

医療ビッグデータを多角的に解析する マルチモーダルAI解析技術

医療の高度な専門化に伴い、多岐にわたる医療ビッグデータが日々生み出されている。しかし、これまでの医療AIシステムの多くは単一の検査データに焦点を当てていたものが主流であった。そこで我々は独自のマルチモーダルAI技術を用いて、複数の検査データに対する統合的かつ多角的な解析を実施した。

最初に、前立腺がんを対象に電子カルテデータと病理生検画像等を用いたマルチモーダルAI解析を行ったところ、手術後から再発までの年数に応じてAIが捉えた予測因子のパターンに違いがあることが明らかとなった。この結果は、再発までの年数によりその生物学的なメカニズムが異なる可能性を示唆している。さらに、機械学習技術を用いた次元削減の改良や、AIが捉えた予測因子の多次元的な最適化により、既存手法に比べて再発予測精度を約10%向上させることに成功した。このシステムを通して、治療計画の最適化や疾患の早期発見、高精度な再発予測や治療効果予測が期待される。

図1 マルチモーダルAI解析

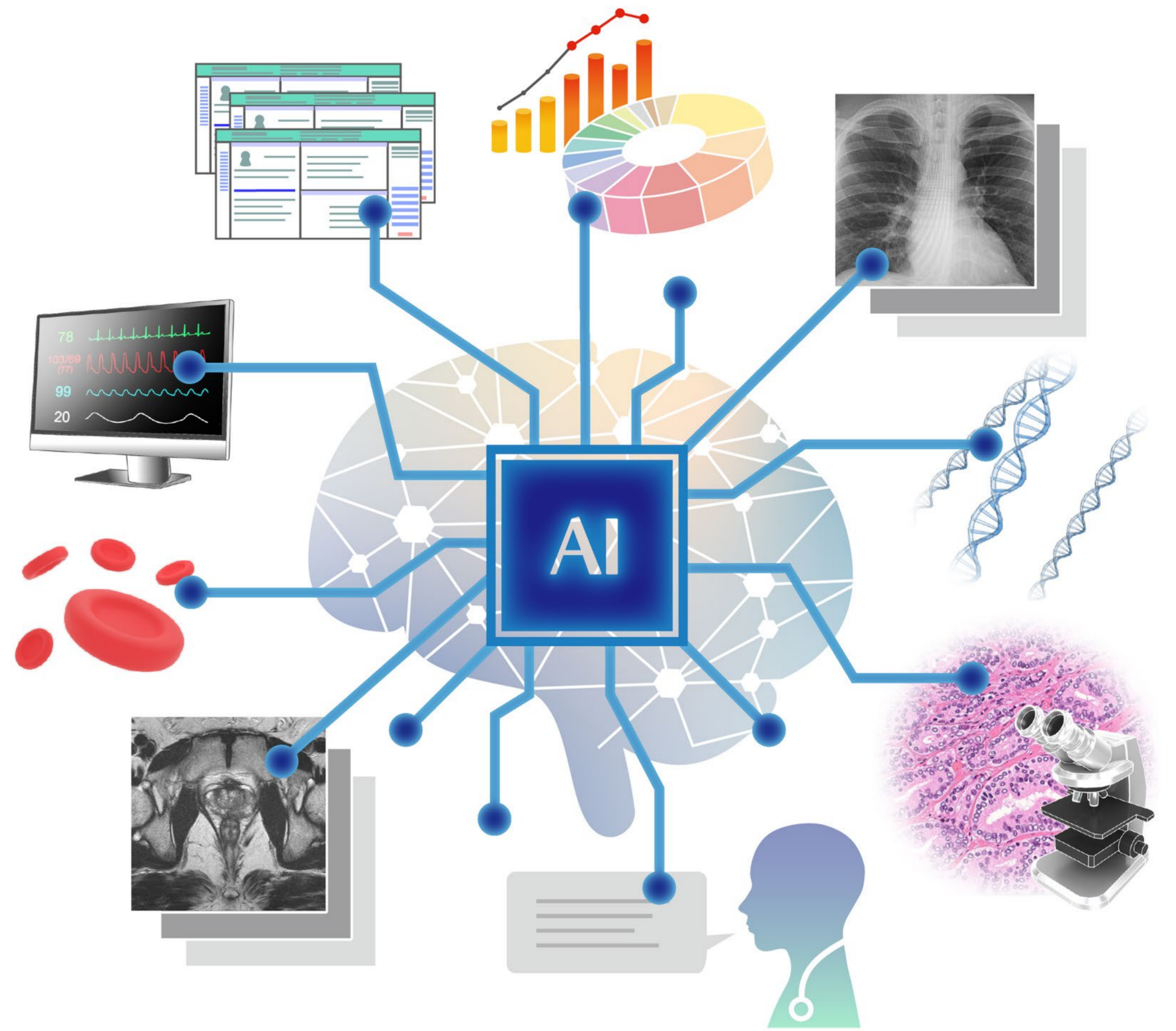
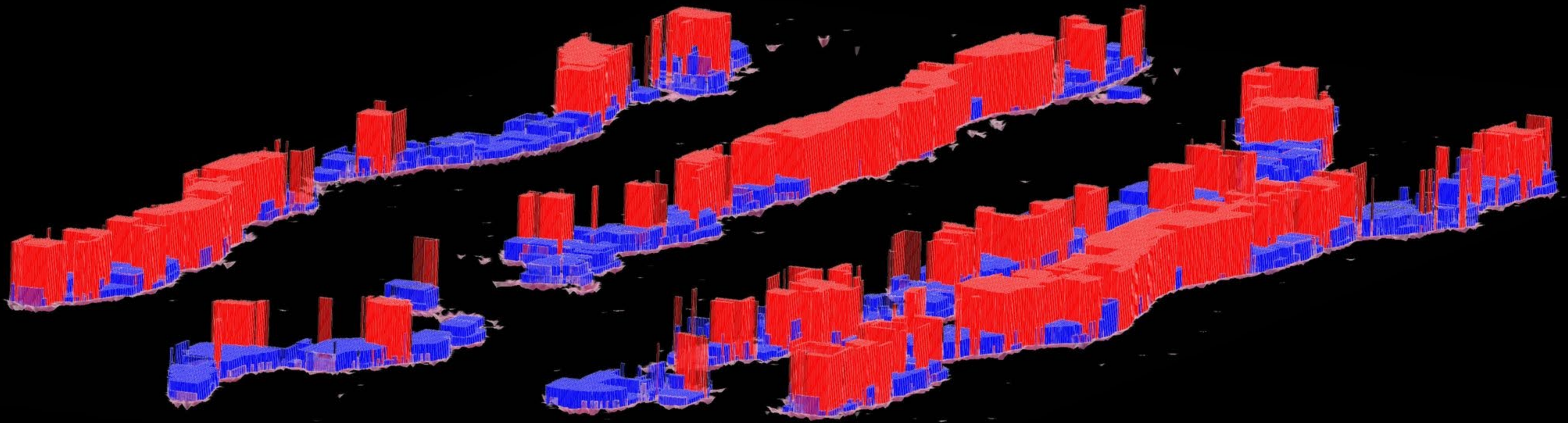


図2 AIが発見した癌の特徴

AIが3D病理画像上にごんの再発しやすさを定量化して青(低)から赤(高)で表示しており、赤く背の高い領域が再発に対して高リスクの予測因子を示す。



膵癌に対する抗がん剤TS-1治療効果の統合的な予測

膵癌術後のTS-1治療に対して1年再発をラベルとして治療効果を予測した。病理画像の各パッチに対し、ディープラーニングによる次元圧縮を行い、その後、中間層のデータを元にクラスタリング、その結果を元の病理画像に表示した。この一連の作業により、人によるバイアスを含まない特徴量抽出を行った。(yamamoto et al. Nat. Commun. 2019の応用)

図3 膵癌のHE染色画像上にパッチごとの再発予測スコアを可視化

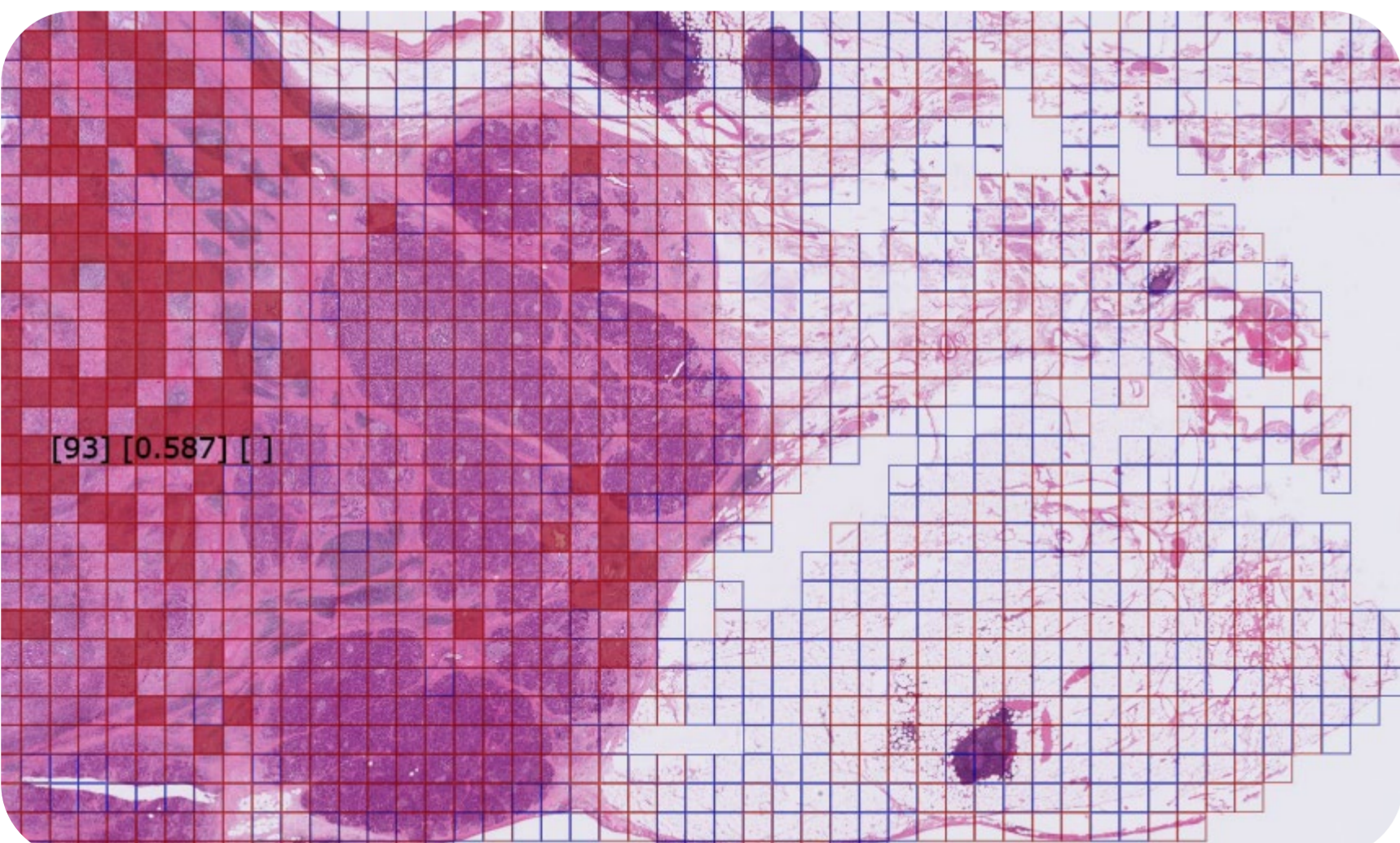


図4 ディープラーニングによる特徴量抽出プロセスの概要図

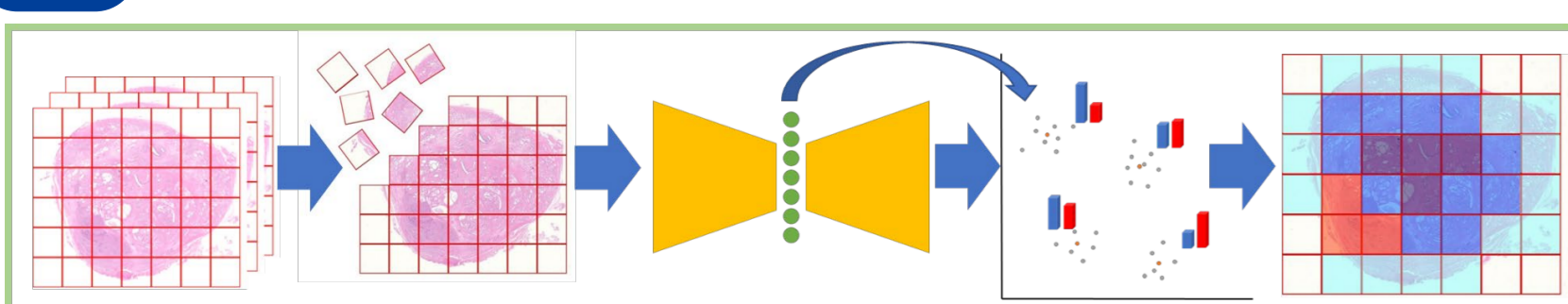


図5 抗がん剤TS-1の作用機序
TS-1は5-FUのプロドラッグであるテガフルを含む合剤であり、肝臓のCYP2A6によってテガフルが徐々に5-FUへと変換される。

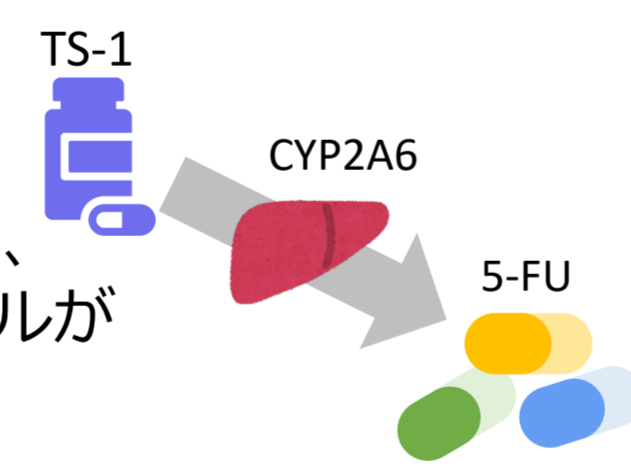
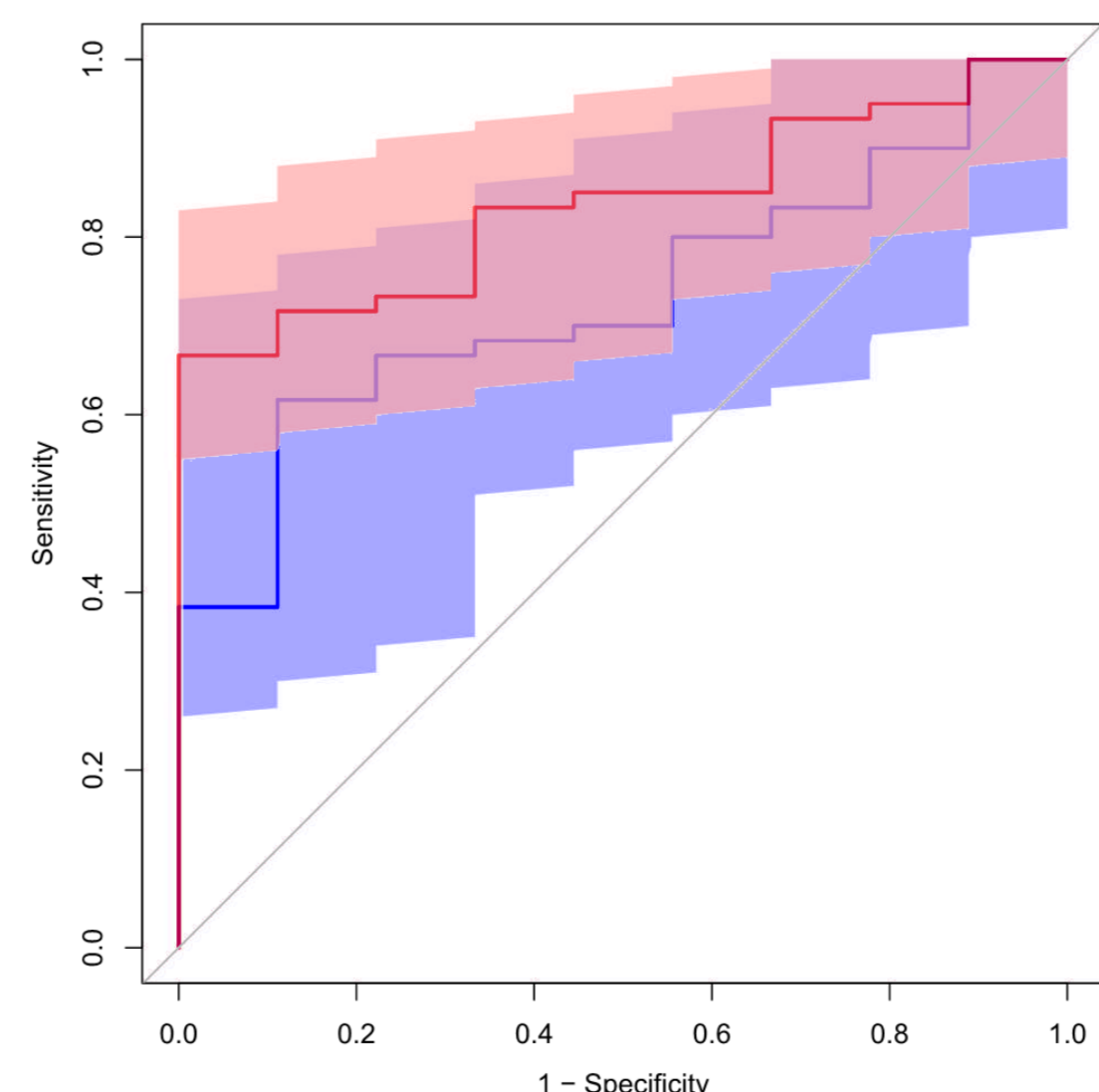


図6 病理画像と、年齢、腫瘍マーカーを加えてマルチモーダル解析を行ったROC曲線
病理画像単独でAUC 0.73であったが、年齢、腫瘍マーカーを加えたマルチモーダル解析の結果、AUC 0.84まで上昇がみられた。



	AUC	95%min	95%max
病理画像	0.73	0.59	0.87
病理画像 +Age+CA19-9+CEA	0.84	0.73	0.94

次世代病理学～組織透明化

AIに適した新たな基礎医学分野のテーマ創設

病院では入手不可能なレアデータセット（全割全埋病理標本、whole genomeシーケンス、3D透明化、鏡面電子顕微鏡像解析）をAI技術を用いて高精度解析することで、AIを用いた新たな基礎医学分野のテーマ創設と病態解明を目指している（下図は腎臓の組織透明化画像の例）。

図7 左から順にホルマリン固定、試薬液浸透後、Lightsheet顕微鏡画像

