



BINDS発現機能インシリコ融合ユニット キックオフシンポジウム:

次世代型1細胞/微小組織マルチオミックスによる生命科学研究支援

2022年 **6/18** (土)
14:00-16:00

主催：BINDS (創薬等先端技術支援基盤プラットフォーム)
発現機能インシリコ融合ユニット

場所：オンライン (Zoom)
参加費：無料
定員：なし

参加には事前登録が必要です。以下の URL から登録してください。
後日参加に必要な情報をお送りします。

<https://www.binds-registration.info/regi/101>

2022年4月よりスタートした BINDS 発現・機能解析ユニット / インシリコ解析ユニットからなる融合ユニットでは『次世代型1細胞/微小組織マルチオミックスによる生命科学研究支援』として、1細胞/微小組織データの取得と解析をオールインワン体制で解析/支援します。コンサルティングの段階から両ユニットが協力して一貫した高度な解析・研究支援を行う本ユニットの特徴をご紹介します。

プログラム

14:00-14:05 **善光 龍哉**
(国立研究開発法人日本医療研究開発機構)
■開会の挨拶

14:05-14:20 **由良 敬**
(早稲田大学理工学術院)
■発現機能解析インシリコユニットの活動概要

14:20-14:45 **細川 正人、竹山 春子**
(早稲田大学理工学術院)
■1細胞・微小組織の遺伝子発現解析からマルチオミックス解析へ

14:45-15:10 **和泉 自泰、馬場 健史**
(九州大学生体防御医学研究所)
■次世代の質量分析を基盤としたマルチオミックス解析

15:10-15:35 **福永 津嵩、浜田 道昭**
(早稲田大学高等研究所、早稲田大学理工学術院)
■次世代の RNA 情報学を基盤としたトランスクリプトーム解析

15:35-15:50 **村松 知成**
(東京大学大学院農学生命科学研究科)
■PubMed データからのテキストマイニングによる関連性抽出

15:50-16:00 **由良 敬**
(早稲田大学理工学術院)
■閉会の挨拶

お問合せ

生命科学・創薬研究支援基盤事業 (BINDS)
BINDS 司令塔・調整機能活動サポート班 (担当) 斎藤 佐藤 加藤
〒113-8657 東京都文京区弥生 1-1-1 東京大学大学院農学生命科学研究科内
Tel:03-5841-5167 Fax:03-5841-8031
Email:assist@binds.jp
受付時間 平日 9時30分~17時



BINDS発現機能インシリコ融合ユニット キックオフシンポジウム: 次世代型1細胞/微小組織マルチオミックスによる生命科学研究支援

2022年6月18日(土) 14:00-16:00

講演要旨

- 14:00-14:05 **善光 龍哉** (国立研究開発法人日本医療研究開発機構)
■開会の挨拶
- 14:05-14:20 **由良 敬** (早稲田大学理工学術院)
■発現機能解析インシリコユニットの活動概要
発現機能解析ユニットとインシリコユニットを融合したユニットを立ち上げた。この融合ユニットでは、オミックスデータの取得から解析までをひとつのパッケージにした支援を実施するとともに、個別技術を利用した支援を実施する。ここでは、ユニットの概要を紹介する。
- 14:20-14:45 **細川 正人、竹山 春子** (早稲田大学理工学術院)
■1細胞・微小組織の遺伝子発現解析からマルチオミックス解析へ
組織機能の理解には、空間的位置情報と紐付けた多角的な生体分子の解析が大きな力を発揮する。我々は、組織標本中の任意の箇所の微小組織を採集し、RNA-seqによる遺伝子発現解析を行う技術を持ち、長期保管された病理検体からモデル生物の組織標本まで幅広く解析経験を持つ。本事業では、本技術を用いた1細胞・微小組織遺伝子発現解析研究支援を進めるとともに、ユニット内の連携によって、RNAにとどまらないマルチオミックス解析やバイオインフォマティクス解析を含むサポートも提供予定である。
- 14:45-15:10 **和泉 自泰、馬場 健史** (九州大学生体防御医学研究所)
■次世代の質量分析を基盤としたマルチオミックス解析
メタボロミクスおよびプロテオミクスは質量分析 (MS: mass spectrometry) の技術革新の恩恵を受け発展してきた学問領域である。本発表では、我々がこれまで開発してきた高感度かつ網羅的なメタボロームおよびプロテオーム分析法を解説するとともに応用例についても紹介させて頂く。
- 15:10-15:35 **福永 津嵩** (早稲田大学高等研究所)、**浜田 道昭** (早稲田大学理工学術院)
■次世代のRNA情報学を基盤としたトランスクリプトーム解析
本グループではRNA情報学を基盤としたトランスクリプトーム解析により生命・医学研究を推進している。本発表では最初にこれらの研究の全体像を説明した後に、本グループが独自に開発した手法として、高速なRNA-RNA相互作用予測ツールであるRIblast、及びRNAのアライメントから高速に共通二次構造予測を行うLinAliFold/CentroidLinAliFoldについて、その手法の概要と応用例を紹介する。
- 15:35-15:50 **村松 知成** (東京大学大学院農学生命科学研究科)
■PubMedデータからのテキストマイニングによる関連性抽出
医学・生命科学文献データベースPubMedのうちアブストラクトが登録されているもの(現在約2303万件)すべてを用い、生命現象や生体分子に関する用語間の関連性を数値化し、それらをつなぎ合わせて新たな関連性を推定するシステム (Relation Inferring System by Text Mining, RISTM) を開発した。疾病に対する関連薬の推定などに応用できる。
- 15:50-16:00 **由良 敬** (早稲田大学理工学術院)
■閉会の挨拶