

千里ライフサイエンスセミナーT5
『バイオインフォマティクスの最前線』

1. 日時：2023年2月20日（月）13：00～17：50（WEB配信併用）

2. 場所：千里ライフサイエンスセンタービル5F 山村雄一記念ライフホール
（大阪メトロ御堂筋線・北大阪急行 千里中央駅 北口すぐ）

3. コーディネーター

岡田 随象 大阪大学大学院医学系研究科 遺伝統計学 教授

田宮 元 東北大学大学院医学系研究科 AIフロンティア新医療創生分野 教授

4. 開催趣旨：

次世代シーケンサーに象徴されるゲノム配列技術の著しい発達により、膨大なデータが得られる時代が到来した一方、大容量のゲノム・オミクス情報を横断的に解釈し、社会還元するための学問へのニーズが高まっている。バイオインフォマティクスは生命科学領域における情報解析学問であり、日々発展するゲノム・オミクス情報の分野横断的な統合に適した研究分野として注目されている。従来の統計解析手法に加えて機械学習などの最先端の情報解析技術を活用し、大規模ヒト疾患ゲノム解析と統合することで、疾患病態の解明、個別化医療の社会実装、ゲノム創薬の推進などに貢献できることが明らかとなりつつある。シングルセル解析による一細胞レベルでの遺伝子動態も観測可能となり、今後の展開に期待が寄せられている。一方、従来の想定を超えた大規模情報の取り扱いなど、新たな課題も見出されている。本シンポジウムでは、バイオインフォマティクスを巡る最先端の知見を紹介したい。

5. プログラム(演題および演者)

13:00～13:05 挨拶

千里ライフサイエンス振興財団理事長 審良 静男

13:05～13:20 はじめに

岡田 随象 大阪大学大学院医学系研究科 遺伝統計学 教授

13:20～14:00 「遺伝統計学による病態解明・創薬・個別化医療」

岡田 随象 大阪大学大学院医学系研究科 遺伝統計学 教授

東京大学大学院医学系研究科 遺伝情報学 教授

理化学研究所 生命医科学研究センター チームリーダー

14:00～14:40 「がん全ゲノムシーケンス解析の最前線」

白石 友一 国立がん研究センター 研究所 ゲノム解析基盤開発分野 分野長

－休憩－

14:50～15:30 「量子時代におけるゲノム解析データのセキュアな活用」

佐藤 英昭 株式会社東芝 研究開発センター 情報通信プラットフォーム研究所
コンピュータ&ネットワークシステムラボラトリー 研究主幹

15:30～16:10 「大規模バイオバンクリソースを活用した遺伝統計解析」

田宮 元 東北大学大学院医学系研究科 AIフロンティア新医療創生分野 教授
理化学研究所 革新知能統合研究センター チームリーダー

－休憩－

16:20～17:00 「自然免疫応答の遺伝的多様性を単一細胞分解能で理解する」

熊坂 夏彦 国立成育医療研究センター エコチル調査研究部 遺伝子解析室
チームリーダー

17:00～17:40 「オミクス解析における人工知能技術の活用」

清水 秀幸 東京医科歯科大学 M&Dデータ科学センター AIシステム医科学分野
教授

17:40～17:50 おわりに

田宮 元 東北大学大学院医学系研究科 AIフロンティア新医療創生分野 教授

6. 参加費：無料

7. 定員：80名（WEB配信500名）要事前申込

8. 申込方法：当財団ホームページの「参加申込・受付フォーム」から2023年2月15日（水）までにお申込み下さい。

<https://www.senri-life.or.jp>

定員になり次第締め切ります。

参加申込者には「参加証」を送付します。また、WEB参加者には開催日前に参加方法をお知らせします。

9. お問い合わせ：公益財団法人 千里ライフサイエンス振興財団

セミナーT5 事務局 担当 加藤 浩

E-mail: smp-2022@senri-life.or.jp （TEL：06-6873-2006）

セミナーの詳細や変更等は、下記の財団ホームページにてご案内しております。

（財団ホームページ：<https://www.senri-life.or.jp>）