

第154回日本医学会シンポジウム

AIと医療の現状と課題

期日 平成31年1月16日（水）
会場 日本医師会館

日本医学会

第154回日本医学会シンポジウム

AIと医療の現状と課題

日 時：平成31年1月16日（水）13:00～17:05

場 所：日本医師会館 大講堂

〒113-8621 東京都文京区本駒込2-28-16

TEL 03-3946-2121（代） FAX 03-3942-6517

13:00 開会の挨拶 門田守人（日本医学会長）

13:05 序論—シンポジウム概説 大江和彦（東京大学大学院医学系研究科教授・医療情報学）

I AIの現状

(座長) 竹内勤（慶應義塾大学常任理事/医学部教授・リウマチ・膠原病内科学）

13:15 1. ビッグデータとAIの医療へのインパクト
喜連川 優
(国立情報学研究所所長/東京大学教授) 4

13:45 2. 医用画像へのAI活用の現状
清水昭伸
(東京農工大学大学院工学研究院教授) 6

II AIの医療への応用と課題

(座長) 大江和彦（東京大学大学院医学系研究科教授・医療情報学）

14:15 3. AIホスピタル構想に向けての大学病院における取り組み
洪 実
(慶應義塾大学医学部
坂口光洋記念システム医学講座教授) 8

14:45 4. ゲノム医療におけるAI技術活用の課題
宮野悟
(東京大学医科学研究所
ヒトゲノム解析センター長・教授) 10

15:15 5. 人工知能技術を用いた腎病理の診断支援に向けた取り組み
河添悦昌
(東京大学大学院医学系研究科
医療AI開発学講座特任准教授) 12

15:45 休憩

16:00 総合討論 (司会) 大江和彦

竹内勤

17:00 閉会の挨拶 門脇孝 (日本医学会副会長)

17:05 終了

第154回日本医学会シンポジウム組織委員

大江和彦 竹内勤

I. AIの現状

1. ビッグデータとAIの医療へのインパクト

喜連川 優

国立情報学研究所所長/東京大学教授

コンピュータが生まれて、約70年、100万倍以上の性能向上を達成してきた。この間、ITは医療分野にも大きな影響を与えてきたと言えよう。例えば、現在でもアフリカを初め世界では、マラリア患者は2億人を上回る。これに対し、コンピュータを用いた長期気象予測解析により大流行を事前に予測可能となり、ワクチンの用意に資するシステムが稼働しようとしている。さらには、アフリカからの患者情報がネットワークを介して日本にリアルタイムに送られてくるようになっている。すなわち、情報通信技術がイネーブラとなって、常に新しいサービスが発展している。これは、東京大学生産技術研究所における地球環境情報統融合プラットフォームDIASで進めている1例である。データプラットフォームが近年大変重要な役割を果たしており、医療においてもその展開が期待される。

国立情報学研究所（NII）では、日本医療研究開発機構（AMED）から診療画像データベース基盤構築に関する研究を受託し、日本病理学会、日本消化器内視鏡学会、日本医学放射線学会、日本眼科学会、日本超

音波医学会、日本皮膚科学会と連携し、画像情報収集ネットワーク、データプラットフォーム、そして、近年進歩の著しい深層学習法に代表される機械学習を用いた画像認識器という3つの構成要素から成るシステムを構築中である。ITの研究者はAIだけではなく、ネットワーク、セキュリティ、クラウド、ソフトウェアなど多様な専門家から構成され、NIIだけではなく、東京大学、名古屋大学、九州大学など多様な大学の教官が参画している。すでに内視鏡画像に対する診断支援に関してまだ完全ではないものの特定疾患に関しては高い認識率を得ている。

また、東京大学では全国レセプト6年分の約2000億レコードを擁する超高速データプラットフォームを構築し、医療経済研究機構やその他の大学と共に、多様な解析を進めている。

いくつかの事例を用いながら、医療研究者とIT研究者が密な連携の重要性について議論するとともに、新たな発展への期待について述べたい。

内視鏡 治療

real time 2D Echocardiogram

2. 医用画像へのAI活用の現状

清水 昭伸

東京農工大学大学院工学研究院教授

人工知能（Artificial Intelligence ; AI）の活躍が目覚ましい。その中核を担っているのはAlpha Goなどでも知られている深層学習である。深層学習はニューラルネットワーク（神経回路網）を用いた機械学習であり、歴史的には3回目のブームの真っ最中にいる。

今回のブームは、深層化などネットワークに関する工夫以外に、ビッグデータとコンピュータ・ハードウェアの急速な進歩に支えられており、過去2回のブームに比べて最大の盛り上がりを見せている。画像、音声、文章などの認識以外にも、化合物反応予測など、対象が極めて幅広いこと、いずれの問題においても従来の技術と比較して抜群の成績を示していることが特徴である。

医用画像処理の分野でも深層学習の適用例は爆発的に増加している。CT, MRI, PET, US, X線、骨シンチグラフィーによる画像に加え、眼底画像、内視鏡画像、病理画像などのあらゆる画像が対象になっている。風景や人物などの一般の画像に比べて医用画像は収集が難しいという指摘も過

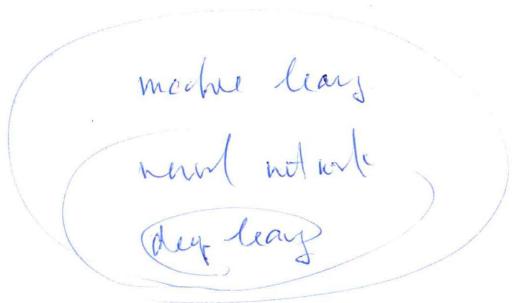
去のことと思わせる例も増えている。例えば、2016年には、Googleが米国やインドの研究者と協力して、約12万例の眼底画像を用いて診断支援システムを構築している。

現在、AIの活用を前提とした医用画像の収集は世界中で進められている。ラベルやアノテーションの付与も並行して進められており、質の良い医用画像ビッグデータが構築されつつある。かつて、医用画像処理の研究の中心はアルゴリズムであり、世界中の研究者はアルゴリズムの開発にしのぎを削っていた。しかし現在その中心は質の良いビッグデータに置き換わりつつある。質の良い医用画像ビッグデータを使って誰でも簡単に高性能の画像診断支援システムを構築できる、そんな時代がすぐそこまで来ている。

本講演では、医用画像の診断支援の研究の歴史について触れた後、最近の深層学習に基づく診断支援の例をいくつか紹介する。また、深層学習が持つ正と負の面を整理した後、深層学習を用いた診断支援システムの特徴について触れる。

artificial God.

人工智能是神



Compton airport diagnosis
no detector

② 過去連續データを学習する：

~~機械~~ neural network は black box なので

XAI が求められる

西暦の子孫算

西暦 822 + 9 = 830 + 30

II. AIの医療への応用と課題

3. AIホスピタル構想に向けての大学病院における取り組み

洪 実

慶應義塾大学医学部坂口光洋記念システム医学講座教授

近年私たちの生活のさまざまな分野で、機械学習・深層学習などのコンピュータ・人工知能（AI）技術を活用したアプリケーションやサービスが広がってきており、医学研究においても、近年AI技術を活用した研究成果の報告が増えてきている。

特に海外では、病院などに蓄積している患者の医療検査画像やカルテのテキスト情報などをAI解析することで、人間の専門医に匹敵するような高い診断精度のアルゴリズムが研究から臨床の現場に広がってきていている。

慶應義塾大学では、文部科学省のセンター・オブ・イノベーション・トライアル

（2013～2014年）に採択されたのを機に、病院を医療IT・AIの実装・実証研究の場にするさまざまな試みを行ってきた。なかでも、医師・医療従事者を補助するAIドクター（iDoc）や、病院に蓄積している医療情報の利活用などの提案を行ってきた。

さらに、2017年からは慶應メディカルAIセンター（Keio Medical AI Center；K-MAIC）を設立するなど、AIホスピタルの実装に向けて活動している。本講演では、こうした慶應義塾大学病院でのAIホスピタル構想への取り組みと、見えてきた課題などについて議論する。

AI と 2E51

AI は 2E51
AI の 組合せは 2E51 の組合せ

AI と o Disass - ?

4. ゲノム医療におけるAI技術活用の課題

宮 野 悟

東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター長・教授

東京大学医科学研究所は2001年にゲノム診療部が設置され、その後2011年からヒトゲノム解析センターのスーパーコンピュータシステム SHIROKANE (1PFLOPS, 30PB高速ディスクアレイ)を活用して、がんを対象とした全ゲノムシークエンス (WGS) に基づく臨床シークエンス研究体制を構築してきた。

データ解析パイプライン Genomon は、がんゲノム研究で実績のあるデータ解析パイプラインで、WGS 解析、全エクソームシークエンス (WES) 解析、融合遺伝子検出 (RNA シークエンス解析) をはじめ、イルミナシークエンサーの盲点であったミッドレンジ (10 bp ~ 300 bp) の挿入・欠失検出などを可能にしている。また、データマネージメントシステム、生体認証によるセキュリティ管理、網羅的多地点カメラによる安全・データ事故管理などのシステムを構築してきた。

その中で、全遺伝子解析や全ゲノムシークエンス解析データから数百～数百万の変異候補はすぐに検出される一方、その解釈・翻訳がボトルネックになっていた。そのため、2015年7月にIBMの「Watson for Genomics」(WfG) を研究用として導入し、ビッグデータを活用したゲノム変異の解釈・翻訳が人工知能 (AI) 技術によりどの程度有効であるかを見てきた。これらのシークエンスには、臨床シークエンス専用に用意した HiSeq 2500, NextSeq 500,

MiSeq, Ion Proton, Ion PGMなどを使い、ロングリード対応のために Oxford Nanopore システム、そしてシングルセルシークエンスのために 10x Genomics も導入した。

血液腫瘍内科ではデジタル・ポリメラーゼ連鎖反応 (Digital PCR) も活用し、治療後のフォローアップを行っている。Tumor Board を開催し、情報、臨床、倫理的・法的・社会的な課題 (ELSI)、がん生物学などさまざまな観点からの議論を行っている。多くのノウハウがこの8年ほどの間に蓄積した。

このがんの臨床シークエンス研究システムでは、造血器腫瘍の場合、同意取得、全ゲノムシークエンス、データ解析、解釈・翻訳、そして医師から患者に返す過程が最短で約3日と8時間で実現している。スーパーコンピュータと AI がシステムを駆動し医師や研究者の能力を増強している。そのプラクティスの中ではパネル解析の限界を思い知らされた。

さらに WfG を用いて全ゲノム/エクソーム解析に期待をかけるも1人の患者からみたビッグデータのスパースネス (知識とデータ不足)、WGS の不可欠・重要性、日本における治験情報の非集中化の問題、「医薬品、医療機器等の品質、有効性及び安全性の確保等に関する法律 (薬機法)」等、時間との闘いなど、さまざまな課題に直面してきた。

アカウツギ

pseudomyxa perforata

アカウツギ?

A 212 mbar.

5. 人工知能技術を用いた 腎病理の診断支援に向けた取り組み

河 添 悅 昌

東京大学大学院医学系研究科医療AI開発学講座特任准教授

病理の分野においてはDigital pathologyの普及が進みつつあり、Whole Slide Imaging (WSI) の出現によりテレパソロジーの実現や、複数人が標本を同時に供覧しながらの症例検討、ならびに人工知能（AI）技術を用いた画像解析による診断補助が進むと期待されている。

本講演では、演者の所属研究室において開発する慢性腎臓病（CKD）の病理診断支援を行うAIアプリケーションの研究開発について紹介する。CKDの未透析期間を延長することは社会的に重要な課題であるが、正確な診断と治療方針の決定のために、生検腎組織の病理診断を必要とするにもかかわらず、専門に行う病理医の数は少ないことが問題となっている。

そのため、病理医の診断をダブルチェックし診断の見落としを防ぐことで負担を低減するようなAIアプリケーションが有用

であると考えられる。また、このようなアプリケーションをクラウド上に設置することで、多くの医療機関からアクセス可能な遠隔病理診断の補助機能としても転用することが可能となると考えられる。

このような考えのもと、本研究では多施設の腎生検病理画像を収集し大規模な腎病理画像データベースを構築するとともに、「畳み込みニューラルネットワーク」と呼ばれるAI技術を活用して、腎病理画像から臨床診断までの過程を支援するAIアプリケーションの開発を目指している。

腎病理診断は超高解像度のWSIから微小な糸球体を顕微鏡で観察し、糸球体の形態的な特徴から疾患や障害の程度を診断するものであるが、この一連のプロセスを工学的にどのようにして模倣するかということがチャレンジの一つであり、これまでに得られた知見を紹介したい。

Mg 電極
- 水素 氣

Cr. 金屬 1/2 x 25%
41.01.2m

Fe. 10% H₂O?

↓ 40% 電極
100% 25% + Cr -

(gl.)
約 1000 μm

EM 1→?

GL 10% gl. 10% 10% H₂O 30%

10% → 水素 氣 10% H₂O

総合討論

(司会) 大江和彦

東京大学大学院医学系研究科教授・医療情報学

竹内 勤

慶應義塾大学常任理事/医学部教授・リウマチ・膠原病内科学