

AIMaP 研究集会等実施報告書

(Part 1/4) 名称・重点テーマ・キーワード等

項目	内容
名称	大阪大学数理・データ科学教育研究センター 主催講演会 「医学研究における数理的方法」
採択番号	2020A013
重点テーマ	生命科学・医療分野におけるモデリングやデータ利活用技術 (数理・データ科学教育研究センターでの数理医学研究)
キーワード	遺伝子ネットワーク、数理モデル、細胞シミュレーション、患者固有モデルの構築、ヒトゲノム配列、オミクス解析、ゲノム創薬、人工知能、機械学習、ゲノム個別化医療、PRS モデル、バイオインフォマティクス
主催機関	●主催:大阪大学 数理・データ科学教育研究センター(MMDS) ●共催:九州大学マス・フォア・インダストリ研究所(文部科学省科学技術試験研究委託事業「数学アドバンスイノベーションプラットフォーム」受託機関)
運営責任者	鈴木貴(大阪大学 数理・データ科学教育研究センター 特任教授・副センター長)
開催日時(開始)	2021/02/24 10:05
開催日時(終了)	2021/02/24 16:15
開催場所	Zoom による Web 開催

(Part 2/4) 最終プログラム・参加者数

項目	内容
最終プログラム	<p>【開会ご挨拶】</p> <ul style="list-style-type: none"> ●10:05-10:10 主催者・ファシリテーター 大阪大学 数理データ科学教育研究センター(MMDS) 特任教授 鈴木 貴 <p>【第1部:基調講演】</p> <ul style="list-style-type: none"> ●10:10-11:00 「細胞シミュレーションによる患者固有モデルの構築」 大阪大学 蛋白質研究所 教授 岡田真里子 ●11:00-11:50 「遺伝統計学で迫る疾患病態とゲノム創薬」 大阪大学 医学系研究科 教授 岡田 随象 <p>【第2部:一般講演①】</p> <ul style="list-style-type: none"> ●13:00-13:20 「肺腺がんの MET 増幅依存的ゲフィチニブ耐性の数理モデルを用いた解析」 東京大学 医科学研究所 助教 伊東 剛 ●13:20-13:40 「神経幹細胞分化の時空間的制御機構」 金沢大学 新学術創成研究機構 准教授 八杉 徹雄

	<ul style="list-style-type: none"> ●13:40-14:00 「真皮形状変形の数理モデリング」 北海道大学 電子科学研究所 准教授 小林 康明 ●14:00-14:20 「トランスクリプトームデータから生物学的意味の体系を抽出する」 大阪大学 蛋白質研究所 助教 飯田 溪太 ●14:20-14:40 「皮疹の形から紐解く皮膚医学への挑戦と数理」 広島大学 統合生命科学研究科 教授 李 聖林 <p>【第3部:一般講演②】</p> <ul style="list-style-type: none"> ●14:50-15:10 「数学ベンチャーArithmer の医学分野への応用事例について」 Arithmer 株式会社 代表取締役社長兼 CEO 東京大学 大学院数理科学研究科 特任教授 大田 佳宏 ●15:10-15:30 「臨床データに基づいた免疫に対するがん進化の数理モデル解析」 国立研究開発法人国立がん研究センター 先端医療開発センター 特任研究員 東京大学 新領域創成科学研究科 特任准教授 波江野 洋 ●15:30-15:50 「個のデータに着目したパーソナル医療の社会実装と未来予測」 東京大学 大学院工学系研究科 特任助教 中村 正裕 ●15:50-16:10 「ガン免疫に関する数理モデル」 埼玉大学 教育学部 教授 道工 勇 <p>【総括】</p> <ul style="list-style-type: none"> ●16:10-16:15 大阪大学 数理データ科学教育研究センター(MMDS) 特任教授 鈴木 貴
参加者数	数学・数理科学:23 人, 諸科学:19 人, 産業界: 1 人, その他: 11 人

(Part 3/4) 論点・現状・今後の展開

項目	内容
当日の論点	数理モデル構築やゲノム研究によって実現した疾患予測と創薬、今後の課題
研究の現状と課題(既にできていること、できていないことの切り分け)	<p>午前中には、岡田眞里子先生と岡田随象先生による基調講演が行われた。</p> <p>まず、岡田眞里子先生より、遺伝子ネットワーク研究、BioMASS の活用(モデル構築、パラメータ推定、感度解析)について報告があった。更に、患者固有モデルの構築の戦略(ネットワークの構造、パラメータ、初期値)について詳細な報告がなされた。BioMASS とは、岡田研究室で構築されたデータベースツールであり、このツールにより、がんの疾患データ等が容易にダウンロードできるようになった。これまでハードルが高いとされた数理モデルの構築が簡単にできるようになり、創薬などにも活用されるようになる旨の報告があった。BioMASS により、細胞レベルまでは予測できるようになったが、全ての組織のデータを取るのには相当困難であり、器官・全身レベルまでどのように発展させるかという課題が残る。</p> <p>次に、岡田随象先生からは、横断的オミクス解析による病態解明、疾患ゲノムを活用した創薬、ヒトゲノム情報への人工知能の活用、ゲノム個別化治療への挑戦についての報告があった。ゲノムが以前より安価にて調達可能になったことにより、手軽にゲノム研究ができるようになったことが伺えた。ゲノム個別化医療においては、世界的にホットな話題となっている polygenic risk score (PRS) の利用についての報告があった。既知のリスク因子に PRS を加味することで高いリスク群サンプルの効率的な同定が可能になり、予</p>

	<p>防医療が推進されることが期待できるとのことであった。但し、同じ PRS モデルで計算しても PRS 値の分布が地域等集団間によって異なるという指摘もあり、PRS を臨床現場に導入するにはまだ検討すべき点が多い。</p> <p>午後からの一般講演では、形態形成、シグナル伝達、生活習慣病、外科手術ロボティクス、ウェアラブルセンサー診断などのトピックについてバラエティに富んだ研究報告があった。</p>
新たに明らかになった課題	<p>BioMASS による数理モデルの構築や PRS について、予後や発症リスクの検出感度は確かに上がるが、一方で創薬や原因を調べる際に関与するファクターが増えていることにより検証が難しくなるのではないか、という点について議論がなされた。</p>
今後解決すべきこと、今後の展開・フォローアップ	<p>今回の講演会を企画するにあたり、あらゆる方面からの研究者のご協力を賜り、様々な分野から研究報告を提供戴くことができた。今後も、より多くの方面の方が気軽に参加できるような会を企画・開催し、数学系研究者と生命科学系研究者の情報交換の場を確保していきたい。</p> <p>また岡田随象先生の講演の中で、次代を担う若手研究者の人材育成・発掘を目的とした「遺伝統計学・夏の学校@大阪大学」についての紹介があった。医学系の学生がデータ解析をする絶好の機会であり、とても有意義な報告が聞けた。</p> <p>一般講演では提唱モデルの数学解析によって研究が進展することがより明確になった。今後応用数理学会で議論を深めたい。</p>

(Part 4/4) 写真

項目	内容
添付写真 1	
添付写真 2	

添付写真 3

大阪大学数理・データ科学教育研究センター講演会, Feb 24th, 2019



遺伝統計学で迫る 疾患病態解明と ゲノム創薬

岡田 随象

大阪大学大学院医学系研究科
遺伝統計学

URL : <http://www.sg.med.osaka-u.ac.jp/index.html>



(20190614 Ver.)