

研究報告書

「遺伝子解析と人工知能技術を用いたパーソナルゲノム情報環境の提案と評価」

研究タイプ: 大挑戦型(※大挑戦型課題として延長無/増額無)

研究期間: 平成 22 年 10 月～平成 28 年 3 月

研究者: 城戸 隆

1. 研究のねらい

遺伝子解析技術の急速な進展により、個人のゲノム情報から病気のリスクが予測出来るパーソナルゲノム時代が到来しつつある。遺伝子の個人差を医療に生かすオーダーメイド医療を実現していくためには、遺伝子情報をもたらす新たな情報環境と人とのインタラクションの理解が本質的である。本研究では遺伝子解析と人工知能技術に基づく画期的な遺伝子情報サービスの基盤技術構築を目指す。特にレイティングシステムによって蓄積された個人属性と遺伝子情報との関連性をもとに、より信頼性の高い遺伝子リスクを予測するための計算モデルを構築し、さらに個人のゲノム情報が人々に与える影響を評価する。個人のゲノム情報から病気のリスクや個性を予測し、病気の原因解明や、新たな科学発見につながる技術である。

2. 研究成果

(1) 概要

本研究では、パーソナルデータと個人の遺伝子変異との関連性を解析し、病気のリスクや認知・行動特性を予測する「パーソナルゲノム情報環境」(図1)を提案した。(学会発表 1) (特許 1) (論文 2, 6, 7) また本提案を実現するための基盤技術と「人がどう感じるか」に関する評価研究を行った。これまでに得られた研究成果は以下の3点にまとめられる。

(1) 疾患リスク予測の信頼性を高めるための評価指標体系と数理モデルの構築

遺伝子の個人差に基づく疾患リスク予測は、予測精度の信頼性や結果の解釈が大きな課題で、これまで予測結果の信頼性を、客観的に評価する基準は確立されていなかった。そこで我々はパーソナルゲノムによる予測能力が、どのような項目でどの程度期待できるのかを理論的、実証的、体系的に評価し、予測に重要な影響を与える4つの指標を見出した。先行研究(Nature, Oct 2009)では主に欧米人を対象にしていたが、我々は、人種差によって疾患リスクは大きく変わってくることを示し、日本人のリスク予測の一致率の程度や各手法のリスク予測差の定量化に成功した。また我々は、疾患リスク予測に数理解釈を与えるために疾患リスク予測の数理モデルを構築し、人種差が生じやすい領域を定量的に可視化する方法を開発した。更に我々は多因子疾患のパーソナルゲノム医療の科学的根拠をより高めるため、既知の疾患関連解析におけるリスクアレル頻度分布を解析し、遺伝統計学上の新たな知見を得た。

(2) パーソナルゲノム情報の社会心理学的評価

パーソナルゲノム情報にはどんなものがあり、それが人にどう影響を与えるかを体系的に調べた研究は数少ない。遺伝子リスクに関する知識が、異なる背景の人に、どのようにして伝わるかを明らかにしていくことは重要なテーマである。我々は、4000名規模のWeb社会意識調査を過去4年間にわたり実施し、倫理問題を含む100項目以上の課題を作成し調査結果をデータベース化した。同時に、伝え方の影響を評価するためのコンテンツを開発した。分析の結果、遺伝子検査として最もニーズが大きいのは、「アルツハイマー病」になるリスクであること、遺伝子リスクの伝え方により、人々がとりうる行動パターンに変化が生じること等を見出した。

(3) 「コミュニティコンピューティングによる科学発見」を目指す情報環境の提案と試作

我々は、「人に気づきを与える情報環境」の実現を目指し、パーソナルデータと個人の遺伝子変異との関連性を解析し、病気のリスクや認知・行動特性を予測するパーソナルゲノム情報環境（特許1）を提案した。我々の提案の従来モデルとは異なる特徴は、(1) 我々の食生活、睡眠、仕事のスタイル、時間の使い方、ソーシャルなインタラクションや趣向や好みなどを知的エージェントが観測し解析することにより、我々の日々の物理的、化学的、心的なストレスをモニタリングし自己発見を促す情報環境であり、(2) 自発的な参加者によって参加型コミュニティ（Crowd Sourcingによる）を形成し科学データの収集、解析、ツール開発を行いながら科学発見を目指す仕組みを有することである。我々は、セルフトラッキングデータの取得、統合、可視化を支援するソフトウェア「MyFinder」を開発し、参加型のオンラインコミュニティを作り、科学発見を目指す複数のプロトタイププロジェクトを遂行し、候補遺伝子変異との関連性を報告した。

本研究成果は人工知能及び遺伝子解析の学術領域で、1件の海外ジャーナル誌、3件の国内論文誌、5件の国際会議論文誌に掲載され、国内外での依頼講演も6件行っている。提案した研究フレームワークは、AAAI 国際会議や Quantified Self コミュニティの場などにおいても国際的な注目を得ている他、複合領域にまたがる新たな学際領域の開拓につながっている。（国際会議主催 1,2,3,4,5）（論文誌特集 1,2,3）同時に啓発活動として、パーソナルゲノムに関する一般向けの本を出版し（著作物1）、日米において参加型の市民科学のコミュニティの立ち上げを推進するなど、一般雑誌（一般雑誌1）などでも取材記事として紹介されている。

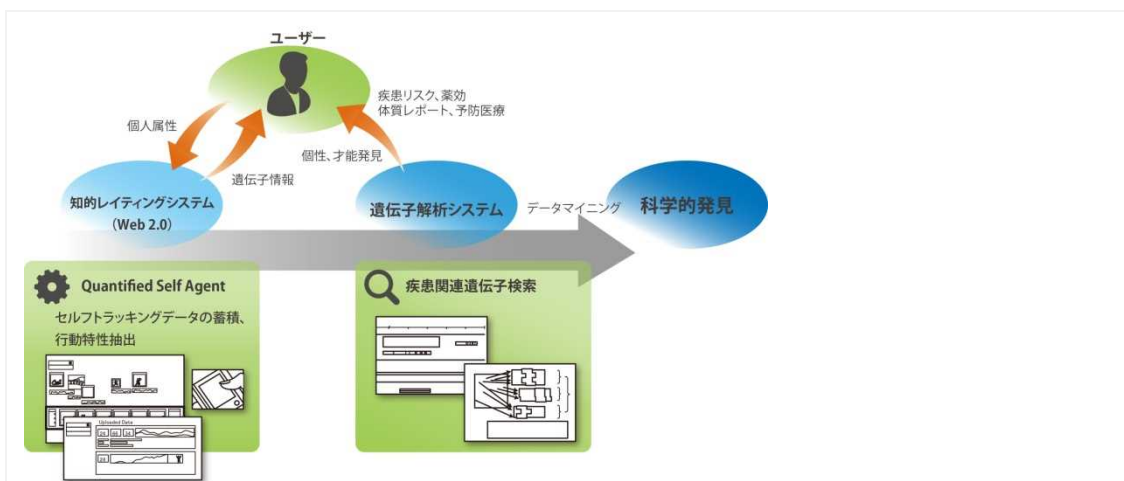


図1 パーソナルゲノム情報環境「MyFinder」の提案 [特願 2012-067762]

(2) 詳細

(1) 疾患リスク予測の信頼性を高めるための評価指標体系と数理モデルの構築

本研究の動機の一つは、パーソナルゲノム情報の質(例えば、疾患リスクの予測)を評価する客観的で体系的な指標を開拓していくことである。これは、1998年当時、Laurence らが、Web検索エンジンの性能評価を行った研究が Science 誌に発表され、Google のその後の飛躍にも貢献したことから着想を得ている。我々は、当時の「Web 検索」領域と現在の「パーソナルゲノム」領域は類似した状況にあると捉えており、パーソナルゲノムの分野で、Laurence らが行ったような貢献をしていくことを目指している。

遺伝子の個人差に基づく疾患リスク予測は有望な技術だが、予測精度の信頼性や結果の解釈が大きな課題で、現状では予測結果の信頼性を、客観的に評価する基準は確立されていない。

Venter らの先行研究(Nature, Oct 2009)で示されているように、現在の疾患のリスク予測には様々な不整合がある。また、人種差によっても疾患リスクは大きく変わってくる。そこで我々はパーソナルゲノムによる予測能力が、どのような項目でどの程度期待できるのかを理論的、実証的、体系的に評価することを目的とし、下記の解析を行った。

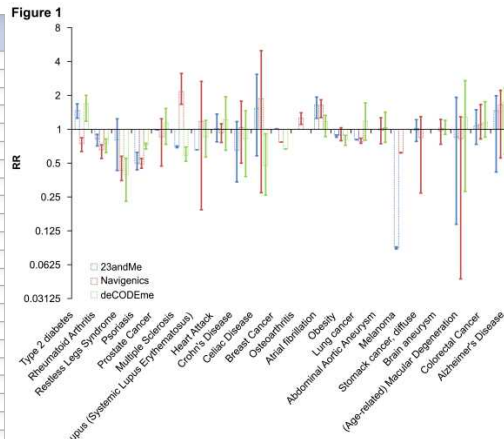
- ① 現状の疾患リスク予測の体系的で定量的な比較評価
- ② リスク予測結果に差が生じる原因の解析
- ③ 疾患リスク予測能力を評価するための理論的分析

(a) 疾患リスク予測手法の比較評価。

①と②に関して、パーソナルゲノムサービス3社の 22 疾患について、日本人3名の疾患リスク予測結果を比較解析した論文が国際ジャーナル誌に採択された。(論文 1) (学会発表 2)

図3に、比較解析結果の一部を示す。我々は客観的で体系的な評価手法を用いて、疾患を発症するリスクについての全体の傾向は一致している($\kappa=0.58$)ものの、22のうち8疾患ではリスクが逆転していることを報告した。(図 1a)

	A			B			C			Ethnicity
	23	N	D	23	N	D	23	N	D	
Type 2 diabetes	↑	↓	↑	↑	↓	↑	↑	↓	↑	23andMe, deCODEme are customized for East Asian
Rheumatoid arthritis	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	23andMe, deCODEme are customized for East Asian
Restless legs syndrome	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	
Poisoning	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	deCODEme is customized for East Asian
Prostate cancer	=	↑	↑	NA	NA	↑	=	↓	↓	23andMe, deCODEme are customized for East Asian
Multiple sclerosis	↓	↑	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	
Lupus (systemic lupus erythematosus)	NA	↑	↑	↓	↓	↓	NA	↓	↓	
Heart attack	↓	↓	-	↑	↑	↑	↓	↓	↓	deCODEme is customized for East Asian
Crohn's disease	↓	↓	↓	↑	↑	↑	↓	↓	↓	
Celiac disease	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↑	↑	↓	
Breast cancer	NA	NA	NA	=	↓	↓	NA	NA	NA	
Osteoarthritis	NA	↑	NA	NA	↑	NA	NA	↑	NA	
Atrial fibrillation	↑	↑	↓	↑	↑	↑	↑	↑	↑	deCODEme is customized for East Asian
Obesity	↓	↓	↓	↓	=	↓	↓	↓	↓	
Lung cancer	↓	↓	=	↓	↓	↓	↓	↓	↓	deCODEme is customized for East Asian
Abdominal aortic aneurysm	NA	↓	NA	↑	↑	NA	↓	↓	↓	23andMe is customized for East Asian
Melanoma	↓	↓	NA	↓	↓	↓	NA	↓	↓	
Stomach cancer, diffuse	↓	=	NA	=	↑	NA	↑	↓	NA	23andMe is customized for East Asian
Brain aneurysm	NA	=	↓	NA	↑	↑	NA	↓	↓	deCODEme is customized for East Asian
Age-related macular degeneration	↓	↑	↓	↓	↓	↓	↑	↑	↑	deCODEme is customized for East Asian
Colorectal cancer	↑	↑	↑	↓	↓	↓	=	↓	↓	23andMe, deCODEme are customized for East Asian
Alzheimer's disease	↑	↑	↑	↑	↑	↑	↓	↓	↓	deCODEme is customized for East Asian



(a) 22 疾患のリスク予測結果の一致率

(b) 22 疾患のリスク予測値 (RR) の分布

図 2 パーソナルゲノムを用いた日本人における疾患リスク予測の比較評価

この論文において我々は、日本人のリスク予測の一致率の程度や各手法のリスク予測差の定量化に成功し、予測差が生じるメカニズムに関する重要な知見を得た。予測結果に影響を与える要因として、(1) SNP 選択、(2) 平均リスク疾患リスクの推定、(3) 疾患リスク予測アルゴリズム、(4) 人種差の影響の4つの指標が大きいことを数値的に示した。また22疾患において、3社で共通して用いられた SNP は 7.1% のみで、予測に大きな影響を与えるコア SNP を東アジア人で整備していくことが日本人の疾患リスク予測精度を高める上で重要であることを論じた。さらに、我々は③の数理モデルの構築とパーソナルゲノムの新たな指標を用いた疾患や人種差の特徴づけに関する理論的考察を進め下記の成果を得た。

(b) 予測の信頼性を高めるための統計数理的エビデンスと進化的洞察。

この研究は、日本人類遺伝学会第60回大会の大会賞の候補として、365件中5件に選ばれた。これまでに、ゲノムワイド関連解析(GWAS)によって 17000 以上の遺伝子変異と疾患との関連性が報告されている。単一遺伝子疾患とは異なり、多因子疾患では複数の遺伝要因や環境要因が相互に複雑な影響を及ぼしあうことで発症に至る。我々は、多因子疾患のパーソナルゲノム医療の科学的根拠をより高めるため、多因子疾患の既知の疾患関連解析におけるリスクアレル頻度分布の解析を行った。その結果、特に、マイナーリスクアレル頻度が0.1未満の時に、マイナーアレルがリスクアレルとなる傾向が高くなることを見出し、その理由として、GWAS研究のバイアスと進化的理由の両方が考えられることを数理統計的に示した(学会発表 9)。リスクアレル頻度が低い疾患(近視や心突然死など)は、原始時代であれば生死に関わるものが多い一方で、リスクアレル頻度が高い疾患(統合失調症、アルツハイマー病など)は、生活習慣病や精神疾患などの現代病が多い。これらの疾患は、比較的最近の環境変化のため、かつては環境に対して有利、あるいは中立の遺伝的変異(アレル)が、現代の環境では有害に作

用し、リスクアレルとなっている可能性を論じた。(論文投稿準備中)

(c) リスク場を用いた疾患リスクの人種差評価。

疾患リスクに人種差があることは知られているが、疾患関連 SNPs のリスクアレル頻度(p)、リスクアレル数、オッズ比(r)と人種差への影響の程度を定量的に評価した研究はなされていなかった。我々は、リスクアレル頻度(p)、有病率(q)、オッズ比(r)の関係性を数理モデル化し、物理学における「電磁場」のようなアイデアを遺伝統計学に適用した「リスク場」の概念を提案した。リスク場を用いると、様々な要因による差が比較可能な一つの間を作る事が出来る。このリスク場の概念を用いることによって、疾患リスクの人種差が生じやすい領域と生じにくい領域を可視化する方法を開発した(学会発表 8)。

(2) パーソナルゲノム情報の社会心理学的評価

パーソナルゲノム情報にはどのようなものがあり、それが人にどのような影響を与えるかを体系的に調べた研究は数少ない。例えば、遺伝子解析結果の解釈の適切な伝え方は、心理的・文化的・宗教的背景にも関わってくる。遺伝子リスクに関する知識が、異なる背景の人に、どのように伝わるかを明らかにしていくことは、パーソナルゲノム時代を迎えるにあたり重要なテーマの一つである。多様な意見や価値観を集約するために、我々は倫理問題を含むテーマを設定し、合計で約100項目にわたる社会意識調査項目を作成した。またその質問項目をもとに、大学の授業やフォーカスグループのディスカッションなどを行った。更に、それらの回答などをもとに、4000名規模の Web 社会意識調査を過去4年間にわたり実施した。同時に、伝え方の影響を評価するためのコンテンツも開発した。(学会発表 3, 5, 6)

例えば、各国の有識者の間でもパーソナルゲノムサービス(PGS)に肯定的で推進する立場と、規制すべきという立場に分かれるが、我々はこれらの意思決定に影響を与える統計分析や米国先行研究との比較を行った(学会発表 6)。2012年3月時点で、日本人のパーソナルゲノムサービスの利用率は1.5%、関心度は40.6%で米国(6%, 64% [2009])よりも低かった。また PGS の高関心層は、健康意識の高い層、遺伝子への興味関心が高い層、20代の若い層、ネットユーザー層などで高い傾向があった。子供の才能検査は一般的な関心は高くないが、高関心層(4%)もあった。PGS の低関心層の主な理由は「信頼できる結果を得られるとは思わない」(34.3%)、「価格が高い」(34.1%)、「得られる情報が自分にとって役立つとは思えない」(30.4%)、プライバシーの保護や個人情報の保護(23.9%)への不安などがあった。遺伝子検査として最もニーズが大きいのは、「アルツハイマー病」になるリスクであった。(学会発表 6)

またある疾患になる確率を伝えられたとき、そのリスクの伝え方により、人々がとりうる行動パターンに変化が生じることを見出した。(学会発表 10, 11)人間は確率を直観的に知覚することが苦手であり、情報の伝え方によっても意思決定が変わる傾向がある。我々の日本人4千名を対象にした社会意識調査では、「乳がんになる確率が87%」と伝えられた群と「乳がんにならない確率が13%のみ」と伝えられた群では、前者の方が手術を受けようと思う人の割合が有意に増加(4.9%→7.2%; $p < 0.0001$)するという結果が得られた。4種類の伝え方と10種類の疾患について比較調査した結果、最も行動変容につながりやすいのは、「平均よりN倍のリスクが

あります」のように、相対リスクのみを伝える方法で、逆に、「疾患リスクは X%です」と絶対リスクのみを伝える方法が最も行動変容につながりにくいということ分かった。

(3) 「コミュニティコンピューティングによる科学発見」を目指す情報環境の提案と試作

パーソナルゲノム情報環境「MyFinder」の構想は人工知能における知的エージェントの概念と、生命医科学におけるパーソナルゲノム研究を融合させるものである。(学会発表 1) (特許出願 1) (論文 2, 6, 7) 近年のパーソナルゲノム研究が、主に疾患リスクや薬剤応答性といったオーダーメイド医療の実現に主眼をおいているのに対し、MyFinder では現代の急速なライフスタイルの変化が、心身にどのような進化的影響を与えているのかなど、ウェルネスや精神医学、行動科学などの側面も重視している点が異なる。(論文 2) MyFinder 構想では、「人に気づきを与える情報環境」の実現を目指し、我々の食生活、睡眠、仕事のスタイル、時間の使い方、ソーシャルなインタラクションや趣向や好みなどを日々、知的エージェントが観測し解析することにより、我々の日々の物理的、化学的、心的なストレスをモニタリングしていく。この目的を遂行するために、セルフトラッキングデータの取得、統合、可視化を支援するソフトウェアを開発し、自分自身の遺伝子データ、及び様々なセルフトラッキングデータを用いて図3に示すような項目の評価を行ってきた。(講演 2,3,4)

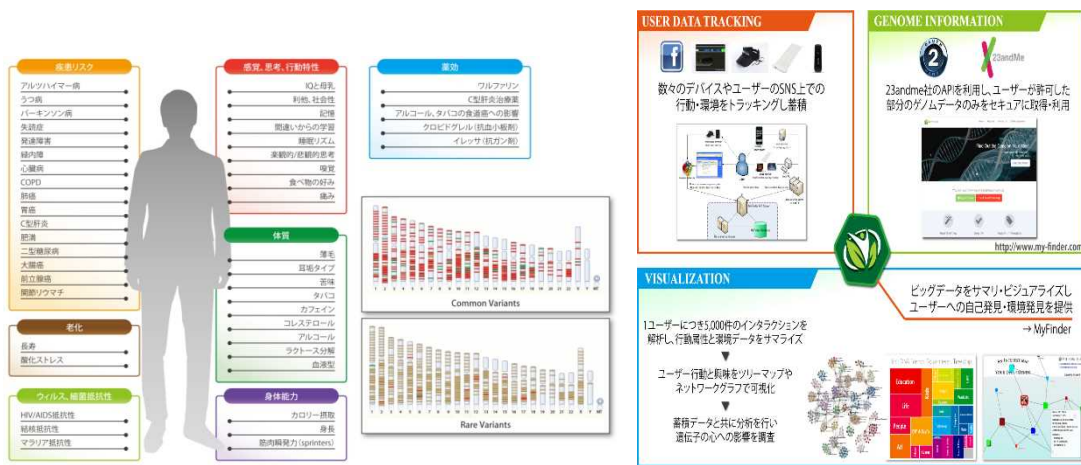


図3 パーソナルゲノムデータの解析と評価(左図)とセルフトラッキングシステム(右図)

MyFinder 構想では、「コミュニティコンピューティングによる科学発見」を目指しており、我々が Citizen Science とよんでいる様々なプロジェクトを遂行してきた。Citizen Science は、従来の学会などの専門家コミュニティとは異なり、自発的な参加者によって参加型コミュニティ(その多くは Crowd Sourcing による)を形成し科学データの収集、解析、ツール開発を行っていく研究フレームワークで、情報技術を用いて新しい発想や集合知、メッセージを社会に発信する社会運動としても捉えることも出来る。Quantified Self(QS)は 2010 年前後に米国シリコンバレーを中心に始まったライフログ/ヘルスケアを中心とした参加型コミュニティであるが、我々は 2012 年より QS Tokyo を立ち上げ、過去に 9 回の Meet up を主催してきた。また、我々は、メタボリック(糖

尿病などの生活習慣病の予防)、睡眠、利他心(認知特性や性格)といったテーマのプロジェクトに注力し、参加型のオンラインコミュニティを作り、科学発見を目指すプロトタイププロジェクトを進めている。(論文 3,4,5,6,7,8,9) これらのプロジェクトを通して、予備的な結果ではあるが、MTHFR 遺伝子多型によるビタミン剤の効果予測(論文 3)、OXTR 遺伝子多型と楽観性/悲観性傾向との有意な関連(論文 4)、DRD2 遺伝子多型と損失回避傾向との有意な関連(論文 6)を見出した。

3. 今後の展開

本研究の今後の展開としては2つの方向がある。一つは疾患リスク予測などに関わる遺伝子解析技術の開発と応用である。パーソナルゲノム医療の科学的根拠を高めていくには、不確実性や多様性を前提とした確率的理解が重要となる。パーソナルゲノムのリスクを正しく推定し、個人にとっての意味を適切に解釈していくための評価指標体系の構築は非常に重要なテーマである。また予測率を高めるだけでなく、その医学的根拠を客観的に示す技術も重要である。

もう一つは「人に気づきをもたらす情報環境」に関わる人工知能技術の開発である。MyFinder 構想が究極的に目指すのは、知的エージェントが、人の無意識の行動や状態を見守り、人の「気づき」(無意識下の行動を意識化するプロセス)を支援していくことである。これは、知的エージェントが、人間の無意識のシグナルを読み取り、そこからパターンを見出し、そのパターンからモデルを構築し、そのモデルをもとに予測し、適切なタイミングでその予測を人間に提示し、人間からの対話的なフィードバックを受けてそのモデルを修正し続けていくことを意味する。今後の重要な工学的課題の一つに「適切な対話的フィードバックを行う推論エンジン」がある。このような推論エンジンを実現するには、人間の認知の仕組みを理解し、その仕組みを計算モデルとして表現していくことが重要となると考えている。

4. 評価

(1) 自己評価

(研究者)

「疾患リスク予測」に関して議論を深め、パーソナルゲノム医療の科学的根拠を高める学術的成果が得られた点、MyFinder 構想を提案し特許や論文として大枠を示すことが出来た点では当初の目標を達成したと考える。一方で、「人がどう感じるか」に関する学術的成果の活用や「コミュニティコンピューティングによる科学発見」で目指した社会的インパクトのあるMyFinder 構想の実装は、まだ課題が多く当初目標通りではない。設定したテーマが非常に大きい課題であり、当初想定していなかった新たな視点や問題意識の気づきもあり、さきがけ期間中にどこまでの成果が上がるか想定しにくかったがアドバイザーの先生方や領域内の協力者の皆様のフィードバックはとて刺激になり、研究助成を受けなかったら出来なかったであろう部分まで進めることが出来た。特に協力者とともに新しい研究領域の開拓に向けて AAI 国際会議を5年にわたり主催し2014年には最大の参加者数を集めたことはさきがけの領域連携

にも貢献できたと考えている。一般向けに本を出版したこと、スタンフォードを始めとするグローバルな研究協力を得ながら、Quantified Self(QS)のような参加型コミュニティを立ち上げてきた点は、まだ社会に画期的なインパクトを与えるまでには至っていないとの認識であるが、今後の飛躍にむけて大きな財産になるものと考えている。

(2) 研究総括評価(本研究課題について、研究期間中に実施された、年2回の領域会議での評価フィードバックを踏まえつつ、以下の通り、事後評価を行った)。

(研究総括)

本研究は、到来するパーソナルゲノム時代を先取りし、遺伝子情報がもたらす新たな情報環境の構築と、人々に与える影響を研究したものである。申請当時、将来の展開を予測することが難しかったパーソナルゲノムに果敢に取り組んだこと自体、リスクを取った研究として評価できる。研究成果は大きく2つに別れる。一つは、遺伝子情報環境構築のための疾患リスク予測の研究で、人種によりリスクが異なることを明らかにした。具体的には、約3割の疾患で、日本人のリスクが、欧米人のデータに基づくパーソナルゲノムサービス3社のリスク予測と異なることを示し、国際ジャーナルで発表している。さらに、パーソナルゲノム情報が人々に与える心理的影響を体系的に調べるため、4000名規模のWeb調査を4年間にわたり実施し、倫理問題を含む調査結果をデータベース化した。この結果、リスクの伝え方により、人々の行動に変化が生じることを見出している。

本研究の特徴は、学術的研究に加え、社会の啓蒙活動にも力を注いだことにある。啓蒙書「ゲノムが語る自分探し—僕はどんなふうに生きるのだろうか」の出版、日本におけるQuantified Selfコミュニティの立ち上げ、米国人工知能学会における継続的なシンポジウムの開催など、その活動の質と量は特筆に値する。本テーマは数年で終了するものではない。今後の継続した研究活動、啓蒙活動に期待したい。

5. 主な研究成果リスト

(1) 論文(原著論文)発表

1. **Takashi Kido**, Minae Kawashima, Seiji Nishino, Melanie Swan, Naoyuki Kamatani, and Atul J Butte, Systematic evaluation of personal genome services for Japanese individuals, *Journal of Human Genetics*, 2013 Nov, 58(11): pp. 734-41.
2. **城戸 隆**, MyFinder 構想: パーソナルゲノムによる自己の探究, *人工知能学会誌*, 2013, 28 巻 6 号, pp.840 -850.
3. **Takashi Kido**, Self-tracking Mindfulness Incorporating a Personal Genome, The AAAI (The Association for the Advancement of Artificial Intelligence) 2012 Spring Symposia, Self-tracking and Collective Intelligence for Personal Wellness, 2012, pp. 31-36.
4. **Takashi Kido**, Melanie Swan, Exploring the Mind with the aid of personal genome, The AAAI (The Association for the Advancement of Artificial Intelligence) 2013 Spring Symposia, Data Driven Wellness: From Self-Tracking to Behavior Change, 2013, pp. 12-17.
5. **Takashi Kido**, Melanie Swan, Know thyself: Data driven Self-Awareness for Understanding our Unconsciousness Behaviors, The AAAI (The Association for the Advancement of Artificial Intelligence) 2014 Spring Symposia, Big data becomes personal: From Knowledge into Meaning, 2014, pp. 28-28.

6. **Takashi Kido**, Melanie Swan, Ambient Intelligence and Crowd sourced Genetics for Understanding Loss Aversion in Decision Making, The AAAI (The Association for the Advancement of Artificial Intelligence) 2015 Spring Symposia, Big data becomes personal: From Knowledge into Meaning, 2015, pp. 19-27.
7. **城戸 隆**, パーソナルゲノムは心の理解に迫れるか? -コミュニティコンピューティングで「手放したくない心理」の個人差を探る-, 人工知能学会誌,2014, 29 巻 6 号.
8. **城戸 隆**, 遺伝子を用いて疾患リスク、認知の偏り、幸福感を推定する情報技術, 人工知能学会誌,2015, 30 巻 6 号.
9. **Takashi Kido**, Melanie Swan, Machine Learning and Personal Genome Informatics contribute to Happiness Science and Wellbeing computing, The AAAI (The Association for the Advancement of Artificial Intelligence) 2016 Spring Symposia, Wellbeing computing: AI meets Health and Happiness Science, 2016, (In press)

(2)特許

研究期間累積件数:1 件

1.

発 明 者:城戸 隆

発明の名称:パーソナルゲノム情報環境提供装置、パーソナルゲノム情報環境提供方法、および、プログラム

出 願 人:JST(独立行政法人科学技術振興機構)

出 願 日:2012/3/23

出 願 番 号:特願 2012-067762

(3)その他の成果(主要な学会発表、受賞、著作物、プレスリリース等)

学会発表

1. **Takashi Kido**, Genetics and Artificial Intelligence for Personal Genome Service -MyFinder: Intimate Community Computing for Scientific Discovery, In proceeding of Modeling Complex Adaptive Systems as if They were Voting Processes. AAAI 2011 Spring Symposium (SS-11-08), 2011, p8-11. (Mar 21-23, 2011, Stanford University)
2. **Takashi Kido**, Minae Kawashima, Seiji Nishino,Gavin Sherlock, Atul Butte, Comparisons of Risk Estimation of Direct Consumer Genetics Services for Japanese Individuals, ASHG (American Society of Human Genetics) 2011, 2011. (Oct 11-15, 2011, Montreal)
3. **Takashi Kido**, Minae Kawashima, Japanese Networkers ' attitudes toward Personal Genome Services, ASHG (American Society of Human Genetics) 2012,2012. (Nov 6-10, 2012, San Francisco)
4. **城戸隆**, 川嶋実苗, 鎌谷直之, 個人ゲノムにおけるリスク推定の数理的考察, 日本人類遺伝学会第 57 会大会, 2012. (2012 年 10 月 24 日-27 日, 新宿)
5. **Takashi Kido**, Melanie Swan, The potential power of personal genomics in Reducing Social Stereotypes: Attitudinal Study and Computer Animation of Results for 4,000 Japanese Respondents, ASHG (American Society of Human Genetics)2013, 2013. (Oct 22-16, 2013, Boston)
6. **城戸隆**, 川嶋実苗, パーソナルゲノムサービスをめぐる日本人の意識と価値観に関する

- 社会調査, 日本人類遺伝学会第 58 会大会, 2013. (2013 年 11 月 20 日-23 日, 仙台)
7. 城戸 隆, 遺伝子解析と人工知能技術を用いたパーソナルゲノム情報環境の提案と評価, 「知のコンピューティング -人と機械が共創する社会を目指して-」 Wisdom computing summit 2013 pp. 143. (2013 年 7 月 25 日-26 日, 川崎)
 8. 城戸隆, 菊池進一, 川嶋実苗, 鎌谷直之, 個人ゲノムを用いた疾患リスク予測と人種差に関する数理的考察, 日本人類遺伝学会, 2014.
 9. 城戸隆, 菊池進一, 川嶋実苗, 鎌谷直之, 疾患リスクアレル頻度の統計数理分析と進化論的考察, 日本人類遺伝学会, 2015.
 10. 城戸隆, 川嶋実苗, 日本人 4000 人を対象としたパーソナルゲノム情報の社会心理学的評価, 日本人類遺伝学会, 2014.
 11. 城戸隆, 川嶋実苗, 日本人 4000 人を対象とした社会意識の変化と疾患リスク情報の伝え方に関する洞察, 日本人類遺伝学会, 2015.
 12. Swan, M., Kido, T. and Ruckenstein, M, BRAINY – Multi-modal Brain Training App for Google Glass: Cognitive Enhancement, Wearable Computing, and the Internet-of-Things extend Personal Data Analytics, Workshop on Personal Data Analytics in the Internet of Things, 40th International Conference on Very Large Databases, Hangzhou, China, September 5, 2014.
 13. Takashi Kido, Big data becomes Personal: AI and personal genome research for data driven wellness, World Congress of Advanced Materials -Dream of Ubiquitous Smartness-, Chongqing, China, 2014, June 6-9.

著作物

1. 城戸 隆, ゲノムが語る自分探し -僕はどんなふう生きるのだろうか「単行本」, 星の輸出会, 2011
2. 城戸 隆, 鎌谷直之, パーソナルゲノム医療の科学的根拠, 医学のあゆみ, 250 巻5号, 2014
3. 鎌谷直之, 城戸隆, パーソナルゲノムサービスの科学的吟味, 遺伝医学 MOOK28 号, 2014

国際会議主催

1. Takashi Kido, Keiki Takadama, , Self-Tracking and Collective intelligence for Personal Wellness, AAAI 2012 Spring Symposia, 2012. (March 24-26, 2012, Stanford University)
<http://www.aaai.org/Symposia/Spring/sss12symposia.php#ss05>
(Reports of the AAAI 2012 Spring Symposia, AI MAGAZINE, Vol 33, No 3, pp. 109-114)
2. Takashi Kido, Keiki Takadama, Data driven wellness: From Self-Tracking to Behavior Change, AAAI 2013 Spring Symposia, 2013. (March 25-27, 2013, Stanford University)
<http://www.aaai.org/Symposia/Spring/sss13symposia.php#ss03>
(Reports of the AAAI 2013 Spring Symposia, AI MAGAZINE, Vol 34, No 3, 2013, pp. 93-98)
3. Takashi Kido, Keiki Takadama, Big data becomes Personal: Knowledge into meaning,,

AAAI 2014 Spring Symposia, 2014. (March 24–26, 2014, Stanford University)

<http://www.aaai.org/Symposia/Spring/sss14symposia.php#ss02>

4. **Takashi Kido**, Keiki Takadama, Big data becomes Personal: Knowledge into meaning, AAAI 2014 Spring Symposia, 2014. (March 24–26, 2014, Stanford University)

<http://www.aaai.org/Symposia/Spring/sss14symposia.php#ss02>

5. **Takashi Kido**, Keiki Takadama, Ambient Intelligence for Health and Cognitive Enhancement, AAAI 2015 Spring Symposia, 2015. (March 23–25, 2014, Stanford University)

<http://www.aaai.org/Symposia/Spring/sss15symposia.php#ss01>

論文誌特集

1. **城戸 隆**, 高玉圭樹, 特集:「パーソナルデータに基づく気付きの創発」, 人工知能学会誌, 2013, 28 巻 6 号.
2. **城戸 隆**, 高玉圭樹, 特集:「Big Data Becomes Personal: 発見情報学が拓くヘルス&ウェルネス-」, 人工知能学会誌, 2014, 29 巻 6 号.
3. **城戸 隆**, 高玉圭樹, 特集:「人の認知を拡張し健康を促進する環境知能」, 人工知能学会誌, 2015, 30 巻 6 号.

講演(招待及び依頼)

1. **Takashi Kido**, Community Computing for Biomedical Scientific Discovery: Citizen Science Approach in Personal Genome, The Workshop for Asian Biopoleis: Biotechnology & Biomedicine as Emergent Forms of Life and Practice, 2011. (Jan 6–8, 2011, Singapore University)
2. **Takashi Kido**, Exploration of my Mind through Personal Genome, QS (Quantified Self) San Francisco, 2012. (April 18, 2012, San Francisco)
3. **Takashi Kido**, Data Driven Wellness: From Self Tracking to Behavior Change, PMWC 2013 ISRAEL, 2013. (Jun 30, 2013, Hertzelia, ISRAEL)
4. **城戸 隆**, パーソナルデータからの気づきの創発, 柏森情報科学振興財団 第13回Kフォーラム, 2013. (2013年8月1日–8月3日, 高山)
5. **城戸 隆**, パーソナルゲノム: 遺伝子解析と人工知能技術, AET eHealth フォーラム「未病社会を創る」, 2013. (2013年11月8日, 秋葉原)
6. **城戸 隆**, パーソナルゲノム: 遺伝子解析と人工知能技術, JCCNC (Japanese Chamber of Commerce of Northern California) セミナー, 2013. (Oct 29, 2013, Palo Alto, USA)

一般雑誌

1. 週刊誌「AERA」1月20日号, 「ゲノム新時代・変わる医療」～ビッグデータとパーソナル医療～ pp. 34 – pp. 38, 2014