

報道関係各位

2023年12月1日

国立大学法人東京医科歯科大学

M&D データ科学センター 宮野 悟特任教授が、第32回(2023年度)大川賞を受賞

M&D データ科学センター 宮野 悟特任教授が、第32回(2023年度)大川賞を受賞することが決定しました。

【賞の概要】

大川賞とは情報・通信分野における研究、技術開発および事業において顕著な社会的貢献をされた方の労に報い、その功績を表彰すると共に、情報・通信分野のさらなる発展と啓蒙に寄与することを目的とした国際賞です。

原則として日本人の研究者1名、海外の研究者1名の2名を表彰します。

*2023年度の海外の研究者からは、海外研究者からは、Yoshua Bengio 博士（モントリオール大学 計算機科学・オペレーションズリサーチ学科 教授、Mila-ケベック人工知能研究所 創設者・科学ディレクター）の受賞「人工知能における深層学習の基礎技術における先駆的研究とその応用」が決定しています。

【受賞理由】

スーパーコンピュータを活用した全ゲノム解析、がんゲノム研究の先進的な研究

For cutting edge research using supercomputers to conduct whole-genome analysis and cancer genome studies

【プロフィール】

宮野 悟 (みやの さとる) Satoru Miyano

東京医科歯科大学 特任教授・M&D データ科学センター長

東京大学 名誉教授

Specially Appointed Professor and Director, M&D Data Science Center, Tokyo Medical and Dental University

Professor Emeritus, The University of Tokyo



東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター SHIROKANE の前にて

略歴

- 1977 九州大学 理学部 数学科 卒業
- 1979 九州大学 大学院 理学研究科 数学専攻 修士課程修了
- 1979 同 博士後期課程 中退
- 1979 九州大学 理学部 助手
- 1984 理学博士（九州大学）
- 1985 アレクサンダー・フォン・フンボルト財団 研究員
- 1987 九州大学 理学部 助教授
- 1993 同 教授
- 1996 東京大学 医科学研究所 ヒトゲノム解析センター 教授
- 2014 同 センター長
- 2015 神奈川県立がんセンター 総長（兼務）

2020 東京医科歯科大学 特任教授・M&D データ科学センター長
東京大学 名誉教授

主な受賞歴

1994 日本 IBM 科学賞
1994 坂井特別記念賞
2013 Fellow, International Society for Computational Biology
2016 上原賞
2020 ヘルシー・ソサエティ賞

宮野悟特任教授コメント

数学出身の私が 1991 年旧文部省の科研費の重点領域として始まったヒトゲノム計画に入れていただいてから 30 数年の時間が経ちました。2003 年に発表されたヒトゲノムの解読終了には 3000 億円ほどの費用がかかったと推定されています。

一方、がんは 1970 年代ころからゲノムの異常が原因で発症することが知られており、ゲノムの異常に起因するがんの病態の理解には、その発症に関わるゲノムの異常とその機能的な帰結の解明が不可欠であるとの認識でした。日本が、ゲノム研究の「忘れられた 10 年」(2014 年ごろまで)の真ただ中の 2008 年ごろ、シーケンス技術に革新が起こりました。いわゆる次世代シーケンサーの登場で、がんゲノムの全読解・がんゲノムの異常を網羅的に同定することが可能になり、同時に大規模データの高速・高精度な解析が求められるようになりました。

そんな状況にあるとき、私は前職の東大医科学研究所ヒトゲノム解析センターで現在 SHIROKANE とよんでいるスーパーコンピュータ(スパコン)を国際がんゲノムコンソーシアムなどのデータ解析に活用していました。そして、数学とスパコンをがん研究に融合するという着想を得て、日本におけるがん研究のトップランナーたちと共に集結し、文部科学省新学術領域「システムがん」(2010~2014 年度)「システム癌新次元」(2015~2019 年度)を創設し研究を展開しました。小川誠司氏(現・京都大学医学研究科教授)と取り組んだ「骨髄異形成症候群(MDS)の原因遺伝子の解明」(Nature2011)は、MDS 病態解明におけるランダムマーク研究であるのみならず、ヒト発がん RNA スプライシングの体細胞変異が関与することを世界で初めて示したもので、がんゲノミクス研究の歴史に刻まれる発見として紹介されました。東日本大震災の真ただ中、限りある電力利用の制約下でスパコンを運用してゲノムデータを解析し、世界競争の中、タッチの差で論文の発表ができたときには、小川氏を落胆させないですんだと安堵しました。この研究を皮切りに、スーパーコンピューティングに基づく大量のがんゲノムシーケンスデータ・遺伝子発現データの解析拠点、解析グループを編成し、がん病態解明の分野で世界をリードする多数の顕著な成果をあげることができました。また同時に、「次世代スパコン」プロジェクトの中で大規模コンピューティングを用いた細胞内ネットワークの解析をはじめとする計算生物学の分野に身を埋没させていました。そして 2013 年には、アジア系の研究者としては初となる国際計算生物学会フェローに選出され、背負っているものの重さを感じました。全ゲノム解析の象徴的結果では、免疫チェックポイントを構成する *PD-L1* 遺伝子の 3' UTR を含む構造異常とこれに基づく PD-L1 の過剰発現が、広範なヒトのがん種にわたって認められるメカニズムを解明しました(Nature 2016)。大規模な全ゲノム解析でなければ解明されなかったことです。スパコンを全投しました。小川氏とこのようにした研究が認められ 2016 年度上原記念生命科学財団上原賞を小川氏と共に受賞しました。「京」、「富岳」も活用しました。そして、スパコンの活用に関して、2020 年ヘルシー・ソサエティ賞(パイオニア部門)が授与されました。今回の受賞は、新たな研究を生み出すために捨て石となって働いた私どもの活動をねぎらって下さったものだと考えています。

【問い合わせ先】

<報道に関すること>

東京医科歯科大学 総務部総務秘書課広報係

〒113-8510 東京都文京区湯島 1-5-45

TEL:03-5803-5833 FAX:03-5803-0272

E-mail:kouhou.adm@tmd.ac.jp