

「早稲田オープン・イノベーション・フォーラム 2019」 出展報告

◆概要◆

日時 2019年(平成31年)3月5日(火) 10:00~18:00
場所 ベルサール汐留 2F ホール
(東京都中央区銀座 8-21-1)
主催 早稲田大学オープンイノベーション戦略研究機構
共催 早稲田大学大学院、早稲田大学理工学術院総合研究所
後援 一般社団法人日本経済団体連合会
ホームページ <https://waseda-oif.jp>

◆趣旨◆

早稲田大学は、文部科学省「平成30年度オープンイノベーション機構整備事業」への採択を機に、産学連携ビジョン、シーズとなる最先端研究、ならびに産学連携事例等を紹介する早稲田オープン・イノベーション・フォーラム2019(英語表記: Waseda Open Innovation Forum2019、略称: WOI'19)を開催した。

上記フォーラムにおいて、当 OIL の技術やこれまでに得られた成果を紹介し、産学連携へと繋げることを目的とし、出展を行なった。

◆出展内容◆

出展形態 ポスター
タイトル 生体システムビッグデータ解析: 産業技術総合研究所-早稲田大学 生体システムビッグデータ解析ラボ(CBBD-OIL)
代表者 産総研・早大 生体システムビッグデータ解析ラボ ラボ長 竹山 春子
説明者 安佛尚志(生命機能解析班長)、井手圭吾(TS)
展示概要 産総研と早大は新たな産総研の拠点(CBBD-OIL)を設置し、早大が有する日本有数の生体システムビッグデータと、産総研・早大双方の情報解析技術シーズを合わせ、生命現象のメカニズムをシステムとして理解し、疾病メカニズムの解明や究極の個別化医療への貢献を目指した研究開発を行います。さらに、産学官ネットワークの構築により、民間企業の参画による「橋渡し」につながる目的基礎研究の強化や、世界標準となる最先端の生命情報解析技術の研究開発を行います。

◆記録◆

上記の趣旨に基づき、ポスター展示(2枚)を行った。内容は以下の通り。

1) 配列解析アルゴリズム班の研究内容

◆lncRNA の機能解明に向けた研究

- ・ヒト/マウス lncRNA-RNA 相互作用データベース LncRRlbd
- ・lncRNA の組織特異的発現とトランスポゾンの関係の網羅的解析
- ・深層学習を用いた m6A 修飾の予測

◆ゲノム配列

- ・シーケンサーの「個性」を自動的に学習するツール: LAST-TRAIN

◆各種ゲノムデータへの応用

- ・腸内細菌叢の細菌群を同定
- ・新しい癌変異シグネチャーを複数同定

2) 生命機能解析班およびシステムズバイオロジー班の研究内容

◆メタゲノムデータ解析

- ・食物繊維イヌリンの摂取によるヒト腸内細菌叢の応答を時間栄養学的視点から解析

◆オミクスデータ解析

- ・サンゴに関連したメタゲノム・シングルセルゲノム・トランスクリプトーム統合解析による宿主-細菌関連メカニズムの解明

◆シングルセルトランスクリプトーム解析

- ・酵母のシングルセル解析による細胞周期の始動機構の解明

フォーラムはポスター展示と講演が並行して行われ、ポスターはフォーラムの開催中常時展示された。多くの参加者がポスターを訪れ、研究内容の紹介や質疑応答、名刺交換を行なった。OIL への相談窓口を確認される方も多く、ホームページを充実させる必要性を感じた次第である。なお、名刺交換の相手は早稲田大学関係者、産総研関係者に加え、企業 10 社（製薬、試薬、食品、ソフトウェア開発、コンサル等）であった。

◆発表風景◆

