフォマティクス・インシアティブ、新学術領域研究・システム癌新次元

図2 遺伝統計学・夏の学校@大阪大学のポスター



図3 遺伝統計学・夏の学校@大阪大学の風景

遺伝統計学で広がる人の輪

遺伝統計学は楽しい研究分野ですが、まだまだ日本国内において知名度が低く、分野に携わる人材が不足しています。大阪大学では、遺伝統計学における若手人材育成を目的に、大学学部生向けのサマースクールを実施しています（遺伝統計学・夏の学校@大阪大学、図2）。システム癌新次元のサポートを頂きながら本年8月に第一回を開催したところ（宮野先生、ありがとうございます！）、予想以上の参加申込みがあり、お陰様で盛況のうちに終了することができました（図3）。貴重な夏休みの期間中に、日本中から学生さんが参加してくれたことは、私にとっても大きな励みとなりました。サマースクールは来年度以降も続けていこうと思いますので、興味のある学生さんは是非ともご参加下さい。

Information

オフィシャルWebサイト

<http://neosystemscancer.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サイトでご覧ください。

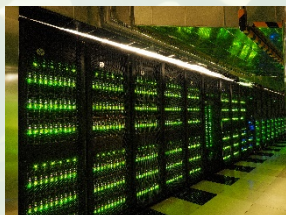


Human Genome Center

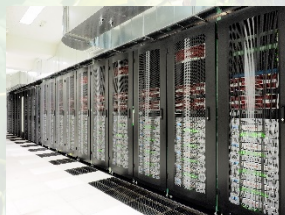
東京大学医科学研究所
ヒトゲノム解析センター
スーパーコンピュータ

<http://supcom.hgc.jp>

システム癌新次元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

新学術領域研究「システム癌新次元」ニュースレター No. 2

発行日★平成28年11月10日（初版）

発行★がんシステムの新次元俯瞰と攻略

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