

LINC 成果事例集

- 3年間のアウトプット -

2021.02

ご挨拶



LINC代表 奥野恭史

京都大学大学院 医学研究科
理化学研究所
医科学イノベーションハブ
推進プログラム

第一期のLINCの活動を終え、皆様に、一言、ご挨拶申し上げます。振り返れば、2016年11月LINC発足当時は、IBM社のWatsonやDeepMind社のAlpha Goなど人間を超えるAIが世界的な話題となり、我々の専門領域であるライフサイエンスでもAIに対する期待値がピークに達した状況でした。そのような中、LINCは、ディープラーニングをはじめとする各種AI技術のライフサイエンス応用の可能性を探るべく、事例調査、技術調査、データ調査を行いつつ、プロトタイプの構築を進めてまいりました。

LINC発足当初、約30のプロジェクトがスタートしこのうちいくつかのプロジェクトでプロトタイプが出来上がるかわかりませんでしたが、3年間の研究開発期間を終えた現在、ほとんどのプロジェクトでプロトタイプが完成し、このうち5つのプロジェクトについては製品化という大成功を収めました。プロジェクト実施中はライフ系企業、IT系企業、アカデミアの間で中身の濃い意見交換、情報交換がなされOJT形式による人材育成にも貢献できたものと感じております。

参加者全員が本業をお持ちの中で貴重な時間を割いていただき、LINCの活動を盛り上げていただいたおかげで、多くのAIプロトタイプが完成するとともに、ライフ系企業とIT系企業の橋渡し、さらにはライフサイエンス業界のAIリテラシーの底上げなど、多くの成果につながりました。これらはひとえにご参加いただいた皆様のおかげと感謝しております。

さて、LINCは2021年4月から一般社団法人として第2期をスタートさせます。新法人では、これまでの任意団体では不十分だった社会実装、人材育成にも力を入れ、世界をリードするAIコンソーシアムとして活動をしてまいります。ライフサイエンスの第4次産業革命はまだスタートしたばかりです。是非、産業革命の波に乗り遅れないためにも、新LINCにもご参画いただき、ともに新たなチャレンジをいたしましょう。再会を祈念するとともに、まずはこれまでのご協力に対し心より御礼申し上げます。



LINC 副代表
水口賢司
医薬基盤・健康・栄養研究所
バイオインフォマティクス
プロジェクト



LINC 副代表
本間光貴
理化学研究所
ライフサイエンス技術基盤研究
センター
生命分子制御研究グループ



第2回 日本オープンイノベーション大賞 『厚生労働大臣賞』受賞！

ライフ インテリジェンス コンソーシアム（LINC）の取組内容や活動が評価され、内閣府「第2回 日本オープンイノベーション大賞」の厚生労働大臣賞を受賞いたしました。

日本オープンイノベーション大賞（Japan Open Innovation Prize (JOIP)）は、我が国のオープンイノベーションの一層の推進を図るために、将来的なロールモデルとして期待される取組を先導性、独創性の観点から評価して称え、それら取組を表彰し発信することによりオープンイノベーションを普及させ、我国のイノベーション創出を加速させることを目的としています。



LINCのワーキング（WG）およびプロジェクト（PJ）一覧

WG01 未病・先制医療

- PJ01. 健康診断データによる発症予測
- PJ02. マイクロバイオーム・オミクスデータ解析
- PJ03. デジタルヘルス

WG02 臨床・診断

- PJ04. ガンゲノム医療におけるAI活用
- PJ05. シミュレーションによる細胞分離
- PJ06. AIによる病理画像処理
- PJ07. AIによる電子カルテ処理
- PJ28-1. 遺伝子名認識ツール

WG03 創薬テーマ創出

- PJ08. 有望提携先や研究テーマの自動探索
- PJ09. 標的分子探索
- PJ10. ドラッグリポジショニング
- PJ28-2. 電子カルテや患者コミュニティサイトからのアンメット・メディカル・ニーズの抽出

WG04 分子シミュレーション

- PJ11. タンパク質立体構造・機能予測
- PJ12. AIによるドッキング計算高度化
- PJ13. 分子動力学計算におけるAI活用
- PJ14. AIを用いた高精度分子力場

WG05 メドケム・分子設計・ADMET

- PJ15. 合成経路予測
- PJ16. 分子設計AI
- PJ17. 化合物記述子表現
- PJ18. QSAR / QSPR / in vitro ADMET予測

WG06 トランスレーショナルリサーチ

- PJ19. 非臨床データからのヒトADMET予測
- PJ20. 疾患メカニズム解明・ブリッジング予測

WG07 バイオロジック・製剤・ロボティクス

- PJ21. バイオロジクス関連AI
- PJ22. 結晶形・製剤関連AI
- PJ23. 調剤ロボティクス

WG08 治験・市販後・メディカルアフェアーズ

- PJ24. AIによる治験の効率化
- PJ25. 有害事象の情報基盤
- PJ26. 製品Q&Aシステム
- PJ27. アウトカムリサーチ・医療技術評価

WG09 知識ベース・自然言語処理

- PJ30. 知識ベースの構築

WG10 AI基盤

- PJ29. ライフサイエンスのためのAI基盤

LINCの成果

【社会実装】 本会では「産学連携による人工知能の産業利用を加速し、我が国のライフサイエンス産業及び関連するIT 産業の振興に資することを目的」としており、社会実装を重視しておりました。3年間の活動により社会実装5件と特許出願1件を行うことができました。

PJ08 (5ページ参照)

東京工業大学寺野先生、東京電機大学井ノ上先生の技術をベースに、製薬企業におけるニーズを満たすサービス（名称：JDreamExpertFinder）を（株）ジー・サーチで開始することができました。

PJ13 (8ページ参照)

横浜市立大学池口先生、京都大学荒木望嗣先生指導の下で、タンパク質の立体構造の解析は、計算結果を研究者の経験や直感で解釈するところが多かったが、自動的に客観的で本質的な情報を取得するツールを開発し、（株）クロスアビリティより販売を開始することができました。

PJ22

京都大学荒木通啓先生、理学部研究所千葉先生の指導の下、低分子化合物の結晶構造を予測するソフトウェアを東レ（株）、（株）クロスアビリティで共同開発し、特許を申請しました。

PJ11・PJ12 (7ページ参照)

横浜市立大学池口先生の指導の下で、（株）田辺三菱製薬と三井情報（株）が共同で、タンパク質の立体構造評価及びタンパク質のリガンド結合領域予測を行うソフトウェアを開発し、三井情報（株）で販売を開始することができました。

PJ27

新薬の薬価収載時に、医療財政への影響が大きな品目に対し提出が求められる医薬品の費用対効果評価を実施する必要がある。現在は、人が文献検索・情報の絞り込み等を行っており、相当な時間と労力を要している。
医薬品の費用対効果評価のための情報を効率的に探索するシステムを、製薬企業でのニーズを基に富士通で開発し、（株）ジー・サーチからサービスの提供を開始した。



【論文】

本会での活動の成果として、以下の論文4報を投稿した。

- 1) 本間光貴, 水口 賢司, 産学連携コンソーシアムLINC (Life Intelligence Consortium), ファルマシア 2018; 54(9):870-874
- 2) 本間光貴, 機械学習を用いた高精度力場構築に向けて, SAR News 2019; 54:8-14
- 3) Iwata H, Matsuo T, Mamada H, Motomura T, Matsushita M, Fujiwara T, Kazuya M, Handa K., Prediction of Total Drug Clearance in Humans Using Animal Data: Proposal of a Multimodal Learning Method Based on Deep Learning, J Pharm Sci. 2021 Apr;110(4):1834-1841.
- 4) Kato K, Masuda T, Watanabe C, Miyagawa N, Mizouchi H, Nagase S, Kamisaka K, Oshima K, Ono S, Ueda H, Tokuhisa A, Kanada R, Ohta M, Ikeguchi M, Okuno Y, Fukuzawa K, Honma T., High-Precision Atomic Charge Prediction for Protein Systems Using Fragment Molecular Orbital Calculation and Machine Learning., J Chem Inf Model. 2020 Jul 27;60(7):3361-3368.

LINCの成果

【学会発表】

本会での活動の成果として、以下の学会発表23件を行った。

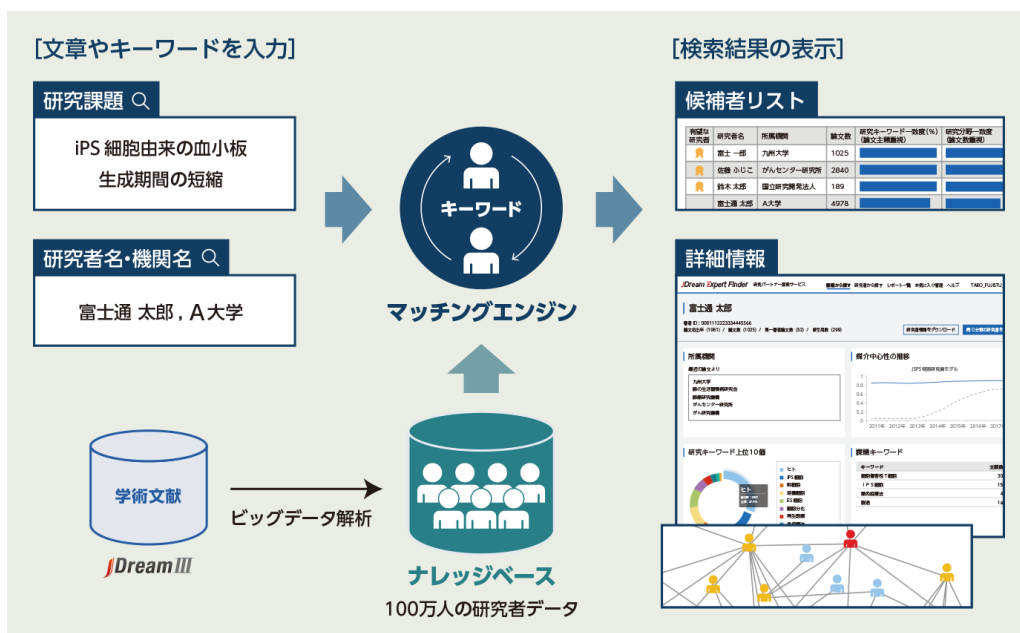
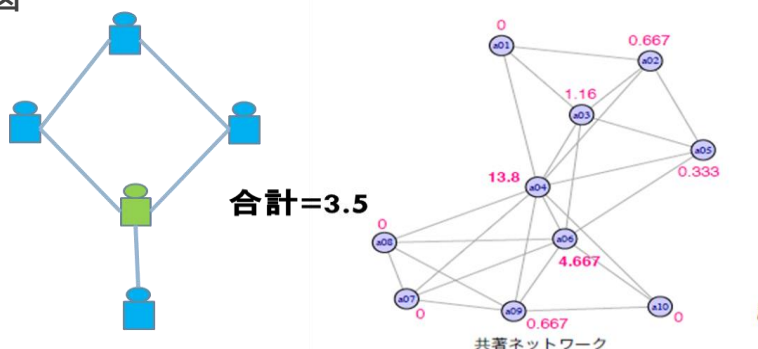
- 1) PJ08 : 生命科学分野の研究機関への調査結果に基づく求められる研究者の評価指標、経営情報学会、2018年3月
- 2) PJ06 : 人工知能による病理画像認識、第45回日本毒性学会学術年会、2018年7月
- 3) PJ27 : Development and validation study of artificial intelligence supporting systematic literature review for conducting cost effectiveness analysis、ISPOR (国際医薬経済・アウトカム研究学会)、2019年5月
- 4) PJ06 : 病理画像からの所見抽出-組織画像の正常/異常の判別、CBI年会2018年大会、2018年10月
- 5) PJ10 : Graph convolutional network を用いた標的タンパク質予測、CBI年会2018年大会、2018年10月
- 6) PJ14 : 機械学習を用いた高精度分子力場の構築に向けて、CBI年会2018年大会、2018年10月
- 7) PJ14 : Toward AI-based Molecular Force Fields、CBI年会2018年大会、2018年10月
- 8) PJ19 : 非臨床データからのヒト ADMET 予測 -実験データと化合物構造によるマルチモーダルディープラーニング-、CBI年会2018年大会、2018年10月
- 9) PJ06 : 人工知能による病理画像認識、筑波実験動物研究会 第56回講演会、2018年11月
- 10) PJ06 : 人工知能を用いた病理検査の取り組み-現状と今後の展望-、第35回 日本毒性病理学会 学術集会、2019年1月
- 11) PJ14 : FMOデータを用いた機械学習力場の構築に向けて、日本薬学会第139年会、2019年3月
- 12) PJ09 : 創薬標的探索 : 開発を目指すAIの概要、ゲノム創薬・創発フォーラム、2019年6月
- 13) PJ11 : AI用学習データ作成のための高・低分解能の蛋白質結晶構造比較、蛋白質科学会第19回年会、2019年6月
- 14) PJ06 : 医薬品研究の非臨床試験における人工知能を用いた病理検査の取り組み、第18回日本デジタルバシロロジー研究会、2019年8月
- 15) PJ08 : A QUESTIONNAIRE SURVEY OF REQUISITE CHARACTERISTICS FOR COLLABORATION RESEARCHS IN BIOINFORMATICS FIELDS、The 6th IEEE International Conference on Image Electronics and Visual Computing、2019年8月
- 16) PJ09 : Computational drug target prediction using PU learning approach、CBI年会2019年大会、2019年10月
- 17) PJ11、PJ12、PJ15-2、PJ16、PJ18、PJ19 : 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 (Development of drug discovery and medical AI in LINC)、CBI年会2019年大会、2019年10月
- 18) PJ11 : Validation of protein structure from low resolution density map using Deep Learning、CBI年会2019年大会、2019年10月
- 19) PJ16 : Recurrent Neural Networks と Monte Carlo Tree Search を利用した de novo 構造発生システム ChemTS、第47回構造活性関連シンポジウム、2019年12月
- 20) PJ11 : 構造解析や計算化学に関連した、LINCを含むAI活用、創薬産業構造解析コンソーシアム、2020年3月
- 21) PJ16 : 創薬分野における ChemTS の評価と課題~LINC PJ16 の活動を通して~、ChemTS の会、2020年5月
- 22) PJ30 : 医薬品文書の利活用に向けたインタビューフォーム構造化の検討、トーゴの日シンポジウム、2020年10月
- 23) PJ08、28-2、20-a、20-c、30 : 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-、CBI学会2020オンライン大会、2020年10月

PJ 08 有望提携先や研究テーマの自動探索

概要

科学技術振興機構（JST）が提供する学術文献データベース（JSTPlus およびJMEDPlus）に収載されている膨大な論文情報を複雑ネットワークの理論に基づいて解析し、有望な若手研究者を自動探索するビッグデータ・AI システムを開発した。本システムは、株式会社ジー・サーチが2019 年8 月30 日からサービス提供を開始しているJDream Expert Finderの一機能として組み込まれており、社会実装を果たした。また有望な若手研究者発掘機能が評価され、JDream Expert Finderは2020年3月31日に文部科学省の「研究支援サービス・パートナーシップ認定制度」認定サービスに採択された。

概念図



【連絡先】 JDream Expert Finder / JDreamIII（データベース）の利用
株式会社ジー・サーチ データベースビジネス部
長谷川均、加藤真壽美 (gsh-jd-help@cs.jp.fujitsu.com)

【資料請求先】 https://jdream3.com/lp/expert_finder/

PJ 10 ドラッグリポジショニング

概要

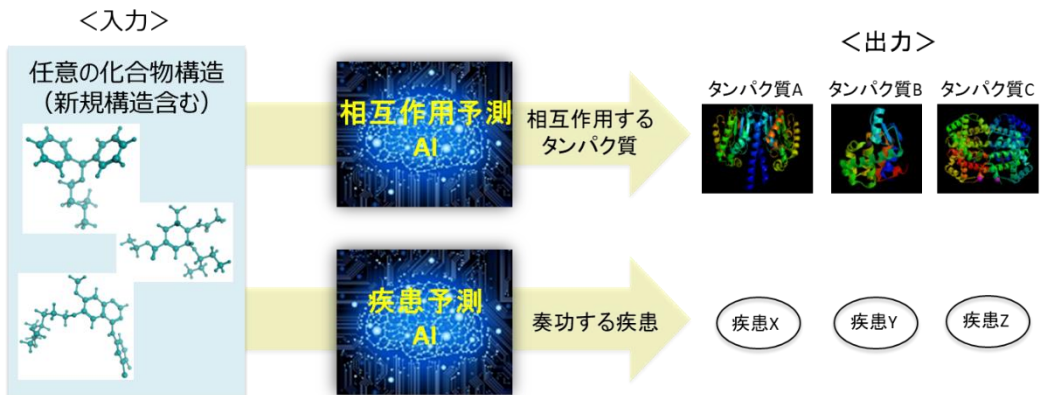
作用機序不明の活性化合物の研究推進を図るため、化学構造情報から化合物が相互作用する標的タンパク質および奏功する疾患を予測するシステムを開発した。開発システムは、任意の化学構造式を入力することにより、AIモデルを介して、標的タンパク質名あるいは奏功する疾患名を出力する。画像データなどに応用されるAI技術であるGraph Convolutionを化合物に応用して学習モデルを作成した。また、公共の化合物データベースのタンパク質と化合物の活性のパターンをマルチタスクという技法で効率的に学習させるアプローチを取り、学習に使われるデータを精査することで精度の高いシステムを構築した。

概念図

化合物と相互作用するタンパク質および化合物が奏効する疾患を予測するAI

学習データ

公共の化合物-タンパク質相互作用、また疾患のデータベースを、**コンボリューション**、**マルチタスク**、**マルチモーダル**の技法を用いて効率的に学習



ドラッグリポジショニングや創薬・創農薬に貢献

【連絡先】

株式会社エクサウィザーズ 桐谷太郎 (taro.kiritani@exwzd.com)

PJ 11・12 タンパク質の立体構造評価/機能 (リガンド結合領域) 予測

概要

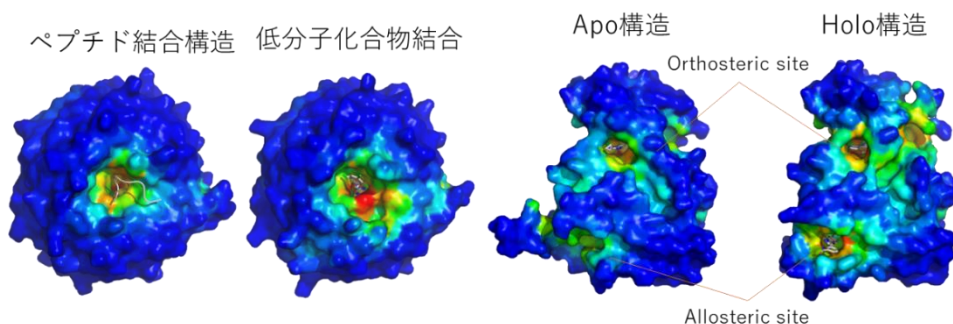
<タンパク質の立体構造評価>

低分解能のX線結晶構造解析データに対して、アミノ酸毎に構造を評価し、高分解能データと同等の座標を得るために利用するAIシステム。本成果は既存研究には無かった新しいコンセプトと手法を用いており、低分解能データしか得られなかった標的タンパク質の座標決定に利用する他、現在、Protein Data Bankに登録されているデータの半数以上を占める7万件以上の低分解能データをキュレーションして創薬に利用できる。低分解能データでは得られなかった相互作用情報が得られることで、タンパク質の機能発現機構及び薬剤作用機序の解明、化合物のデザインへの貢献も期待される。なお、本技術を利用し、高分解能化が課題となっているクライオ電顕データへの拡張を予定している。本技術は田辺三菱製薬株式会社の専門家（構造解析）と共にシステム化し、現在論文投稿中である。



<タンパク質のリガンド結合領域予測>

タンパク質の立体構造データのみを入力とし、低分子化合物が結合可能な領域（ポケット）を予測するAIシステム。リガンド結合領域が未知である標的タンパク質に対するポケット探索に利用できる他、ペプチド等の中分子が結合するポケットに対して低分子化合物が結合可能であるか、即ち、低分子化の可能性を評価する際に利用できる。また、本システムを分子動力学シミュレーションのスナップショット構造への評価に使用し、Virtual Screeningに利用する構造の選出にも利用可能である。なお、東レ株式会社による評価検証にて、他ソフトウェアと同等以上の予測精度が確認されており、さらに、他ソフトウェアでは予測できなかったアロステリックサイトの予測にも成功している。



【資料請求先】

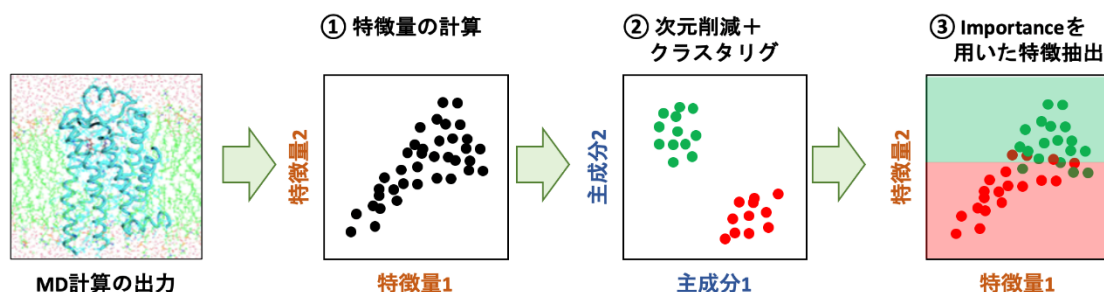
三井情報株式会社 バイオサイエンス部
e-mail : bio-contact-dg@mki.co.jp
URL : <https://www.mki.co.jp/solution/bio.html>

PJ 13 分子動力学計算におけるAI活用

概要

分子動力学（MD）計算は、熱運動している生体分子の様子を解析できる手法としてライフ系企業、アカデミアにおいて使用されている。MD計算は膨大な自由度の情報を出力するため、これまでは経験豊富な研究者のみが適切な場所に目し解析することができた。本PJでは、次元削減、クラスタリング、特徴抽出を組み合わせることで、MD計算の出力から本質的に変化を起こしている部分を自動的に判定するAIを開発した。検証の結果、解析例に示す通りに、我々の開発したAIは経験豊富な研究者と同等あるいはそれ以上の判断ができることが示された。2020年10月より、開発したAIを利用するためのサービスが株式会社クロスアビリティより提供開始され、社会実装を果たした。

開発したAIの基本コンセプト

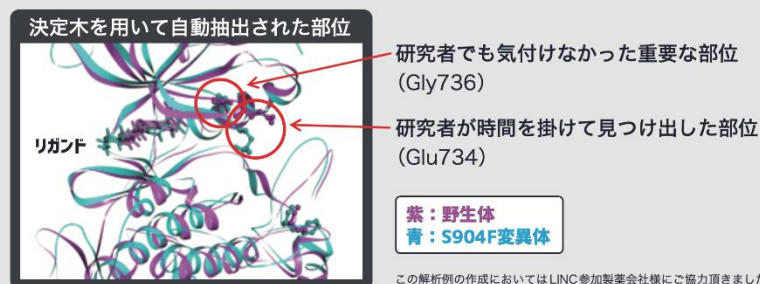


Sultan et al., *J. Chem. Theory Comput.*, (2014), 10, 5217-5223.

解析例

解析例 RET kinase 野生体・変異体の長時間 MD 計算の比較

第一線の研究者が経験に基づき時間を掛けて見つけ出した部位と [T. Nakaoku et al., *Nat. Commun.* 9, 625 (2018).], 第一線の研究者でも気付かなかった重要な部位の両方を自動で見つけることができました。



【連絡先】 株式会社クロスアビリティ 取締役 坂牧隆司 (sakamaki[at]x-ability.co.jp)

【資料請求先】 <http://x-ability.jp/jp/>

PJ 14 深層学習を用いた高精度分子力場

概要

PJ14 では、既存分子力場を用いた場合と同等の計算コストで、より高精度な分子シミュレーションを可能とする力場の構築を目指し、以下に示す 2 種類の機械学習モデルを検討した。

(A) Neural Network Potential (NNP)

既存分子力場のポテンシャル関数を用いずに、分子力場そのものを予測

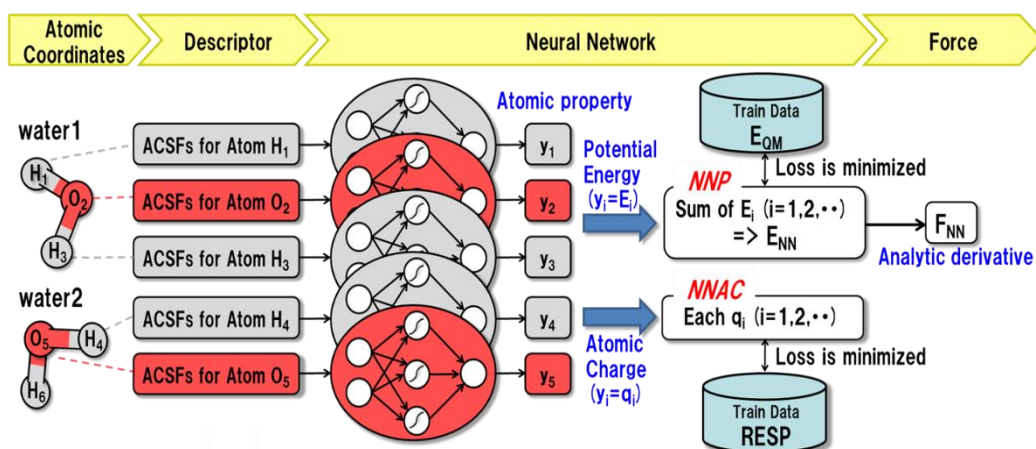
(B) Neural Network Atomic Charge (NNAC)

既存分子力場のポテンシャル関数に含まれる原子電荷を周辺環境に基づいて予測

(A)は、原子種及び座標を Neural Network (NN) の入力として、全系のエネルギーと各原子に掛る力を出力とする機械学習モデルであり、原理的にはあらゆる相互作用を含むことが可能なため高精度分子力場の構築が期待できる。(B)は、原子種及び座標を NN の入力として、各原子電荷を出力とする機械学習モデルである。解析対象の構造変化による原子電荷の変化を既存力場に組み込むことができるため、既存の固定電荷を用いた場合と比べて分子力場の高精度化が期待できる。

(A)では全系のエネルギーの前段階として、フラグメント分子軌道法 (FMO) 計算によって得られる相互作用エネルギー (IFIE) 予測モデルの開発を進め、学習データに含まれていない CDK2 新規化合物の 20 種類ドッキングポーズに対する IFIE 総和の高精度予測 ($R=0.89$) を達成した。また、(B)では、タンパク質系 (最大約 2000 原子系) への初の適用例として、論文化 (J. Chem. Inf. Model. 2020, 60, 7, 3361–3368) に至った。

概念図



【連絡先】

谷村直樹／みずほ情報総研（株） naoki.tanimura@mizuho-ir.co.jp

石田純一／みずほ情報総研（株） junichi.ishida@mizuho-ir.co.jp

加藤幸一郎／九州大学

kato.koichiro.957@m.kyushu-u.ac.jp

増田友秀／東レ（株）

tomohide.masuda.h6@mail.toray

PJ16 分子設計AI

AI技術を使って、従来の構造組み立てルールに依存せず、所望の特性を有する多様な化学構造を効率的に生成可能な「化学構造生成AI」の開発を検討し、ChemTS、GCPN、およびJT-VAEの3つの手法について実装を行った。

概要

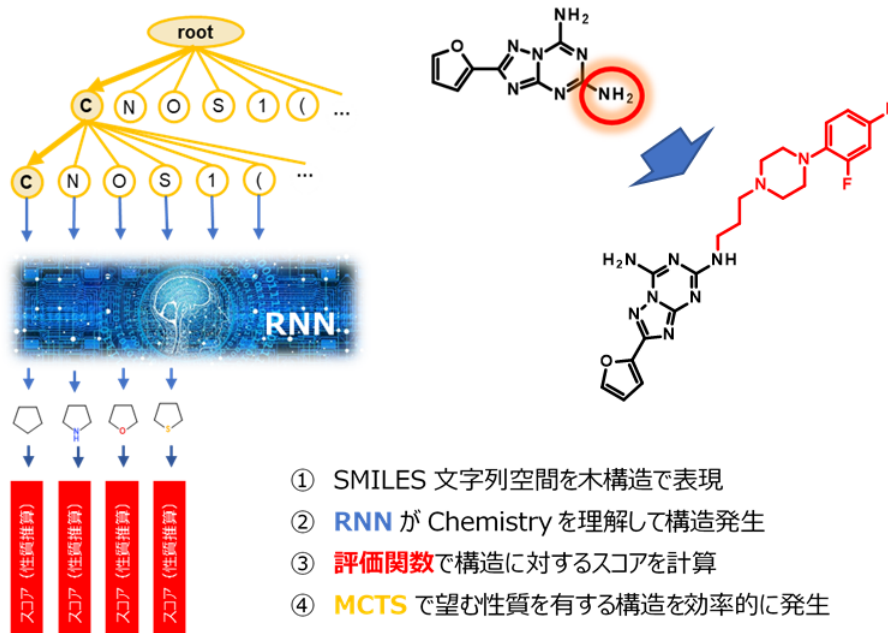
<ChemTS>

東京大学・津田研究室の寺山ら（現・横浜市大）により開発された de novo構造発生プログラム ChemTS は、化合物のSMILES記法をRNNで学習し、MCTSアルゴリズムを利用して構造探索することにより、目的とする活性・物性・ADMETなどを持つ化合物を効率的に発生する。ChemTSは有機材料開発など多くの分野での利用を想定した多用途ツールであり、創薬分野での利用を考えた場合には不足している機能が多い。PJ16ではライフ系企業の要望を収集し、創薬分野での利用を想定した以下の機能をChemTSへ追加実装した。

ChemTS 創薬分野向け追加機能の例

コア構造指定機能	骨格構造を固定し、側鎖を伸張
フィルタ機能	不自然な構造を除去し、医薬品として不適な枝を伸ばさない
重複構造抑制機能	限られたリソースで多様な構造を発生
評価関数プラグイン	任意の評価関数を利用可能
設定ファイル対応	各種動作設定をConfigファイルとして外出し
ライブラリ化	各種ワークフローへの組み込みを想定、外部からの呼び出しに対応

概念図



- ① SMILES 文字列空間を木構造で表現
- ② RNN が Chemistry を理解して構造発生
- ③ 評価関数で構造に対するスコアを計算
- ④ MCTS で望む性質を有する構造を効率的に発生

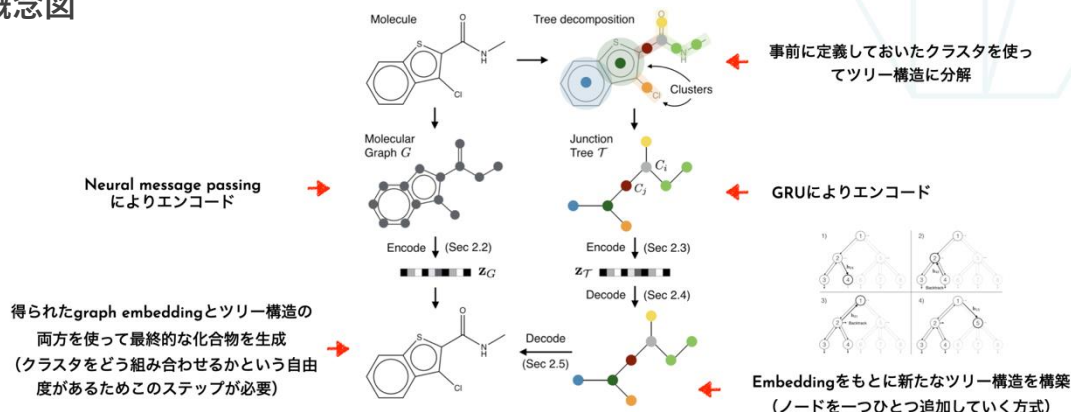
概要

<JT-VAE>

(Junction Tree Variational Autoencoder for Molecular Graph Generation)

JT-VAEはフラグメントを組み合わせることによって構造発生を行うモデルである。フラグメントの組み合わせ問題に落とし込んでも、組み合わせの数は膨大であるため、VAEを利用することによりそれらしい化合物の提案を行う。オリジナルのJT-VAEに対し、MCTSにより化合物の最適化を行う機能を加えている。

概念図

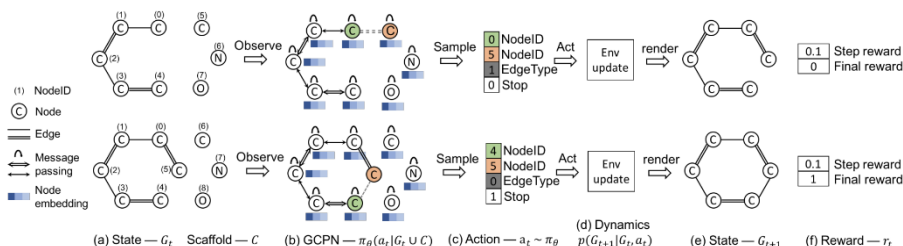


概要

<GCPN> (Graph Convolutional Policy Network)

GCPNはグラフベースのモデル、GAN、強化学習と最新の手法を組み合わせたモデルとなっている。オリジナルのコードに比べて、指定した部分構造からスタートして構造発生を行う機能や、転移学習を行う機能もサポートしている。また、予測モデルを組み込むことにより、化合物の最適化を行えることも検証している。

概念図



【連絡先】

各プログラムの利用/導入及び技術サポート

ChemTS :

株式会社システム計画研究所/ISP 上島 仁 (ai-chem[at]isp.co.jp)

JT-VAE, GCPN :

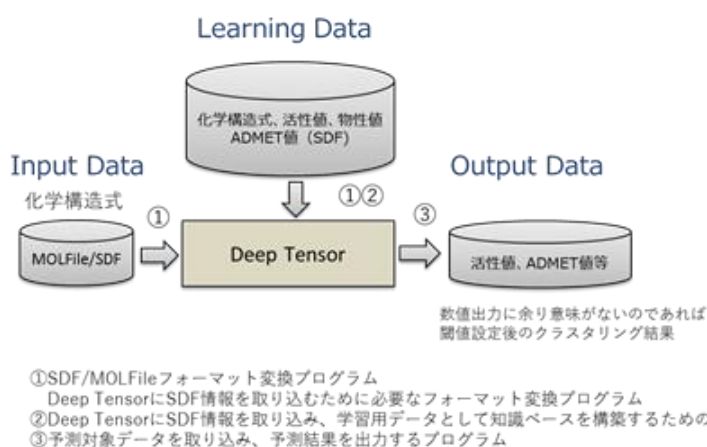
株式会社Elix 結城 伸哉 (shinya.yuki[at]elix-inc.com)

PJ 18 QSAR/QSPR/ ADMET予測、 化合物構造からのin vitro ADMET予測

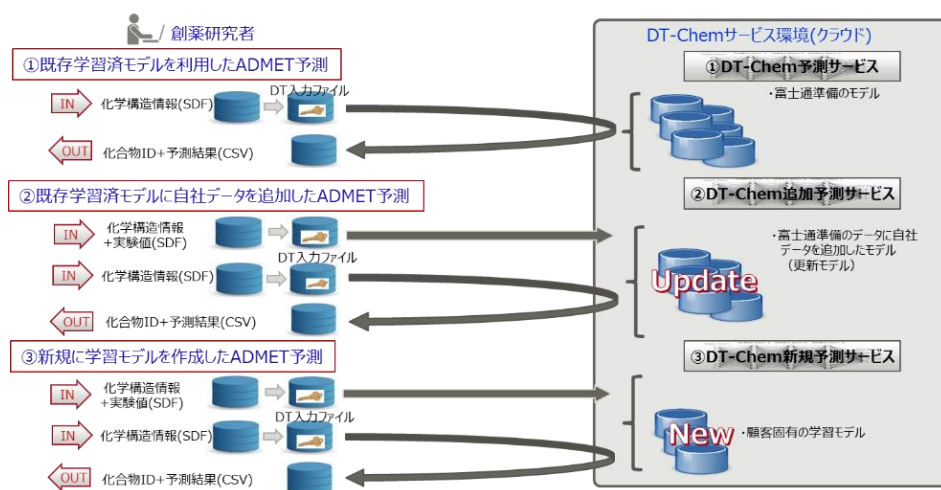
概要

現在、様々な企業より化学構造式を入力データとして、各種物性、活性、毒性およびADME/Toxを予測するソフトウェアが市販されているが、予測精度に限界があり、これらソフトウェアの予測精度の向上が望まれている現状がある。そこで、富士通株式会社AI手法「Deep Tensor」を用いた予測モデルを構築し、予測精度の向上をめざした。

概念図



提供サービスの概要



【連絡先】

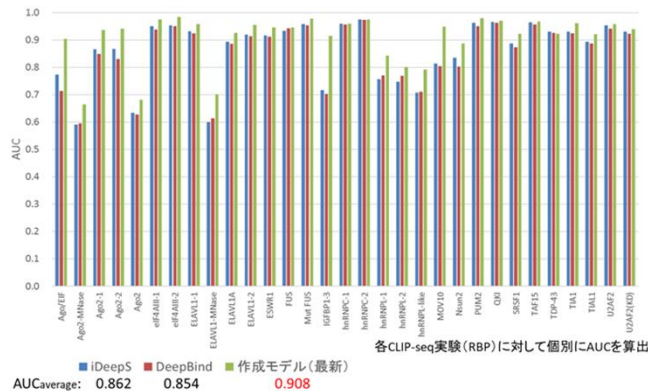
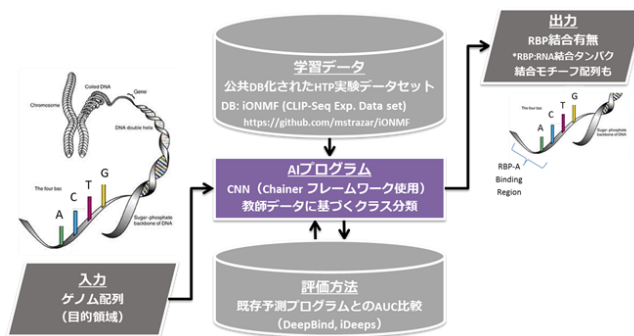
DT-Chem
富士通株式会社 ソーシャルデザイン事業本部 デジタルラボ事業部
萩原 稔, 古田一匡 (fj-SD-DLP-DTChem@dl.jp.fujitsu.com)

PJ 21 RNAとRNA結合タンパク質の結合予測

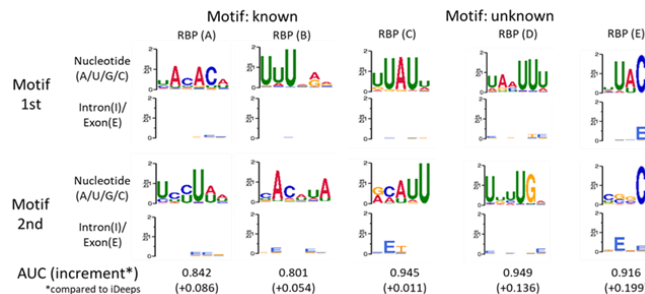
概要

次世代シーケンサーによりRNAとRNA結合タンパク質間の結合を解析するCLIP-Seq実験データ(iONMF)を学習データとして、任意のRNA配列とRNA結合タンパク質との結合スコアを予測するAIモデルを開発した。畳み込みニューラルネットワークを用いたモデルを作成し、学習に配列情報に加えてエクソン領域情報を追加することで既知モデルと比べ予測精度が向上した。また学習済みモデルを逆解析し、各RNA結合タンパク質の結合サイトのRNA配列モチーフを新規に検出した。モデルは成果物としてLINC内部で公開されている。

概念図



プロトタイプAIのAUC
(類似技術との比較)



RBP結合モチーフ配列の検出

【連絡先】 株式会社情報数理バイオ 平田稜、矢暮幸光 support@imsbio.co.jp

【問い合わせフォーム】 <https://www.imsbio.co.jp/company/contact/>

PJ 28-2 患者ブログとカルテからのアンメットニーズ抽出

概要

患者・家族の闘病体験や医師の診察結果、看護師の診療に関する諸記録はテキストデータとして日々大量に作成・更新され続けている。これらの膨大なテキストデータ、いわゆる非構造化データを分析することによって、構造化データだけでは得られない知見やニーズを拾える可能性がある。そこで本PJでは、患者ブログなどの闘病記録（患者の目線）、電子カルテの診療録や看護録（医療従事者の目線）などのテキストデータから自然言語処理技術を応用してアンメット・メディカル・ニーズ（以下、UMN）の抽出を試みた。

本PJでは自然言語処理技術を応用して患者ブログからUMNを抽出するAIモデルの構築に取り組んだ。一律に定義することの難しいUMNについてPJメンバーで議論を重ねてそれを定義し、UMN抽出の特徴量として感情分析とカテゴリ分類が有用であることを見出した。成果として以下の3つを得ることができた。

①UMNのラベル付けをした学習データ

- ・複数グループ（製薬4社）によってUMNのラベルを付与した学習データ

②UMN抽出に有用な特徴量

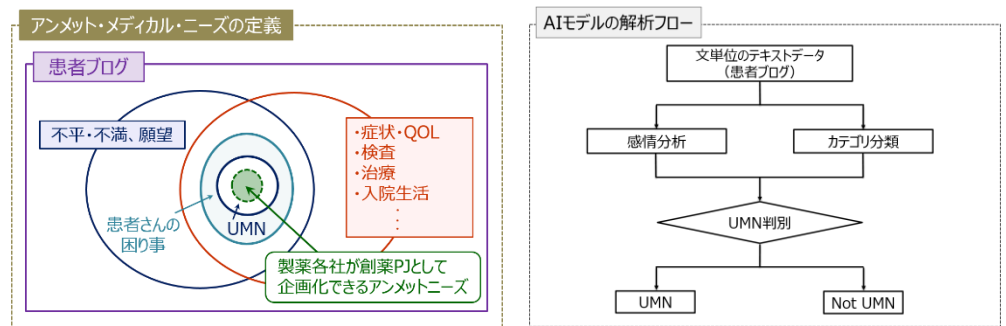
- ・感情分析の4種類：ポジティブ／ネガティブ／ニュートラル／ネガティブ語
- ・カテゴリ分類の15種類：全15クラスター

③UMNを判別するAIモデル（解析手法）

- ・①②を基にランダムフォレストで構築したAIモデル

概念図

当PJで定義したUMNの定義と構築したAIモデルの解析フローを以下に記す。



【連絡先】

- ・患者ブログの利用 株式会社メディエイド 矢島弘士 (yajima@mediaid.co.jp)
- ・感情分析エンジンの利用 ジェットラン・テクノロジーズ株式会社 松元亮太 (matsumoto-rt@jetrun.co.jp)
- ・PJ28-2に関する問合せ 大正製薬株式会社 高橋俊哉 (shun-takahashi@taisho.co.jp)



<https://linc-ai.jp/>

【事務局】

京都大学 大学院医学研究科 人間健康科学系専攻ビッグデータ医科学分野

（国研）理化学研究所 医科学イノベーションハブ推進プログラム 医薬プロセス最適化プラットフォーム推進グループ

（国研）医薬基盤・健康・栄養研究所

（公財）都市活力研究所