

ライフインテリジェンスコンソーシアム（LINC）における創薬医療 AI の開発 －創薬テーマ創出から臨床への橋渡しと知識ベース－

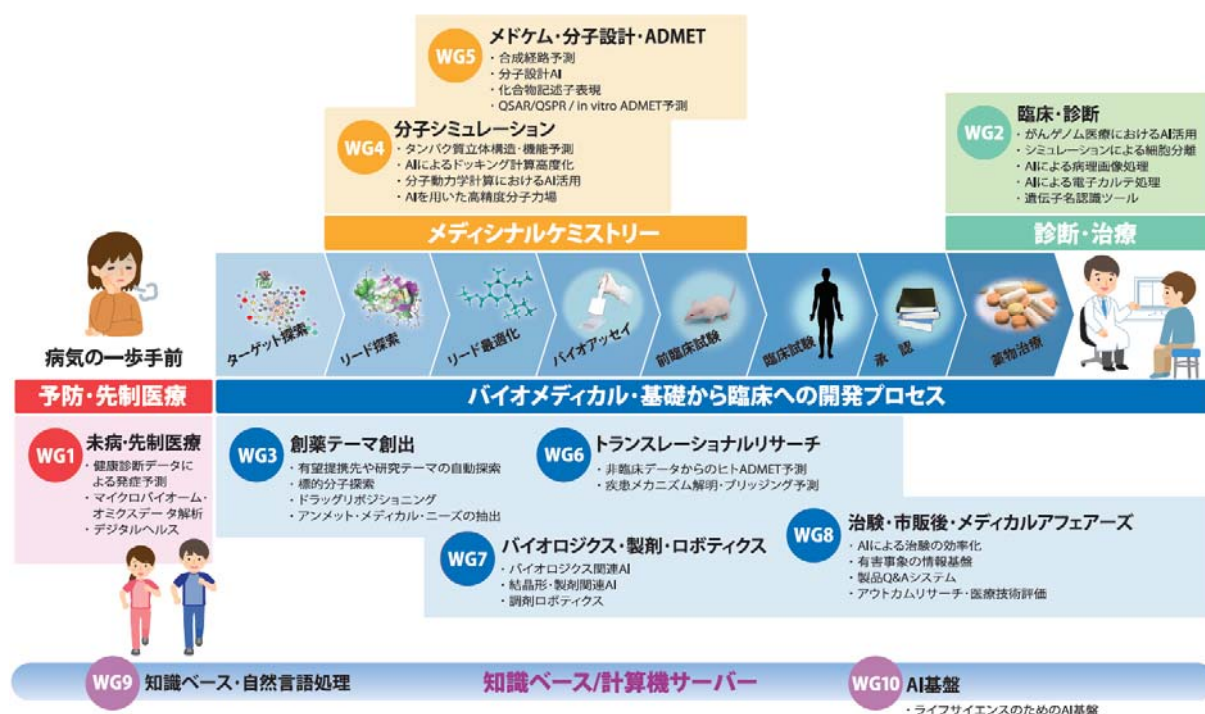
1 イントロダクション

医薬基盤健康栄養研究所 水口賢司

ライフインテリジェンスコンソーシアム（LINC）は、2016年にライフサイエンス分野の人工知能（AI）並びにビッグデータ解析手法を開発することで当該分野の発展と人材育成、経済振興を目指すことを目的に発足し、2017年7月からAI開発活動を開始した。これまで、39のプロジェクトが活動を行っている。現在、製薬企業等のライフ系企業54社、IT系企業44社、アカデミア研究機関16機関、その他9機関の620名以上の研究者が参画している。

本セッションでは、LINCの活動（下図参照）のうち、昨年度のメディカルケミストリーに引き続き、創薬テーマ創出を行っているWG03、トランスレーショナルリサーチを行っているWG06及び知識ベースの開発を行っているWG09での活動を紹介します。

シームレスなAI創薬プラットフォームをめざして



2 有望提携先や研究テーマの自動探索

東京電機大学大学院 井ノ上寛人、ジー・サーチ 長谷川均

我が国最大級の学術文献データベース JDreamIIIのデータを用いて、研究者の媒介中心性を時系列解析することで、各著者の将来性を予測し、企業や研究テーマにとって最適な共同研究先を提案するビッグデータ・AI開発について、学術面から社会実装にいたるまでを紹介する。

3 患者ブログからアンメット・メディカルニーズを抽出・提案する AI

大正製薬 高橋俊哉

医療従事者、患者双方のアンメット・メディカルニーズ(UMN)を迅速に見出す AI モデルの開発を目指している。本学会では、患者ブログから、自然言語処理技術を応用して、不満、悩み、トラブルに関係する単語をてがかりに、UMN の探索・抽出を行う技術開発について紹介する。

4 Drug Sensitivity-Based Cell Line Selection

第一三共 池口茉莉恵

Predicting the clinical drug response of cancer patients using preclinical model has been a major challenge for precision medicine. Recent next generation sequencing (NGS) technologies have identified millions of genetic and epigenetic alterations in cancer cells, however, each individual data set have proven to be unsuccessful for the inference of drug response even in vitro studies. Here, we introduce our attempt to establish a computational model to predict drug response of cancer cell lines using the integrated omics data with Graph Convolution Network (GCN).

5 Understanding subtype specific mechanisms of TCGA gastric cancer using Bayesian network estimation

みずほ情報総研 谷村直樹

Finding molecular subtypes of cancer and clarifying disease mechanisms of each cancer subtype are the key factors in establishing new therapeutic targets. Here we tried to stratify gastric cancer of The Cancer Genome Atlas (TCGA) with integrative non-negative matrix factorization (iNMF) of multi-omics data and successfully stratified gastric cancer cases into several subtypes similar to ones previously reported by TCGA research group. Next we tried to find mechanisms of disease from gene expression data of each subtype with Bayesian network estimation. We found different hub genes and network model for each subtype.

6 創薬 AI 研究のための知識ベース構築に向けて

医薬基盤・健康・栄養研究所 長尾知生子

ライフサイエンス分野におけるデータ活用と AI 開発の促進に向けて、LINC の WG09 PJ30 で行ってきた活動について報告する。具体的には、創薬 AI の開発に必要なデータの調査と収集に関する活動や機械可読性の問題のために十分に活用されていない医薬品関連文書の構造化の検討などについて紹介する。