

り付けていくことによって、自分は何であるかを物自体から発信させるシステムです。そういう意味では情報ITというのは、看護師さんの目で認識するとか、あるいはカメラなどで自動認識するということも必要はありません。注射器にタグを取り付ければ、自分のID情報を発信してくれるわけですから、パターン認識などを使う必要もなく、個別に発信されたID情報によって、物流とか実施行為の情報管理をすることが第1段階です。第1段階の物に対して、次の第2段階は、そういうID情報だけではなく、人がどこに行って、どこで何を、どんな状態かというセンサー付きタグによる情報です。そういうものを通して、患者の病院内における位置や、心拍などのバイタルサインの情報を送ることによって患者さんが病棟から出歩いていても、あるいは病棟と手術室の間を移送中であってもモニターできます。そういう意味で環境知能化、ユビキタス化への移行ということができると思います。それはさらに、日常生活における健康情報のIT化という段階に進んでいきます。

(スライド21) 病院ユビキタスの課題としては、まず病院内の物流のトレーサビリティがあります。物の流通から見た情報化ということで、医薬品や医療材料の管理などをタグを使うことによって——もちろんタグはまだ高価ですが、医薬品等に関してはバーコードとの併用になるかと思いますが——、その院内の物流管理とトレーサ、それから物流の効率化という意味で、ICタグを用いるのです。

次に医療過誤を考えて、病院医療における医療者の実施行為を情報化することが求められます。あるいは患者の行動や生体情報を連続的にワイヤレスでモニタリングするということによって、医療過誤や運営の効率化や質の向上を満たすということが考えられるわけです。

### ICタグの医療応用

(スライド22) それではまず、ICタグの第1段階としてID情報を使うことによる医療応用について見ていきたいと思いますが、これはもう今さらお話しすることもないかと思いますが、ICタグというのはいわゆる小さなICコンポーネントとアンテナによってつくられています。典型的なパッシブICタグの場合、リーダーライター (reader / writer; 読み取り・書き込み装置) から電磁波を当てることによりそれが起電力になり、タグのICがそこに入っている情報を乗せた電波

ると思います。(スライド19) その意味では電子カルテ+バーコードだったものを、電子カルテ+ICタグ、あるいは電子カルテ+ICタグ+第2世代インテリジェントネットワークIPV6などを使いますと、病院情報システムの第4世代であるユビキタス化が実現されるのだと思います。それによって、病院自身が本当の意味でIT化したと言えると思います。

(スライド20) そのIT化には2段階あって、1つは受動的な、個別なもの。それそれぞれ個別にタグを貼

**病院情報システムの第4世代化**

- 電子カルテ + バーコード
- 電子カルテ + ICタグ
- 電子カルテ + ICタグ + IPV6

↑ ユビキタス化

スライド19

### 病院ユビキタス化の段階

- 第1段階 情報 (ID) 応答
  - ◆ ICタグによるID情報の自動認識に基づいた物流
    - 業務発注の経路 (SCM, 在庫, 入庫/出荷管理)
    - 医療過誤の防止
- 第2段階 環境知能化
  - ◆ センサー付きタグによる生体情報/バイタル管理
  - ◆ 患者・医療者の位置・動態 (入室履歴) モニタリング
  - ◆ 病院内の空間自体からモニターし知能化する
    - 病棟知能空間によるトータルIT化
    - 医療過誤の防止・質の向上
- 病院外空間への拡大

スライド20

### 病院ユビキタス化の課題

- 病院内物流のトレーサビリティ
  - 「もの」の流通から見た情報化
    - 医薬品・医療材料のID管理
    - 院内物流管理とトレーサ 物流効率化
- 病院医療の実施世界での情報化
  - 「ひと」の実施行為から見た情報化
    - 医療者実施行為の情報化
    - 患者の行動・生体情報のモニタリング
    - 医療過誤防止・運営の効率化・質の向上

スライド21

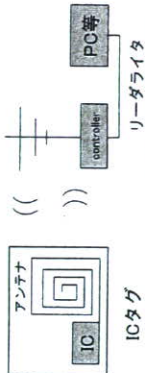
を返してくるものです。それを受けてPCなどのリーダーライターが情報を読み取ります。アクティブICタグの場合は電磁波を照射しなくても、ICタグの中に電池があつて、何秒間に1回が絶えず自分のICの中にある情報をアンテナを介して送る仕組みになっています。

このように、ICタグとは電波を使って非接触でデータを認識する技術で、無線タグ、RFID (Radio Frequency Identification) ということができます。また、スライド23に記しましたように、チップとアンテナで、バーコードにない特徴としては複数一括自動認識ということが挙げられます。これはいろいろ期待されているわりには、トラック1台分のすべての情報が読めるのかどうかという実証実験を行ってみたいところ、向きによる不具合などまだいろいろの問題がありますが、原則的には複数のIT情報を1つのリーダーで一挙に読むことができるのです。非接触で離れた所の情報を読むことができます。非接触で離れた所は、しかし医療にICタグを具体的に適用するときにはまだハード的な問題が多いようです。それから情報量が多いということがあります。ICですから、バーコードの数十桁に対して、数千桁くらいの情報は入りますし、さらに重要なことは、読むだけではなくて書き換えが可能であるということです。それからバーコードと違い、ネットワークとの連結において非常に親和性が良いというところで、近接系はチップで飛ばしておいて、どこかで集約してあとは有線のネットワークで送るというようなこともできるわけです。

例としては、スライド24に示すように、注射に貼り付けるようなものとか、アンブルに貼り付けるもの、あるいは輸液パックに貼り付けるものなど、いろいろあります。しかし医療ではほとんど13.56MHzが使われていますので、到達距離が非常に短く、大体28cmく

### ICタグ (RFID) とは

- 身近な例
  - ◆ Suica, 入出力管理カード、EAS(Article surveillance), ETG(Toll Collection)
- 典型的なパッシブICタグの構成



スライド22

### ICタグの特徴

- ICタグとは
  - ◆ 電波を使い非接触でデータを認識する技術
  - ◆ RFID (Radio Frequency Identification), ICタグ
  - ◆ 無線タグ
  - ◆ 次世代自動認識技術、ユビキタスネットワーク
  - ◆ 政府のIT戦略会議のe-Japan重点計画
- 特徴
  - ◆ ICチップ + アンテナ
    - 複数一括自動認識
    - 非接触認識 (離れたところからの認識)
    - 情報量の多い (数十桁 → 数千桁)
    - 読み込みだけでなく書き換えも可能
    - ネットワークとの連携
    - 二次元バーコード ~ 1Dに対して数キロバイト

スライド23

らいます。この辺が問題です。あまり短くて近づけないと読めないのでは、バーコードと変わりがありません。こちらをどう改善するかという問題がこれから出てくると思います。

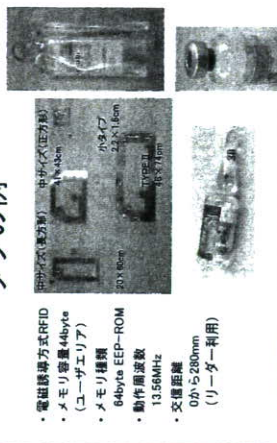
(スライド25) 典型的な使用帯は13.56MHzで、金属

### ICタグの周波数帯

135KHz	13.56MHz	UHF帯	2.45GHz
静電結合	電磁誘導	米国 915MHz, 欧州 868MHz	マイクロ波
スキーゲート	交通系カード	物産系	物流管理
高度計算	入退室カード	物産系	製造物管理
通信距離が短い	交通系カード	物産系	物品管理
~1m	~10cm	通信距離が長い	通信距離が長い
水の影響を受けやすい	~10cm	通信距離が長い	~2m
通信距離短い	通信距離が短い	通信距離が長い	水の影響を受けやすい
通信距離短い	通信距離が短い	通信距離が長い	機械的強度が高い
通信距離短い	通信距離が短い	通信距離が長い	小型化可能

スライド25

### タグの例



スライド24

### 病院棟



スライド29

ということがよくありますので、こういうものはアクティブタグを付けることによって、院内の場所を同定することもできます。

(スライド27) 病院全域での利用を見ますと、例えば薬剤師の例では、オーダーを受けて薬剤部からカートとして、病棟で患者さんに投与、さらには廃棄に至るまでいろいろなところ、調剤の点検をしたり、薬剤師の数を調べたり、その定数管理をするのにもこういうタグを使用することによって自動認識することができると。例えば薬剤師の棚にリーダーを置いておけば、その棚の中にどういった薬剤があるかを一挙に読み取ることができ、出し入れもトレースすることができると。

(スライド28) 特にこれからは、特定生物由来製剤の場合は医療機関としては使用記録を20年、製造業者としては製造記録を30年、保存していかなくてはなりません。どの工場からのロットが、どの病院に行っているのか、この患者に使われてどう廃棄されたかというのを、バーコードなどで記録しておくのは非常に難しいところがあります。やはり書き換えられる、そのたびに新しい情報を付加していけるようにしなければなりませんので、30年も保存しなければいけない情報をノートなどで処理するわけにはいきません。特定生物由来製剤、特に血液製剤などは問題が多かったですから、そういうものをトレースすることが法律で定められました。これは実施するにはまだまだもう少し余裕がありますが、それまでにはその方式を考えなければなりません。

(スライド29) また病棟においても常備薬の点検とか材料の管理、実施の記録などに関して、電子タグを装着することによって自動管理ということが期待されます。

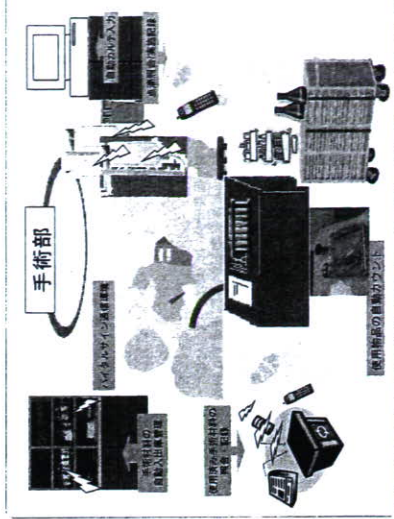
スライド30はその試作品です。ミニチュア版にしていますが、この Smart Medicine Cabinet、薬にタグを付けて、キャビネット自身がリーダーになっていますので、どういった薬が出たり入ったりしたかをホームページで自動的に管理して、その結果をすぐ見ることができると。



スライド30

Monitors the medicine that is placed in or taken out by a patient or pharmacist and displays information about prescriptions, incompatibilities or recalled drugs.

Department of Computer Science  
Institute for Perovskite Computing,  
Swiss Federal Institute of Technology Zurich



スライド31

(スライド31) 手術部などにおいては、手術の材料、あるいは手術器具など、いろいろな局面で電子タグの



スライド26

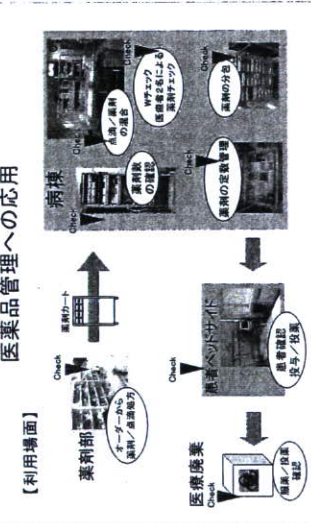
の影響を受けやすく、この表での通信距離は70cmと書いてありますが、読み取り距離はタグサイズにより異なりますので、ポイントに使用したサイズのタグだと28cmくらいです。右の2.45GHzのほうは、到達距離はけっこう長いのですが、水の影響を受けやすいので、それをシールドするような方式を考えると利用できると。例えば病室に1個だけUHFを置いておき、病室に1つだけリーダーを置いておき、病室の情報全部読めるといったような理想的なシステムも考えられます。

例えばトラッキングの情報を読む場合などはこれが使われ、欧米では1台分ごとで読んでもいいということですが、医療の場合に問題なのは医療機器への影響はどうかという事です。これは問題がないという人も多く、欧米では病院内でもPHSだけではなく携帯電話も使っています。しかし、日本ではまだ結論が出ていません。したがって、ほとんど13.56MHzの周波数帯を使いますが、これは通信距離が短かすぎます。

電子タグの医療応用で、ほかの周波数帯がないのかと言いたくなるのですが、いろいろなか所で多くの周波数帯が使われているので、これで何とかやるしかなく、我々もリーダーを工夫するなどということも考えているわけです。例えばリーダーを何個か用意して各方向をカバーする包括的なリーダーをつくられば、50cmくらいまでの距離を伸ばすことができます。それ以上だと、今度は逆に連う患者さんの信号を拾ってしまうこともあるかもしれませんので、50cmくらいであればよいのではないかと考えています。医療の状況に合わせたリーダーの設計を考えるとということですが、これらの問題だと思っています。

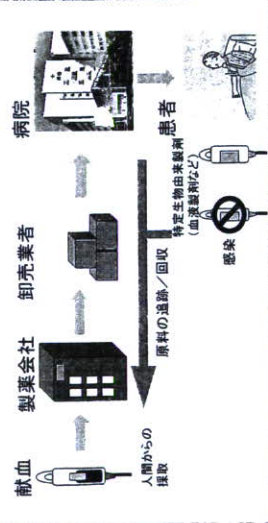
(スライド26) タグをバーコードの代わりに使うということであれば今のままです。医療品にはいろいろな応用があります。医療品に付けて、薬の物流とか、あるいは注射であれば、その注射の現場において、看護師さんと患者さんと、それからこの医薬品についての電子タグを一挙に認識

### 病院全域 医薬品管理への応用



スライド27


### 病院外へ トレーサビリティ



スライド28

することによって正しくオーダーされた組み合わせで実施されているかどうかを調べることができます。医療材料やいろいろな備品、機器などもあります。特にME機器というのは病院内のどこにあるか分からない

### Smart Surgical Kit



The usage of bandages and swabs during a surgical operation is monitored and the usage status is displayed to avoid leaving any operation tools in the patient.

Department of Computer Science  
Institute for Perovskite Computing,  
Swiss Federal Institute of Technology Zurich

応用による管理が考えられています。ただし、ガーゼなどのようなものはまだ電子タグが高いのでいちいち付け替えるわけにはいきませんが、スライド32は、これは1つの機型ですが、Smart Surgical Kit というものです。このトレイに最初にメスや鉗子などを並べておく、その中に何がいったかを手動で認識します。手術が終わった後、何か足りないものがある場合はすぐに認識できます。そういうことで、いわゆる残留事故を防ぐことができるわけです。このトレイ自身がリーダーになるように、そういう工夫をしなければいけないのですが、そうすると最初に看護師がメスや鉗子の数をいちいち全部数える必要はなく、そこに置けば一瞬で認識されて、何が足りないかすぐ表示されるのです。そういうことにより、もろもろの業務を効率化することができるようになります。

●**医薬品のICタグ応用の現状**

(スライド33) それではここで、医薬品におけるICタグ利用の現状について述べたいと思います。医薬品のICタグに関しては、院内の物流の管理と同時に患者さんの安全確保に役立てることができ、物流は出たり入ったり、どう動いたかをトレースするもので、患者や看護師はだれであらうと関係はありません。一方、注射の時間や量などは、ICタグでは今のところ分りませんが、少なくとも注射の種類と患者さんの組み合わせなどをチェックして安全確保に役立てることはできます。

#### 医薬品におけるICタグの利用

- 目的
  - ◆ 院内物流管理
  - ◆ 患者安全の確保
  - ◆ パーコードに対する利点
    - 医薬品ラベルの記載スペースに影響を及ぼさない
    - 1mLアンガルのラベルの大きさは約2 x 3 cm
    - 複数同時読み取りが可能 (のぼす)
    - 組み込み可能な情報量が大きい
    - 自動読み取りがバーコードに比べて容易
- 欠点
  - ◆ 価格 欧米ではバーコード、対応は標準 (ファイザー)

#### バーコード・ICタグをめぐる行政の動き

厚生労働省医薬品部  
薬事課標準化検討室 (長田中、05/7終了) で、バーコード表示等を行う薬品に使用する医薬品コード体系を決定 (国際標準であるGTINの体系)。

経済産業省  
日本製薬団体連合会、日本病院薬剤師会を申請者として、凸版印刷が実質の主体となり製薬企業から医療機関に至るプロセスでのICタグの利用可能性について検討を行っている。製薬企業によるソーステタゲンを前提としたモデル

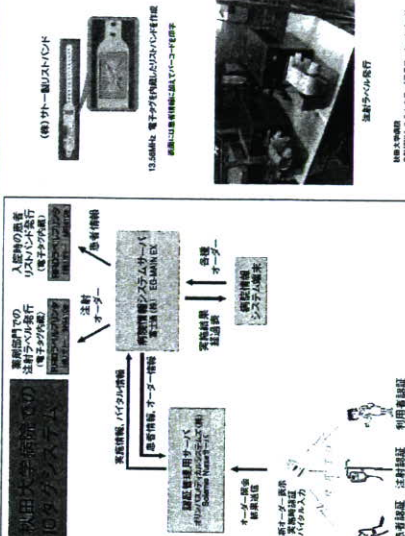
文部科学省  
平成17年度科学技術振興調整費「科学技術推進施策群の効率的・効果的な推進」の公募課題にユビキタスネットワーク電子タグ技術等の展開 (課題3) 医療分野における電子タグ利活用のための実証実験 (田中)

総務省  
医療分野におけるICタグの活用に関する検討会 (長田中、3/月終了)

スライド34

性能についてのいろいろな検討を行っています。例えばトラッキング1台分の情報を全部読めるかなど、複数の同時読み取りですが薬の向きなどの問題もあって必ずしもうまくいくとは限りません。期待は大きいものの、実用化までにはまだのようです。文部科学省においても、JSTの科学技術振興調整費では、ユビキタスネットワークにおける電子タグの医療応用について3年の計画で我々が今進めています。

(スライド35) また、個々の病院でも、例えば秋田大学医学部附属病院では、患者のリストバンドにICタグを内蔵し、ナーステーションで注射液に電子タグを貼り付けて、それによって両者の間で間違いが減少するか実験しています。そのほか東京大学では、特定生体由来製剤でのICタグの実証実験によって、何十年というトレーサビリティで、書き込み的にいろいろ情報を増やしていくことに関しての実験を行っていますし、さらに私どもの東京医科歯科大学の歯学部薬理部長である土屋先生が主導して、東京医科歯科大学歯学部



ICタグのバーコードに対する利点としては、バーコードは読まなければならないから、小さな物品でも普通のラベルのほかにさらにバーコードのラベルを付けなければならないわけですが、ICタグはバーコードのように見える必要はないわけですから、普通のラベルの裏側に付けておいてもよく、余分なスペースを必要としません。さらに、複数同時読み取りができる、組み込み可能な情報量が多い、自動読み取りがバーコードより容易などが挙げられます。ただし今のところ価格の問題がありますが、これは案外進んでいません。欧米でも同様で、バーコードを付けているのは例えばファイザーのバイアグラのように高価な薬品がありますが、偽薬を防いで認証するためです。

スライド36

#### 秋田大学病院での電子タグ機器



13.56MHz 電子タグを内蔵したリストバンド  
機器には専用情報が入っています

スライド37

### 医療機関における医薬品ICタグをめぐる動き

- 秋田大学医学部附属病院  
患者のリストバンドにICタグ内蔵、ナーステーションで注射液に電子タグ付ラベルを貼り。両者間で間違いがチェック。
- 東京大学医学部附属病院  
特定生体由来製剤でのICタグの実証実験。経産省の実証実験に参加
- 東京医科歯科大学歯学部附属病院
- 山梨大学医学部附属病院
- 三重大学医学部附属病院  
先端情報工学研究所との間でそれぞれの病院が委託契約締結。医療現場でのICタグ貼付を前提とし、内容は各病院の実情にあわせて実証実験

スライド35

属病院と山梨大学医学部附属病院、三重大学医学部附属病院の3者と、民間の先端情報工学研究所が共同でICタグを医療現場で貼り付けることを前提として、病院の実情に合わせた実証実験を進めています。スライド36は秋田大学のICタグのシステムです。写真のようなタグや注射ラベルを発行して患者さんのリストバンドに内蔵したり、薬に貼り付けたりします。そして病棟システムのサーバーがあって、看護師のID、注射薬のID、患者のIDを読み、それが認証管理サーバーを通じて情報システムに入ると、オーダーに従って実施されているかをチェックするものです。そういうシステムが去年から動いておりです。

スライド37に、その電子タグの部分を大きく示しました。13.56MHzの電子タグを内蔵したリストバンドです。しかし、スライド38に示すように、13.56MHzでは到達距離が2 inch (60cm) と短いのですが、我々はこの距離をどこまで伸ばせるか、患者さんが普通にベッドで寝ていても、読み取りに行かずに自動認識できるような、ベッドのどこかにリーダーを設置して読めるようにしたいと思っていますが、そのためにはもう少し到達距離を増やさなければなりません。海外でも、ジャコビ医療センターの例ですが、やはり13.56MHzを使って、患者さんのリストバンドに付

## 患者安全へのICタグの応用

企業名	RFIDタイプ	概要	導入サイト数
Sculptor Technologies	13.56MHz ハンズオフ	患者のリストバンドにつけたRFIDをPDA(バーコードリーダー、RFIDリーダー兼用)で読み取り、患者取り換え防止。患者・医療従事者はRFID、医薬品はバーコードで識別。RFIDの読み取り距離は約2inch(60cm)。	1病院導入済み、2病院導入途中
PDC	13.56MHzハンズオフ	患者のリストバンドにつけたRFIDをPDA(バーコードリーダー、RFIDリーダー兼用)で読み取り、患者取り換え防止。	ジャコビ医療センターなど

ただし現状ではリストバンドにはバーコード対応が主流  
RFIDは距離が出すコストも高いため需要がないとの見解  
米国では10%の病院がバーコード/リストバンドを導入済み

スライド38

けたRF-IDをバーコードリーダー付きのPDAで読み取り、患者の取り換えを防止しています。このようにリストバンドはバーコード対応が主流で、RF-IDは到達距離が短くコストが高いため需要がないように、米国では大体10%の病院がバーコードを利用したりリストバンドを導入しています。

**生体情報小型センサーと医療過誤防止**  
一医療のエビデンス化の第2段階：病院空間認知化  
(スライド39, 40) 次は、情報発信型のID情報だけではなく、センサー付きのいわゆるユビキタス化の第2

### 病院空間ユビキタス化

病院のトータル認知化 = 従来の病院情報システム + 病院空間認知化  
= 患者位置、動きなどのモニタリング + 患者生体情報のモニタリング

スライド39

### 空間知能化の病院応用

- 目的
  - ◆安全で効率的な医療
  - ◆院内位置・動きモニター
    - 院内感染防止、入退室管理、移動管理
    - ER/ICUなどのスペース、人材管理の効率化
  - ◆生体情報ウェアラブルセンサー
    - 医療過誤・重症としの防止
    - 手術室・集中治療室環境・構想での自在
  - ◆ウェアラブル化の利点
    - 院内IT/リアルタイムの解消
    - 外れる危険性はない
    - 移動中もモニターできる
    - 患者の移動を制御しない

スライド40

こうしたことはワイヤレス化によって解決できますし、それから院内のIT真空ゾーン、例えば移送中の通路などで情報が途切れてしまわないようにすることもできます。

(スライド41) まずセンサータグについてです。患者のバイタルサインを取って、それを送ることはまだ病院ではできていませんが、位置情報はものすごく急速に病院内に広がっています。米国ではすでに数百もの病院で利用されています。

(スライド42) 患者さんのバイタルサインまで送る試みは、今は災害医療で行われています。災害医療ではCodeBlue計画というのがあって、それは、赤、黄、緑、黒などの紙のタグを貼って行っている患者のトリアージを電子的に行おうというものです。例えば患者さんの心拍や呼吸、あるいは酸素飽和度などを電子タグのセンサーで測定し、そのセンサー自体は患者さんに付けられることにその場でアドホックネットワーク、センサー同士の間で自立的にネットワークを構成します。

このCodeBlue計画によって、大規模な災害時に、まず被災者にセンサーを付けていて、そうすると自動的にネットワークができあがり、いちばん急を要するのはどの被災者でどこにいるかを瞬時に認識して、そこから救助していくという計画です。写真中央の紙のタグの代わりに、右のリストバンドなどが使われるのです。

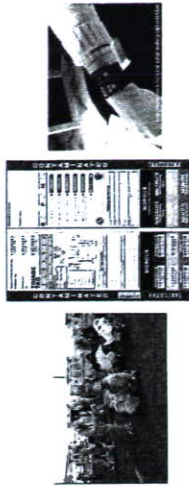
センサーのついたタグを、スライド43, 44のように、ロケーションピンコンなどを付けてつくりまします。そうすると心電図などの生体情報が送られて、PDAを持った救急隊の車が次々に読んで、さらにそれらの情報が救急車や病院に飛ばされるようになっていきます。それらのセンサー付きタグは、かなり大きなものですが、互いに置いた場所によって随時のネットワークをつくるわけです。そうして、大規模な災害時にとにかく情報を得ようというものです。

このシステムは、病院内にも応用することができます。病院内で応用すると、患者がどのような位置でどう動いたかが分かるし、同

## CodeBlue計画

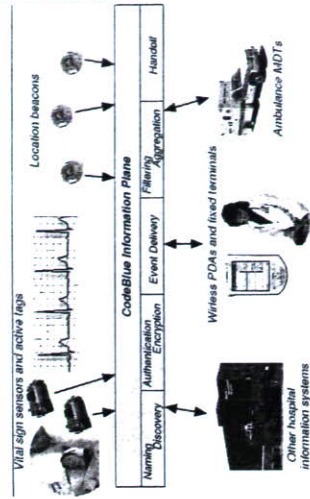
ハーバード大学とボストン大学で共同開発  
クロスボー社のセンサータグを使ってウェアラブルなバイタル監視  
度計と2チャンネルEKGを開発

患者の心拍数・酸素飽和度・EKGデータを近距離無線通信機により、  
PDA・ラップトップコンピュータ・救急対応専用電子デバイスなどに飛ばす  
電子的なトリアージ

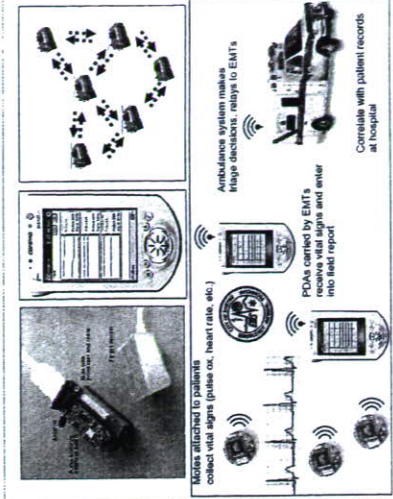


スライド42

## CodeBlue計画

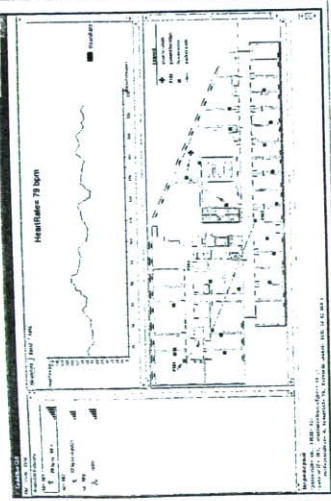


スライド43



スライド44

## GPSとバイタル信号の連結



スライド45

時に心拍数などのバイタルサインが読み取れます。それはスライド45に示すような、院内GPSとバイタルサインというかたちになるわけです。これはアメリカの東海岸ではハーバード大学やボストン大学の病院が行っています。

西海岸ではカリフォルニア大学サンディエゴ校 (UCSD) でも、少し大きくなりますが、スライド46のような電子トリプタグ、iTAG というものを用いて患者の位置情報とバイタルサインを飛ばすプロジェクトを始めています。

(スライド47) そのほかに、部屋の中で患者さんにウェアラブルなポアネネットワークのようなものを装着してネットワークを組み、それぞれのベッドや、あるいはトイレなどにあるセンサーのネットワークに集約して、そこからインターネットで送るような、バージ

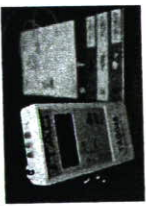
### その他の海外事例

- 香港大学 (CUHK: Chinese University Hong Kong)
  - ◆ 点滴静脈注射モニターシステム
  - ◆ 点滴の滴下体勢監視と点滴中の患者位置情報の提供
  - ◆ 点滴の滴下体勢監視と点滴中の患者位置情報の提供
  - ◆ 赤外線センサーを使い、点滴スピード把握、点滴体止の把握を行い、患者位置情報も合わせて無線通信によりリアルタイムで看護師へ通知
  - ◆ MICA2モードによる即応の中継ノードを結出してワイヤレスネットワーク通信

スライド48

## UCSDでの大規模災害救急医療プロジェクト (WISARD)

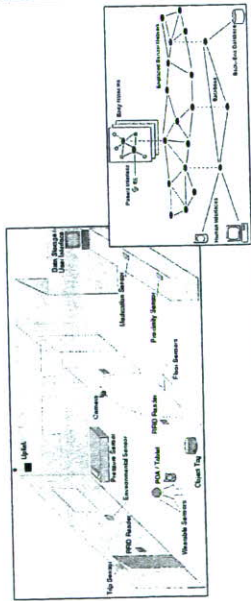
- 電子トリプタグ
  - ◆ アクティブリフレクト用 iTAG
  - 患者の位置把握機能



スライド46

## バージニア大学在宅モニタリング

- 在宅介護を受けている患者や高齢者の継続的なモニター
- ウェアラブルセンサーや生活空間に置かれた環境モニターセンサー
- ベッドには、患者、高齢者の心拍、呼吸センサー、環境センサーが接続。ウェアラブルセンサーとしては、心拍センサー、呼吸センサー、温度センサー、湿度センサー、加速度センサーなど、これらセンサーのデータをセンサーノード (コロボト) に集約してインターネットワークを介して宅へ
- 心臓不整脈モニター、日常生活リズムモニター、睡眠呼吸モニターなどを構築



スライド47

ニア大学の在宅モニタリングもあります。(スライド48) 香港大学では、点滴の静脈注射、静脈の点滴状況も監視して、患者の位置情報などを提供するようなシステムも開発されています。(スライド49) アラバマ大学では ECG センサー、

### アラバマ大学・メイヨークリニック

- ウェアラブルな各種生体モニターを使ったポアネネットワーク
  - ◆ WWBAN: ウェアラブル・ワイヤレス・ボディエリア・ネットワーク
  - WWBAN センサー
    - ◆ ECG センサー、EMG センサー、EEG センサー、血圧センサー、傾きセンサー、呼吸センサー、モーションセンサー

スライド49

## 院内GPSの導入事例

事例名	技術	概要	導入状況
AeroScout	WiFi (無線LAN) アクティブ	院内機器、患者へ装着し、ロケーション管理、動線センサーありなし2通り。動線センサーにより電池の消耗防止。タグ価格60\$	12病院、リセラExtreme Integration 15病院
Awarepoint	Zigbee	位置情報は、番号の強さで計算。タグの価格は45ドル	3病院
Ekahau	WiFi (無線LAN) アクティブ	患者にタグをつけて、患者の院内での動きを記録。診療の効率的なスケジューリングを実現。将来計画として、院内機器管理あり。	24病院
PerSE	indoor GPS	院内機器、患者へ装着し、ロケーション管理、動線センサーあり。動線センサーにより電池の消耗防止。タグは、今後小型化の予定。75\$。位置管理アプリケーションはGISCO製。RFIDでのリサーチも可能である。ただし、現状、病院にはWiFi (無線LAN) のインフラがあるので、そのようなところにはWiFiをお勧めする	7病院導入済み、2病院導入途中
PANGO	WiFi (無線LAN) アクティブ	院内機器、患者へ装着し、ロケーション管理、RFIDリーダーはWiFi端末ともなり、WiFiアクセスポイントを接続可能に改造。RFIDタグ - 900MHz - リーダー - WiFi - アクセスポイントタグは、リーダー - 75\$、アクセスポイント500\$	US35病院(その他、UK、カナダにも実施済み)
Radianse	アクティブRFID	タグ35\$	マサチューセッツ州ケンブリッジなど、60病院
Visible Assets	125KHz アクティブRFID	シート状のタグ。10mets程度の読み取り距離。患者の場所管理、医師の在庫管理などに利用。タグの価格5\$	1病院導入済み、2病院導入途中
RFTechnologies	アクティブタグ	患者や病人への装着により、患者位置管理 (トラックキング) や病人の安全管理、リストバンド型。タグ価格100\$ 医師機器管理用のタグは、約9000年の寿命を持ち、7000病院に導入されている。	
Parco Wireless	950MHz アクティブタグとWiFiの組み合わせ	院内機器、患者へ装着し、ロケーション管理、RFIDリーダーはWiFi端末ともなり、WiFiアクセスポイントを接続可能に改造。RFIDタグ - 900MHz - リーダー - WiFi - アクセスポイントタグは、リーダー - 75\$、アクセスポイント500\$	1病院(パイロット導入中)
Healthcare Pilot	アクティブタグ	動線センサー付きのアクティブタグによる医師機器管理	シカゴグランドセントラルホスピタルに3年まえから導入
McKESSON	アクティブタグ	アクティブタグによる位置管理 5年程度には74%のヘルスケア施設でタグが使用されるとの予測を持っている (Patient Safety, Patient Flow Management, Asset Management) 口頭レベルで、院内の医薬品の管理にも使っており	60病院

スライド51

EMG センサー、EEG センサーなど、各種生体モニターを用いてポアネネットワークを構築しています。

### ●院内GPSとしての電子タグの応用

(スライド50) この1年で広がった特に重要なものとして、院内GPSとしての電子タグがあります。院内に設置した電子タグ位置センサーにより、医療関係者や患者の動態などを調べるシステムです。

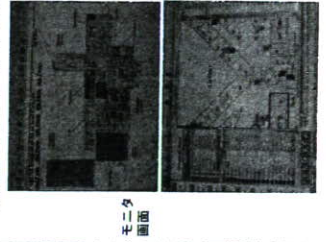
スライド51に示すようなものが、2006年のHIMS (ヘルスケア・インフォメーション・マネジメント・ソサエティ) の展示会に一挙に出てきました。ほとんどがアクティブタグを用いたもので、導入済みのところを見るとけっこう多く、60病院などと発表している

### 電子タグを用いた位置センサー

- 病院内に設置した電子タグ位置センサー
- 医療関係者・患者の動態モニター
  - ◆ ER・ICUなどの効率的運用
  - ◆ クリーニングエリアや感染経路の管理など
- 将来技術
  - ◆ 外側の空間認識と電子タグID情報の連携

スライド50

### 院内位置アクティブタグのいろいろ



モニター画面

タグの種類

院内位置アクティブタグは、スライド52に示すように少し大きいのですが、胸のところに写真のような電池と発信器が入ったタグを付けたら、病院内のどこにいるかがモニターできます。これは特に、患者が運ばれてきたときに、医師や看護師がどこにいるかを把握して、そこからどの部屋が空いているのかを一目で分か

### 継続的生体情報モニタリングシステム

救急医療、病院内での移送などあらゆる状況においても継続的に呼吸・心拍をモニタリングが可能なシステムの実現



スライド57

### インテリジェントナースコール

WIRELESS JAPAN2005でのデモンストレーション



スライド58

### システム構成

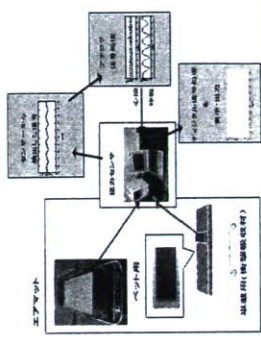
マット型生体モニタリングシステム

エアマット製の圧力センサを利用し、非接触で呼吸・心拍などの生体情報計測可能。



スライド59

### マット型生体モニタリングシステム



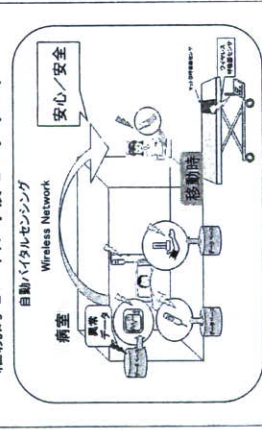
スライド60

そういうことはほとんどありませんが、運んでいる人が分からない、見落とすということもあるわけですが、ですから移送や移動のところはすべてのバイタルデータがとれなくなってしまうますが、そういうところでも、常にモニタリングするためのにはどうしたらいいかということも課題となり、フィルタをうまく使うこと、センサーを置いて、フィルタだけで心拍数や呼吸数を測定すること、空気の圧だけで心拍数や呼吸数を測定することができ、もし呼吸が止まった場合にはナースコールを出すというシステムが開発されつつあります。

このシステムをちょっと変形させて、小さなマットをストレッチャー上に置くだけで、患者にとってはほとんど違和感はなく、ただ寝ているだけで、その下のマットすなわち空気式の振動計測器が生体情報取得して、それを受信システムに送るといふ実験を行っています。試作品では空気の圧から、例えば呼吸停止や、あるいは心臓の不整脈をモニターしています。

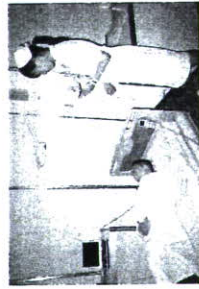
ストレッチャーは移動のために動きますから、ベッドで静かにしているときは連動して、いろいろな生体情報が取りにくいということがあります。そのため、患者側のマットと単体のマットを2つ並べ、その両者のデータを引き算してノイズを除去するようにし

### 継続的のモバイル呼吸モニタリング



スライド55

### 呼吸停止をナースコールに通知



スライド56

るようにする必要があります。このシステムを利用することで、救急センターの運営が非常に効率的になって、彼らの言い方が、何万ドルを節約できたというようなことを発表していました。

●生体情報ワイヤレスモニタリング (スライド53) ワイヤレスモニタリングのほうはまだまだなかなか進んでいないのですが、温度、呼吸、心電図とか、そのサチュレーションを、特にアクティブタグで、RFIDを飛ばしてモニターできるようなシステム、パッシブタグの場合はどうしても到達距離が短いということがあります。

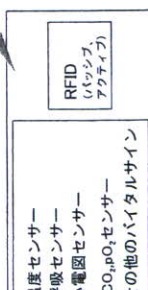
なかにはスライド54に示す、日本のオリンパスのように、体内から電波を飛ばすというようなカプセル型内視鏡ロボットなどもあります。普通は体外からバイタルサインをモニターします。

●我々の研究室でのユビキタス研究 (スライド55~70) 我々の教室でも同じようなことを行っていますので、少しお話しします。

病棟のベッドではいろいろな生体情報を測ることができ、ICUやCCU、手術室であればバイタルサインは完全に計測できます。ところが、手術室から例えばICUや病棟に運ぶとき、この間の患者のデータはどうなっているのかと考えると、全くないのです。しかし、そこでもし麻酔の問題などいろいろな原因により患者が呼吸停止などに陥った場合、もちろん

### 生体情報管理

体表センサー付きタグの応用



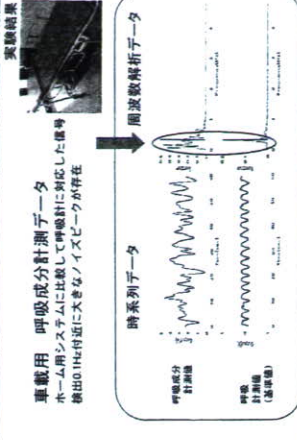
スライド53

### 体内モニタリング無線技術

- カプセル内視鏡ロボット内視鏡
- 薬剤伝達システム(DDS)の無線制御



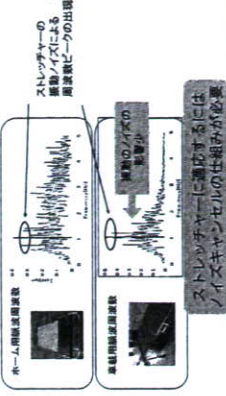
スライド54



スライド61

### ノイズの除去の必要性

本システムではノイズの影響大



スライド62

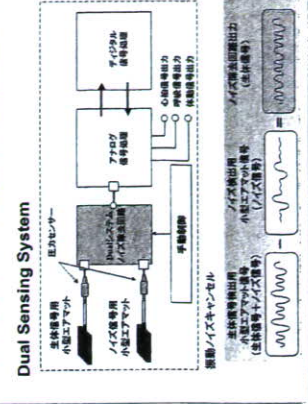
### デュアルエアマットによるノイズキャンセリング



2つのマットから得られた情報の差分をとってノイズをキャンセルし、生体情報のみ取り出して最適化

スライド63

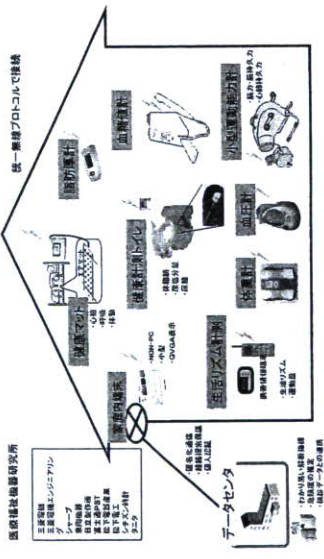
### ストレッチャー用生体情報計測ユニット



スライド64



### ホームヘルスケアのための 高性能健康測定機器システム



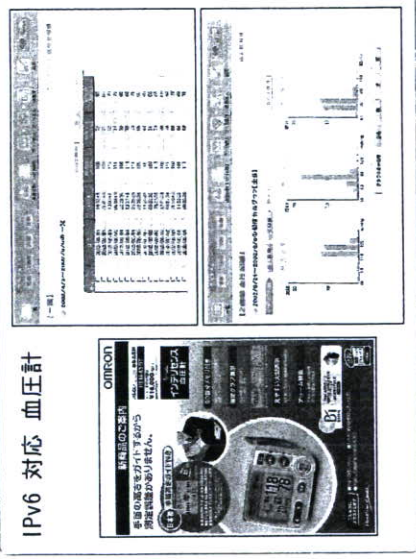
(スライド73)したがって、それぞ  
れに必要なIT機器を考えないとい  
けないということです。無線と有線  
の使い分けなど、メディアインターテ  
リジェントスペースの区分を適切に  
して、それぞれに必要な技術を考え  
なければなりません。簡単にいうと、  
病院内では医師用携帯端末や無線  
LANを用いたり、病院内の場合に  
は通常の有線ネットワークで通信す  
るといったことです。

### ホームヘルスケアにおける ユビキタス技術

(スライド74~82) ホームヘルス  
ケアについても、北海道や奈良など  
いくつかの所で実験が行われていま  
す。

ホームヘルスケアに関しては、家  
電メーカーがいろいろと機器を開発  
していますので、部屋の中ではユビ  
キタス、そこから外へはインターネ  
ットを利用するということと言える  
と思います。IPv6を使うと個々の  
計測機器をインターネットにつなげ  
ることができ、ホームヘルスケア  
で個人の血圧計を見たり、ホーム  
ヘルスケアに関する計測マップなど  
を作成したりすることができま

スライド76

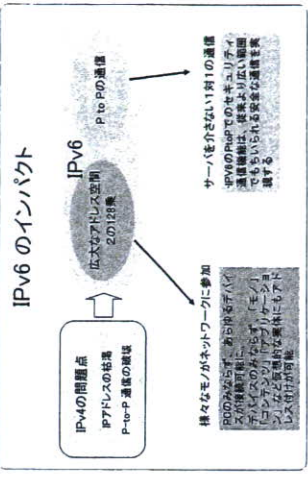


スライド77

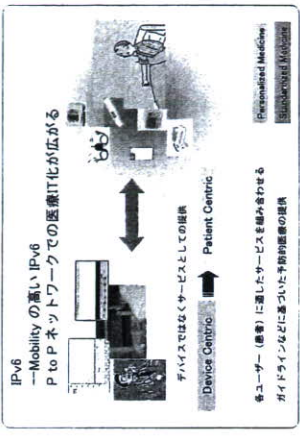
### ホームヘルスケアに関する計測マップ

項目	休系	体動歩数	血圧	心拍数	呼吸	いびき・発熱	活動量	生活リズム	運動機能
高血圧症									
糖尿病									
肥満・高脂血症									
骨粗しょう症									
心臓病									
認知症									
がん									
介護									
その他									

スライド78



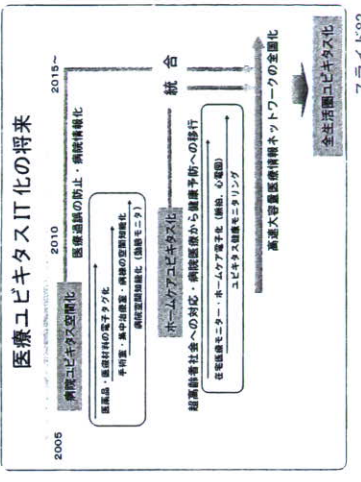
スライド79



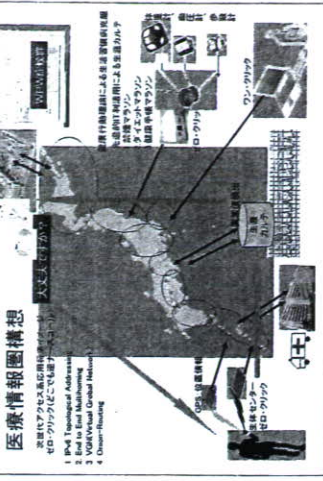
スライド80



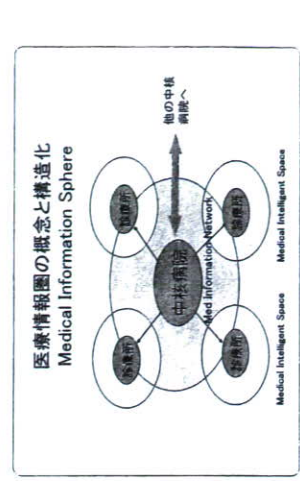
スライド81



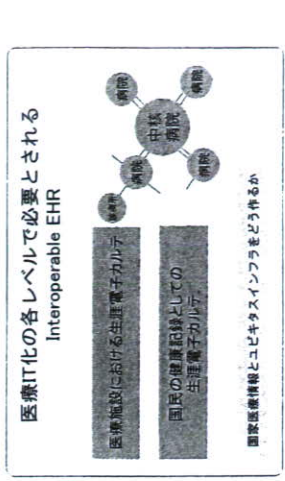
スライド82



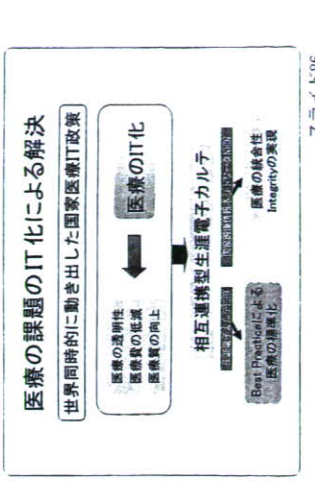
スライド83



スライド84



スライド85



スライド86







# Clinical Omics Ontology and National Projects in Japan (toward Social Information Infrastructure)

Jun Nakaya<sup>1</sup> and Hiroshi Tanaka<sup>1</sup>  
<sup>1</sup> Information Center for Medical Sciences, Tokyo Medical and Dental University  
 1-5-45 Yushima, Bunkyo-ku, Tokyo, 113-8549, Japan  
[junnaka.cgi@tmd.ac.jp](mailto:junnaka.cgi@tmd.ac.jp)  
<http://www.tmd.ac.jp/>

**ABSTRACT.** To establish Omics based medicine in the post genomic era, the first symbolic hurdle is to develop social information infrastructure. The social information infrastructure ordinarily consist of Electronic Health Record (EHR) and integrated biomedical projects of Japan. Here, as a elemental technique, ontology plays an important role to establish semantic interoperability in the social information infrastructure. Clinical Omics ontology is a methodology and omics ontology is important technique for semantic integration. This paper introducing the methodology and omics ontology, technologies, data exchanging format using ontology, and omics based EHR. In view of above, this paper discusses the importance of ontology and the demands to the ontology.

## 1 Introduction

Clinical omics informatics is the informatics which try to support the clinical omics medicine (Fig. 1). Here clinical omics medicine is the clinical medicine based on omics information. Omics is coinage of omic and ics. It means wholeness in the mass and includes genomics, transcriptomics, proteomics, metabolomics, and so on. In the post genomic era, we try to connect all omics information to phenomics which is essential expression result in human. To approach it, every domain tries to integrate these hierarchical omics information. In order to apply these information in clinical medicine, we additionally need information about abnormal state such as disease, diagnosis, treatment, and environment [Nakaya 2007].

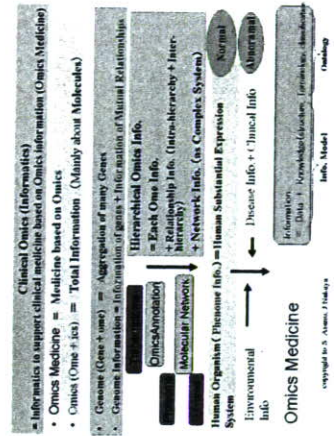


Fig. 1. Omics Medicine and Clinical Omics informatics

What we need as social informational infrastructure to establish clinical omics medicine are standardization, security, and translational research informatics (TRI) [Nakaya 2006][Nakaya et al. 2005]. The standardization is essential for sharing, exchanging, and effective use of information. The security is essential to protect personal information. The TRI is essential as a pipeline to realize experimental medicine such as omics medicine. The important two technologies are omics Electronic Health Record (EHR) and integrated biomedical database, these must be coupled and must be liaised effectively. As elemental techniques, ontology, data exchanging format, and information model are important. Standardization and security are basic fundamentals to work out this infrastructure. And information itself must be utilized actively and must be in informational circle consisting of social facilities (Fig. 2).

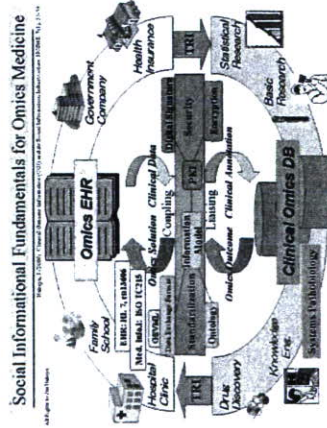


Fig. 2. Social Informational Infrastructure for Omics Medicine

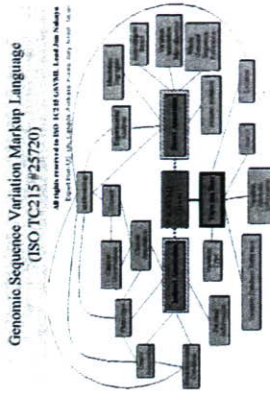


Fig. 3. Genomic Sequence Variation Markup Language (GSVML)

## 2 Projects toward social informational infrastructure

### 2.1 Genomic Sequence Variation Markup Language (GSVML)

GSVML project is a ISO project and the first standardization project in genomics field (Fig. 3). The GSVML has hierarchical structure, and the entry point of GSVML is genomic sequence variation. The GSVML has 3 Data criteria as variation data, direct annotation, and indirect annotation. These criteria have the internal relations mainly based on the statistics. The terminology and the structure including classification of GSVML are based on our clinical ontology [Nakaya et al. 2006].

### 2.2 The Integrated BioMedical Database

The Integrated BioMedical Database project started at 2007 in Japan. This project tries to integrate BioMedical Databases in Japan as national project. The integration will be established virtually with intelligent data-format which consist of disease ontology, disease data exchange format, and disease information model. Based on semantic interoperability with meta ontology that can map domain ontologies, we integrate many distributed biomedical databases virtually in semantic way. This project also tries to get over Language difference and domain difference with semantic interoperability. [Nakaya et al. 2007]

To achieve above objects, we developed 3 level methodology having 3 hierarchical layers such as info. model level, concept level, and integration level (Fig. 4). Having this 3 level methodology, we integrate databases semantically with 2 types of integration approach such as nosology based approach and systems pathology based approach. Nosology based approach is preposited on disease terminology and classification (Fig. 5). We use common template for both data format and ontology in whole disease knowledge space (all clinical fields).

structure of information models. Terminology will be used as vocabulary in the projects.

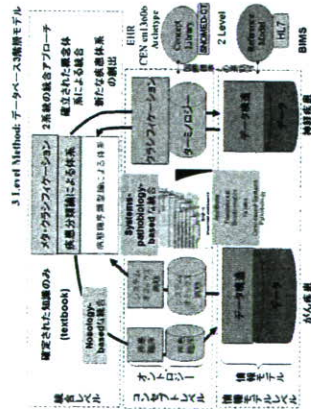


Fig. 4. 3 Level Methodology for biomedical database integration

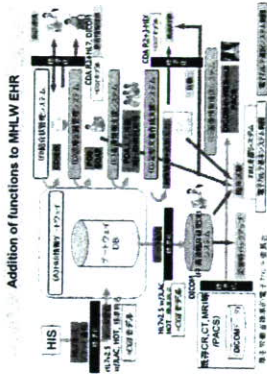


Fig. 6. Japanese MHLW EHR and Omics addition

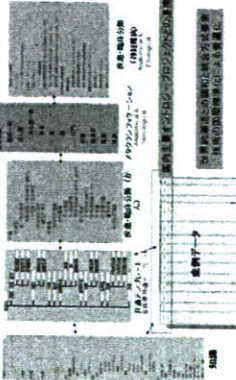


Fig. 5. Nosology based approach premised on disease terminology and disease classification

### 3 Clinical Omics Ontology

As a basis of the national Biomedical projects, we developed clinical omics ontology. This ontology has an ontological architecture for integration, which is called as Evidence Based Logical Atomism (EBLA) [Nakaya et al 2006-2]. This is also ontological base for GSVML, biomedical database integration project, and Japanese EHR. EBLA architecture defines atomic core (logical atom) and its evidences at each hierarchy. Fig. 7 is a sample of our disease ontology based on EBLA. Disease classification is based on a combination of anatomical hierarchy and etiological hierarchy. Disease terminologies are described with 3rd normalized skeleton template. Based on EBLA, we also developed surgical ontology framework and its intelligent data format for robot-assisted surgery (Fig. 8).

### 2.3 Japanese EHR

Many EHR projects such as NPfIT in UK, NHII in US, etc are under going internationally. Japan also started a national EHR project to establish better social information infrastructure for clinical practice. Actually international standardization and MHLW EHR are now in the phase of discharge summary [Nakaya 2007-2]. Omics information will be introduced as ad-on EHR for research purpose within some years. Practically omics information will be added to MHLW EHR as information model of data exchange format initially (Fig. 6). Classification of ontology will be used as a

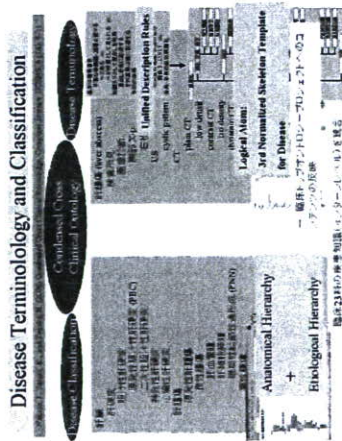


Fig. 7. Disease ontology based on EBLA

Customized Surgical Protocol and Ontology



Fig. 8. Surgical Ontology framework

4 Discussion

In the post genomic era, too explosive amount of information needs processing huge mass of concepts in computers. In many projects including above mentioned national projects, semantic processing are essential for smooth and efficient computerization. We believe that there is no doubt that current computerization needs ontologies.

Here one inevitable big issue for Clinical Omics ontology must be ontology integration. There are difficult hurdles to get over this issue. Practically the severe hurdles

must be in the differences of recognition systems, and it must be summarized in 3 points such as grading scale, scope difference, thoughtway mismatch between clinical ontology and omics ontology. EBLA tries to get over these points by introducing hierarchically modified logical atomism [Nakaya et al 2006-3].

References

[Nakaya et al. 2005] Nakaya J, Shimizu T, Tanaka H, Asano S : Current Translational Research in Australia and Translational Research Supporting Center (TRSC) in Japan, Chem-Bio Informatics Journal, Vol. 5, No. 2, 27-38, CBIJ1595, 2005

[Nakaya 2006] Jun Nakaya, The Translational Research Informatics (TRI) (Leadoff Article), International Journal of Computer Science and Network Security, 6(7A), 117-122, 2006

[Nakaya et al 2006] Jun Nakaya, Hiroi, K., Yang, W., Ido, K., Kimura, M. (Best Paper Award) APAMI2006 A01: 1-8, 2006

[Nakaya et al 2006-2] Jun Nakaya, Teisuo Shimizu: Knowledge Architecture based on Evidence Based Logical Atomism for Translational Research, International Journal of Computer Science and Network Security, vol. 6-2, ISSN:1738-7906, 175-179, 2006

[Nakaya et al 2006-3] Jun Nakaya, Shimizu, T., and Tanaka, H. Knowledge Platform to use BioMedical Semantic WEBs individually: Bridging Gene Ontologies and Clinical Ontologies at individual site (Lead-off Article) International Journal of Computer Science and Network Security 6 (2) 1-9, 2006

[Nakaya] 2007] Jun Nakaya, Clinical Genome Informatics (CGI) and its Social Information Infrastructure, IJCSNS, 7(1), 55-59, 2007

[Nakaya 2007-2] Jun Nakaya. Symposium3: Impact of CEN en13606 objecting Plug and Play with intelligent processing, 11th JAMI Symposium 2007, Osaka International Center, 2007

[Nakaya et al 2007] Jun Nakaya, Hiroshi Tanaka. Intelligent Data Format for Robot Assisted Surgery - Challenges and Solutions in software control -, Stanford University Lecture Series: US-ATMC "Advanced Technologies for Bio-med Applications" seminar series, Palo Alto, 2007

# Research and Education for Biomedical Informatics at Tokyo Medical and Dental University

Hiroshi Tanaka, Jun Nakaya  
School of Biomedical Sciences, Information Center for Medical Sciences, Tokyo Medical and Dental University

## 1. Basic Concept of our Research

The recent explosive expansion of data and knowledge in the biomedical fields, especially relating to comprehensive molecular information such as genomic, proteomic and other kinds of "omics data", makes informatics approaches crucial in exploring and clarifying the secrets of life as well as their contributions in resolving wide-ranged medical issues arising from clinical practice and healthcare management. We have been engaged both in bioinformatics and medical informatics for identifying critical issues in biological science and solving medical challenges, from the standpoint of a basic concept of "Systems Life Science: understanding life and disease as a unified system". From this integrated concept, we have moved forward in research, empirical implementation, and making contributions to healthcare policy.

Considering life as an "evolving network composed of biological molecules", we explore the secrets of life and in an effort to move towards an overarching theory for the biological sciences, which we call "Systems Evolutionary Biology".

### 1.1 Basic Sciences: Systems Evolutionary Biology

Considering life as an "evolving network composed of biological molecules", we explore the secrets of life and in an effort to move towards an overarching theory for the biological sciences, which we call "Systems Evolutionary Biology".

### 1.2 Clinical Sciences: Systems Pathology

Based on the concept of "Systems Pathology" based on much -omics background, we try to resolve issues arising in medical science and clinical practice. This concept is derived from the fact that each disease can be seen as a kind of system with a hierarchical aggregation of networks from the molecular level to that of the individual organism. We believe that our concept of "Systems Pathology: understanding a disease as a system" can be a key theory in helping develop molecular medicine or personalized medicine.

### 1.3 Medical Informatics for Future Medicine

We gather and combine all of our research to make use of them practical and effective as Systems Medical Informatics. From the standpoint of policy making and construction of the social infrastructure for better healthcare into the 22nd century, we research and implement socially-required medical informatics technologies such as the Electronic Health Record (EHR), Ubiquitous IT for Medicine, global interoperable technologies, database integration, in cooperation with international standardization efforts at SDOs like ISO/CEN/HL7. Prof. Hiroshi Tanaka as president of Japan Healthcare IT Initiative is responsible for policy

making, the introduction, and direction of Medical IT in Japan. Our laboratory is an integrated laboratory consisting of a computational biology group in the School of Biomedical Sciences (SBS), a bioinformatics group in the Medical Research Institute (MRI), and a medical informatics group in the Information Center for Medical Sciences (ICMS) with a philosophy of "Empirical Systems Life Science". Prof. Hiroshi Tanaka conducts research and educations as Dean of Biomedical Science for the PhD program in SBS in conjunction with MRI, and as Director of ICMS.

SBS was established in 2003 and is the only postgraduate school engaged in education and research of post genome medicine in Japan. Students taking courses of Biomedical Science PhD Program attend lectures and have experimental practice, and in the remainder of the program conduct practical research in the interdisciplinary area of clinical practice, information science, bioinformatics, and medical informatics.

## 2. Research and Education Activities

### 2.1 Biological Science - Systems Evolutionary Biology

2.1.1 Evolutionary Dynamics of Olfactory Receptor Genes in Vertebrates  
Mammals have over 1000 olfactory receptor (OR) genes, which form the largest known multigene family. To understand the evolutionary dynamics of OR genes in vertebrates, we conducted a phylogenetic analysis of all OR genes identified from the genome sequences of zebrafish, pufferfish, frogs, chicken, humans, and mice. The results suggested that the most recent common ancestor between fishes and tetrapods has at least nine ancestral OR genes, and all OR genes identified were classified into nine groups each of which originated from one ancestral gene. Eight out of the nine group genes are still observed in current fish species, while only two group (*l<sub>1</sub>* and *f<sub>1</sub>*) genes were

found from mammalian or avian genomes with a few exceptions, showing that the OR genes family in fishes is much more diverse than that in mammals or birds. In mammals or birds, group *f<sub>1</sub>* genes are nearly absent in fishes, while four major group genes present in fishes are completely absent in mammals or birds. The expansion of group *f<sub>1</sub>* genes also occurs in frogs, but frogs retain the group genes that are abundant in fishes, indicating that the frog OR gene family has both mammal-like and fish-like characters. These observations can be explained by environmental change that organisms experienced after the divergence between fishes and tetrapods. This article appeared on the cover of Proceedings of the National Academy of Sciences of the US [1,2], and was introduced in Editor's Choice in Science [3].

### 2.1.2 The Missing Link in the Evolution of Hox Clusters

The goal of this research is to understand evolution from the viewpoint of computational systems evolution (systems evolutionary biology). We especially targeted developmental systems: e.g., the Hox signaling system. Hox cluster has key roles in regulating the patterning of the antero-posterior axis in a metazoan embryo. It consists of the anterior, central and posterior genes: the central genes have been identified only in bilaterians, but not in cnidarians, and are responsible for archiving morphological complexity in bilaterian development. However, their evolutionary history has not been revealed (missing link) (Figure 1). We showed the evolutionary history of Hox clusters of 18 bilaterians and 2 cnidarians by using a new method, "motif-based reconstruction", examining the gain/loss processes of evolutionarily conserved sequences, "motifs". We recon-

**Summary**  
Objectives: Based on a basic concept of "Systems Life Science: understanding life and disease as a unified system", we move forward in research, empirical implementation, and making contributions to healthcare policy.  
Methods: We integrate bioinformatics and medical informatics for identifying critical issues in biological science and solving medical challenges with concept of "Systems Life Science" which consists of "Systems Evolutionary Biology" for basic science, "Systems Pathology" for clinical sciences, and an empirical medical informatics for future medicine.

Results: Our laboratory is an integrated laboratory consisting of a computational biology group in the School of Biomedical Sciences (SBS), a bioinformatics group in the Medical Research Institute (MRI), and a medical informatics group in the Information Center for Medical Sciences (ICMS) with a philosophy of "Empirical Systems Life Science".  
Conclusions: Based on the philosophy of "Empirical Systems Life Science", we continue to forward our research, education, systems implementations, and international standardization efforts. We believe that this approach will become a fundamental and effective way to uncover many of the secrets of life processes, and to help solve complex issues for future medicine in this post-genomic era with exceedingly rapidly growing amounts of -omics data and knowledge.

Geisshofer A, Haux E, Kulawski C editors. IMA Yearbook of Medical Informatics 2007. Methods in Med 2007; 46 Suppl 1: Sxx.

### Keywords

Empirical systems life science, systems evolutionary biology, systems pathology, systems medical informatics, translational research informatics

## 2.2 Medical Science - "Systems Pathology" and "Omics Medicine"

### 2.2.1 Clinical Omics Database for Cancer

As a Japanese national project for critical issues [7], we are moving forward to construct a "Clinical Omics Database for cancer" having omics data such as genomic data, transcriptomic data, proteomic data, other omics data, and clinical data in one integrated set. This database is annotated with network relations resulting from bioinformatics technologies like Data-Mining methods and statistical correlation analyses. Significance of relating and combining omics data with conventional clinical information is in developing a "Personalized Medicine" as part of the new post-genomic medicine age. We believe that this database can be a basis to move forward "Personalized Medicine" and its transitional process: "Translational Research" from the standpoint of omics based "Systems Pathology" (Fig. 2).

### 2.2.2 Education of "Bio-Omics-Medical Informatics"

As a Japanese national project for human resource nurturing [8], we are promoting the training of those who can contribute to a "Bio-Omics-Medical Informatics" that is a multidisciplinary academic field consisting of bioinformatics, medical informatics, biomedical statistics, and clinical omics medicine.

In this post-genomic era, omics information derived from many experiments concerning the transcriptome, proteome, and metabolome are accumulating rapidly and expected to reveal mechanisms of disease, giving rise to much novelty in medicine.

On the other hand, based on the concept of systems biology, thenovel methodologies assume diseases usually result from multiple processes involving hierarchically related networks at multiple levels, ranging from those inside of the cell all the way up to the entire individual organism.

The next generation of medical science will be based on these contexts, and omics information introduces a paradigm shift from conventional pathology to whole-omics systems pathology. In this context, for drug discovery and novel medicine, it is essential to nurture the talents of those who have ability to analyze/integrate/develop/understand disease from the standpoint of "Systems Pathology" based on clinical omics information.

### 2.2.3 Empirical Systems Evolutionary Biology for HIV

By analyzing the evolutionary process of HIV in the patient body that received a HAART (highly active anti-retroviral therapy) with systems pathological approach, we try to predict prognosis of AIDS therapy and to reveal drug-resistance mechanism of it [9]. HIV evolution in HAART patient is more complex than that in ordinary therapy. We have collected protease sample of HIV in HAART patient for 3 years and analyzed them. We found that AIDS patients have plural virus subgroups regularly in the body, and their composition ratio varies according to variety of anti-HIV drugs.

## 2.3 Medical Informatics for Future Medicine

### 2.3.1 Ubiquitous Medical Informatics

To establish a totally computerized clinical practice, not only are information systems with network environments needed, but also hospital spaces themselves need to be computerized. Focusing on compact distributed sensor and electronic tag systems with mobile communication technology, we promote research to make operating rooms, ICUs, hospital wards, outpatient departments, and home care environments computerized as medically intelligent

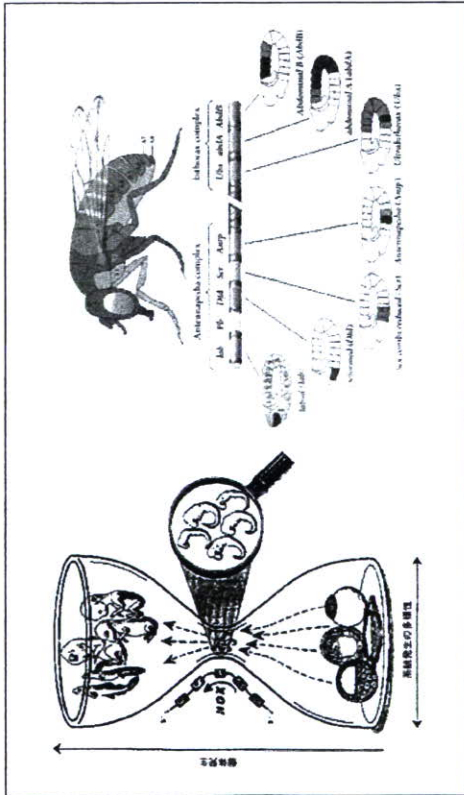


Fig. 1 Systems evolutionary biology to elucidate missing link in Hox clusters evolution

tein-coding DNA sequences and are particularly effective for detecting signals of natural selection acting on the protein. However, their utility in reconstructing molecular phylogenies and in dating species divergences has not been explored. We applied codon models to 106 genes from eight yeast species to reconstruct phylogenies using the maximum likelihood method, in comparison with nucleotide and amino acid-based analyses [6]. The results show that nucleotide-based analysis was efficient in recovering recent divergences whereas amino acid-based analysis performed better at recovering deep divergences. Codon models appeared to combine the advantages of amino acid and nucleotide data and had good performance in recovering both recent and deep divergences. Although the computational burden makes codon models unfeasible for tree searches in large data sets, we suggest that they may be useful for comparing candidate trees.

tween a replica and a target (heterodimerization model), the presence of a half of the motifs can be explained. This implies that another mechanism must exist. To uncover the mechanism, we examined the functional similarities among proteins and found that the proteins showing high functional similarities tend to be located two steps apart in the PINs. We therefore assumed that a new link is generated between a replica and its second neighbor and incorporated this mechanism into the conventional model [5]. Numerical analyses showed that our new model could indeed reproduce the motif structures of PINs nearly completely. Therefore, our second-neighbor model could reflect the actual evolutionary mechanism for the formation of PINs.

2.1.4 An Empirical Examination of the Utility of Codon Substitution Models in Phylogeny Reconstruction  
Models of codon substitutions have been commonly used to compare pro-

structed the evolutionary process of central genes of Hox clusters which leads to the explosive diversity of bilaterian body plan. We identified the acouela Hox cluster corresponds with the missing link in the evolution of the Hox cluster between the cnidarian-bilaterian ancestor and the bilaterians [4].

### 2.1.3 Evolutionary Mechanism of Protein-Protein Interaction Networks (PIN)

The PINs in an organism contain many fully connected sub-networks that are evolutionary conserved (motifs). Conventionally, PINs are thought to emerge by the following evolutionary mechanism: A randomly selected node duplicates, a link connecting to the replica is removed with a (approximately) constant probability, and a new link is generated between the replica and a randomly selected node. However, this model cannot explain the presence of motifs correctly, because it produces sparse sub-network structures. By assuming that a new link is generated be-

## Systems Pathology

### Principles

- Disease is system failure of Bio-process.
- Disease organizes itself as an autonomic system.

### Strategy

Hierarchical pathway network approach to disease pathology

Comprehensive cell-genetological approach to disease formation



Fig. 2 Basic concept of systems pathology



terms, the integration of data and knowledge is the fundamental technology, and the development of knowledge based prediction methods is the principal approach to achieving safe and efficient TR [15]. Currently we are engaged in Japanese national project to establish TRI. We believe that TRI is the critical informatics required for omics-based medicine to become practically successful of in this post genomic era, and we continue to work on it.

### Summary and Conclusions

Over 20 staff and 40 graduate students (about 20 master students and 20 PhD candidates) are in our Laboratory, cutting across SBS, MRI, and ICMS in TMDU, pursuing many national projects in multidisciplinary academic fields. Based on the philosophy of "Empirical Systems Life Science", we continue to pursue forward our research, education, systems implementations, and international standardization efforts. We believe that this approach will become a fundamental and effective way to uncover many of the secrets of life processes, and to help solve complex issues for future medicine in this post genomic era with exceedingly rapidly growing amounts of -omics data and knowledge.

### References

1. Nimura Y, Nei M. Evolutionary dynamics of olfactory receptor genes in fishes and tetrapods. *Proc Natl Acad Sci USA* 2005;102:6039-44.
2. Nimura Y, Nei M. Comparative evolutionary analysis of olfactory receptor gene clusters between

work knowledge existing in the whole omics space [14]. Establishing practical omics ontologies and integrating knowledge with data are urgent demands, and they are also prerequisite to establish -omics related EHRs. Based on an interface analysis between GSVML and SNOMED-CT/en13606 according to an informational exchange approach, we have analyzed the fundamental requirements for an integrated ontology. This research is a basis of planning a national integrated -omics database project in Japan.

### 2.3.4 Translational Research Informatics

Translational Research Informatics (TRI) is the essential informatics to support the translational research (TR) phase that is a part of the early clinical trial phase. TR is believed to be a key pipeline for the success of -omics based medicine. We have analyzed requirements of TRI and defined the required informational technologies. In concrete

spaces. Our ubiquitous project is a part of the Japanese national project [10].

### 2.3.2 International Standardization of Biomedical Informatics Technologies

We are attempting to contribute internationally through promoting international standardization at SDOs such as ISO/HL7/CEN/IE. Based on outcomes from our research as part of Japanese national projects, we have proposed and have promoted international standardization at SDOs. Currently we are promoting the Genomic Sequence Variation Markup Language (GSVML) with eight countries (US, UK, Canada, Australia, Israel, Italy, Korea, Japan) as an international leader [11,12]. GSVML is a data exchanging format focusing on genomic sequence variation data and human health application domains such as the gene-based medicine and pharmacogenomics (Fig. 3). GSVML is the first international standard in the clinical genomics domain.

### 2.3.3 Biomedical Knowledge Processing, Semantic Web Applications

Based on the concept of "Systems Pathology", we try to integrate clinical ontologies and biological ontologies. Clinical ontologies such as SNOMED-CT and biological ontologies such as Gene Ontology (GO) are not enough to describe the multi-hierarchical net-

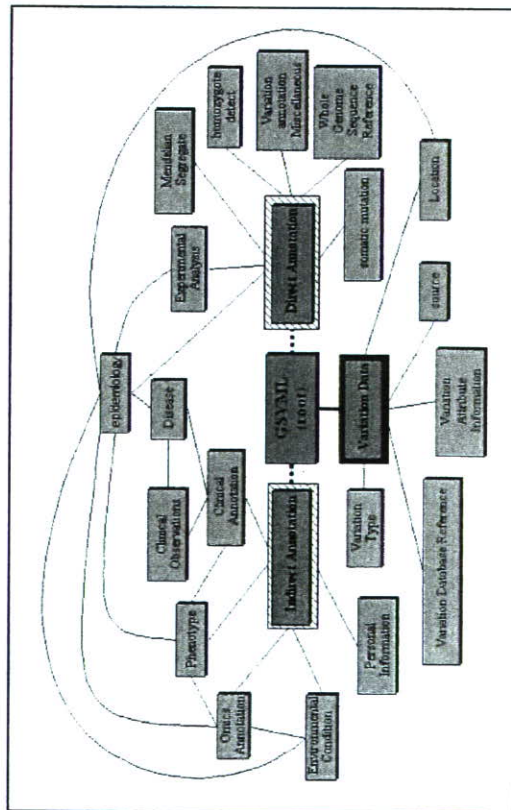


Fig. 3 GSVML is international standard of systems medical informatics in clinical genomics domain



Fig. 4 Staff and graduate students of our laboratory. The man in the center below is Prof. Hiroshi Tanaka and both sides of him are Professors. Unfortunately co-author Jun Nakaya does not appear in this photograph. The photograph shows a part of Imaoka lab.

3. International Rice Genome Sequencing Project. The map based sequence of the rice genome. *Nature* 2005;436:792-800.
4. Ogishima S, Tanaka H. The missing link in the evolution of Hox clusters. *Gene* 2006; accepted.
5. Ren F, Tsubota A, Hirokawa T, Kumada H, Yang Z, Tanaka H. A unique amino acid substitution, T126I, in human genotype C of hepatitis B virus S gene and its possible influence on antigenic structural change. *Gene* 2006;383:43-51.
6. Ren F, Tanaka H, Yang Z. An empirical examination of the utility of codon-substitution models in phylogeny reconstruction. *Syst Biol* 2005; 54:806-18.
7. Construction of exhaustive molecular pathological database, outlays for promoting Japanese Science and Technology. Japan Science and Technology Agency <http://www.jst.go.jp/EN/index.html>, 2007 [accessed 05.02.06]
8. Bio-Medical-Omics Informatics Education Program, outlays for promoting Japanese Science and Technology. Japan Science and Technology Agency. <http://www.jst.go.jp/EN/index.html>; 2007 [accessed 05.02.06]
9. Hasegawa N, Sugawara W, Matsuda M, Mogushi K, Tanaka H and Ren F. Inference of evolutionary genes driving HIV-1 drug-resistance acquisition under HAART using longitudinal HIV-1 protease gene samples. *Antivir Ther* 2005;S1(1):14.
10. Experimental use of electronic tags in medical field, outlays for promoting Japanese Science and Technology. Japan Science and Technology Agency. <http://www.jst.go.jp/EN/index.html>; 2007 [accessed 05.02.06]
11. International Organization for Standardization,

12. Nakaya J, Ido K, Hiroi K, Yang W, Kimura M. (Best Paper Award) Genomic Sequence Variation Markup Language (GSVML) for Global Interoperability of Clinical Genomics Data. Asia Pacific Association for Medical Informatics 2006 Proceedings, 2006, p.1-8.
13. Hiroi K, Ido K, Yang W, Nakaya J. Interface Analysis between GSVML and HL7 version3. *J Biomed Inform.* In press 2007.
14. Nakaya J, Shimizu T, Tanaka H. Knowledge Platform to use Bio-Medical Semantic WEBS individually: Bridging Gene Ontologies and Clinical Ontologies at individual site (Leadoff Article). *International Journal of Computer Science and Network Security* 2006;6(2A):1-9.
15. Nakaya J, Shimizu T, Tanaka H. e-protocol - A Transitional Research (TR) protocol generator and monitor -. *Communication Network, International Journal of Computer Science and Network Security* 2006;6(7B):18-23.

Correspondence to:  
Hiroshi Tanaka  
Imaoka Medical and Dental University  
Information Center for Medical Sciences  
1-5-45, Yachino, Imabashi-ku  
Tokyo, 133-8510 Japan  
Tel: +81-3-5903-5069  
Fax: +81-3-5903-0747  
E-mail: [tanaka@cin.ima.ac.jp](mailto:tanaka@cin.ima.ac.jp)

医療を変えるIT化のメリット

かがわ遠隔医療ネットワークから  
日本版EHRの実現へ



原 氏

- 1 香川大学医学部附属病院 医療情報部
- 2 岡山大学医学部附属病院 総合患者支援センター
- 3 香川県医師会 理事 4 株式会社アビスタ システム開発部
- 5 軍士道株式会社 医療システム事業部

原 量宏、横井英人、岡田宏基、小西久典、  
濱野貴史、原田顕徳、宮田左登志、斎藤幸夫。

政府は「e-Japan戦略」それに続く「IT新改革戦略」を積極的に推進しており、その中で電子カルテと遠隔医療の普及が最重要課題とされている。特に最近では「医療IT化政策の基礎」として国民の「生涯を通じた健康と医療情報の管理を目的とした、いわゆる日本版EHRの実現が大きな課題とされている。

本稿では、香川県における各種医療ITネットワークがどのように構築されてきたか、そして今後これらの機能をいかに有機的に統合して、我々の目指す生涯健康カルテ(EHR)としての機能を実現するべくに闘って解説する。

香川県における遠隔医療  
ネットワーク構築の経緯

香川県においては、「e-Japan戦略」が発表

されるかなり以前から、医療へのIT導入に積極的に取り組んでおり、すでに98年度には県のモデル事業として妊娠管理を目的とした電子カルテのネットワーク化(産産期ネットワーク)に取り組み、09年度には文部科学省、通信放送機構(JCN)の研究開発費、ならびに香川県の協力により、画像系を中心とした遠隔診断のネットワーク化に取り組んだ。

2001年度には、経済産業省の事業による「四国4県電子カルテネットワーク連携プロジェクト」に取り組み、全国規模での電子カルテネットワークを実現する上での技術的問題を解決することができた。03年度にはその成果をさらに発展させ、香川県と香川県医師会、香川大学医学部が一体となって運用する遠隔画像診断の支援を主体とした「かがわ遠隔医療ネットワーク(略称:K MIX)」が稼働した。本ネットワークは香川県の一般財源で実現したもの

で、全体的な取り組みとしては全国でも初めてのものである(図1)。

かがわ遠隔医療ネットワークの  
機能と特徴

かがわ遠隔医療ネットワークでは、これまでの遠隔医療システムで一般的であった医療機関×医療機関という画像や診療情報の伝送形態をとらず、医療機関の外部のデータセンターにサーバを設置し、依頼側からセンターサーバに送られた画像や診療情報を、支援側が見に行くという方式を採用していることが大きな特徴である。

本システムはWeb技術に基づきいわゆるASP型であるため、インターネット環境下であれば、最小限パソコン1台さえあれば、特別なアプリケーションの購入なしに本システムに参加することができる。すでにリー

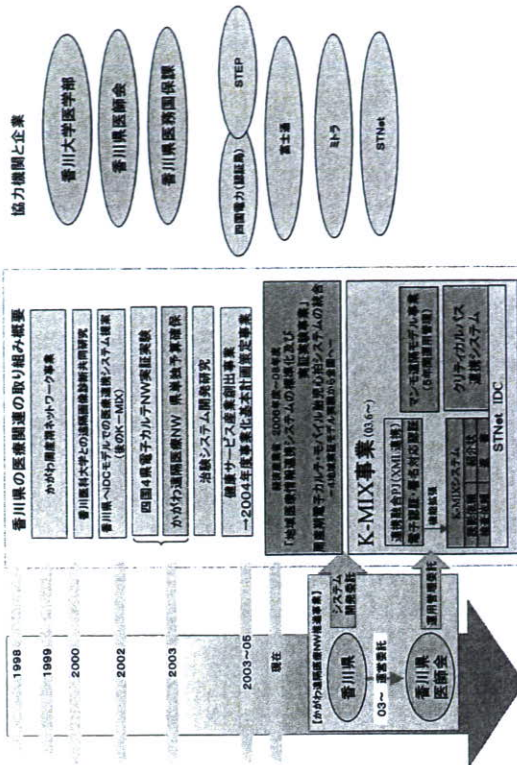


図1 香川県における遠隔医療ネットワーク構築の経緯

OM対応のCT、MR等の機器を整備している施設は、これまで通りDICOM規格で送受信できる。

またDICOM対応の機器を持たない医療機関においても、JPEG規格などの画像(顕微鏡による病理画像、内視鏡画像、眼底、心電図、アシカメによる画像)をいったんセンターに送れば、DICOM規格に変換された後にセンターのDICOMサーバに保存される。

画像診断に付随する依頼状や紹介状など一般の診療情報の送付に関しても、すべてWebブラウザ上で作業ができる。診断の依頼や診断結果は、電子メールや携帯のメール機能を用いることにより、リアルタイムで確実に送受信できるようになっている。

K MIXは年々機能を改良、増強しており、WebによるDICOMファイルビューアの機能(サムネイル表示、キートン画像表示他)や読影レポート過去履歴参照/表示機能の強化が随時行われており、大変使いやすいことなどの評価を受けている。もちろん自施設の使い慣れたDICOMビューアを使うことにより、さらに利便性は向上する。

医療情報を扱う上でセキュリティ確保が最重要の課題であるため、サーバの運用に関しては地元の通信キャリア(GZnet、四国電力系)が担当している(図2)。セキュリティに関しては、SSLに加え、厚生労働省の定めるHIT K I (Healthcare Public Key Infrastructure) に関しても、今年度全国の遠隔医療ネットワーク、電子カルテネット

ワークの中で初めて実装する予定で、その意義は非常に高いと考えている。

かがわ遠隔医療ネットワークの  
運用と香川県外への展開

K MIXの実際の運用経費に関しては、香川県が香川県医師会に委託し特別会計で運用している。医療機関の参加費用を発生するに当たっては、インターネット接続費用を含めて、月額約1万円程度を目安として、病院、診療所を問わず年額10万円前後に設定しており、小規模の医療機関でも加入しやすくなっている。民間の運営する遠隔診断支援システムは月額6~7万円であり、K MIXの参加費は10分の1以下と非常に廉価になっている。

スタート時点では約35施設の参加のみであったが、その後厚生労働省による遠隔医療の補助金などにより、参加医療機関は徐々に増加し、現在60施設を越え、経費的にも自立できるまでに至っている(図3)。

従来は原則的に香川県内の医療機関が対象であったが、香川県の柔軟な対応により、07年度より日本全国どこからでもK MIXを利用できるようになったことは大変意義あることである。すでに07年10月には岡山大学附属病院が正式に参加し、本年10月には岡山画像センター、ならびに福山市の岡田クリニックなどが参加し、いよいよ県外の医療機関相互での運用がスタートする予定である。

参加医療機関 (62)

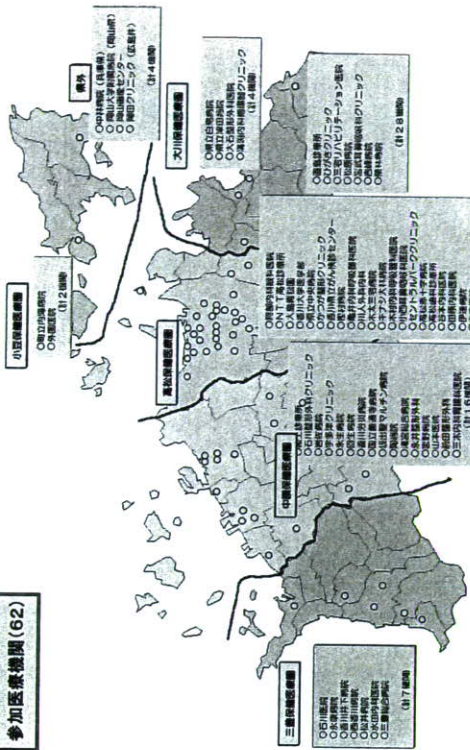


図3 かがわがわ遠隔医療ネットワーク (略称: K-MIX) 参加医療機関 (07年12月現在) スタート時点では約35施設の参加のみであったが、その後厚生労働省による遠隔医療の補助金などにより、参加医療機関は徐々に増加し、現在60施設を超え、経費的にも自立できている

HL7 CDARS によるデータ連携機能を発表したことにより、今後、K-MIXは全国の電子カルテを相互に結合情報交換センターとして機能できるといふだけで、その意義は非常に高い (図4)。

(3) 厚生労働省の支援事業によるデジタルマンモグラフィの遠隔診断システムの稼働

07年10月より厚生労働省の支援事業として、デジタルマンモグラフィの遠隔診断システム「オリアマンモネットワーク」がスタートしている。本ネットワークにより、香川県内の医療機関に現在佐藤製薬社が支援施設として構築されたデジタルマンモグラフィは、K-MIXと連携するセンターサーバに送られ、専門医に診断される。

基本的に画像情報はセンターサーバに保存されるため、医療機関側のハードウェアは最小限の構成で十分機能することが特徴である。本ネットワークはK-MIXと連携しているため、例えば本システムで乳がんが発見され大学病院や中核病院に転院した場合には、K-MIXを介してもマンモグラフィを参照することが可能である。シームレスな連携医療が実現するわけで、その意義は高い。

画像だけでなく、レポートシステムに関しても、全国規模での標準化を考慮しており、今後は標準的な診断法の確立や、地域全体のマンモグラフィに関するデータベースの構築も視野に入れている。

(4) K-MIXへの脳卒中地域連携クリティカルパスの実践

08年度から新たに構築される地域医療計画の中で、これからの疾病別診療連携のあり方として、いわゆる地域連携クリティカルパスが大変重要視されている。すなわち、今後の医療のあり方として、疾患ごとに、中核病院、回復期リハビリテーション病院、そして介護施設等が、相互に診療情報を共有しシームレスに連携することが望まれている。そのためには、画像情報や診療情報をいつでも相互に参照できる紙ベースではなく、電子的なネットワークが不可欠となる。

すでに香川県では、県と医師会の支援により、K-MIXに脳卒中や大腿骨頸部骨折をはじめとする各種地域連携クリティカルパスの機能を発表しており、関連する医療機関がネットワーク上で、診療情報を真にシームレスに連携することが可能になっている。実際には、香川労災病院院外科の藤本部長による、脳卒中地域連携クリティカルパスのエクセルのフォーマットをK-MIX上に添付する形式となっており、これから開発される様々な疾患の連携パスを構築する予定である。もちろん香川県以外の全国の医療機関が利用可能であるので、今後は是非とも多数の医療機関が利用することを期待している (図5)。

(5) K-MIXへ厚生労働省の推進するEIP (電子カルテ) の実践

EIP (電子カルテ) 戦略における厚生労働省による保健医療分野の情報化にむけてのグランドデザイン (2001年) の中で、医療分野における情報セキュリティの確保を目的として、

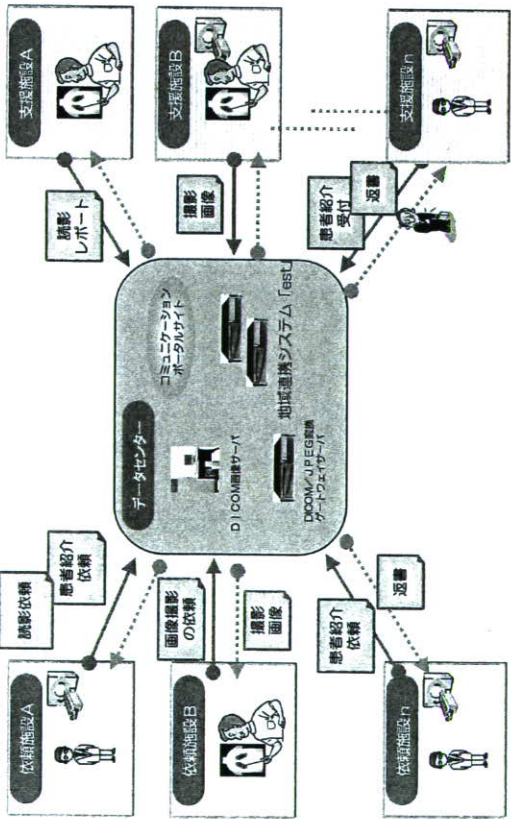


図2 かがわがわ遠隔医療ネットワークシステム、イメージ図 K-MIXはいわゆるASP型であるため、インターネット環境下であれば、容易に本システムに参加することができる

かがわがわ遠隔医療ネットワークのさらなる機能強化

香川県では、このほか厚生労働省の支援事業によるデジタルマンモグラフィの遠隔診断システムがスタートし、さらに最近重要視されている、いわゆるシームレスな医療を目指す脳卒中地域連携クリティカルパスに関してもK-MIX上で稼働する予定で、大変注目されている。

このように、当初K-MIXは画像診断支援を目的としたものであったが、その後診療情報に関しても、標準的な診療情報提供書 (J-MIX、HL7 CDARS) との連携による機能を実装し、電子カルテネットワークとしての機能強化を図っている。また、さらに周産期電子カルテネットワークとも機能を統合することによって、出生前の胎児の時期から高齢者までの「生涯を通じた」医療情報を扱う、すなわちEHRの機能が実現されつつある。

(1) 大学病院で稼働する電子カルテシステムとK-MIXとのネットワーク上での連携

EIP (電子カルテ) 戦略、ならびにIT新改革戦略では、異なる医療機関の電子カルテを相互にネットワークで接続することが大変重要なプロジェクトととらえられている。これまでにいろいろ取り組みが報告されているが、異なるベンチャーの電子カルテの情報を相互に伝送することはあまり実現していない。幸いK-MIXはASP型のWebのシステムである

ため、EIPプロトコルを介して、大病院の電子カルテシステムとネットワーク上で直接連携することが比較的容易である。すでに、香川大学医学部附属病院の病院情報システムとK-MIXは、ネットワークを介しての連携が実現しており、電子カルテの画面上で異なる2つのシステムを一体化して利用することが可能となっている。

(2) 電子カルテとのXML (J-MIX、EIP CDARS) による診療情報の連携

07年7月、IT戦略本部は重点計画2007を発表し、その中で標準的な診療情報提供書作成の促進、ネットワークを介して地域における医療機関間の情報連携の支援、健康情報全国的な取集・分析基盤整備の推進が明記されている。それに対応して、経済産業省ならびに厚生労働省は、電子的な標準的紹介状 (HL7 CDARS準拠) の実証事業を、群馬県高崎市、ならびに静岡県 (静岡県版電子カルテプロジェクト、SS-MIX) で行っている。

K-MIXにおいては、すでに大学病院の電子カルテシステムから抽出した入院サマリや診療情報提供書の内容を、XML (J-MIX、ならびにHL7 CDARS) を用いて、直接ネットワーク上で双方向のデータの連携が可能になっている。そこで、今回静岡県版電子カルテプロジェクトの間で標準的な診療情報提供書 (HL7 CDARS) により、試験的に情報交換を試みたところ、全く問題なく動作することが確認された。K-MIXの連携機能にJ-MIXに加え、

