

ToRA-SEED マッチングイベント AI・データサイエンスを用いた 医科学研究

川上 英良

千葉大学

国際高等研究基幹・教授

大学院医学研究院・人工知能(AI)医学・教授

治療学人工知能(AI)研究センター・センター長

未来粘膜ワクチン研究開発シナジー拠点(cSIMVa)・副拠点長

大阪大学

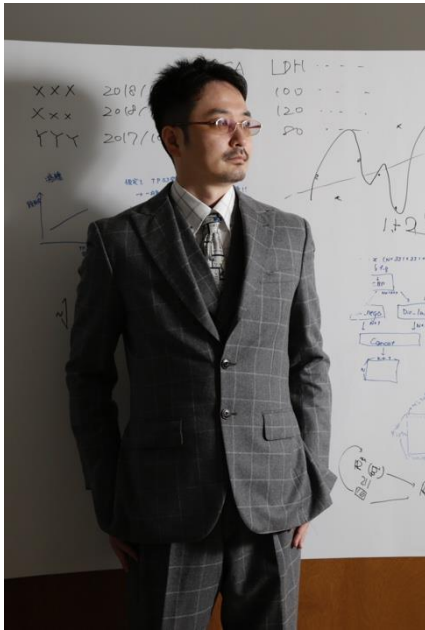
大学院医学系研究科・先端人工知能(AI)医学・教授

理化学研究所

数理創造研究センター・チームディレクター

生命医科学研究センター・チームディレクター

川上英良



千葉大学 大学院医学研究院 人工知能（AI）医学
理研 数理創造研究センター

大阪大学 大学院医学系研究科 先端人工知能（AI）医学



CREST



千葉大学大学院医学研究院
人工知能（AI）医学
Artificial Intelligence Medicine,
Graduate School of Medicine, Chiba University

2007年03月 東京大学・医学部医学科卒業
2007年06月 医師免許取得
2011年03月 東京大学・大学院医学研究科・博士課程修了
（指導教官：河岡義裕教授）
2011年03月 博士（医学）（東京大学）取得

システム生物学・機械学習・分子生物学・医学

データ駆動型アプローチ・機械学習・ネットワーク
バイオインフォマティクス・統計モデル

感染症・慢性疾患・がん

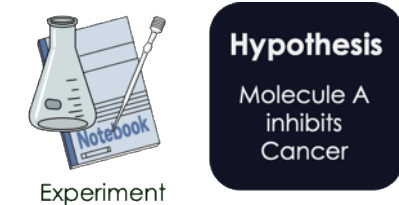
2011年04月～2013年09月
2013年10月～2016年06月
2016年07月～2017年09月
2017年10月～2021年03月
2019年06月～2021年03月
2021年02月～2024年03月
2021年04月～2025年03月
2019年01月～現在
2019年04月～現在
2022年04月～現在
2025年04月～現在
2025年04月～現在
2026年04月～現在

ERATO河岡感染宿主応答ネットワークプロジェクト 研究員
理化学研究所 統合生命医科学研究センター 特別研究員
理化学研究所 医科学イノベーション推進プログラム 上級研究員
同 健康医療データAI予測推論開発ユニット ユニットリーダー
同 健康データ数理推論チーム チームリーダー
JST CREST「コロナ基盤」領域 研究代表者
理化学研究所 情報統合本部 医療データ数理推論チーム チームリーダー
千葉大学 大学院医学研究院 人工知能（AI）医学 教授
千葉大学 医学研究院附属 治療学AI研究センターセンター長
千葉大学国際高等研究基幹 教授
理化学研究所 数理創造研究センター チームディレクター
理化学研究所生命医科学研究センター チームディレクター
大阪大学 大学院医学系研究科 先端人工知能（AI）医学 教授

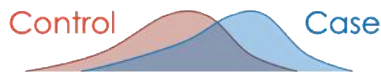
データ駆動型医学研究の発展

従来の仮説主導型
医学研究

基礎研究による仮説形成



バイオマーカー
治療標的の発見



大規模臨床試験
での統計的検証

少数の因子で説明
できる疾患には有効

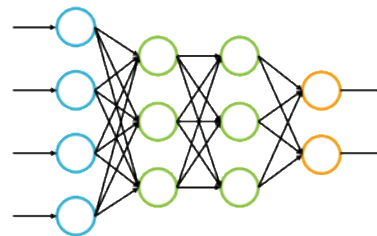
データ駆動型医学研究



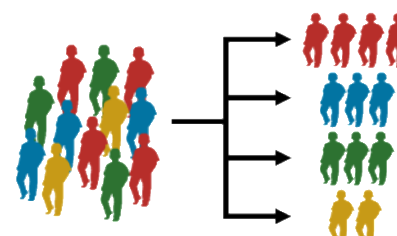
疾患の病態を反映する
様々なパラメータ
= **Deep Phenotype**
を取得、計測

そのままでは高次元、複雑すぎて人間に理解できない...

AI・機械学習によるデータ解析



次元圧縮・特徴選択



層別化

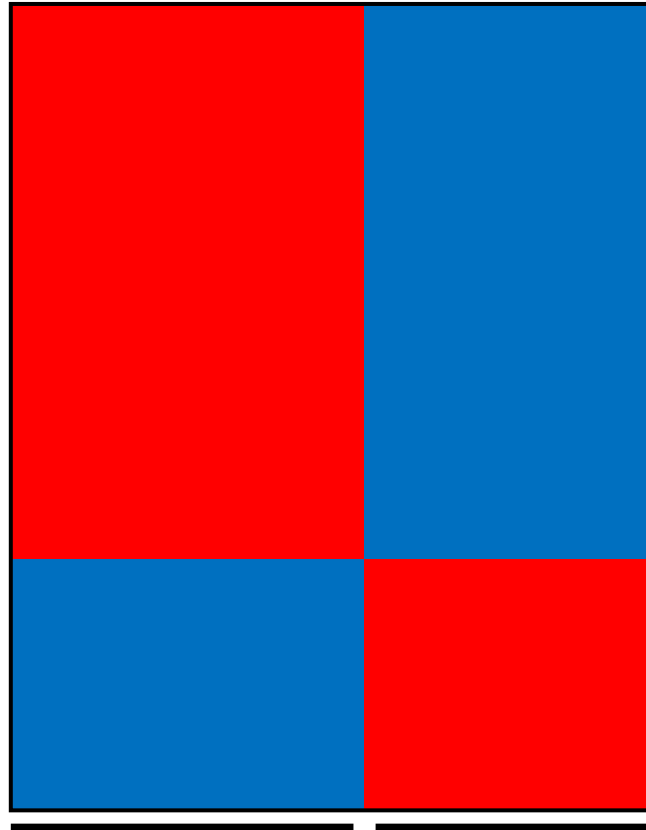


未来予測

データに基づく多因子疾患の再定義と個別化治療へ

不均一な臨床サンプル解析における課題

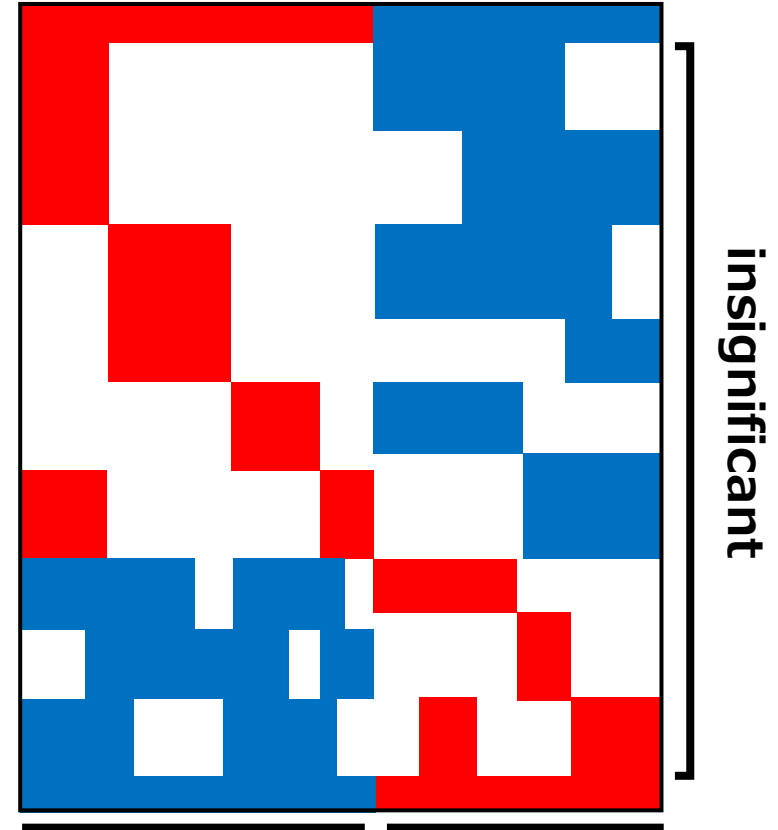
均一性が高いマウス実験データ



Mutant

Wild type

不均一なヒト臨床データ



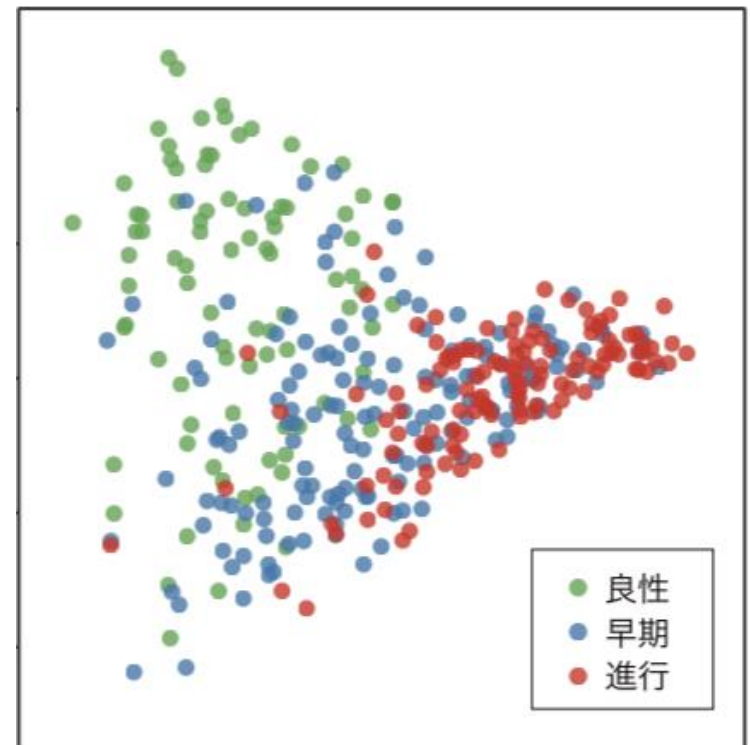
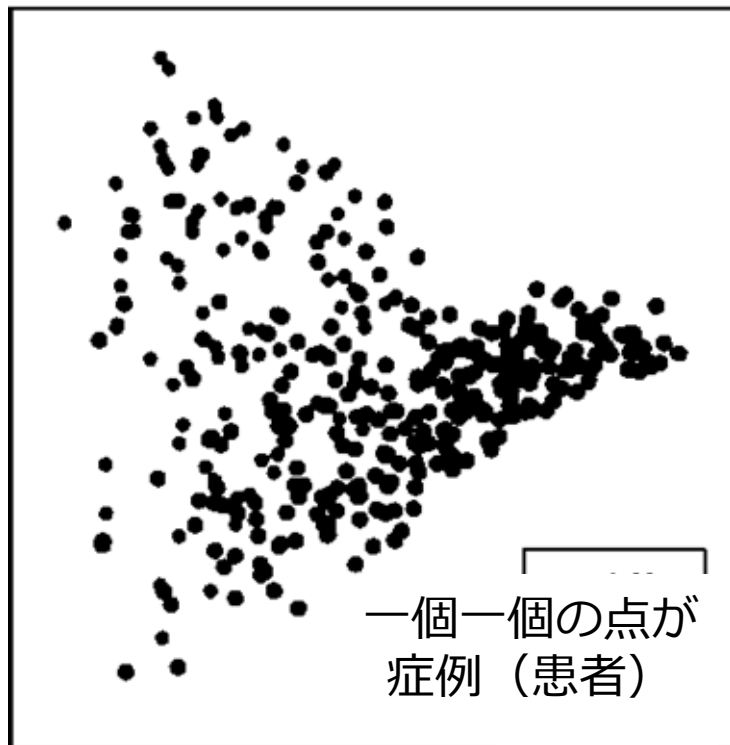
Disease

Healthy

単純な健康 vs 疾患という比較では、疾患に内在する不均一性を捉えられない

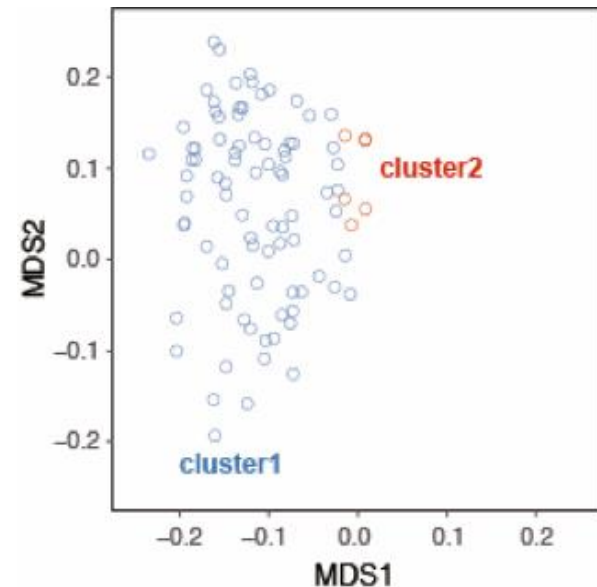
教師なし学習で 似た症例をグルーピング

- 血液検査パターンが似た症例が近くに来るように配置
- この時点ではどれが良性・早期・進行かは教えない
- 良性・早期・進行がどれか色をつけてみる

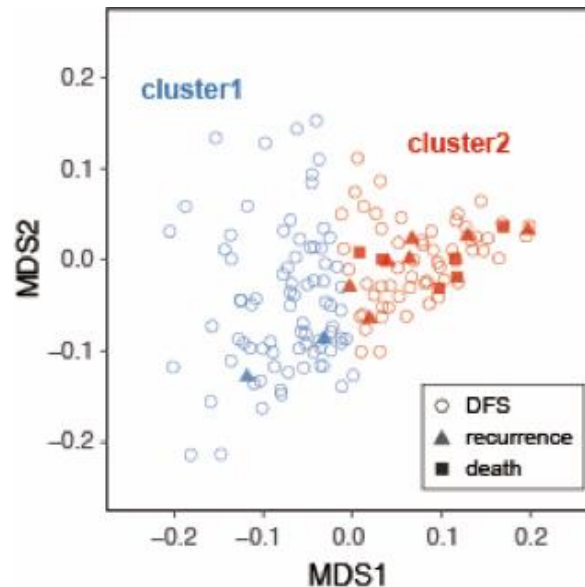


教師なし学習による 早期がん新分類の発見

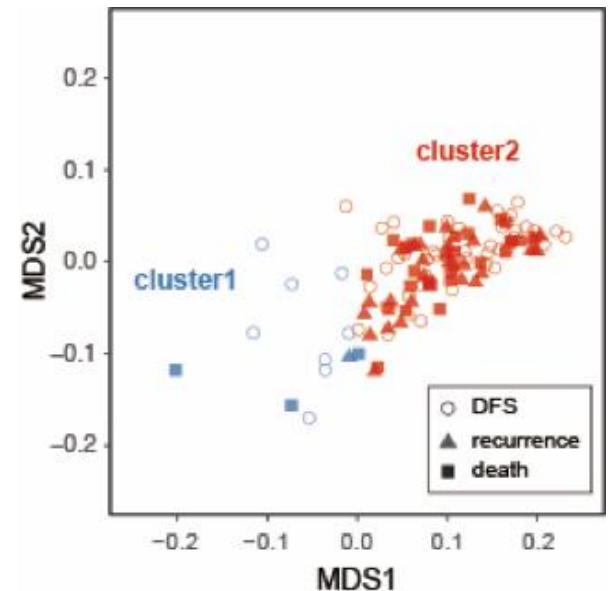
良性腫瘍



早期がん



進行がん



早期がん患者は2つの集団に大別される

集団1: 良性タイプ...5年以内にほとんど再発しない。死亡は0。

集団2: 進行がんタイプ...5年以内に1/4程度が再発か死亡。

Large-scale 1mm punch whole skin tissue biopsy

Atopic dermatitis 951 samples n=156

Psoriasis 36 samples n=18

Normal 49 samples n=26

Paired sampling

Lesion

Non-Lesion

Epidermis

Dermis

1mm

mRNA sequencing

Unsupervised decomposition analysis

12 Disease-associated Gene Clusters

Plasma

150 patients

24 patients

Cross-sectional analysis

Skin phenotype

Erythema

Induration

Excoriation

Lichenification

Disease severity

EASI

Plasma cytokine

CCL27

CCL20

GC1 barrier

GC2 (ECM organization)

GC3 (Type 2 response)

GC4 (Type 17 response)

GC5 (Type 1 response)

GC12 (IEG)

Longitudinal analysis

Dupilumab

pretreatment skin mRNA and treatment outcome

ECM GC

Type17 GC

IEG GC

CCL20

Lesion

Non-Lesion

Plasma

Stratified time-course analysis (6 months)

Early (+++) Intermediate (++) Poor (+)

Type2 GC

Type17 GC

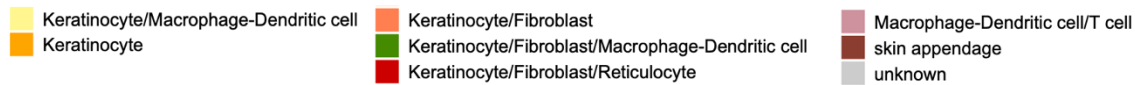
Time 6 months

Lesion

Non-Lesion

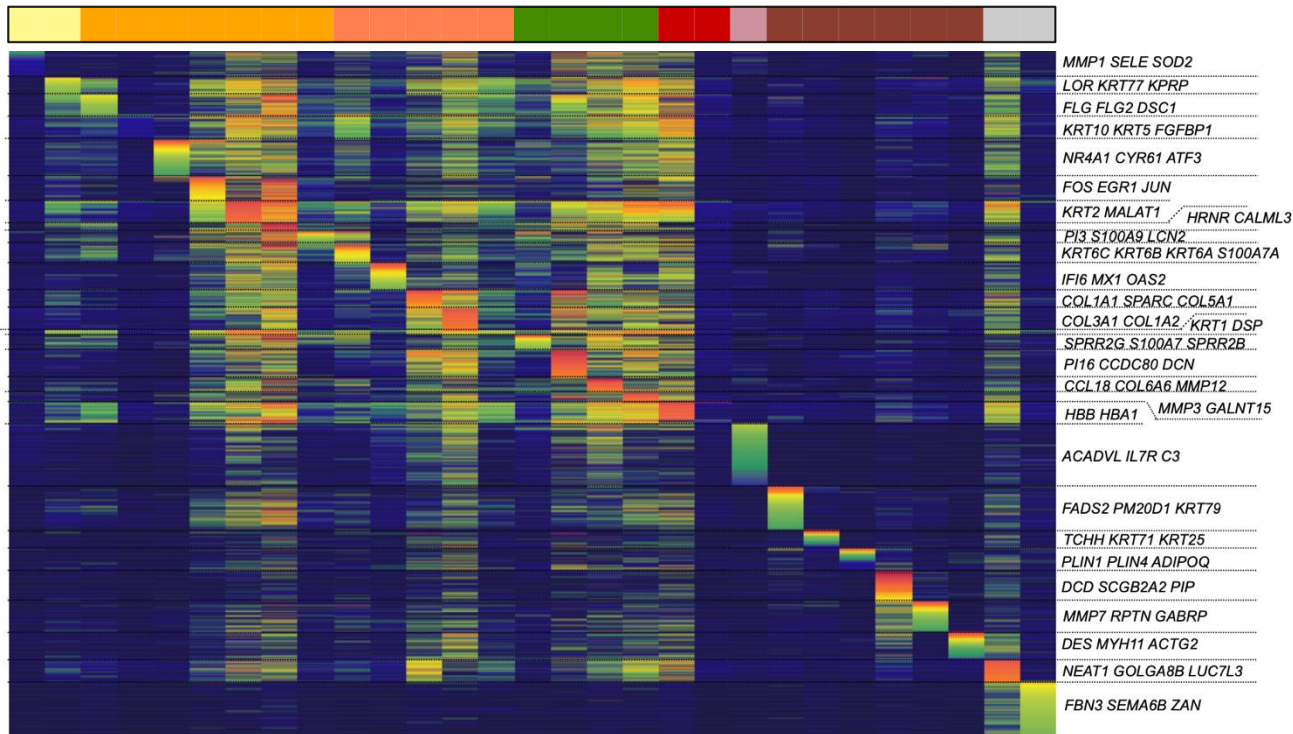
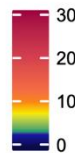
Long-term personal monitoring (1 year~)

非負値行列因子分解を用いた 皮膚トランスクリプトームの成分抽出

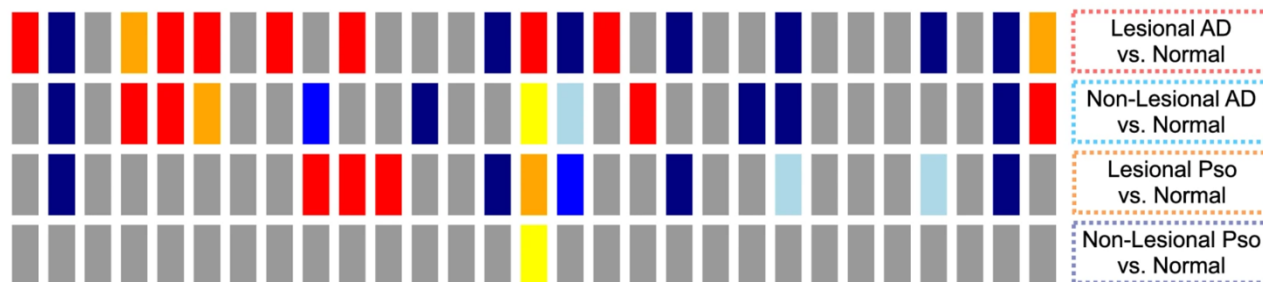
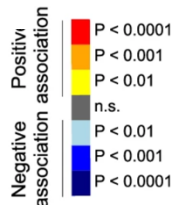


対応する
細胞種

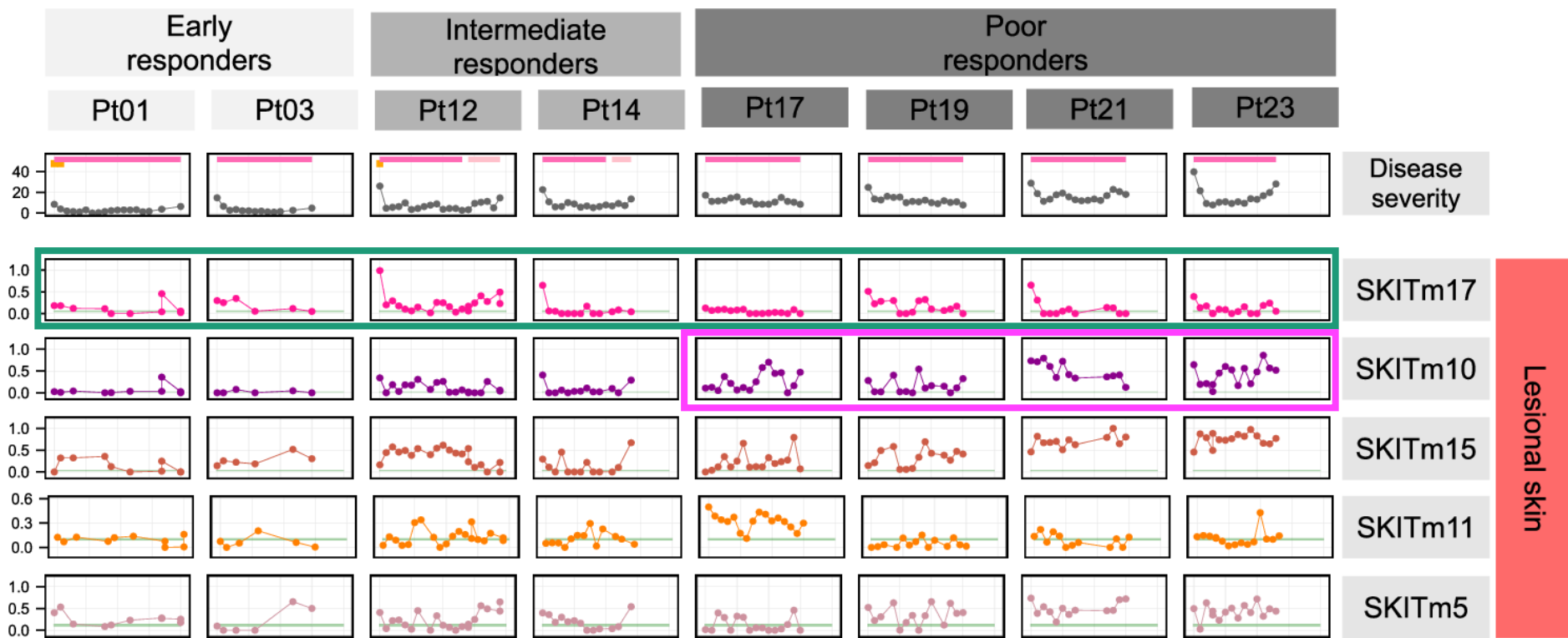
Gene weights



疾患との対応

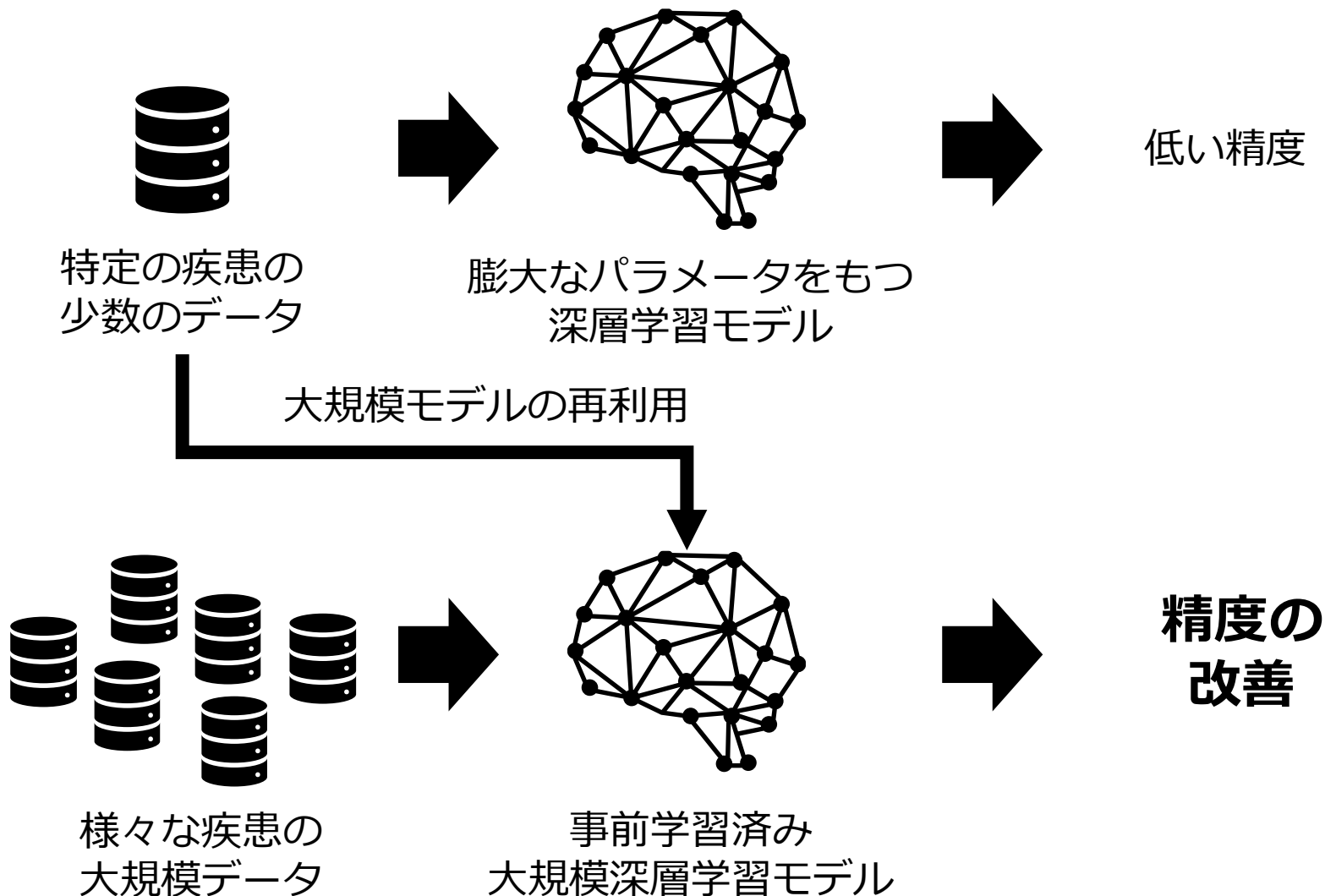


Dupilumabの反応性が悪い集団では type17応答関連遺伝子が高発現し続ける



Dupilumab (IL-4受容体アンタゴニスト) の反応性が悪い集団では、**type 2**応答に対応する遺伝子群 (SKITm17) は低下しているが、**type 17**応答関連遺伝子群 (SKITm10) が高発現しつづけている

大規模モデルの利活用



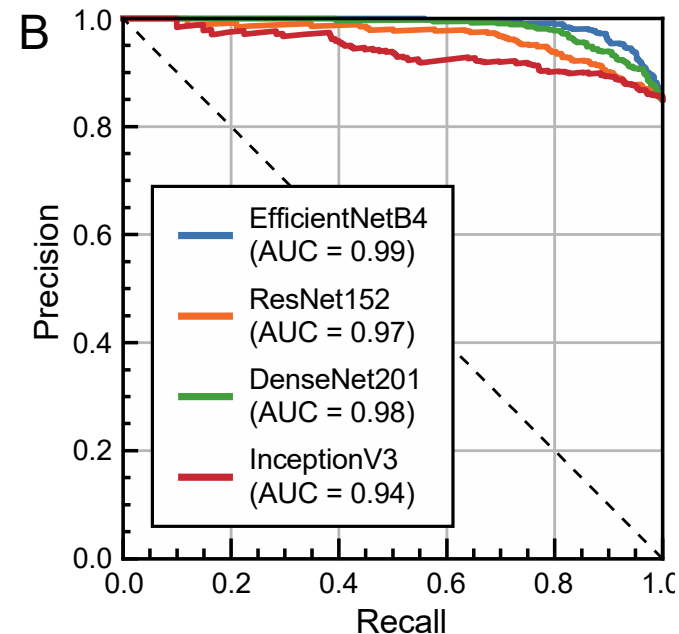
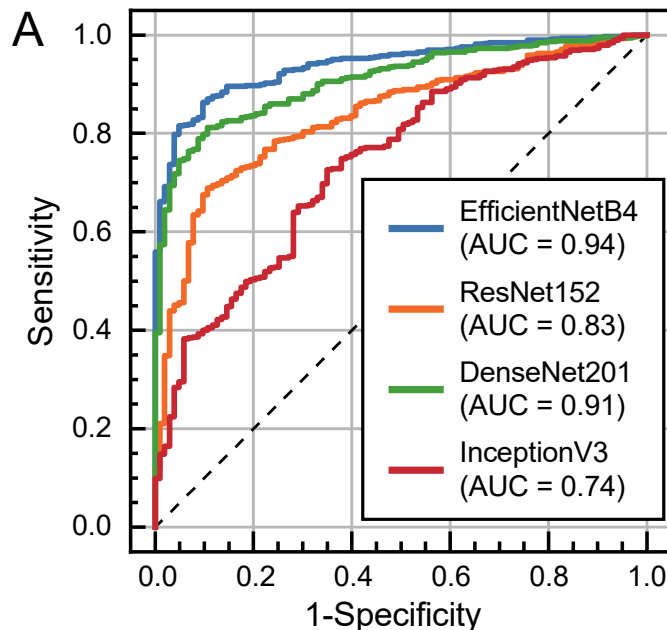
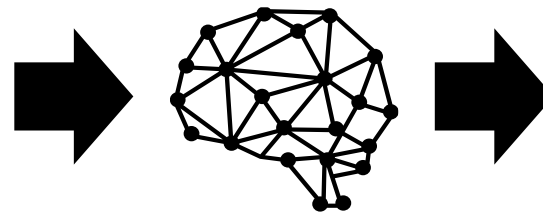
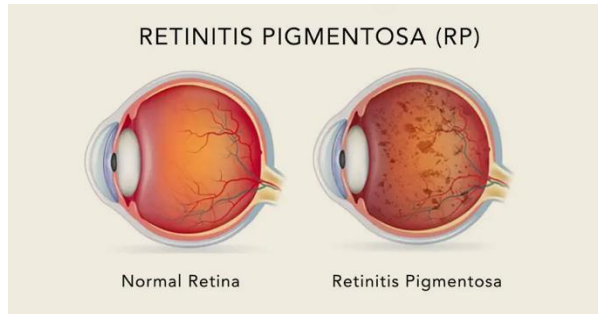
演者作成

大規模眼底画像モデルを再利用した 網膜色素変性（RP）診断

Nagai, Homma et al.
NPJ Digital Medicine
2026

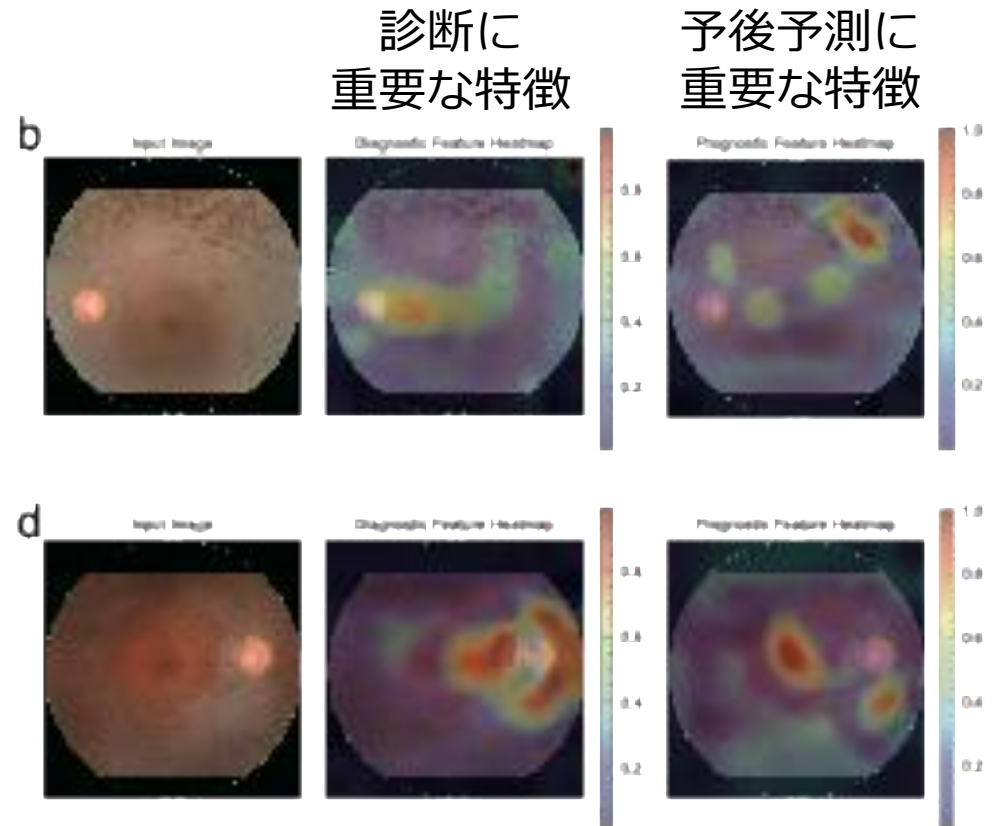
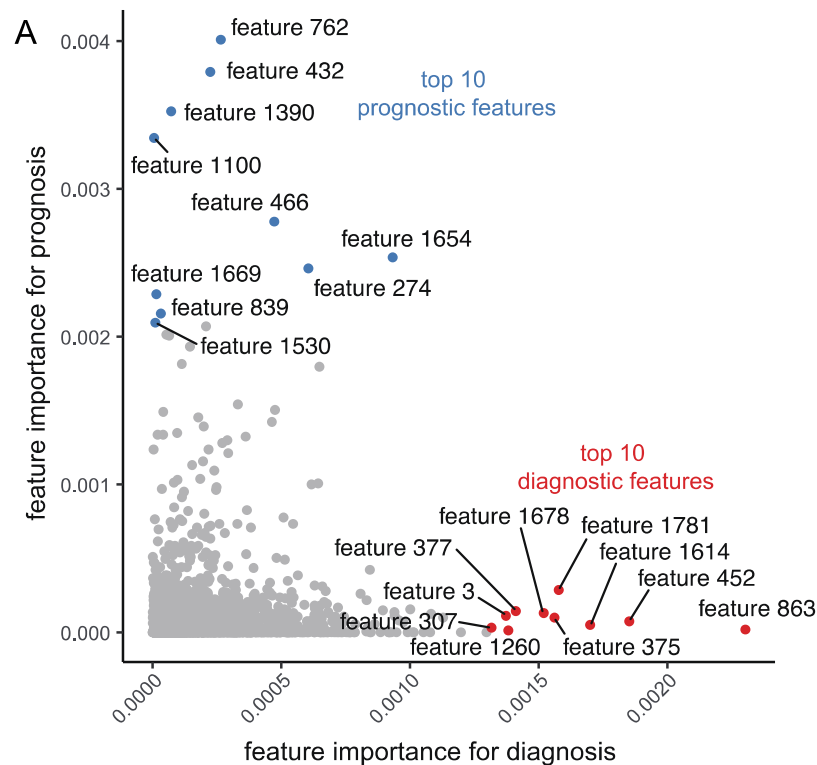
数千症例の眼底画像データで事前学習されたモデル

網膜色素変性の診断精度を評価



RPの診断に重要な特徴と予後に重要な特徴の間にはほとんど重なりがない

Nagai, Homma et al.
NPJ Digital Medicine 2026

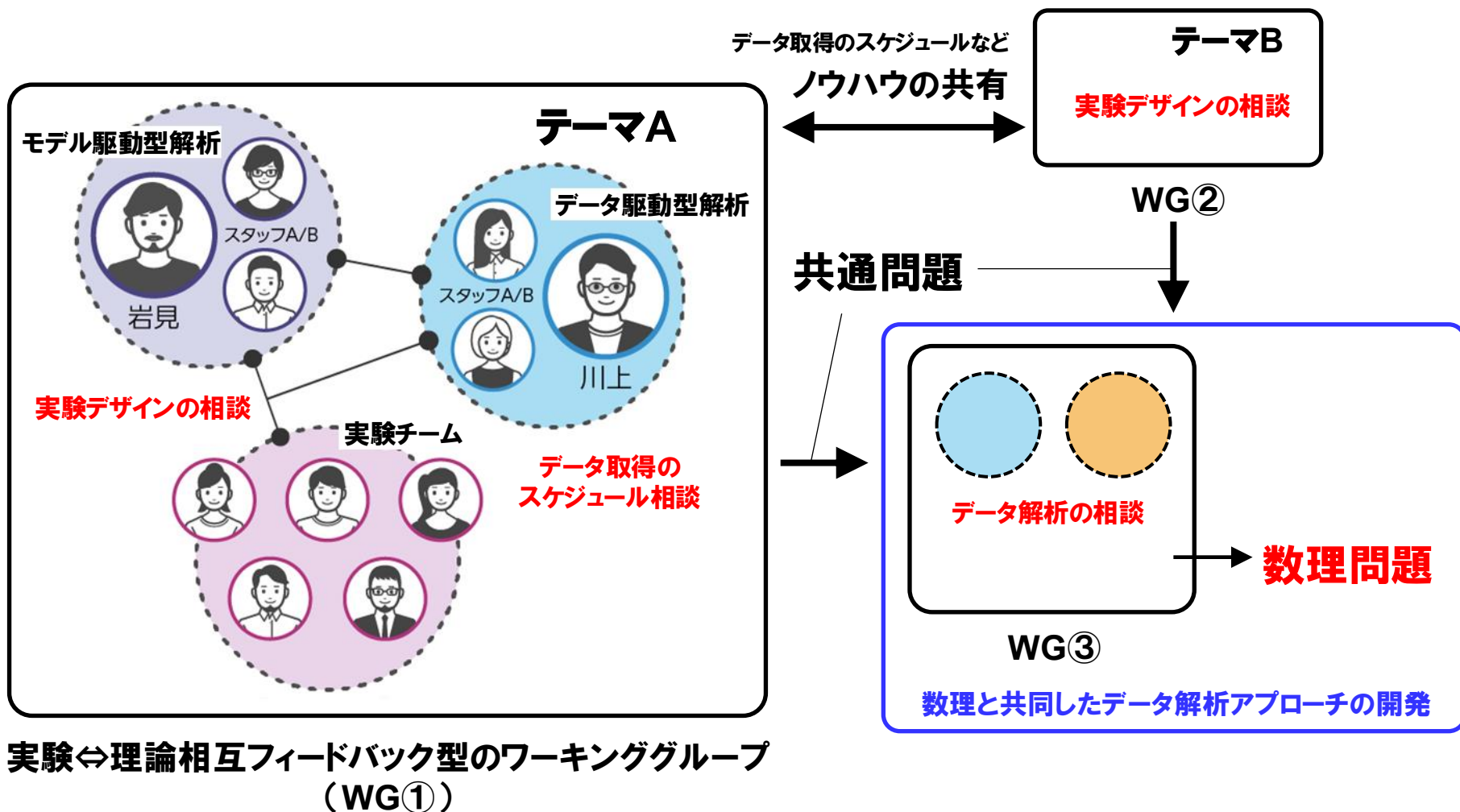


予後予測に重要な特徴は黄斑部と血管の周囲に集まっていた

AIの医学・医療への応用に向けて

- 疾患の適切な層別化により、不均一なメカニズムの解明や**高精度な個別予測・介入**につながることを期待される
- データ駆動型アプローチにより、従来の専門家の直感に依存しない、**個別化された意思決定**が可能になりつつある
- 大規模な基盤モデルを活用することで、**症例数が比較的少ない疾患やタスク**であっても、正確な予測を行うことができる
- 日本の食習慣や遺伝的特性**を含む基盤モデルの開発と活用が望まれる
- 今後は、**AIを用いて健康と疾患を捉え直し**、早期介入に向けた体制構築が重要

Adaptive WGによる異分野融合研究の加速



テーマごとに機動力のある小規模なWGを作り、WGの融合・分離を繰り返し目標を達成する