

# 【新学術領域研究（研究領域提案型）】 複合領域



## 研究領域名 がんシステムの新たな俯瞰と攻略

東京大学・医科学研究所・教授

みやの さとる  
宮野 悟

研究課題番号：15H05907 研究者番号：50128104

### 【本領域の目的】

がんの発生進化と多様性、胚・体細胞のモザイク性変異による個体内の遺伝学的多様性、1万を超えるノンコーディング RNA の機能、悪性度とがん細胞文脈という概念でがんのシステムの統合理解を深化させ、その多様性と複雑性に基づくがん診断と攻略を目的とする。その推進の鍵は大規模なスーパーコンピュータの活用ではじめて実現できる数理モデリング・大規模データ解析、遺伝統計解析などの数理的方法論であるが、今回新たに、Cognitive Computing などの革新的情報技術をシステムがん研究に融合し、がんの全体象を把握した上で、個々人のがんの細部へと自在にシフトする術を獲得する。同時に、がんの ELSI 研究を構築して、ビッグデータがもたらす未遭遇の課題も含めたがん研究との整合性を図り、現時点での想像を超えたがんゲノム研究・医療を支え、時に対峙しうる領域を開拓する。

### 【本領域の内容】

がんのシステム統御からの逸脱を大規模かつ精緻に俯瞰し、システム異常を引き起こしている個々の部位（遺伝子やパスウェイなど。以下、局所）を的確にピンポイントする方法を、がんビッグデータを活用した Cognitive Computing を用いて開発する。そして、がんの理解と攻略のために、次の二つの研究項目（A01, A02）を融合させて推進する。

#### がんの複雑性のシステムの理解を目指した新次元の統合的研究



図1 研究の概要

### 【A01】がんのシステムの統合理解の新展開

第一は、大規模オミクスデータとフェノームデータに基づき、がんゲノムを疾患単位やヒト集団として捉える「全ゲノム・ヒト集団の俯瞰的な研究」である。第二は、がんゲノムの機能的理解を目指す「ゲノムの局所に関する研究」である。これらを、ゲノム解析の革新とスーパーコンピュー

タにより近接させ、その両者をシステムの的に統合解析していくことで、がんのシステム異常に関する理解を深化させる。計画研究では、がんの細胞文脈、進化と多様性、ノンコーディング RNA に絞り、がんを時空間・位相的に解析することで、予防・早期診断・治療・治療耐性の革新を目指す。

### 【A02】がんビッグデータ — 情報解析の革新と ELSI

大規模なスーパーコンピュータ活用による数理モデリング・データ解析・遺伝統計学・疫学などの数理的手法などをがんビッグデータ等に邂逅させるとともに、Cognitive Computing などの新たな革新的情報技術を導入することにより、シフトしながら行うがんのシステムの理解の方法を格段に飛躍させる。また、【A1】のゲノム解析の革新により個々人の全ゲノムへのアクセスが可能になり、またモザイク状態の細胞系の遺伝子変異や未病状態の個体の造血幹細胞に加齢により蓄積していく変異の全貌が見えてくる。そのため、がん研究とその成果の応用について、新たながん領域の ELSI（倫理的法的社会的課題）研究を構築し、がん研究との融合と整合を図り、急激に進歩するがんビッグデータ社会に臨む。

### 【期待される成果と意義】

ゲノム・ノンコーディング RNA・細胞文脈をとおしたがんの多様性と複雑性のシステムの理解が、その方法論とともに格段に進歩する。がんの多様性と複雑性の基礎研究を踏まえ、がんの未病状態、予防、超早期/高精度診断、治療戦略、治療耐性の回避、既存薬再配置、がんの臨床的シークエンスの基盤、創薬概念に革新を引き起こすことが強く期待される。同時に、社会全体として必要な情報インフラ（クラウドコンピューティングや Cognitive Computing/Environment など）の整備の範囲と必要性が明確になる。学問領域としてのがん ELSI 研究の構築をとおしたデータシェアリングは患者参加型の研究・医療開発・創薬を推進し、ビッグデータの収集と活用に画期的な道筋を作るという期待があり、高齢化社会的において大きな意義がある。

### 【キーワード】

システムがん研究：がんのシステム異常を数理モデリング・大規模データ解析・シミュレーションと実験データを融合して解明する研究領域。

### 【研究期間と研究経費】

平成 27 年度～31 年度  
1,101,600 千円

### 【ホームページ等】

<http://neosystemscancer.hgc.jp/>  
[systemscancer@hgc.jp](mailto:systemscancer@hgc.jp)