

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

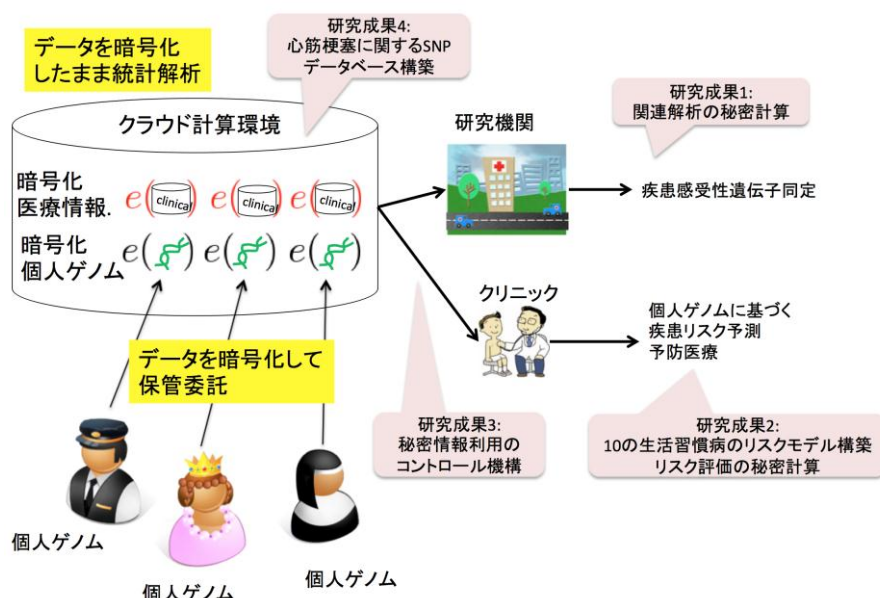
(4) 國廣グループ

- 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 26 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、H26 年度は共変量に対応しないカイ二乗検定によるプロトコル[国際会議 x]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[国際会議 y]について、二つの論文を公表した。前者は、一万サンプルの関連解析を 1SNP あたり 1 秒以内で処理可能である。後者は 5000 サンプルの関連解析を 1SNP あたり 100 秒程度で処理可能である。

研究 2 では、H26 年度は 10 疾患に関する罹患リスク予測モデルを作成し、筑波大学を医療機関、名古屋工業大学をゲノム検査機関と見立て計算機を設置し秘密計算によるリスク評価を行い、その評価結果を表示させる予備実験を行った。暗号化プロトコルの動作を確認し、臨床情報とゲノム情報を互いに開示することなく、リスク予測モデルの評価が可能であることを検証し、実証実験に向けてシステムのプロトタイプを開発した。

研究 3 について、遺伝子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プロトコルを開発し、特許出願した[特許 1]。またその基礎技術として、位数が未知の自己双線形写像 [原著論文 6]、部分空間メンバーシップ暗号[原著論文 8]、多サーバ秘匿情報検索[国内口頭講演 10]などを構成した。

研究 4 について、心筋梗塞・コントロールの計 4848 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。