

要 旨

個別医療の重要性が注目されている。それは同じ疾患に分類された患者でも、病気の原因やその後の病状の推移あるいは治療効果が異なっているからだ。これまでの根拠に基づく医療(Evidence Based Medicine)では多様な患者を統計平均することで標準治療を開発してきたが、その効果は病気によっては限定的であり、これからは個々患者の多様性に基づいた病気の理解と治療システムの確立が求められる。その意味で、個別医療は科学的な挑戦であるとともに社会的な挑戦でもある。

これまで生命医科学は普遍的な原理の発見を目指して、メカニズムという線形の近似によって生命現象を表現してきた。しかし生命は非線形の開放システムであり、個々の現実世界の問題は、メカニズムに基づいた知識や仮説では適切に解決することができない。また普遍性に基づいた現象の記述のなかで個別の差異に関する情報が捨象されるという課題もある。

これらの問題を克服するためには、生命現象をメカニズムの仮説に依存せずに純粋に記述することが求められる。そのために私はマルチオミックスのデータを用いて病気を記述する方法の開発に取り組んだ。

マルチオミックスに代表されるビッグデータは、そのままでは病気をはじめとした現象の多様性を理解するのには十分ではない。それは特徴量が多いと「次元の呪い」によって対象の状態を適切に分けることができないからだ。同じようにデータ量の粒度も細かすぎると対象の状態をうまく分けることができない。適切な特徴量とデータ量の粒度を選択するための標準的な方法を開発する必要がある。

特徴量の抽出は人工知能を用いたディープラーニング技術などの進展により自動的に行えるようになった。しかし、その妥当性を一般的に評価する方法はない。様々なデータを用いた解析結果を統合し、病気の状態を割り振るのに最適な標準的な特徴量を同定することが今後の課題である。これに対してデータ量の粒度は、個々の特徴量について平均的な値が求められれば、それを基準として「大小」あるいは「大中小」などに分けることで解決できる。

このような空間特性に加えて、生命現象を表現するには時間的な特性を記述する必要がある。生命は遺伝子によって事前に決定された（プログラムされた）存在ではなく、経験に基づき秩序を発見するシステムであり、その特徴はスタイルという「自由度の縮約」によって表現する必要がある。これはDNAが自由度を制約する一つの役割を担っていると考えることだ。

生命現象の時間特性を記述する場合、エピジェネティクス、細胞分化、形態形成に代表される歴史性を捨象することはできない。そのために私は離散化という方法によって、歴史的な変化を区別する方法を考案した。

特徴量抽出、データ量の粒度、離散化の三つの技術を組み合わせることで、生命現象の空間的特性と時間的特性を表現することが可能となる。それは状態を数珠つなぎしたような形式で時間変化を表現することである。

健康や病気の問題を予防し、問題が発生したらそれを解決するためには、状態間の因果関係を明らかにする必要がある。このときに作動マトリクスや多階層の隠れマルコフモデルを用いる。

これらの技術を組み合わせることで人工知能時代の新しい生命医科学を構築していくことが、私の研究目標である。

参考文献：

実験医学 2017年1月号 生命の複雑性と個別性に挑む オープンシステムサイエンス 新しい発見を新しい研究スタイルで 企画 桜田一洋

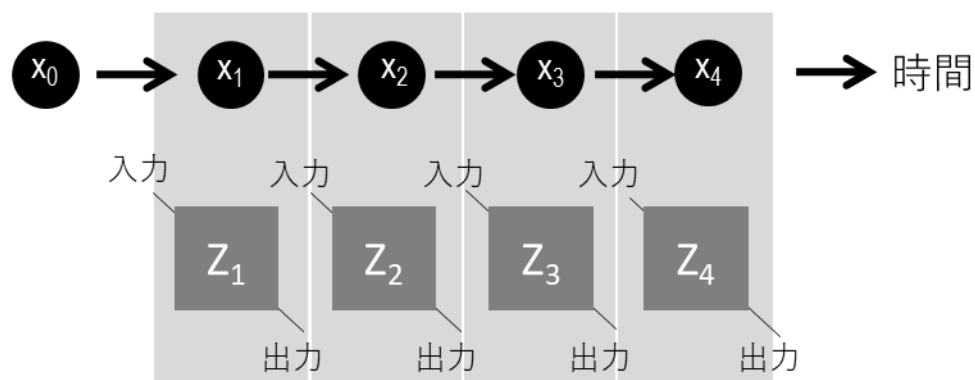
図の説明

A；離散化の概念

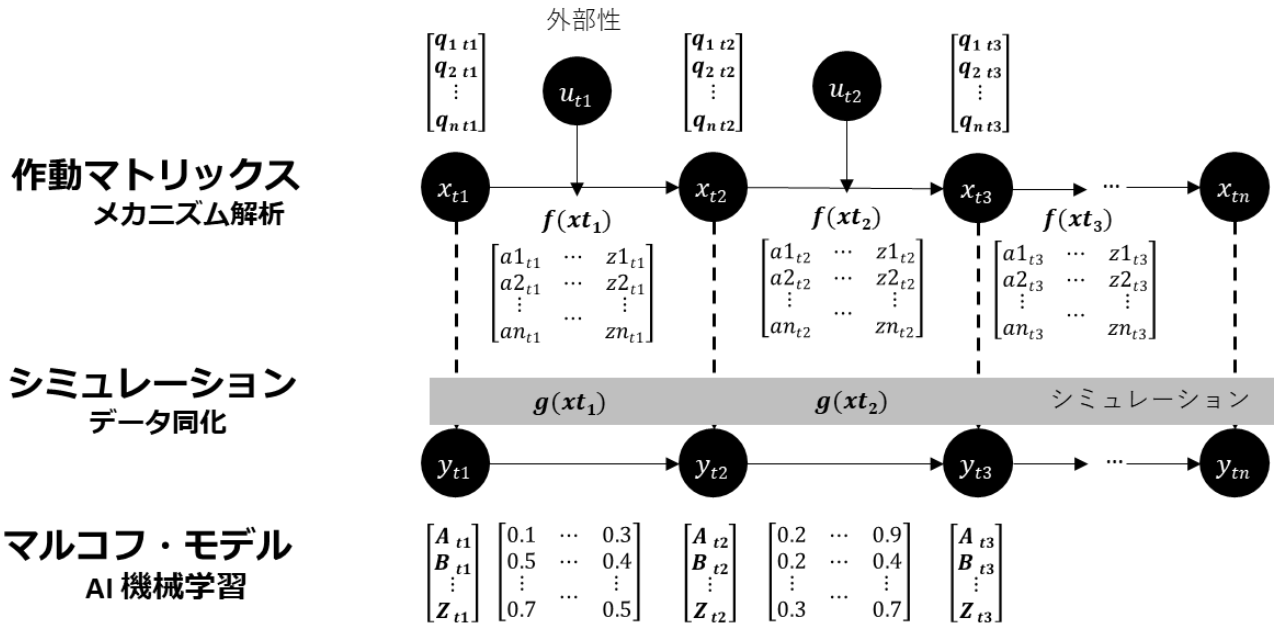
B；離散化して表現した状態の推移を定量的に表現し説明するための三つの方法

C；多階層マルコフモデルの概念

A



B



C

