

がん医療におけるゲノム情報の 活用と人工知能の可能性

中釜 齊 (Nakagama, Hitoshi)

国立研究開発法人国立がん研究センター 理事長・総長

【要旨】

近年、ゲノム情報に基づくがん治療薬の選択が医療現場や創薬開発研究に大きな変革をもたらしている。EGFR 遺伝子変異を有する肺腺がん症例に対するEGFR 阻害薬の劇的な治療効果に端を発し、ゲノム異常に基づいたがんの層別化が治療の最適化において顕著な効果をもたらすことが次々と明らかにされている。日本においても、次世代シーケンサーを用いたマルチプレックス遺伝子パネルでのがんの遺伝子変異検査（クリニカルシーケンス;CS）が、「がんゲノム医療」の国民皆保険下での医療実装に向けて大きく動き始めている。個々の患者の診療情報が紐付けされたがんゲノム情報のレポジトリとがんゲノム知識データベース（CKDB）の構築は、がんゲノム医療の均てん化やゲノム変異の臨床的意義づけに関わる専門家会議（エキスパートパネル）の標準化に資するだけでなく、創薬研究への貢献が期待されている。個々人の多様な健康・診療情報と、CSで得られた大量のゲノム情報データやエピゲノムデータ等のマルチオミクスデータ、医療画像情報やデジタル化された病理組織データなどを組み合わせた「診療ビッグデータ」を効率的に医療現場での診断・治療に生かすことにより、個々の症例に対する最適な医療（プレジジョンメディシン）の体制構築が期待されている。

膨大な医療データを統合的かつ迅速に解析し、診療現場で活用する適切な方法論がこれまでは不十分であったが、近年の人工知能（AI）技術の飛躍的な進歩により、ビッグデータの解析を迅速に実施することが可能となった。深層学習技

術の台頭により、これまで実現が困難と考えられてきた知的ロボットや自動運転システム開発への AI 技術応用など、様々な社会インフラへの AI 技術の定着が進んでいる。AI を利用した医療情報統合化による、革新的がん医療システムの確立が喫緊の課題と言える。