

# 在癌症醫療中活用基因資訊及 人工智慧的可能性

中釜 齊(Nakagama, Hitoshi)

國立研究開發法人國立癌症研究中心 理事長・總長

## 【摘要】

近年來，選擇依據基因組資訊的癌症治療藥，為醫療現場及藥物開發研究帶來巨大變革。EGFR 抑制劑對於具 EGFR 基因變異的肺腺癌病例有極大的療效，以此為開端，已陸續證實依據基因組異常進行癌症分層對於最佳化治療有顯著效果。在日本，透過使用新一代定序器 (Sequencer) 之多重基因板檢測的癌症基因突變檢查 (臨床定序; CS)，已開始全面啟動針對「癌症基因組醫療」在國民健保下的醫療應用。建構與個別患者的診療資訊密切相關的癌症基因組資訊庫及癌症基因組知識數據庫 (CKDB)，不僅有助於使癌症基因組醫療雨露均霑，並賦予基因組突變臨床意義的相關專家會議 (Expert Panel) 實現標準化，亦可望對藥物探索研究做出貢獻。將個人多樣的健康、診療資訊以及透過 CS 得到的大量基因組資訊數據、表觀基因組 (Epigenome) 數據等的多組學 (Multi-Omics) 數據、醫療影像資訊和數位化的病理組織數據等加以組合的「診療大數據」有效活用於醫療現場的診斷、治療上，即可望建構針對個別病例的精準醫療 (Precision Medicine) 體制。

整合並迅速解析龐大的醫療數據，迄今在診療現場活用適當方法論並不充分，但近年來人工智慧 (AI) 技術呈飛躍性成長，已能夠迅速解析大數據。由於深度學習技術的崛起，AI 技術逐漸應用於過去不易實現的智慧機器人及自動駕駛系統開發等各種社會基礎建設之中。整合應用 AI 的醫療資訊，以確立革新性的癌症醫療系統是當前急待解決的課題。