

研究会・地域部会の報告書

提出者：平岡聡史 / 提出日：2020.01.28

研究会・地域部会名	生命情報科学若手の会
代表者(所属機関名)	平岡聡史 (海洋研究開発機構(JAMSTEC))
タイトル(イベント名)	第 11 回研究会
日時	2019 年 10 月 18 日(金)ー20 日(日)
場所	一般財団法人 人材開発センター 富士研修所 (山梨県富士吉田市)
共催団体	JSBi
後援団体	なし
参加人数	34 名(うち JSBi 会員：12 名)
目的：	<p>実験計測技術の普及と発展は、生命科学研究におけるバイオインフォマティクスの重要性をますます高めているが、実験計測及び情報解析に関わる技術の発展は目覚ましく、個々の研究者が広く分野を把握することは実質的に困難である。そのため、実験から理論に至る若手の研究者が気軽に情報交換・研究協力し合える、分野を越えた人材交流基盤の構築が、今後のバイオインフォマティクス分野の発展を目指す上で不可欠である。本研究会は、情報学的視点から生命現象を紐解くことを目指す、多様なバックグラウンドを持つ若手研究者・学生が、議論・交流する機会を設けることで、次世代の生命情報科学を担う若手層の育成とネットワーク形成を目的とする。</p>
概要：	<p>【スケジュール】</p> <p>一日目 (10 月 18 日)</p> <p>12:00-12:50 受付</p> <p>12:50-13:00 開会の挨拶</p> <p>13:00-13:30 スポンサーセッション (ヤフー株式会社)</p> <p>13:30-14:00 オリエンテーション</p> <p>14:00-15:00 招待講演 (座長：板谷・小嶋)</p> <p>清水 佳奈 生命情報をどのように守り、安全に活用するのか</p> <p>15:00-15:30 ライトニングトーク (座長：平岡・芝井)</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 石野 響子 ゴールデンハムスターの雌性生殖細胞における PIWI-piRNA 経路の機能解明 2. 岩野 夏樹 グラフニューラルネットワークを利用した SELEX データからの結合性配列抽出 3. 占部 雄飛 様々な致死ストレスに対する反応から、微生物の種としての戦略を考察する 4. 黒木 健 遺伝子はどこまで機能的でいられるか? ~「半偽遺伝子」概念の提唱~ 5. 今野 直輝 多様なバクテリアの代謝ネットワークの進化に共通のパターンはあるのか?

6. 鈴木 ゆりあ 二次構造を考慮した CRISPR/Cas13 crRNA のデザインツール開発
7. 高橋 佑歌 バクテリアにおける tRNA 遺伝子クラスターの進化解析
8. 鶴巻 萌 小さなゲノムを有する CPR バクテリア群のリボソーム関連遺伝子解析
9. 西口 智也 転写因子の結合配列モチーフを同定する MOCCS2 の生物種横断的データへの適用と改良
10. 浜口 悠貴 真核生物の細胞質およびオルガネラのアミノアシル tRNA 合成酵素データベースの構築に向けて
11. 濱谷 和 一遺伝子内に複数存在するプロモータ発現の揺らぎの定量化
12. 細田 至温 MPPCA によるヒト腸内細菌叢の局所的低次元構造の推定
13. 松尾 仁嗣 Pan-Cancer analysis for the organ specificity of CTLs
14. 三井 英也 「生物の分類・進化のアクティブラーニング」 バイオインフォマティクスの手法を用いて
15. 森 秀人 SPADE によるゲノム編集モジュールに 関連した周期的反復配列の探索
16. 山口 尚人 細胞農業を進展させ(られ)る(かもしれない)バイオインフォマティクス
17. 山内 駿 「別リーディングフレーム」の大規模ゲノム解析により新規遺伝子の進化の駆動力を探る
18. 吉田 祐貴 短波長紫外線に曝露したヨコヅナクマムシのトランスクリプトーム解析

15:30-15:45 休憩
 15:45-16:00 ワールドポスター説明
 16:00-18:00 ワールドポスター
 18:00- 夕食&懇親会

二日目 (10月19日)

09:30-10:30 セッション1 (座長: 浜口・吉田)
 09:30-09:45 19. 石川 雅人 scRNA-seq データを用いた実時間遺伝子発現ダイナミクスの再構築
 09:45-10:00 20. 小嶋 泰弘 胚発生における遺伝子発現量の時空間再構築
 10:00-10:15 21. 飯井 虹之介 比較ゲノム解析による Micrococcaceae 科及び Geoderma-topophilaceae 科における紫外線耐性関連遺伝子群の探索
 10:15-10:30 22. 永田 祥平 CPR バクテリアにおける逆転写酵素関連タンパク質の網羅的探索と分子進化
 10:30-11:00 コーヒーブレイク
 11:00-12:00 招待講演 (座長: 大上・永田)
 阿久津 達也 生体ネットワーク制御のための数理モデル
 12:00-12:30 スポンサーセッション (株式会社 MOLCURE)
 12:30-13:30 昼食
 13:30-14:30 セッション2 (座長: 細田・飯井)
 13:30-13:45 23. 西村 瑠佳 縄文人から抽出された DNA を用いた微生物のメタゲノム解析
 13:45-14:00 24. 平岡 聡史 環境微生物を対象としたゲノム情報解析の拡張
 14:00-14:15 25. 芝井 厚 自動培養系を用いた細菌実験進化のフィードバック制御の試み

14:15-14:30	26. 岩井 碩慶	社会寄生種であるトゲアリ <i>Polyrhachis lamellidens</i> が行う馬乗り行動の理解
14:30-14:45		コーヒーブレイク
14:45-15:45		セッション3 (座長：岩野・吉田)
14:45-15:00	27. 熊谷洋平	フルデプス採水による太平洋の原核生物群集構造解析
15:00-15:15	28. 大上雅史	PKRank & SPDRank : 化合物選別のためのランク学習法
15:15-15:30	29. 板谷琴音	解析から編集へ：新たなゲノム情報操作プラットフォームの開発
15:30-15:45	30. 鈴木創	超高感度アライメントアルゴリズムを設計する
15:45-16:00		コーヒーブレイク
16:00-18:00		ワールドポスター
18:00-		夕食&懇親会

三日目 (10月20日)

09:30-10:30	招待講演 (座長：石野・黒木)
	中川 真一 モイスチャーな生物学
10:30-10:40	ワールドカフェ説明&準備
10:40-12:30	ワールドカフェ
12:30-	発表賞受賞式・閉会式

【発表賞】

最優秀賞	岩井碩慶	(慶應義塾大学)
優秀賞	芝井厚	(理化学研究所)
	鈴木創	(東京大学大学院)
日本ジェネティクス賞		
	飯井虹之介	(慶應義塾大学大学院)
	板谷琴音	(理化学研究所、慶應義塾大学)
Active discussion Award		
	今野直輝	(東京大学)

成果および感想：

開催直前に襲来した台風 19 号に伴う災害の影響により、JR 中央線や中央自動車道が不通となった。その影響は開催当日まで続き、関東圏から開催会場へのアクセスは実質的に東名高速道を迂回した高速バス経由しかない状況となった。そのため、多くの参加者が予定していた移動経路の変更を余儀なくされ、また途中道路の渋滞もあり、予定通りに会場に到着できない参加者も多かったため、急遽開催を 1 時間遅らせる措置をとった。

このような悪条件やスケジュール変更がありつつも、生命情報科学若手の会第 11 回研究会には無事開催され、最終的には 34 名の参加があった。参加者の 6 割強が学生であり、分野は医学系から、微生物生態学、進化学、オミックスゲノム科学、情報科学、教育学等、多岐に渡った。このようなバックグラウンドの多様性にもかかわらず、口頭発表や

持ち運びができる A3 サイズのポスターを用いたポスター発表では、タイムスケジュールの枠を超えて熱い議論が交わされた。特に、A3 サイズのポスターは懇親会でも持ち込まれ、深夜まで研究についてディスカッションが行われていた。招待講演では阿久津達也博士に数理生物学による研究成果を、清水佳奈博士にプライバシー保護データマイニングに関わる技術開発について、中川真一先生に lncRNA の機能解析や UPA-seq などの手法開発について、それぞれご自身の研究分野をどのように開拓されてきたかについてご講演いただいた。グループディスカッション(ワールドカフェ) では「ラボやチーム内におけるコミュニケーションの工夫」をテーマに、指導教員とのコミュニケーションやラボ内での交流のあり方、そして人間関係に起因する心理ストレスの軽減の仕方等について、参加者間で活発な意見交換がなされた。研究会の最後には、参加者投票に基づき、優秀な発表を行った参加者を表彰した。メーリングリストへの登録や参加者間の自発的な SNS アカウントの交換を通じ、会の終了後も参加者間でゆるくつながりを保てると期待される。

以上より、今後も必要に応じて情報交換・協力しあえるような、バイオインフォマティクスを支える人材層形成の場として本研究会が機能していると考えている。