12

東京理科大学 TOKYO UNIVERSITY OF SCIENCE

RIST TUS Research Institute for Science & Technology

データサイエンス医療研究部門における基礎研究の現状

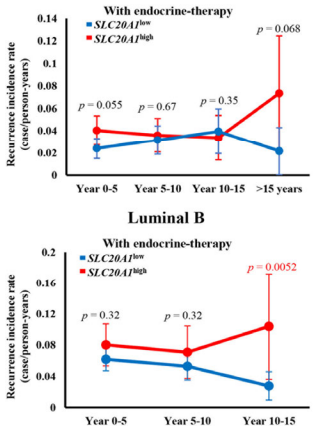
研究推進機構　総合研究院　データサイエンス医療研究部門

▶ 研究概要

- 情報論(相互情報量、PRV (Proportional reduction in variation) measure)を用いた医療データ解析の有効性の検証を進めた。
- 相互情報量を用いて公共の乳がんゲノミクスデータベース（METABRIC, Nature 2012 & Nat. Commun. 2016, n = 1904)を解析し、晩期再発バイオマーカー遺伝子候補SLC20A1 (Onaga et al., PLoS ONE 17: e0268799 2022)と同じく63遺伝子群を単離した（図１ー図３）。
- PRV measureを用いて公共の乳がんゲノミクスデータベース（TCGA, n=501)を解析し、肺がんの予後予測バイオマーカー遺伝子候補を単離した（図４）。

▶ 研究開発成果

図１ 乳がん晩期再発バイオマーカー候補としてSLC20A1を単離した



	Incidence rate ratio	95%Confidence interval			SLC20A1high (n =)	SLC20A1low (n =)
Year 0-5	1.68	1.03	-	2.74	209	252
Year 5-10	1.14	0.64	-	2.02	153	199
Year 10-15	0.85	0.39	-	1.86	92	109
>15 years	3.40	1.02	-	11.27	39	54

Luminal B

	Incidence rate ratio	95%Confidence interval			SLC20A1high (n =)	SLC20A1low (n =)
Year 0-5	1.30	0.86	-	1.96	105	264
Year 5-10	1.34	0.75	-	2.39	65	176
Year 10-15	3.75	1.49	-	9.44	34	92

PLoS ONE 17: e0268799 (2022)

図２相互情報量Top10-500遺伝子群を乳がん晩期再発バイオマーカー候補として単離した

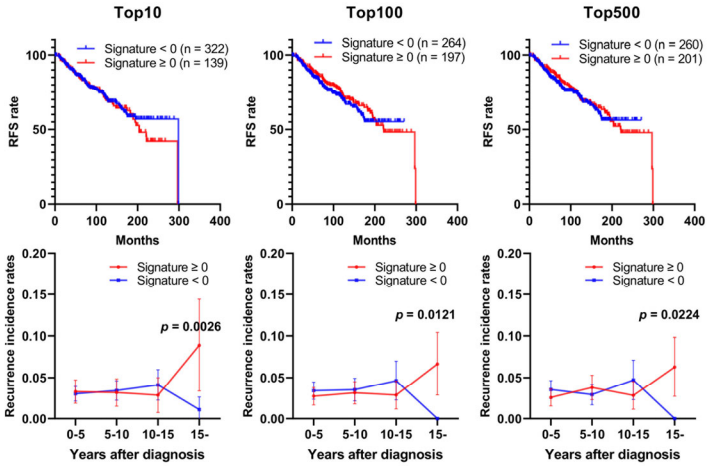


図３ 乳がん晩期再発バイオマーカー候補63遺伝子群を単離した

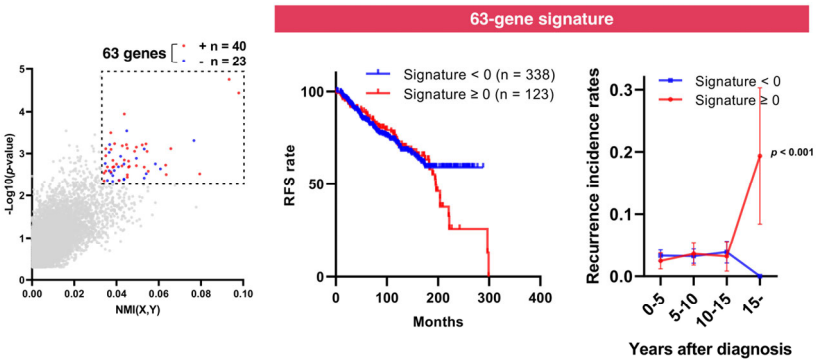
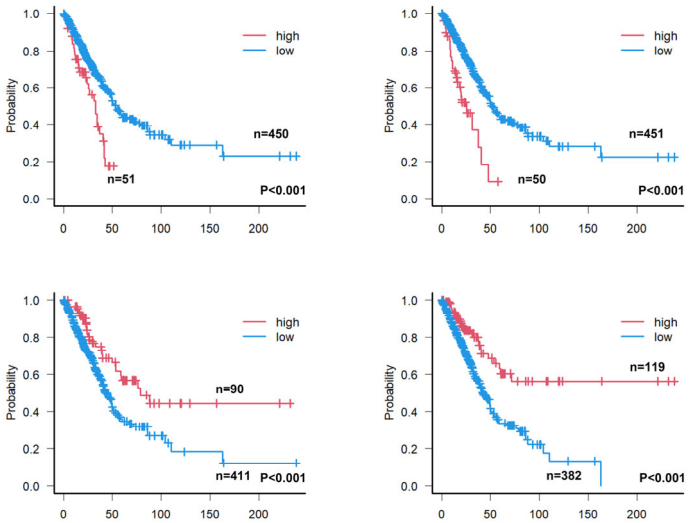


図４ PRV measureを用いて肺がん予後予測バイオマーカー候補遺伝子を単離した



▶ 今後の展開

◉有効性の検証を進める。
①他のコホートでの解析。
②他のがん種での解析。
③がん生物学的解析によるがんの自然史における単離遺伝子の役割の解明。
④国立がんセンターのデータ解析（共同研究）。
◉他の情報論手法（深層学習、高速論理型機械学習器など）の有効性の検証。

【連絡先】研究部門長（薬学部生命創薬科学科）
氏名　秋本和憲
akimoto@rs.tus.ac.jp