

東北大大学 “偏愛” 研究室探訪

ゲノム研究から社会を見つめる。
木下賢吾先生が考える「多様性」の本質



「研究の世界でも、多様性が大切。それ、何の役に立つの？という研究が、10年後、20年後に、ものすごく有用な研究になるかもしれないからです」

東北大大学の先生方に、研究を後押しする“原動力”や“偏愛”を話してもらう連載企画。第6回は、ゲノム解析と情報科学のエキスパートである、東北大大学院情報科学研究科・木下賢吾教授です。

一人ひとり異なる体質や病気の発症リスクについて把握し、予防医療に貢献するなどの観点から注目されるゲノム研究。「東北メディカル・メガバンク機構」副機構長として、世界でも稀な15万人規模のゲノム調査にも携わる木下先生に、研究活動の意義、そしてゲノム科学の視点から見た“多様性の本質”について聞きました。

■ ゲノムは問う。一体“ふつう”とは何なのか

——木下先生は、生物のあらゆる性質を決定する遺伝情報全体を意味する「ゲノム」の分析・研究をされています。ゲノム科学の面白いところとはどんなところでしょうか？

僕はもともと、タンパク質の構造や性質を研究するタンパク質科学をやっていて、ゲノム科学は、いき

がかり上はじめることになったんですよね。

最初は楽しくなさそうで正直嫌だったんですよ。タンパク質に比べてゲノムは構成要素が少なくて単純に思えたんです。でも最近は、ちょっと面白いなと感じていますよ。

——最初は面白くなかったんですね（笑）捉え方が変わっていったきっかけはあるんですか。

人のゲノムを10万人規模で調べても、同じゲノムは一つとして出てこないことを、肌感覚で体感したことでした。人の“設計図”は、こうもみんな違うものかと。どんな人でも、必ず違うところがある。

人って日常生活において「ふつう」の枠の中に収まろうとしたり、「ふつう」とそれ以外を区別しようとする側面があると思うのですが、ゲノム科学の観点でいえば、“ふつうの人”なんて、そもそもいない。

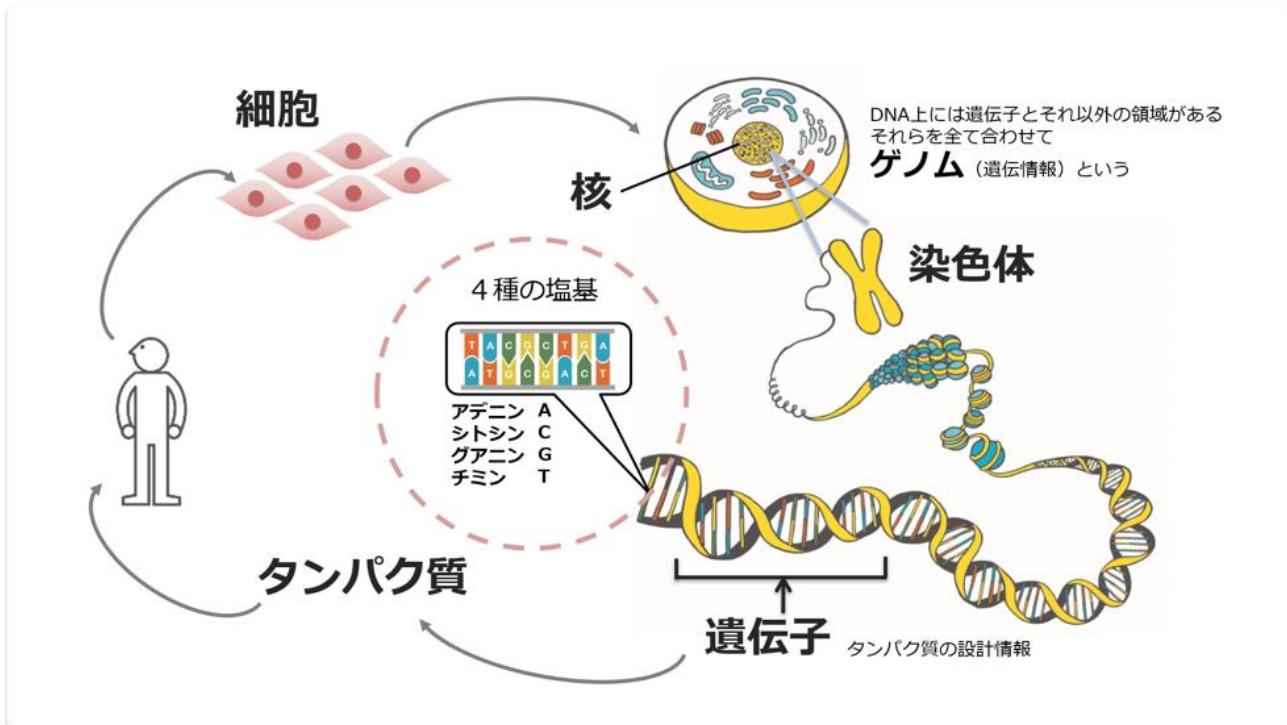
「ふつう」って一体何なんだろう？あるいは「日本人」って一体誰を指すんだろう？… ゲノムのことを研究していると、そういう問いにぶち当たり、考えざるを得なくて、そうしたことに気づいてからやっと面白いと感じるようになりましたね。



■ 東北発。15万人規模の大規模調査のねらい

——ゲノムから見ると人は本来的に多様なものである、と。そうしたゲノムの“違い”は、どう調べるのですか。

ゲノムは、A（アデニン）、T（チミン）、G（グアニン）、C（シトシン）という4種の塩基で表され、ヒト1人分のゲノムには約30億個の塩基＝文字があります。



ゲノムとは「DNAの文字列に表された遺伝情報すべて」のこと。ヒトゲノムのDNAの文字列（塩基）のうち、タンパク質の設計図の部分を「遺伝子」と呼ぶ。（提供：ToMMo）

その文字列を、採取した血液から、シークエンサーという専用機械を使って読み取ります。

そして読み取ったヒトゲノムでは、30億文字のおおよそ0.1%に、（参照に使われる）国際基準ゲノム配列（以下「参照配列」）との差異が表れる。それが遺伝的変異と呼ばれるものです。その“違い”を見つけるには、読み取った文字が参照配列のどの部分に対応するのかをマッピングする必要があります、その膨大な量の照らし合わせをスーパーコンピュータで行っています。

この0.1%の違いが、身体的特徴や体質などの生物学的な多様性をもたらしており、病気の予防や治療などの観点でも理解を深めることが重要とされています。

——東北大学に設置された「東北メディカル・メガバンク機構」（ToMMo）では、こうしたゲノム情報を15万人にのぼる人たちから収集しているそうですが、改めてどんな取り組みなのでしょう？

ToMMoは、医療情報とゲノム情報を複合させたバイオバンクで、東日本大震災の復興計画の一環として15万人へのコホート調査（※）が始まりました。

地域住民の方々の健康データと遺伝情報を長期的に収集・解析し、震災の影響と疾患との関連性などを調べています。現在、10万人分のゲノムの解析がほぼ終わっています。

（※コホート調査：多くの人々の生活習慣情報を継続的に集め、生活習慣・環境要因・遺伝要因が、病気の発症とどう関連するかを調べること）

——収集したデータを全国の研究者が使えるように、データの共有基盤の整備も積極的に進められています。

僕は、データは多くの人に共有されるべきものだと思っています。苦労して集めたデータを自分たちだけで囲みたいとは全く思いません。多様性という言葉じゃないですが、色々な視点で色々な研究者がデータを見てくれた方が発見も多いはずです。

貴重なデータをアカデミア、産業界を問わず広く共有することで、個別化医療や災害対応医療の発展につなげられればと考えています。



■ “役に立つかどうか”は考えない

——ゲノム研究がこのまま進んでいけば、どんなふうに人類の役に立っていくと思われますか。

「何の役に立ちますか？」「どう役に立ちたいですか？」という質問は、本当に色々な方からいただきますね。でも、人間について解明できるチャンスがあるので取り組みたい、ゲノムを読めるんだから読みたい、というのが正直なところです。

根本的には、役に立つからというより、興味が前にあります。

約70年前にDNAの二重らせん構造が明らかになって、いろんな生物で遺伝子の解析が進み、遺伝子情報の全体を読めるようになってきたわけですが、最初から「役に立つから解明しよう」なんて思ってた研究者はどれほどいたんでしょうか。

人間について知りたい、ゲノムが読めそうなのに読まない手はない。「そこに山があるから登る」のと同じことですよ（笑）。

——なるほど…。

そこに関しては、やりたいフェーズが研究者によって違うことも大きいと思います。

——やりたいフェーズが違うとは？

研究者によっては、0の状態から1を発見するのが好きな人もいれば、1を10に育てるのが好きな人、10を応用して50とか70とか90にするのが好きな人、あるいは90を100にして社会実装することに懸ける人もいます。

その点、僕は0→1に断然興味があります。気になったら研究し始めて、どこかの段階で自的に「わかった」と思ったら、もうそこでOKとなっちゃうんですよね。

——木下先生にとっての、“わかった”とはどういうことでしょう？

そこに、何らかの規則性が見えることです。何かを大量に並べてみた時、はじめはただ乱雑に見えていたのが、研究を通して規則性や法則が明らかになる瞬間がある。それがすごくハッピーだし、自分にとって最大の萌えポイントですね。

ちなみに、“わかった”のポイントも研究者によってガラッと変わるので、僕がわかったことを他の人がわからないとか、他の人がわかったことを僕がわからないというのは日常茶飯事です。



■ “わけわからん研究”を許容した先にあるもの

——研究者の世界も、多様なのですね。

多様であることが大切だと思いますね。先ほどの“やりたいフェーズ”をとってみても、各フェーズに携わる人がいるからこそ、研究が生まれ、発展し、時に社会実装までつながるわけで、どのフェーズも

なくてはなりません。

けれども、世の中的にはやっぱり研究は世の役に立たないといけないと感じが強く、80→100、せいぜい 50→80 あたりが“いい研究”と評価されやすいと感じます。

研究費を確保するにも「こんな風に役に立ちます」と謳わなければいけませんし、助成は「80→100」の研究につきやすい。このままだと一定のベクトルの研究ばかりが選ばれ、それらが掛け合わさってどんどん均一になり、多様性も失われていく危機感もあります。

はじめは何の役に立つかまったくわからなかったのに、10年・20年経ったらものすごく有用な研究になっていた、といったある種の爆発も起きにくくなります。社会として“わけわからん研究”を許容することも、大切だと僕は思います。



——ビジネスパーソンの中にも、「多様性」のある組織の実現と、利益やイノベーションの創出とのバランスやジレンマに悩む人もいると思います。ゲノムやアカデミアの観点から多様性について考える木下先生から、最後にメッセージをお願いできますか。

「0→1」から「90→100」まで、全てを一人でできる人はいません。自分は一体どういう存在なのか、何を面白いと感じるのか、といったことを考えることができるといいんでしょうね。

そのために、ゼロになれるようなアクションを起こして頂けたらいいんじゃないかなと思います。今までやってきたことを一旦リセットして忘れてみるとか、そもそもその前提を疑ってみるとか。

そうすることで、自身の“あるがまま”的興味ややりたいことが浮き彫りになって、今までとはまったく違う新しい方向性が見つかるかもしれません。

——空っぽになることで、自分の中に本来あるはずの「多様な自分」を見つめることができるのかもしれません。

最近は“タイプ”などと言われ、何ごとにも効率性を求める向きがあります。でも僕は反対にムダが大

好きで、人生の90%はムダでいいと思っています。

意外と、ぼんやり散歩している時とか、電車でボーっとしている時、半分寝かけている時とかに、何かすごいことを思いついたりするじゃないですか。

忙しくても、いや忙しいからこそ、「ゼロになる」「ムダを楽しむ」、そういう余裕を意識的に持つことが大切なんじゃないかと思います。

【プロフィール】

東北大学大学院情報科学研究科 教授／東北大学 東北メディカル・メガバンク機構 教授

木下 賢吾

1970年生まれ。1994年京都大学理学部卒業、1999年同大学院修了（京都大学博士（理学））。科学技術振興事業団計算科学技術研究員、理化学研究所ゲノム科学総合研究センターリサーチアソシエイト、横浜市立大学大学院総合理学研究科助手、大阪大学蛋白質研究所産学官連携研究員・客員助教授、東京大学医科学研究所助教授・准教授を経て、2009年より東北大学情報科学研究科教授。2010年11月より東北大学加齢医学研究所・インシリコ解析分野教授を兼務。2012年東北メディカル・メガバンク機構発足に際してゲノム解析部門 教授。2016年4月副機構長に就任。2016年8月よりゲノムプラットフォーム連携センター長。