

アンビエント質量分析と機械学習を用いた迅速がん診断システムの構築

Construction of Rapid Diagnosis System using Ambient Mass Spectrometry and Machine Learning

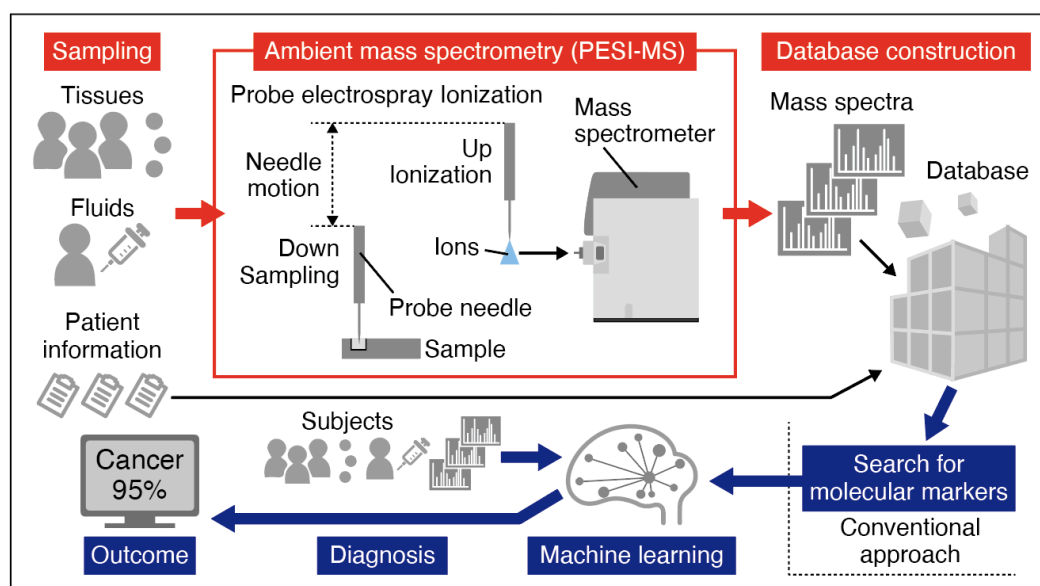
山梨大医¹, °吉村 健太郎¹, 竹田 扇¹

Yamanashi Univ.¹, °Kentarō Yoshimura¹, Sen Takeda¹

E-mail: kyoshimura@yamanashi.ac.jp

発がんによって誘導される生体分子の組成変化を解析し、新規がんマーカーの発見や、病態を解明することを目的とした研究が世界的に進められている。その解析対象は遺伝子、転写因子、タンパク質に加えて代謝産物へと広がり、マルチオミクスによるアプローチが展開されている。特に質量分析 (Mass Spectrometry, MS) を用いた代謝産物の網羅的解析 (メタボローム解析) は近年のトレンドであり、あらゆるがん種を対象にした分析結果が報告されている。研究を目的とした分析ではスループットは問題とはならないが、臨床現場での有用性を鑑みると、より簡便で迅速な手段が必要となる。これを実現するのがアンビエント MS である。

アンビエント MS の実態は大気圧イオン化法を用いた MS であり、簡便な前処理で迅速な分析を可能とする。我々はこれまでにアンビエント MS の一つである、探針エレクトロスプレーイオン化法 (Probe ElectroSpray Ionization, PESI) -MS (PEI-MS) を用いて種々のがんを対象にマーカー分子を探索してきた。しかし人体の多様性によりがんを識別する閾値の揺らぎが大きく、既存腫瘍マーカーの感度、特異度を凌駕する単一新規分子は未だ発見できていない。そこで、数十から数百の分子を複合マーカーとして扱い、機械学習により判別する方法を導入した (下図)。これにより単一マーカーと比して 2 割以上のがん診断正答率の改善がもたらされた。本口演では PEI-MS の機構および機械学習を用いたがん診断システム構築の現状について発表する。



Outline of ambient MS and machine learning based cancer diagnosis system.