

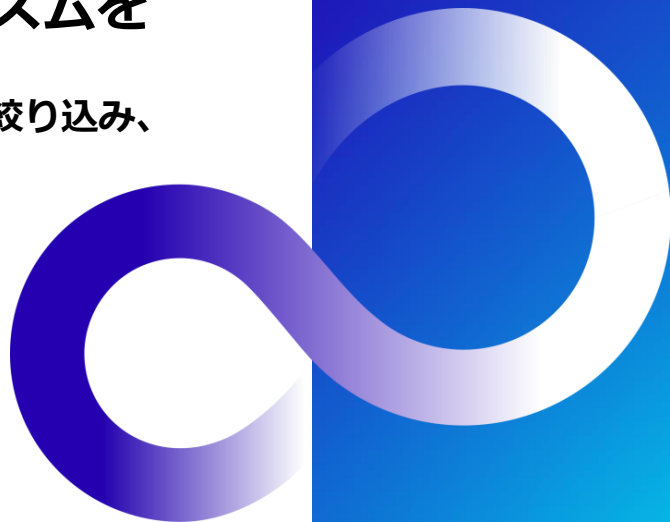
スーパーコンピュータ「富岳」と「発見するAI」で、 がんの薬剤耐性に関わる未知の因果メカニズムを 高速に発見する新技術を開発

1,000兆通りの可能性から患者の遺伝子の特徴を一日以内に絞り込み、
効率的な薬剤開発に寄与

2022/3/7

富士通株式会社 研究本部

人工知能研究所・ICTシステム研究所



○薬剤耐性とは？

- 薬剤の投与を続けているうちに、その薬剤の効果が弱まってしまう現象

○薬剤の臨床試験の課題

- 薬剤効果が期待される患者のおおまかな同定が重要だが、患者の特性（遺伝子発現量など）により薬剤効果は異なる
- 患者の特性として複数の遺伝子発現量の組合せを考えると、特性の総数は1000兆通りを超える

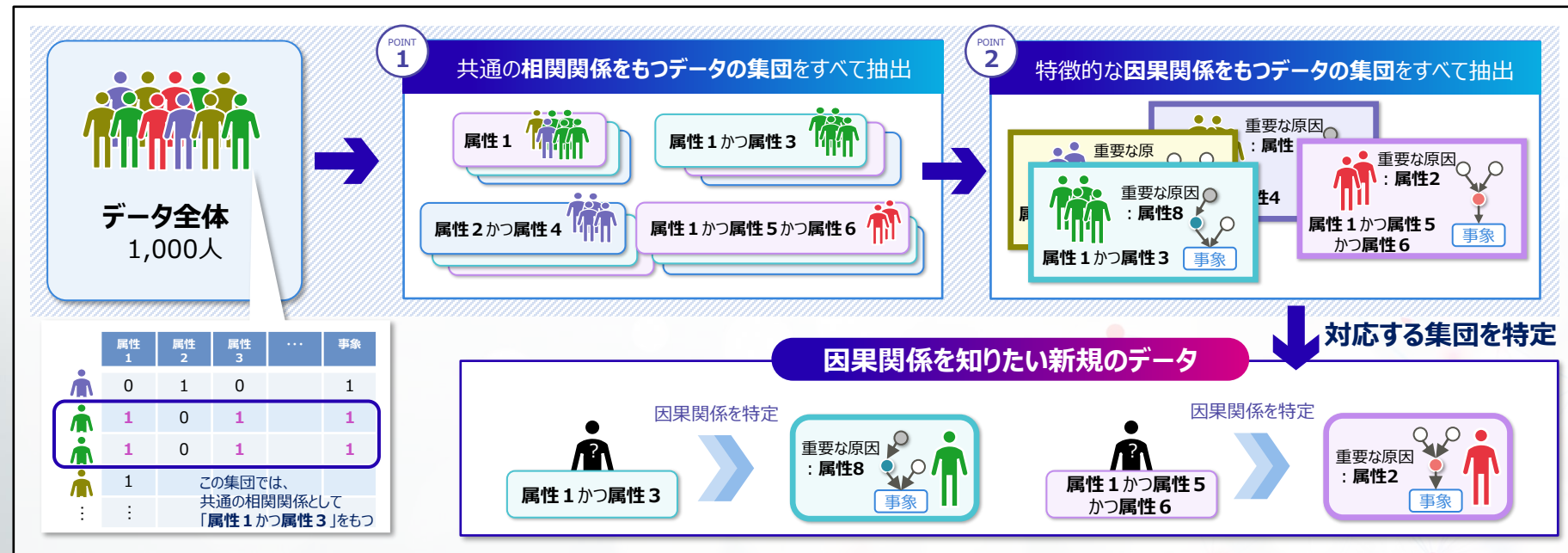
○本技術により期待されるブレークスルー

1. 本技術により患者の特性を網羅的に調べて、薬剤効果との関係を示唆する因果メカニズムを抽出
2. 抽出した特性とメカニズムを検証し、薬剤効果が期待できる患者を同定
3. 同定した患者だけを対象として臨床試験を行うことで、経費を大きく削減し、成功確率を高める → **臨床試験の効率化！**

- 薬剤開発以外の現場においても、様々な状況によって異なる因果メカニズムを発見し、業務改善につなげることが可能

分野	発見したい因果メカニズム	期待される業務改善
マーケティング	顧客の特性ごとのサービス解約に至ったルートと根本原因	サービス離れしようとしている顧客を特定し、解約の根本原因を明らかにすることで解約防止にむけた効果的な施策を策定
システム運用	複雑なシステムにおける障害発生箇所とその原因	障害箇所と原因をリアルタイムで提示し、早期復旧を支援
生産現場	稼働環境に応じて不良品発生を引き起こす制御パラメータ	現在の稼働環境に適したパラメータの自動設定により、不良品の発生率を減らす

データ全体に共通する因果関係だけでなく、
個々のデータに特徴的な因果関係を網羅的に抽出可能に。



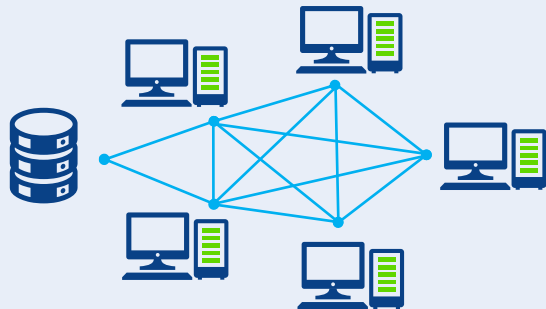
※2020年12月17日プレスリリース「ヒトやモノなどのデータの一つひとつが持つ特徴的な因果関係を発見する技術を開発」

<https://pr.fujitsu.com/jp/news/2020/12/17.html>

従来では数百変数に対する因果探索が限界だったが、
数万変数に対する因果探索が実行可能に。

大規模な因果探索のための処理の高速化

因果探索アルゴリズムの並列化



スーパーコンピュータ上での計算処理



提供：理化学研究所



提供：理化学研究所

スーパーコンピュータ「富岳」

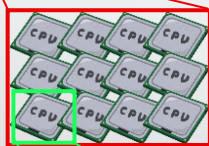
少数のコンピュータからスーパーコンピュータまで、計算能力を引き出す
機械学習環境を大規模因果探索に適用

計算回路を使い切る技術



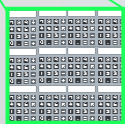
コンピュータ間並列

通信を抑え、効率的に実行できる並列性を抽出



CPUコア並列(～50倍)

プロセッサ内の処理回路をすべて活用

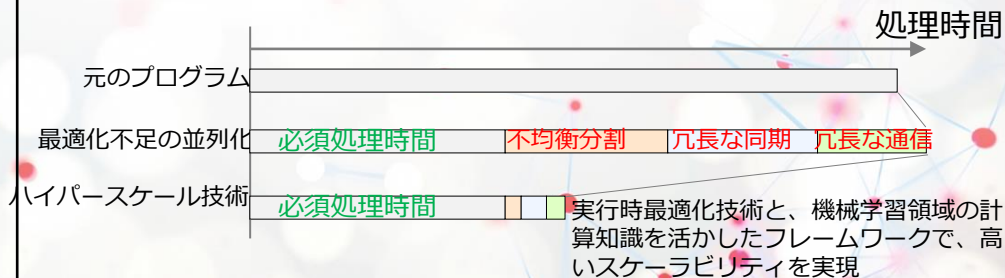


演算器並列(～10倍)

プロセッサに合わせて、実行時に最適なプログラムを生成

計算を止めない技術

並列化の際に必要な通信が、計算を止めないように最適化



事例

ゲノム医療への応用

薬剤耐性の原因究明

肺がんへの薬剤応答データから、
薬剤耐性メカニズムに関わる遺伝子関係を抽出。

- ヒトの全遺伝子（20000種類）に対して
重要な因果関係を網羅的に抽出

従来技術では4000年かかっていた → 1日で完了

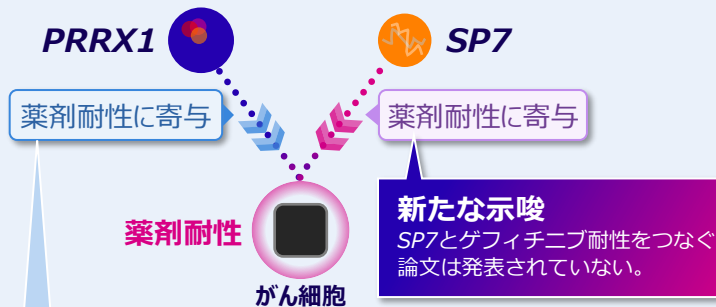
- 肺がんの治療薬として知られる「ゲフィチニブ」の
耐性獲得メカニズムに関して、
専門家が認める新仮説の抽出に成功

共同研究：東京医科歯科大）宮野先生



スーパーコンピュータ「富岳」成果創出加速プログラム
「大規模データ解析と人工知能技術によるがんの起源と多様性の解明」 研究代表

因果関係の仮説と新発見の可能性



既存の文献通り

PRRX1の上皮間葉転換(EMT)制御についてはいくつかの研究がある。EMTは肺がんにおけるゲフィチニブ耐性のメカニズムの一つであることが多くの研究で示唆されている。

Thank you

