

基調講演

世界トップのがんゲノム研究が生まれる
スーパーコンピュータとその運用

東京大学 教授
医科学研究所ヒトゲノム解析センター長
宮野 悟



【プロフィール】

1977年九大理学部数学科卒。理学博士。九大理学部教授を経て1996年より現職。ヒトゲノム解析センターDNA情報解析分野及びシーケンスデータ情報処理分野を担当。スパコンを駆使したゲノムデータを解析で個別化ゲノム医療を推進中。文科省新学術領域研究「システム癌新次元」領域代表。文科省ポスト「京」重点課題②「個別化・予防医療を支援する統合計算生命科学」で「京」コンピュータを駆使してゲノムをはじめとする大規模生命ビッグデータ解析を実施中。AMED難治性疾患実用化研究事業「オミクス解析技術と人工知能技術による難治性造血器疾患の病因解明と診断向上に貢献する解析基盤の開発」研究開発代表者。2014年よりヒトゲノム解析センター長。Board of Directors of the International Society for Computational Biology (ISCB)、日本バイオインフォマティクス学会会長、神奈川県立がんセンター総長などを歴任。1994年IBM科学賞（コンピュータサイエンス分野）、2013 ISCB Fellow、2016年上原賞（先端ゲノミクスによる癌の分子基盤の解明）。

【講演概要】

がんは生命のプログラムであるゲノムに変異が入ってシステム異常を起こした極めて複雑な細胞集団で変幻進化します。日本人の約半分の方が人生においてがん直面し、死因の3分の1が、がんです。2007年頃からゲノム解析にイノベーションが occurred。次世代シーケンサーという技術の登場です。その結果、現在、数百ドルで個々人のがんの全ゲノムシーケンス情報を得ることができるようになりその複雑さが浮上してきました。同時に、スーパーコンピュータの発展がなければそのデータ解析は実現しないものでした。

今や、がんの医療や研究はデータとの格闘技であり、ビッグデータを扱うスパコンや人工知能が未来を決めます。そして、がんの理解や医療は、もはや生物学・医学の領域から昇華し、新しい次元へのオデッセイが始まったといっても過言ではありません。

本講演では、ヒトゲノム解析センタースパコンSHIROKANEや「京」を用いて暴き出してきたがんのシステム異常の一端に関する世界トップのがんゲノム研究の成果（全ゲノムシーケンス解析をして解明したヒト白血病ウイルスと免疫細胞との戦場、がんが免疫細胞から逃れている仕組みの解明、加齢に伴う正常組織の遺伝子異常とがん化のメカニズムの解明）を紹介しながら、スーパーコンピュータの活用におけるアーキテクチャーや運用方法についての苦労話を参加者限定的に紹介します。なぜ、世界トップがんゲノム研究が達成できたのか、そのためのスパコンの秘話です。