

報道関係各位

人工知能(AI)を活用した統合的がん医療システム 開発プロジェクト開始

2016年11月29日

国立研究開発法人 国立がん研究センター
株式会社 Preferred Networks
国立研究開発法人 産業技術総合研究所

国立研究開発法人 国立がん研究センター(理事長:中釜 斉)と株式会社 Preferred Networks(代表取締役社長:西川 徹、以下、PFN 社)、国立研究開発法人 産業技術総合研究所(理事長:中鉢 良治、以下、産総研)人工知能研究センター(研究センター長:辻井 潤一)は、国立研究開発法人 科学技術振興機構の戦略的創造研究推進事業(CREST)における「イノベーション創発に資する人工知能基盤技術の創出と統合化」研究領域に採択され、人工知能(AI:Artificial Intelligence)技術を活用した統合的ながん医療システムの開発プロジェクト(以下、本プロジェクト)を開始します。

本プロジェクトでは、国立がん研究センターに蓄積されている膨大な罹患者の詳細な臨床情報やマルチオミックスデータ^{*1}(ゲノム、エピゲノム^{*2}、画像情報および血液など網羅的な生体分子情報)、さらに疫学データと文献情報を、AI 技術を利用して統合的に解析し、日本人のがん罹患者個々人に最適化された医療(Precision Medicine)の提供を目指した革新的がん医療システムの開発を目的とします。また、システムを実用化し、社会全般に普及させることにより、がん医療の質の向上を推進することを目指します。

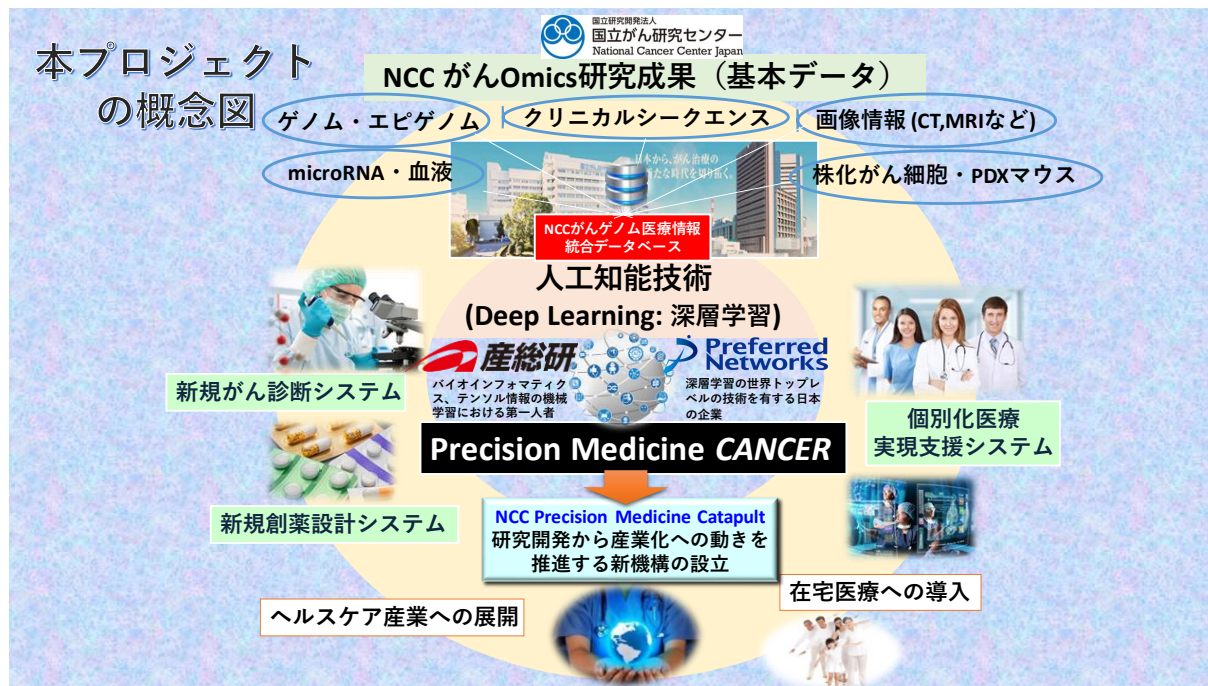
背景

国立がん研究センターは、これまで世界でも有数の質の高いがんの基礎研究・臨床研究および疫学研究を長い間継続的に行なっており、蓄積されたがんの診断データは膨大な量になります。これらを統合的に解析することで、個々人に最適化された医療を提供できると考えられていますが、これまでは、このようながんに関するビッグデータを解析する手法が無く、実現に至っていませんでした。しかし、近年、診断に利用されるデータの電子化が進んできたこと、複数のコンピュータやプロセッサを利用した分散処理技術の発展によりビッグデータ解析が可能になってきたこと、および、深層学習に代表される AI 技術の発展により、構造化されたデータのみならず、構造化されていない多様ながんのビッグデータであっても、統合解析をすることで、医療の質の向上へと繋げられる可能性が高まってきました。

研究概要

本プロジェクトでは、最前線の深層学習技術の研究開発・産業化を推進している PFN 社、および AI 研究開発を先導する産総研 人工知能研究センターと共同で、国立がん研究センターが保持している膨大ながんに関する臨床データ、マルチオミクスデータおよび疫学データを統合的に解析する医療 AI 技術を開発します。その上で複雑ながんの本態を解明し、がんの診断・治療および創薬へ応用していきます。例えば最近様々な分野で利用が広がる深層学習技術を PFN 社はがん診断に適用することで、様々ながんの早期予測精度を画期的に改善することを示し始めています。また、産総研で研究されている機械学習・統計手法により、がんの有無・進行度の判別や効果ある治療法の選択が容易になるバイオマーカー(生体物質)探索の効率化が期待できます。このように最先端の AI 技術を導入することで、より迅速でかつ精度の高いがんの診断・治療および創薬システムを、産・官・学が密接に連携して開発します。

がん医療に伴う AI 開発においては、電子化・構造化されたデータのみならず、様々な非構造化がんデータベースの構築と、その多彩なデータベースを解析できる機械学習・深層学習技術の開発が必要になります。そのため、本プロジェクトでは、まず、機械学習・深層学習の適用が可能な正規化されたがんのデータベースを構築し、その上で機械学習・深層学習を利用して解析します。対象としてクリニカルシーケンス³(ゲノム)データ、ヒストン修飾⁴を中心としたエピジェネティクスデータ⁵ および血液検査データに重点を置き、より正確ながん診断、個々のがん罹患患者にあった治療法の選択、創薬へ応用していきます。CREST 事業が求める最初の 2 年 4 カ月で Proof of Concept (POC: 概念実証)の取得を目指し、5 年後を目処に実用化を目指していきます。



【採択された研究課題】

国立研究開発法人 科学技術振興機構 戦略的創造研究推進事業 (CREST)

研究領域: 「イノベーション創発に資する人工知能基盤技術の創出と統合化」

課題名: 「人工知能を用いた統合的ながん医療システムの開発」

代表者: 国立がん研究センター 研究所 がん分子修飾制御学分野長 浜本 隆二

【用語解説】

*1 マルチオミックスデータ

網羅的な生体分子についての情報であり、ゲノム (Genome) やトランスクリプトーム (Transcriptome)、プロテオーム (Proteome) などと呼ばれる、様々な網羅的な分子情報をまとめた情報。

*2 エピゲノム

DNA 塩基配列の変化を伴わずに DNA やヒストンへの化学修飾が規定する遺伝情報。

*3 クリニカルシーケンス

臨床検体を用いたがん関連遺伝子変異の網羅的解析。

*4 ヒストン修飾

クロマチン構成タンパク質であるヒストンに認められるアセチル化、メチル化、リン酸化、ユビキチン化などの化学修飾

*5 エピジェネティクスデータ

エピゲノム (*2) の網羅的解析によって得られるデータ。主に DNA メチル化およびヒストン修飾を指すことが多い。

<報道関係からのお問い合わせ先>

国立研究開発法人 国立がん研究センター

企画戦略局 広報企画室

〒104-0045 東京都中央区築地 5-1-1

TEL: 03-3542-2511 (代表) FAX: 03-3542-2545 E-mail: ncc-admin@ncc.go.jp

株式会社 Preferred Networks

〒100-0004 東京都千代田区 大手町 1 丁目 6-1 大手町ビル 2F

E-mail: pfn-info@preferred.jp

URL: <https://www.preferred-networks.jp>

国立研究開発法人 産業技術総合研究所

企画本部 報道室

〒305-8560 茨城県つくば市梅園 1-1-1 中央第 1

つくば本部・情報技術共同研究棟 8F

TEL: 029-862-6216 FAX: 029-862-6212 E-mail: press-ml@aist.go.jp