

問合せ先

E-mail : [rch-linc@ml.riken.jp](mailto:rch-linc@ml.riken.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 健康“生き活き”羅針盤リサーチコンプレックス推進プログラム

(国研)医薬基盤・健康・栄養研究所

(公財)都市活力研究所



## 代表・副代表のあいさつ

ライフ インテリジェンス コンソーシアム(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



近年、Deep Learningのブレイクスルーをきっかけに、世界中で人工知能(AI: artificial intelligence)が注目され、さまざまな産業分野での利活用が検討されています。まさにAIは第4次産業革命の中軸として産業界に大きなインパクトを与えようとしているのです。

ライフサイエンス分野においては、医療分野でのAIを用いた診断支援への応用など、さまざまな試みがスタートしていますが、尊い生命に関連する分野であることから、ライフサイエンス固有の特徴を考慮したAIの開発や応用が課題となっています。また、AI関連技術の研究開発力そのものの国際競争は激化する一方であり、科学技術立国日本の真価が今まさに問われています。

このような情勢の中、多くの方々のご指導、ご協力を賜り、2016年11月に「ライフ インテリジェンス コンソーシアム(LINC)」を設立いたしました。LINCでは、製薬・化学・食品・医療・ヘルスケア関連のライフサイエンス分野におけるAIならびにビッグデータ技術を開発することで、関連諸分野の産業振興、保健医療の高度化による国民の健康長寿に資することを目指しております。2019年1月現在、LINCには、AIを開発するIT関連企業、AIを活用するライフサイエンス関連企業、および関連領域のアカデミアからなる100を超える企業・団体が集い、医薬品開発プロセスのさまざまな課題や医療・ヘルスケアにおける現場ニーズに応えるAI技術の開発を、総勢500名を超える参加者が一丸となって進めています。

LINCを起爆剤としてIT業界とライフサイエンス業界の融和が促進されることにより、日本のIT業界が世界のAI産業競争に勝てる土壌が築かれること、またAI戦略によりライフサイエンス業界の産業競争力が加速されること、ひいては日本発のライフサイエンスAIが世界の多くの人々の健康と幸福を支える未来につながるものと確信しております。

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



医薬基盤・健康・栄養研究所(NIBIOHN)がミッションとする創薬研究は、異種データを組み合わせる必要性と、多くの暗黙知の存在などから、人工知能(AI)の応用としては難易度の高い領域だと認識しています。だからこそ、我々のような国の研究機関と企業コンソーシアムのLINCがタッグを組んで問題に挑戦する、格好の素材だということもできます。NIBIOHNでは、AIを用いた創薬ターゲット発見を目指して、ドライとウェットの研究グループが協力し、研究所全体としてプロジェクトを推進しています。また、腸内細菌と生活習慣、栄養情報、薬物動態・毒性、アジュバントの有効性と安全性などに関連する様々な統合データベースを開発しており、これらの多様なデータの解析にも、AIが力を発揮すると考えています。一方で、上で述べた暗黙知を機械が利用できる形に整えていく地道な作業もコミュニティとして推進していく必要があります。データ産生者・解析者としての我々と、先端の解析手法を提供するIT企業、出口を見据えたライフ系企業の三位一体を実現することで、単独ではなし得ない新たなイノベーションを実現することが、我々に課せられた使命だと考えています。

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



医薬品はターゲット探索、ヒット探索、ヒットtoリード、リード最適化、前臨床、臨床試験という多くの段階を経て研究・開発されますが、全体の成功率はわずか数%程度です。これらの創薬の過程を効率化するために分子シミュレーションや機械学習などの計算科学的手法を用いる試み(いわゆるインシリコ創薬)が1990年代以降行われて来ており、タンパク質の構造解析技術の向上、計算機の性能の向上、計算手法の革新が進み、創薬の現場でも実用的な技術として定着しています。しかし、従来のインシリコ創薬では創薬過程のごく一部しか効率化できませんでした。

LINCの試みは、ターゲット探索から臨床試験に至る多くの過程を包含する形で30のプロジェクトに分かれて同時並行でAIの開発を進めており、従来のインシリコ創薬では対応できなかった多くの過程において創薬をリードするAI群を実用化することを目指しています。製薬企業を始めとしたライフ系企業とIT企業が100社以上、合わせて500人規模の研究者が手弁当で共通の目的に向けて開発を進めるのはこれまでにない試みであり、大変わくわくしています。企業の枠を超えて議論することで様々なアイデアが出つつあり、LINCを支えるアカデミア側の役割として、メンバーが密接に議論したり開発を進められる「場」を提供するとともにサイエンス面での支援を行っていきたいと思っています。

## 設立趣意

21世紀に入り、人工知能(AI: artificial intelligence)とビッグデータは、クイズ番組でのIBM Watsonや囲碁の世界でのGoogle AlphaGoなどの活躍により大きく注目され、その活用は、自動車の自動運転への応用など多くの産業分野において急速に進展しつつあります。

ライフサイエンス分野においても、IBM Watsonによる癌診断への応用などで一定の成果が上ってきています。しかし、ライフサイエンス分野でのAIとビッグデータの活用は、他の分野と比較するとまだまだ端緒に就いたところと言えます。

我々はこちらに、「ライフ インテリジェンス コンソーシアム(LINC)」を発足させ、製薬・化学・食品・医療・ヘルスケア関連のライフサイエンス分野のためのAIならびにビッグデータを開発することで、関連諸分野の産業振興と、健康寿命の延伸・国民の健康向上を目指します。

LINCは「AIを開発する企業・アカデミア(主にIT系)」と「AIを活用する企業・アカデミア(主に製薬・化学・食品・医療・ヘルスケア関連のライフ系)」を主要構成メンバーとして、アカデミアの触媒機能により、IT業界とライフ業界の連携を促進し、IT業界が世界のAI産業競争に勝てる土壌作りを目指すとともに、AI戦略によるライフ業界の産業競争力を加速することを目指します。

## 参加機関

参加機関は、製薬、総合化学、ヘルスケア、創業支援、IT機器、IT総合、IT、情報提供、アカデミアなどで構成されています。

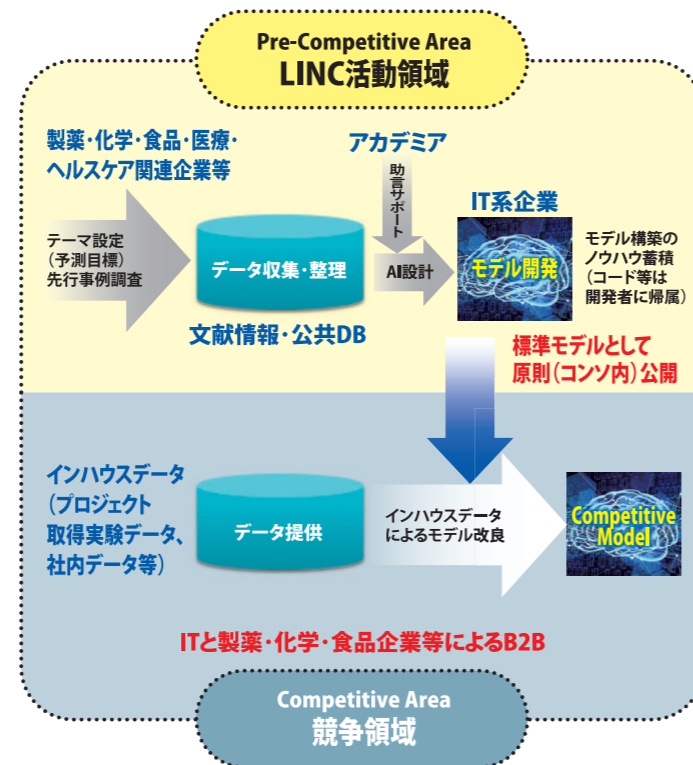
最新の詳しい情報はホームページでご確認ください。  
(<https://rc.riken.jp/life-intelligence-consortium>)

## 体制

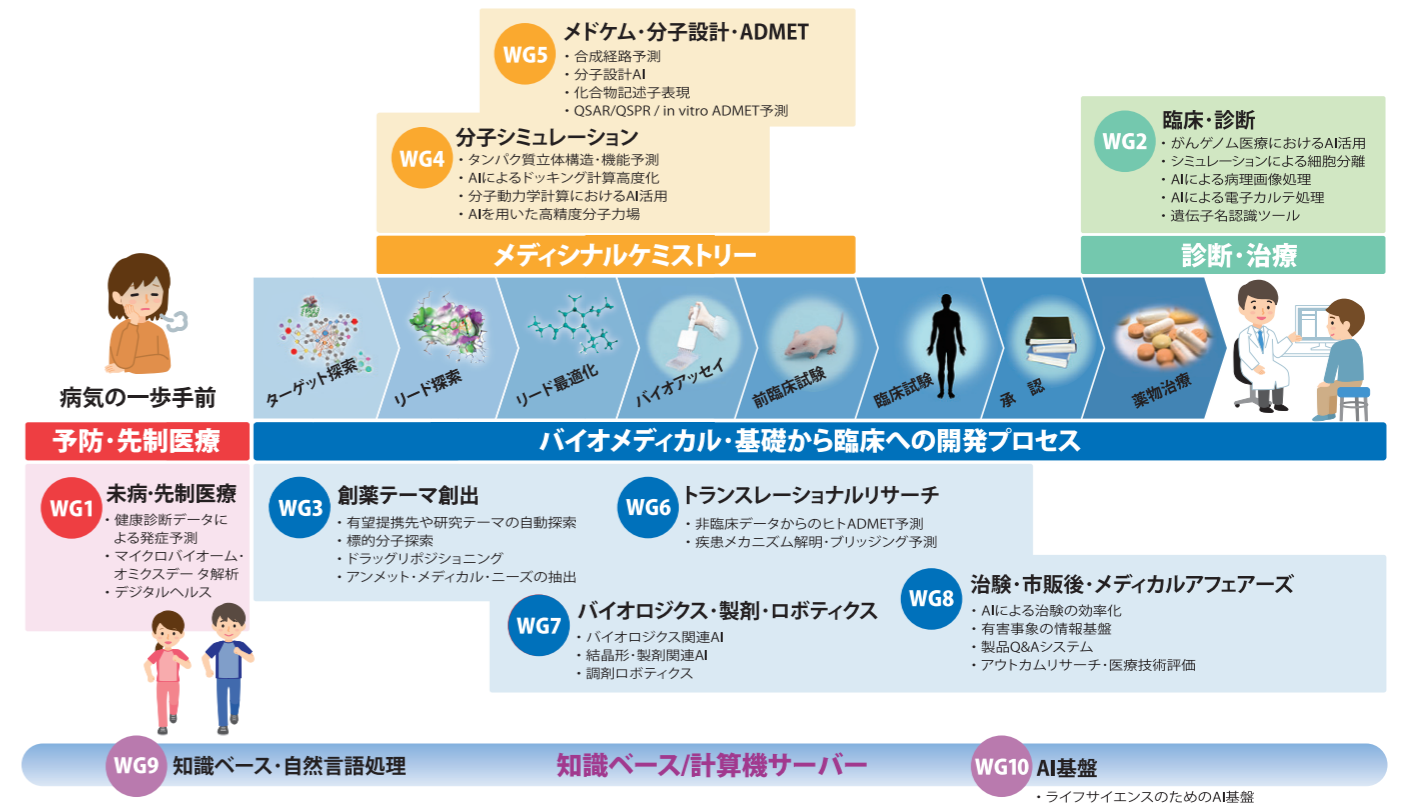
- 【代表】 奥野恭史(京都大学/理化学研究所)  
 【副代表】 水口賢司(医薬基盤・健康・栄養研究所) 本間光貴(理化学研究所)  
 【事務局長】 江口至洋(理化学研究所)  
 【事務局次長】 小柳智義(京都大学) 志水隆一(都市活力研究所) 進藤順紀(医薬基盤・健康・栄養研究所) 堀 洋(理化学研究所)  
 【事務局】 京都大学 大学院医学研究科 人間健康科学系専攻ビッグデータ医科学分野 (国研)理化学研究所 健康“生き生き”羅針盤 リサーチコンプレックス推進プログラム (国研) 医薬基盤・健康・栄養研究所 (公財)都市活力研究所

## LINCという「場」の果たす役割と意義

LINCは、ライフ系企業、IT系企業、アカデミアと言った得意分野が異なる人々をマッチングし、協業できる場を提供します。



## シームレスなAI創薬プラットフォームをめざして



## WGおよびPJの一覧

- |  |                                  |
|--|----------------------------------|
| <b>WG1 未病・先制医療</b>                           | <b>WG5 メドケム・分子設計・ADMET</b>       |
| 1. 健康診断データによる発症予測                            | 15. 合成経路予測                       |
| 2. マイクロバイオーム・オミクスデータ解析                       | 16. 分子設計AI                       |
| 3. デジタルヘルス                                   | 17. 化合物記述子表現                     |
| <b>WG2 臨床・診断</b>                             | 18. QSAR/QSPR / in vitro ADMET予測 |
| 4. がんゲノム医療におけるAI活用                           | <b>WG6 トランスレーショナルリサーチ</b>        |
| 5. シミュレーションによる細胞分離                           | 19. 非臨床データからのヒトADMET予測           |
| 6. AIによる病理画像処理                               | 20. 疾患メカニズム解明・ブリッジング予測           |
| 7. AIによる電子カルテ処理                              | <b>WG7 バイオロジクス・製剤・ロボティクス</b>     |
| 28-1. 遺伝子名認識ツール                              | 21. バイオロジクス関連AI                  |
| <b>WG3 創薬テーマ創出</b>                           | 22. 結晶形・製剤関連AI                   |
| 8. 有望提携先や研究テーマの自動探索                          | 23. 調剤ロボティクス                     |
| 9. 標的分子探索                                    | <b>WG8 治験・市販後・メディカルアフェアーズ</b>    |
| 10. ドラッグリポジショニング                             | 24. AIによる治験の効率化                  |
| 28-2. 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 | 25. 有害事象の情報基盤                    |
| <b>WG4 分子シミュレーション</b>                        | 26. 製品Q&Aシステム                    |
| 11. タンパク質立体構造・機能予測                           | 27. アウトカムリサーチ・医療技術評価             |
| 12. AIによるドッキング計算高度化                          | <b>WG9 知識ベース・自然言語処理</b>          |
| 13. 分子動力学計算におけるAI活用                          | 30. 知識ベースの構築                     |
| 14. AIを用いた高精度分子力場                            | <b>WG10 AI基盤</b>                 |
|  | 29. ライフサイエンスのためのAI基盤             |

## 予防・先制医療



WG 1 代表  
内野詠一郎

京都大学  
大学院医学研究科  
人間健康科学系専攻  
医療情報AIシステム学講座

## WG 1 未病・先制医療

### PJ01 健康診断データによる発症予測

健康診断データから、数年以内に(2型)糖尿病を発症する確率を予測する。時系列モデルに健康診断データを学習させることで、健康診断を受けていない等、現実では十分起こり得る欠損値があった場合にも適切に補間し予測精度を維持するモデルを開発、検証する。この結果、人工知能による発症確率が高い患者の抽出や、今までは見逃されていた患者の早期発見を目標としている。

### PJ02 マイクロバイオーム・オミクスデータ解析

腸内細菌などのヒトと共生する細菌叢(マイクロバイオーム)が、多くの疾患発症と関連しており、このマイクロバイオームの解析により疾患発症等の予測が可能になると期待されている。本プロジェクトでは、同一被験者におけるマイクロバイオームと健診データの関連を探索し、疾患の発症及び重症度を予測するモデルを機械学習技術により作成、検証する。これらの成果は、病気の予防・治療における医療の質の向上に貢献できるものと期待される。

### PJ03 デジタルヘルス

#### 1. SNS・ライフログ

近年ゲノム解析の低コスト化を背景に、個人向けのSNPs解析サービスによる疾患予測が提供されつつあり、また健診データなどを活用した疾患予測も提供されているが、主には臨床検査値を活用しており、年に1度の問診情報では十分な生活習慣行動が取得できていない。本プロジェクトでは、遺伝性疾患ではないと考えられる風邪に注目し、より細かな日常行動データをSNSデータから取得し、風邪の発症予測モデルを構築することを目的としている。

#### 2. 服薬・健康情報基盤

処方薬の服用をモニタリングするシステムを構築し、医療者と患者のコミュニケーションを密にすることで患者のアドヒアランス(患者が治療方法について十分理解し、納得した上で治療を実施・継続すること)を向上させる。服薬指導とアドヒアランスのデータをAIで解析することにより、将来に向けて効果的な服薬指導の自動化システムの構築を目指す。

## 診断・治療



WG 2 代表  
鎌田真由美

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

## WG 2 臨床・診断

### PJ04 がんゲノム医療におけるAI活用

がんを対象としたゲノム医療では、個々人のゲノム情報に基づく奏効可能性薬剤の提示や予後予測を行うことを目的としている。そこで、本プロジェクトでは、公開されているがんのゲノムデータベース(TCGA)を用いて、体細胞変異プロファイルに基づく患者層別化(分類)および予後予測を行うAIを開発する。さらに、がん種横断的なゲノムデータの解析により、組織分類(例えば肺がん等)に代わる遺伝子に基づくがん分類を目指す。

### PJ05 シミュレーションによる細胞分離

診断・検体検査においては、生体試料の前処理が共通技術として重要である。しかし、現在のところ前処理デバイスの設計プロセスには数々の技術的課題がある。本プロジェクトではAI技術を活用し、生体試料の複雑さに対応したデバイス設計の最適化を図る。

本プロジェクトは参画企業の合意により、競争領域での研究開発活動に移行し、LINCから卒業した。

## バイオメディカル・基礎から臨床への開発プロセス



WG 3 代表  
伊藤真里

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

### PJ06 AIによる病理画像処理

医薬品開発期間の短縮化は喫緊の課題である。前臨床試験では安全性評価を担うが、病理検査は創薬シーズのスクリーニングで多大な時間と労力を要するため開発の律速になる場合がある。本PJでは、深層学習を用いた病理所見の学習により、病理標本の毒性(正常/異常)領域の判別が可能モデルを目指す。標本の判別(低リスク/高リスク)により前臨床の効率化が期待でき、かつ病変の詳細解析や機序検討など高次の精査にも資することが可能となる。

### PJ07 AIによる電子カルテ処理

電子カルテデータを活用し、機械学習を用いた層別化による特徴探索から、患者の診断と治療の精緻化、創薬の可能性を検討する。本PJでは、2型糖尿病及び腎臓疾患の患者を対象に、診断初期の各種パラメータと治療方針、使用薬剤等の情報から、患者予後(合併症発症、増悪の有無など)予測モデルを構築する。また、診断初期(期間は要検討)の各種パラメータ、治療方針とその結果から、治療別反応性予測モデルの構築を目指す。

### PJ28-1 遺伝子名認識ツール

「何の分野で何の遺伝子が注目されているか?」という知見は新たな標的や適応症を探索する創薬活動において重要な情報である。そこで文献を含めた様々な英文テキスト(特許、研究助成、学会演題、Web文章)に記述される遺伝子名を遺伝子データベース上のIDと結び付けて認識するツールを開発する。最新AI技術による精度向上のほか、non-coding RNA対応、低い計算コスト、辞書・AIモデルの定期更新など、ツールのユーザビリティ向上も大きな目標とする。

## WG 3 創薬テーマ創出

### PJ08 有望提携先や研究テーマの自動探索

学術文献データベースに収載されている膨大な量の論文・学会情報や共著関係を複雑ネットワークの理論に基づいて解析し、有望な研究者を自動探索するAIを開発する。このAIは、主に企業がアカデミアの研究者を探索するときに活用することを想定し、LINCメンバーへのアンケートから見出した企業のニーズに応えるべく、研究者の論文業績、分野・学会におけるポジション、共著関係から見出せる協調性等の人柄も勘案する。

### PJ09 標的分子探索

創薬標的を探索する際に活用しうる様々な情報(文献、特許、omicsデータ、SNPs情報、タンパク質/遺伝子/パスウェイ情報、疾患情報等)を学習させ、任意の疾患名や病態名を入力して創薬標的候補となる分子名を出力するAIシステムを開発する。既存の統合データベースに比べて研究すべき創薬標的をよりの確に提示できるシステムを作ることで、新規創薬標的の探索を支援し、創薬の成功率向上に寄与することを目的とする。

### PJ10 ドラッグリポジショニング

化合物構造から標的タンパク質・薬効・フェノタイプ等を予測する機械学習モデルを構築し、任意の化学構造式を入力することによりその予測結果を出力するAIシステムを開発する。この結果、作用機序不明の活性化合物の標的予測による研究の推進、新規創薬・創薬標的探索、既存薬剤のリプロファイリングによる適応拡大等への貢献を目的としている。

### 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

医療従事者・患者双方のアンメット・メディカル・ニーズ(UMN)を見出すAIモデルを開発する。具体的には、電子カルテの診療録や看護録(医療従事者の目線)、患者コミュニティサイトのブログやSNSなどの書き込み(患者の目線)から、自然言語処理技術を活用してUMNの探索を試みる。UMNの把握により、行政の施策、大学や研究機関、企業の研究開発テーマの立案・意思決定を支援し、患者の治療満足度ならびに日本の医療の質向上に資することを目的とする。

## メディシナルケミストリー



**WG 4 代表**  
**池口満徳**  
横浜市立大学  
大学院生命医科学研究科/  
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

## WG 4 分子シミュレーション

### PJ11 タンパク質立体構造・機能予測

Protein Data Bankに登録されているタンパク質の立体構造をAIに学習させ、従来のホモロジーモデリングの手法と併せて、X線結晶構造解析やクライオ電顕などの低分解能実験データから精度の高い立体構造を決定するシステムを構築し、得られた立体構造をもとに化合物結合部位や熱安定性の予測にも取り組む。

### PJ12 AIによるドッキング計算高度化

ドッキング計算とは、主に小分子をタンパク質構造に結合させ、結合様式や結合力を推定するシミュレーション技術である。本プロジェクトでは、標的タンパク質と薬剤候補分子のドッキング計算における結合様式の正誤予測、仮想スクリーニングの高精度化を目的とした機械学習モデルの開発を目指している。これにより、研究開発初期における薬剤候補分子の探索が効率よく実施でき、新薬開発の成功確率の向上につながる事が期待される。

### PJ13 分子動力学計算におけるAI活用

近年、合理的薬物設計の精度を高めるために、分子動力学(MD)が多用されている。しかし、膨大な出力データが原因で、解析に全てのデータが使われていない、データ解析者の主観に依存する、といった課題がある。本プロジェクトでは、MDトラジェクトリを網羅的かつ客観的に解析するAIツールを開発する。本ツールにより、医薬品候補化合物のターゲット分子に対する結合プロファイル(結合様式、親和性、結合キネティクス、作用機序など)を高精度で予測することが期待できる。

### PJ14 AIを用いた高精度分子力場

創薬研究において実施される分子動力学シミュレーションやインシリコスクリーニング等では分子力場と呼ばれるパラメータが一般に用いられ、それらの計算精度は用いる分子力場の精度に大きく依存する。本プロジェクトでは、タンパク質に代表される生体高分子、医薬低分子化合物、それらの周囲に存在する水を対象とし、機械学習を用いて高精度な分子力場を構築することを目指す。これにより、精度の高い化合物設計が可能となり、創薬の成功確率の向上につながる事が期待される。

## WG 5 メドケム・分子設計・ADMET

### PJ15 合成経路予測

任意の目的化合物を入力することで、市販化合物等を始点とし、目的化合物を終点とする合成経路を出力するシステムを開発する。このシステムは、化合物を合成することが可能な反応を予測するモデルと、それら反応の組み合わせを行い、目的化合物までの経路を探索するモデルから成る。ここで開発される合成経路予測システムを利用することで、目的化合物までの合成計画立案や合成検討に要する時間が短縮可能となり、創薬研究の効率化やコスト低減に繋がることが期待される。

### PJ16 分子設計AI

従来のような構造式組み立てルールに依存しない『化学構造式生成AI』を開発し、分子設計で扱える構造式の多様性(ケミカルスペース)の拡大を図る。また、本AIでは、化学構造式が潜在空間に写像される特長を活かし、逆問題、すなわち活性やプロパティ等の向上した化合物のコンピュータ探索を実現する。これらにより従来の分子設計を大きく改善させ、目標化合物に到達する確率を高めることを目的とする。

## メディシナルケミストリー



**WG 5 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

## バイオメディカル・基礎から臨床への開発プロセス



**WG 6 代表**  
**夏目やよい**  
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

## バイオメディカル・基礎から臨床への開発プロセス



**WG 7 代表**  
**荒木通啓**  
京都大学  
大学院医学研究科  
臨床システム腫瘍学

### PJ17 化合物記述子表現

化合物構造式を入力して薬理活性や毒性などの特性予測値を出力するAIシステムを開発する。本システムの特徴は、プロジェクトで開発した特徴量や記述子等を新たに実装するだけでなく、ユーザが独自の特徴量などを付加することができる。これらを最新の深層学習法と効果的に組み合わせることにより、創薬現場で必要とされる様々な化合物特性に対する高精度の予測モデル構築が期待され、創薬研究の効率化・加速化に貢献する。

### PJ18 QSAR/QSPR/in vitro ADMET予測

代謝安定性や経口吸収性などの薬物動態やhERG阻害などの毒性を予測する機械学習モデルと、任意の化学構造を入力して予測結果(薬物動態や毒性等)を高精度に出力するAIシステムを開発する。AIに化学構造を入力することは大きな課題の一つであるが、化学構造をSMILES等に変換せずグラフデータとして入力し、学習させることにより高い精度を目指す。この結果、新薬の開発期間短縮に資することを目的としている。

## WG 6 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

深層学習に関する技術を応用した機械学習技術「Deep Tensor」を利用し、非臨床薬物動態データ及び化合物構造物理化学的性質により、ヒトの薬物動態(血漿中濃度推移)を正確に予測するマルチモーダルモデルを作成する。この結果、臨床試験前にヒトで理想的な薬物動態を示す化合物の選択が可能となり、創薬過程で課題であった臨床試験に進むまでの時間の削減及び臨床試験成功確率の大幅な向上に資することを目標としている。

### PJ20 疾患メカニズムの解明・ブリッジング予測

トランスレーショナル研究における課題をオミックスデータを用いたモデル化により解決することを目指している。「バイオマーカー」、「メカニズム解明」、「細胞選別モデル」の3つのテーマに取り組んでいる。バイオマーカーについてはマルチオミックスデータからバイオマーカー候補を提案するモデルを作成する。さらに、オミックスデータ間の関係性を明らかにするモデルを構築することにより、そのメカニズムの解明を目指している。また、臨床腫瘍の特徴を反映した細胞株の選別モデルを作成することにより、がんの創薬研究の精度向上を図る。

## WG 7 バイオロジクス・製剤・ロボティクス

### PJ21 バイオロジクス関連AI

①核酸医薬品開発での活用を目的に遺伝子配列中の特定機能領域を予測するモデル、②抗体医薬品開発での活用を目的にヒト投与時の抗原性発現有無や抗原結合活性を予測するモデル、③抗体医薬品製造での活用を目的に抗体産生細胞の生産性・品質・培養異常などを予測するモデル、の開発を推進している。

### PJ22 結晶形・製剤関連AI

①分子構造からの結晶形予測と各結晶形の特性予測を行うAI開発、②剤形と波長データを利用したNIR検量線モデルの開発、③分子構造から製剤処方や製法を設計するAI開発を推進している。

### PJ23 調剤ロボティクス

金属容器内における粉の付着場所をハレーションの有無に関わらず予測するモデルを作成する。撮像に全天球カメラを用いることにより照明条件の悪い閉鎖環境においても付着物の位置を認識できるAIシステムを開発する。これにより、近年、製薬会社で増えている治験薬製造設備での高活性物質取り扱いに際して、作業員の曝露軽減や作業効率化が可能となる。

バイオメディカル・基礎から臨床への開発プロセス



WG 8 代表  
中津井雅彦  
京都大学  
大学院医学研究科  
臨床看護学講座  
ビッグデータ医科学分野

WG 8 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

1. AIによる治験の効率化

医薬品開発において、有効性及び安全性を適正に評価できる臨床試験を実施することは極めて重要である。本PJにより、AIを利用して最適な治験デザインを計画することは効率的な医薬品開発に繋がり、ひいては医薬品をいち早く患者さんに届けることが出来るものと考えられる。そのために、今まで蓄積されている各種データに基づき、臨床試験の成功確率等を加味して、最適な治験デザインを提案させるAIを開発する。

2. AIによる新薬審査ポイント予測

公開済みの薬事関連資料(審査報告書等)を活用し、開発プランの策定や審査における留意点の分析・取得を可能とするAIシステムを開発する。期待する効能や化合物の基本情報を入力することで、想定される開発計画案、評価項目、承認条件等を出力するモデルを作成する。この結果、医薬品開発の効率化、成功確率の上昇を目的としている。

PJ25 有害事象の情報基盤

電子カルテや調剤データの記載から、医薬品投与後に発生した患者の有害事象を抽出するシステムを構築する。このシステムにより、電子カルテ上にリアルタイムに有害事象の発現情報を可視化させることで、医療従事者への診療補助情報を提供することができる。さらに医薬品投与後に発生した有害事象情報を漏れなく収集し、データベース化することで、医薬品副作用研究並びに医薬品リスクの最小化施策につなげることを目指す。

PJ26 製品Q&Aシステム

添付文書などの医薬品の基本情報を知識構造化データとし、医薬品の問合せに活用可能な対話型質問応答システムを視野に入れたAIシステムを開発する。この結果、医薬品に関する質問に迅速かつ何時でも対応し、様々なメディアからの医薬品情報へのアクセスが容易になることを目標とする。ひいては個別化医療など新たな治療ニーズに応じた情報入手が可能となること及び医薬品基本情報の共通・共有化を目指す。

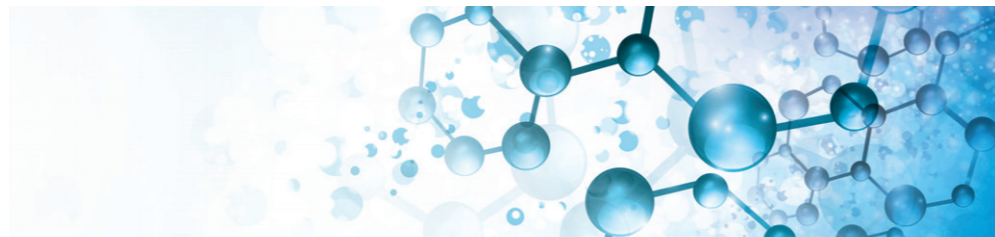
PJ27 アウトカムリサーチ・医療技術評価

医療技術評価 (HTA/HEOR) 業務における費用対効果 (費用対効用) の評価に必要なエビデンス収集支援システムを構築することを目的とし、既存報告を学習用データとして、HTA/HEOR関連の文献調査にかかる時間とコスト短縮に有用なAIシステムの開発を進めている。本プロジェクトを通じ、医薬品等の価値の評価が適切に成され、治療を必要とされる方々に速やかに提供されることに貢献したい。

WG 9 知識ベース・自然言語処理

PJ30 知識ベースの構築

LINCの各プロジェクトで必要となるデータを中心に、辞書、オントロジーと合わせて整理し、ライフサイエンス分野における知識ベースとして再利用が容易な形でデータベースの整備を行う。この知識ベースの構築により、ライフサイエンス分野におけるAIとビッグデータの活用を促進することを目的としている。



知識ベース/計算機サーバー



WG 10 代表  
井阪 悠太  
神戸医療産業  
都市推進機構  
クラスター推進センター

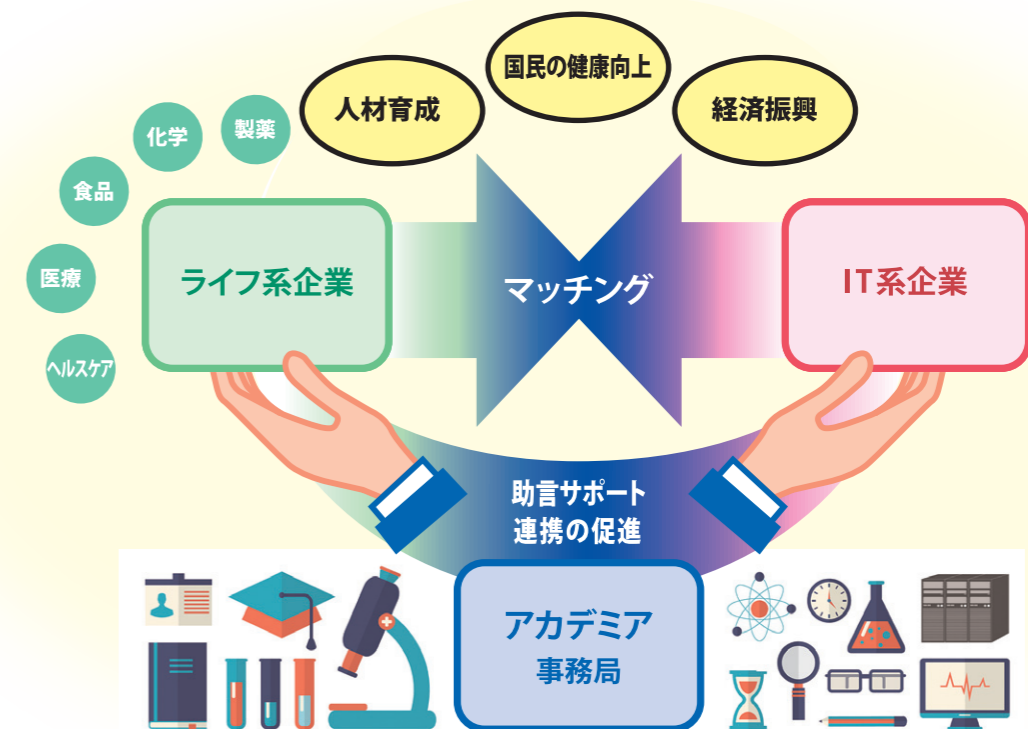
WG 10 AI基盤

PJ29 ライフサイエンスのためのAI基盤

汎用的なAI開発環境とそれをサポートするHPC計算環境を調査し、実際に計算環境として構築することでLINC参画企業にAI開発基盤を提供する。また、この開発環境の利用者からフィードバックを受け、ライフサイエンスに適したAI開発のための最適仕様を策定し、実際の開発環境に反映する。これにより各プロジェクトの非競争領域における成果物の検証環境を実現する。

ライフサイエンスのあらゆる分野でシームレスなAIプラットフォームの構築をめざして行きます。

ライフ インテリジェンス コンソーシアム  
Life Intelligence Consortium (LINC)



各企業独自では創出できないAI基盤の形成

製薬・化学・食品・医療・ヘルスケア関連のライフサイエンス分野のためのAIならびにビッグデータ技術を開発することで、当該分野の発展と人材育成、経済振興、国民の健康向上を目指します。

知識ベース/計算機サーバー



WG 9 代表  
長尾知生子  
医薬基盤・健康・栄養研究所  
インシリコ創薬支援プログラム