

がん患者のゲノム(全遺伝情報)を調べて遺伝子変異をとらえ、最適な治療薬を選び、新薬開発に生かす「ゲノム医療」が本格化してきた。これを支えるのがゲノムのデータを解析し、役立つ情報を引き出す技術をもつ科学者だ。人材不足が続いていたが異分野からの参入組を含め、有望な若手・中堅も出てきた。

東大医学部医学研究所は人工知能(AI)技術を使う米IBMのコンピューター「ワトソン」に、がんの最適な治療法の判断を手伝ってもらう研究で注目を集めている。患者のゲノムを調べた結果をワトソンに入ると、膨大な論文や臨床試験の情報をもとに短時間で答えを出す。

東大にある専用装置(シーケンサー)で読み取ったゲノムは、塩基配列と呼ばれる文字の羅列にすぎない。ワトソンの助言を得るには不確かなデータを取り除き、がんと関連しそうな異常部分をみつけて整理するなどの準備作業が不可欠だ。

ヒトゲノム解析センター長の宮野悟教授(62)はこうした作業に秀でた若手を集めている。その一人が片山琴絵助教(39)だ。心理学や計量経済学を学び、情報科学に進んだ異色の経歴を持つ。「地味だが大切な仕事。データに触れるのが楽しい」と語る。

宮野氏は神奈川県立がんセンター総長を兼ね、いずれ同センターでもゲノム医療を本格化させたいと考える。笠島理加・特別研究員(35)が東大医科研ヘルスイノベーションセンター客員研究員を兼務し、遺伝子変異の検索ソフト開発などに取り組む。

笠島氏を指導するヘルスイ

# ゲノム医療 科学者が支える

ゲノム医療を支える人々

**宮野悟**  
東大医科学研究教授

**片山琴絵**  
東大医科学研究助教授

**井元清哉**  
東大医科学研究教授

**森下真一**  
東大大学院新領域創成科学研究科教授

**坂田理美**  
最高テクニカル責任者

**笠島理加**  
神奈川県立がんセンター特別研究員

**清水佳奈**  
早大理工学術院准教授

ンテリジェンスセンター長の井元清哉教授(46)は、がんが免疫に対抗する力を遺伝子データの統計的な解析で調べる先端研究に打ち込む。解析力で米国屈指のプロード研究所を「振り切った」。がん免疫療法の効果的な開発や処方につながるを期待される。

東大は日本人特有のがん関連の遺伝子変異と症状などの情報を集めた独自の「知識データベース」をつくり、診断に役立てる別のプロジェクト「ターベース」をつくり、海外も始めた。ワトソンなど海外データベースへの過度な依存から脱却する狙いがある。

世界でもまだあまり普及していない米、シフィック・バイオサイエンス製の最新シーケンサーを導入した。森下真一教授(56)が同社と共同

で数年がかりで解析ソフトを開発し、最大手の米ヘルミナ製の100倍ほ長い塩基配列を一度に読み取れる。プロジェクトには東大発ベンチャー企業のアクター(東京・文京)も参加する。患者のゲノムデータから、薬の候補や参加できる可能性がある臨床試験の情報などを探し出すソフトを提供する。女子美術大学で映像編集を学んだ坂田理美氏(32)が最高テクニカル責任者を務める。「使いやすさで他社に差をつける」という。

大阪大学の岡田随象教授(36)は「シーケンサーでゲノムのデータは誰でも得られる。重要なのはその先の解析や結果の解釈だ」と話す。応用範囲は広い。同氏は米国留

学で遺伝統計学に注力し、ゲノムデータからリウマチなど様々な病気の目印になるマイクロRNA(リボ核酸)という小さな分子を、効率よく探し出せるソフトを開発した。生命の設計図といわれるゲノムは究極の個人情報でもあり、5月に改正された個人情報保護法の対象に含まれる。今後、医療応用がしづらくなるなどの懸念もあるが、早稲田大学の清水佳奈准教授(38)は「技術で解決したい」と意気込む。ゲノムのデータを暗号化したまま外部のデータベースと照合し、病気の原因となる遺伝子変異の有無などを調べる手法を見いだした。国際標準として普及させる夢を描く。

(編集委員 安藤淳)