

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

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

会 場：千里ライフサイエンスセンタービル 5 階 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，大阪モノレール 千里中央駅下車）

コーディネーター・座長：

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

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。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。

プログラム：

- ・遺伝統計学による病態解明・創薬・個別化医療 大阪大学大学院医学系研究科遺伝統計学教授 岡田 随象
- ・がん全ゲノムシーケンス解析の最前線 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 白石 友一
- ・量子時代におけるゲノム解析データのセキュアな活用 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上席研究員 佐藤 英昭
- ・大規模バイオバンクリソースを活用した遺伝統計解析 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 田宮 元
- ・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 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 熊坂 夏彦
- ・オミクス解析における人工知能技術の活用 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 清水 秀幸

参加費：無料

定 員：会場 80 名，WEB 配信 500 名（要事前申込・定員になり次第締め切り）

申込方法：千里ライフサイエンス振興財団ホームページ「参加申込・受付フォーム」からお申込みください。

<https://www.senri-life.or.jp/seminar/seminar-1-20230220a.html>