

佐久間 淳

筑波大学大学院システム情報工学研究科  
准教授

自己情報コントロール機構を持つプライバシー保護データ収集・解析基盤の構築と個別  
化医療・ゲノム疫学への展開

## § 1. 研究実施体制

### (1) 佐久間グループ

- ① 研究代表者: 佐久間 淳 (筑波大学大学院システム情報工学研究科、准教授)
- ② 研究項目
  - ・プライバシー保護データ収集・解析基盤の構築 (データ解析)

### (2) 津田グループ

- ① 主たる共同研究者: 津田宏治 (東京大学大学院新領域創成科学研究科、教授)
- ② 研究項目
  - ・プライバシー保護ゲノム疫学

### (3) 竹内グループ

- ① 主たる共同研究者: 竹内一郎 (名古屋工業大学大学院工学研究科、准教授)
- ② 研究項目
  - ・プライバシー保護個別化医療

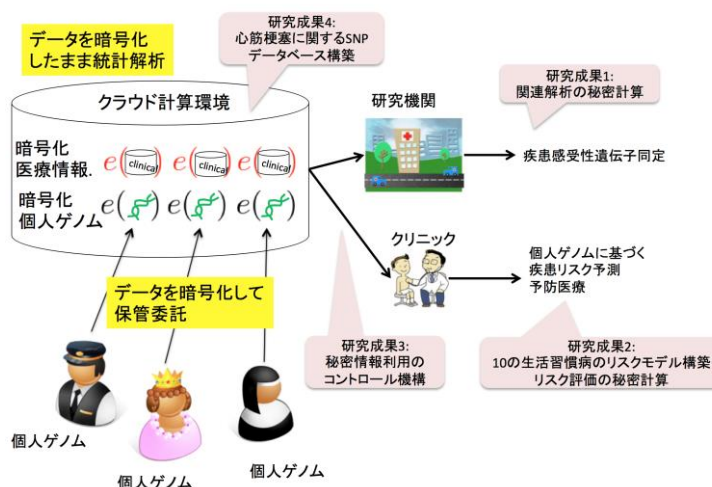
### (4) 國廣グループ

- ① 主たる共同研究者: 國廣昇 (東京大学大学院新領域創成科学研究科、准教授)
- ② 研究項目
  - ・プライバシー保護データ収集・解析基盤の構築 (暗号理論)

### (5) 山田グループ

- ① 主たる共同研究者: 山田 芳司 (三重大学生命科学研究支援センター、教授)
- ② 研究項目
  - ・エクソン全領域関連解析による心筋梗塞発症に関連する機能的遺伝子多型の同定

## § 2. 研究実施の概要



平成 27 年度の研究実施項目は以下の通りである。

1. プライバシーを保護したまま疫学を行う秘密計算の大規模化・高速化
2. プライバシーを保護したまま疾患リスク予測を行う秘密計算の設計とプロトタイプシステム構築
3. 疾患リスク予測における自己情報コントロール機構の設計
4. エクソン全領域関連解析による心筋梗塞発症に関連する SNP 情報および臨床情報のデータベース構築

研究 1 では、共変量に対応しないカイ二乗検定によるプロトコルと、共変量の影響を取り除くことができる正確ロジスティック回帰によるプロトコルについて、秘密計算システムを構築した(代表的な原著論文 1, 2)。前者 10000 サンプル, 20 万 SNPs の検定を 63 時間 (8 core 並列で 8 時間)の計算時間で計算を完了する。またヒストグラム, 最頻値などの記述統計や線形回帰, 主成分分析などの予測統計の秘密計算が可能である。また多様な記述統計と予測統計のための秘密計算プロトコルを開発した。

研究 2 では、H27 年度は 10 生活習慣病の罹患リスクを個人ゲノムおよび臨床情報から予測するモデルを用いて、病院で被験者を対象にリスク評価を行い、リスク評価結果を提示する医療機関向けシステムを開発した。今後、開発システムによる病院実証実験を行う。

研究 3 では個人ゲノム情報や臨床情報をクラウドサーバに保管委託し、これを用いて疾患リスクの評価や閲覧を、組織や人に応じて選択的に許可できるようなプライバシーポリシーの執行を強制可能なプロトコルを開発・実装した。実験より、プライバシーポリシー執行によって生じるオーバーヘッドは極めて小さいことを確認した。

研究 4 について、心筋梗塞・コントロールの計 9934 例の DNA について全エクソンに位置する機能的 SNPs を解析し、データベースを構築した。

代表的な原著論文

1. Wen-jie Lu, Yoshiji Yamada, and Jun Sakuma, Privacy-preserving Genome-wide Association Studies on Cloud Environment using Fully Homomorphic Encryption, BMC Medical Informatics and Decision Making, 2015, 15 (Suppl 5), S1, 2015.
2. D. A. duVerle, S. Kawasaki, Y. Yamada, J. Sakuma and K. Tsuda, Privacy-Preserving Statistical Analysis by Exact Logistic Regression, 2nd International Workshop on Genome Privacy and Security (Genopri' 15), pages 7-16, 2015.