

## 研究開発実施報告

### □概要

研究開発課題名	エピゲノミクス統合データベースの開発と機能拡充
開発対象データベースの名称 (URL)	ChIP-Atlas ( <a href="https://chip-atlas.org/">https://chip-atlas.org/</a> )
研究代表者氏名	沖 真弥
所属・役職	九州大学 大学院医学研究院 講師 (2020年3月時点)

### □目次

§1. 研究実施体制.....	2	③ 口頭講演.....	10
§2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等.....	3	④ ポスター発表.....	11
(1) データベース一覧.....	3	(4) 知的財産権の出願 (国内の出願件数のみ公開)	
(2) ツール等一覧.....	3	.....	11
§3. 実施内容.....	4	① 出願件数.....	11
(1) 本年度の研究開発計画と達成目標.....	4	(5) 受賞・報道等.....	11
(2) 進捗状況.....	4	① 受賞.....	11
§4. 成果発表等.....	7	② メディア報道.....	11
(1) 原著論文発表.....	7	③ その他の成果発表.....	11
① 論文数概要.....	7	§5. 研究開発期間中に主催した活動 (ワークショップ等)	
② 論文詳細情報.....	7	.....	12
(2) その他の著作物 (総説、書籍など).....	8	1. 進捗ミーティング.....	12
(3) 国際学会および国内学会発表.....	9	2. 主催したワークショップ、シンポジウム、アウトリー	
① 概要.....	9	チ活動等.....	12
② 招待講演.....	9		



## §1. 研究実施体制

グループ名	研究代表者または主たる共同研究者氏名	所属機関・役職名	研究題目
沖グループ	沖 真弥	九州大学・助教	ChIP-Atlas の継続的運営と機能拡充
三浦グループ	三浦 史仁	九州大学・講師	Bisulfite-seq データの追加
浜本グループ	浜本 隆二	国立がん研究センター研究所・分野長	サンプルメタデータのキュレーション

## §2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等

### (1) データベース一覧

#### 【主なデータベース】

No.	名称	別称・略称	URL
1	ChIP-Atlas		<a href="https://chip-atlas.org">https://chip-atlas.org</a>

#### 【その他のデータベース】

No.	名称	別称・略称	URL
1			
2			
3			
4			
5			

### (2) ツール等一覧

No.	名称	別称・略称	URL
1			
2			
3			

### §3. 実施内容

#### (1) 本年度の研究開発計画と達成目標

##### ■ Bisulfite-seq データの追加

三浦グループが開発したマッピングツール BMap を中心としたプログラム群を用いて Bisulfite-seq データのための解析パイプラインを遺伝研スパコン上に構築する。

##### ■ ATAC-seq データの追加

DNase-seq データの解析パイプラインを転用し、同じくオープンクロマチン領域を同定するための実験手法である ATAC-seq データを解析する。

##### ■ 最新ゲノムアセンブリへの対応

ヒトゲノムアセンブリを hg19 だけでなく hg38 にも対応させるなど、最新ゲノムアセンブリによる解析データを作成する。

##### ■ キュレーション履歴の再検討

これまでに行われた ChIP-Atlas のキュレーション履歴を医学的観点より再検討する。

##### ■ 毎月のデータ更新

毎月行われるデータソース (NCBI SRA) の更新に合わせ、ChIP-Atlas データを更新する。

##### ■ 他のデータベースとの連携

ChIP-Atlas 以外のバイオデータベースとの連携を進める。

##### ■ 利用者増加のための広報活動

学会や研究集会において、ChIP-Atlas やその利活用事例の発表とともに、参加者へのチラシの配布をおこなうことで、周知活動をおこなう。

#### (2) 進捗状況

##### ■ Bisulfite-seq データの追加

これまでの開発において、三浦がこれまで自身で開発・運用を行ってきた BMap をはじめとする一連のプログラム群を用いた解析パイプラインの構築を進めている。2019 年度はこの解析パイプラインを NIG supercomputer に実装し、NCBI-SRA から SRA のダウンロード、Fastq への展開、レファレンスゲノムへのアライメント、メチル化率データの作成、などについて ChIP-Atlas の月例更新プログラムへの組み込みを進めた。また、低メチル化領域 (Hypomethylated regions : HMRs) と部分メチル化ドメイン (Partially methylated domains : PMDs) の抽出を行うためのツール methpipe を NIG supercomputer に実装し、これらのゲノム領域情報の BED ファイルを作成するための準備を進めた。

##### ■ ATAC-seq データの追加

NCBI から公開されている NCBI SRA Metadata には、シーケンサを用いた解析の全てのサンプルメタデータが記載されており、毎月更新されている。沖グループが中心となり、毎月このデータをパースして ATAC-seq データの実験 ID を抽出するためのプログラムを作成した。これを ChIP-Atlas の月例更新プログラムへの組み込み、自動的にデータを収集・解析するための準備を進めた。現在、解析パイプラインを実行中であり、2020 年度内の一般公開をめざす。

##### ■ 最新ゲノムアセンブリへの対応

下記の生物種について、最新のゲノムアセンブリに対するアライメントやその他のデータ解析を進めている。現在、解析パイプラインを実行中であり、2020年度内の一般公開をめざす。

ヒト：hg19 → hg38

マウス：mm9 → mm10

ハエ：dm3 → dm6

線虫：ce10 → ce11

## ■キュレーション履歴の再検討

浜本グループが中心となり、本研究開始時（2017年4月）までのキュレーション履歴の見直しをすべて完了したが、その間に5万件以上の実験データが追加されている。それらの中には機械学習によって予測された結果も含まれているため、修正が必要なデータも潜在している。そこで2019年度はそれのうち3万件の実験データのキュレーション履歴について、再検討をおこなった。またこれまでと同様、医学・生命科学的な観点から分類のしかたについて再協議した。例えば、これまで Embryonal carcinoma cells は「Embryo」という大分類群に入れていたが、ES/iPS細胞と同様に多分化能細胞として使用されることが多いため「Pluripotent stem cell」という大分類群に変更した。また Cardiomyocyte は「Muscle」大分類群としていたが、心筋は骨格筋と大きく性質が異なることから、「Cardiovascular」大分類群に変更した。これらに加え、誤字脱字や誤解などによる単純なミスなどについても修正を進めた。

## ■他のデータベースとの連携

京都大学 石濱泰 教授らによるプロテオームデータベース jPOST では異なる細胞間で発現量が異なるタンパク質を抽出することができる。そのようなタンパク質をコードする遺伝子群の周辺に結合するような転写因子は、それら遺伝子群のマスター制御因子と考えられるが、その探索は ChIP-Atlas の Enrichment Analysis にこのような遺伝子群を submit すれば得られる。DBCLS の守屋勇樹 特任助教と大田達郎 特任助教に協力いただき、この一連の作業を自動化するための UI 開発を進めた。これにより、例えば jPOST において白色・褐色脂肪細胞で発現量が有意に異なるタンパク質をリスト表示させると、ChIP-Atlas Enrichment Analysis への外部リンクが表示される（下図1）。それをクリックすると Enrichment Analysis に遺伝子リストが自動的にロードされ（下図2）、常法どおりそれら遺伝子周辺に結合する転写因子として Irf5 や Pparg などが表示される（下図3）。

1) jPOST で protein レベル比較 (例：白色脂肪 vs 褐色脂肪)

2) ChIP-Atlas の Enrichment Analysis に自動転記

3) Enrichment Analysis の結果

ID	Antigen class	Antigen	Cell class	Cell	Num of peaks	Overlaps / WAT	Overlaps / BAT	Log P-value
SRX380963	TfA and others	Irf5	Blood	Dendritic Cells	18837	0/05	29/97	-4.2
SRX821796	TfA and others	Pparg	Adipocyte	White adipocytes	21743	21/05	24/97	-3.5
SRX024188	TfA and others	Epitope tags	Others	Thyroid Gland	5347	8/05	3/97	-3.4
SRX183442	TfA and others	Pparg	Adipocyte	Brown adipocytes	8403	12/05	8/97	-3.2
SRX318158	TfA and others	Pparg	Embryonic fibroblast	3T3-L1	12453	17/05	17/97	-3.2
SRX872288	TfA and others	Myc	Blood	Leukemia, Lymphoid	4819	17/05	17/97	-3.2
SRX821794	TfA and others	Pparg	Adipocyte	White adipocytes	12548	18/05	19/97	-3.1
SRX821793	TfA and others	Pparg	Adipocyte	White adipocytes	8992	16/05	15/97	-3.1
SRX1880038	TfA and others	Myc	Liver	Liver	2236	11/05	7/97	-3.0

また、DBCLS の大田達郎 特任助教と池田秀也 学術支援技術専門員に協力いただき、ChIP-Atlas に収録されている ChIP-seq データの細胞名を controlled vocabulary (CV) に変換する作業を行なった。とくに EMBL-EBI が運営する ZOOMA を利用することで、迅速に CV へのマッピングを行なった。またこれらのデータを RDF 化することにより、収録される全てのデータを SPARQL 言語でデータの抽出や絞り込み

ができるようになった。

### ■毎月のデータ更新

ChIP-Atlas は原則として毎月データを更新しており、配列生データの収集、アライメント、ピークコール、サンプルメタデータのキュレーション、そして全データの統合解析によるデータマイニングをおこなっている。2019 年度内は 33,213 件の ChIP-seq および DNase-seq データについてこのような作業を完遂した。

### ■利用者増加のための広報活動

これまで同様、さまざまな学会や研究集会で ChIP-Atlas に関する発表をおこなった。とくに研究代表者（沖）は学会や研究会などにおいて5回の口頭発表をおこなったほか、9の大学、研究機関や企業で出張セミナーを行い、ChIP-Atlas の使い方から応用例までについて講演し、さらにハンズオンセミナーもおこなった。2018 年度に作成した ChIP-Atlas のパンフレット 1,000 部を全て配布したため、さらに 1,000 部を増刷した。また、2019 年度に出版した「実験医学」の記事の別刷とともに配布することで、詳細な使用法を周知させている。このような地道な活動の結果、着実に知名度をあげることができており、昨年の約 2 倍以上となる 74 報の学術論文に引用され、なおかつ海外からの引用実績を多く得ることができた（国外グループ 50 報、国内グループ 24 報、<http://chip-atlas.org/publications> において被引用論文を公開）。

## §4. 成果発表等

### (1) 原著論文発表

#### ① 論文数概要

種別	国内外	件数
発行済論文	国内 (和文)	5 件
	国際 (欧文)	19 件
未発行論文 (accepted, in press 等)	国内 (和文)	0 件
	国際 (欧文)	0 件

#### ② 論文詳細情報

1. Eli Kaminuma, Yukino Baba, Masahiro Mochizuki, Hirotaka Matsumoto, Haruka Ozaki, Toshitsugu Okayama, Takuya Kato, Shinya Oki, Takatomo Fujisawa, Yasukazu Nakamura, Masanori Arita, Osamu Ogasawara, Hisashi Kashima, Toshihisa Takagi, "DDBJ Data Analysis Challenge: a machine learning competition to predict Arabidopsis chromatin feature annotations from DNA sequences.", *Genes & genetic systems*, vol. 95, No. 1, pp.43-50, 2020 (DOI:10.1266/ggs.19-00034).
2. Zhaoming Wu, Yanxia Rao, Sushan Zhang, Eun-Jung Kim, Shinya Oki, Hidemitsu Harada, Martin Cheung, Han-Sung Jung, "Cis-control of Six1 expression in neural crest cells during craniofacial development.", *Developmental dynamics : an official publication of the American Association of Anatomists*, vol. 248, No. 12, pp. 1264-1272, 2019. (DOI:10.1002/dvdy.109).
3. Yoshizaki, K, Koike, T, Kimura, R, Kikkawa, T, Oki, S, Koike, K, Mochizuki, K, Inada, H, Kobayashi, H, Matsui, Y, Kono, T, Osumi, N, "Paternal age affects offspring's behavior possibly via an epigenetic mechanism recruiting a transcriptional repressor REST." *bioRxiv* 2019 (DOI:10.1101/550095).
4. Yoshida K, Maekawa T, Ly NH, Fujita SI, Muratani M, Ando M, Katou Y, Araki H, Miura F, Shirahige K, Okada M, Ito T, Chatton B, Ishii S, "ATF7-Dependent Epigenetic Changes Are Required for the Intergenerational Effect of a Paternal Low-Protein Diet.", *Molecular Cell*, vol. 78 No.3, pp. 445-458 e6, 2020. (DOI:10.1016/j.molcel.2020.02.028).
5. Hiromitsu Araki, Fumihito Miura, Akira Watanabe, Chikako Morinaga, Fumiyo Kitaoka, Yuko Kitano, Noriko Sakai, Yumiko Shibata, Motoki Terada, So Goto, Shinya Yamanaka, "Base-Resolution Methylome of Retinal Pigment Epithelial Cells Used in the First Trial of Human Induced Pluripotent Stem Cell-Based Autologous Transplantation.", *Stem cell reports*, vol. 13, No. 4, pp. 761-774, 2019. (DOI: 10.1016/j.stemcr.2019.08.014).
6. Miura F, Shibata Y, Miura M, Sangatsuda Y, Hisano O, Araki H, Ito T, "Highly efficient single-stranded DNA ligation technique improves low-input whole-genome bisulfite sequencing by post-bisulfite adaptor tagging.", *Nucleic acids research*, vol. 47, No. 15, 2019. (DOI: 10.1093/nar/gkz435).
7. Matsuda T, Irie T, Katsurabayashi S, Hayashi Y, Nagai T, Hamazaki N, Adefuin AMD, Miura F, Ito T, Kimura H, Shirahige K, Takeda T, Iwasaki K, Imamura T, Nakashima K, "Pioneer Factor NeuroD1 Rearranges Transcriptional and Epigenetic Profiles to Execute Microglia-Neuron Conversion.", *Neuron*, vol. 101, No. 3, pp. 472-485.e7, 2019 (DOI: 10.1016/j.neuron.2018.12.010).
8. Asako Kukita, Kenbun Sone, Katsutoshi Oda, Ryuji Hamamoto, Syuzo Kaneko, Masaaki Komatsu, Miku Wada, Harunori Honjoh, Yoshiko Kawata, Machiko Kojima, Shinya Oki, Masakazu Sato, Kayo Asada, Ayumi Taguchi, Aki Miyasaka, Michihiro Tanikawa, Kazunori Nagasaka, Yoko Matsumoto, Osamu Wada-Hiraike, Yutaka Osuga, Tomoyuki Fujii, "Histone Methyltransferase SMYD2 Selective Inhibitor LLY-507 in Combination With Poly ADP Ribose Polymerase Inhibitor Has Therapeutic Potential Against High-Grade Serous Ovarian Carcinomas.", *Biochem Biophys Res Commun*, vol. 513, No. 2. pp. 340-346 (DOI: 10.1016/j.bbrc.2019.03.155).
9. Machiko Kojima, Kenbun Sone, Katsutoshi Oda, Ryuji Hamamoto, Syuzo Kaneko, Shinya Oki, Asako Kukita, Hidenori Machino, Harunori Honjoh, Yoshiko Kawata, Tomoko Kashiyama, Kayo Asada, Michihiro Tanikawa, Mayuyo Mori-Uchino, Tetsushi Tsuruga, Kazunori Nagasaka, Yoko Matsumoto,

- Osamu Wada-Hiraike, Yutaka Osuga & Tomoyuki Fujii, "The histone methyltransferase WHSC1 is regulated by EZH2 and is important for ovarian clear cell carcinoma cell proliferation.", *BMC Cancer*, vol. 19, No. 455, 2019. (DOI: 10.1186/s12885-019-5638-9).
10. Kazuma Kobayashi, Naoya Murakami, Kana Takahashi, Koji Inaba, Ryuji Hamamoto, Jun Itami, "Local Radiotherapy or Chemotherapy for Oligo-recurrent Cervical Cancer in Patients With Prior Pelvic Irradiation.", *In Vivo*, vol. 33, pp. 1659-1665, 2019. (DOI: 10.21873/invivo.11652).
  11. Yusuke Matsuno, Yuko Atsumi, Atsuhiko Shimizu, Kotoe Katayama, Haruka Fujimori, Mai Hyodo, Yusuke Minakawa, Yoshimichi Nakatsu, Syuzo Kaneko, Ryuji Hamamoto, Teppei Shimamura, Satoru Miyano, Teruhisa Tsuzuki, Fumio Hanaoka, Ken-ichi Yoshioka, "Replication stress triggers microsatellite destabilization and hypermutation leading to clonal expansion in vitro", *Nature Communications*, vol. 10, No. 2, pp. 3925, 2019 (DOI: 10.1038/s41467-019-11760-2).
  12. Masayoshi Yamada, Yutaka Saito, Hitoshi Imaoka, Masahiro Saiko, Shigemi Yamada, Hiroko Kondo, Hiroyuki Takamaru, Taku Sakamoto, Jun Sese, Aya Kuchiba, Taro Shibata, Ryuji Hamamoto, "Development of a Real-Time Endoscopic Image Diagnosis Support System Using Deep Learning Technology in Colonoscopy", *Sci Rep*, vol. 9, No. pp. 14465, 2019 (DOI: 10.1038/s41598-019-50567-5).
  13. Kazuma Kobayashi, Naoya Murakami, Kana Takahashi, Koji Inaba, Hiroshi Igaki, Ryuji Hamamoto, Jun Itami, "A Population-based Statistical Model for Investigating Heterogeneous Intraprostatic Sensitivity to Radiation Toxicity After 125 I Seed Implantation.", *In Vivo*, vol. 33, No. pp. 2103-2111, 2019 (DOI: 10.21873/invivo.11710).
  14. Sangchul Kim, Amina Bolatkan, Syuzo Kaneko, Noriko Ikawa, Ken Asada, Masaaki Komatsu, Shinya Hayami, Hidenori Ojima, Nobutsugu Abe, Hiroki Yamaue, Ryuji Hamamoto, "Deregulation of the histone lysine specific demethylase 1 is involved in human hepatocellular carcinoma.", *Biomolecules*, vol. 9, No. 12, pp. 810-, 2019, (DOI: 10.3390/biom9120810).
  15. Ryuji Hamamoto, Masaaki Komatsu, Ken Takasawa, Ken Asada, Syuzo Kaneko, "Epigenetics Analysis and Integrated Analysis of Multiomics Data, Including Epigenetic Data, Using Artificial Intelligence in the Era of Precision Medicine", *Biomolecules*, vol. 10, No. 1, pp. 62- , 2019. (DOI: 10.3390/biom10010062).
  16. Hideaki Isago, Akihisa Mitani, Yu Mikami, Masafumi Horie, Hirokazu Urushiyama, Ryuji Hamamoto, Yasuhiro Terasaki, Takahide Nagase, "The Epithelial Expressions of YAP and TAZ Are Sequentially Required in Lung Development.", *Am J Respir Cell Mol Biol*, vol. 62, No. 2, pp.256-266, 2020. (DOI: 10.1165/rcmb.2019-02180C).
  17. Sou Hirose, Naoya Murakami, Kazuaki Takahashi, Ikumi Kuno, Daisuke Takayanagi, Yuka Asami, Maiko Matsuda, Yoko Shimada, Shotaro Yamano, Kuniko Sunami, Kazushi Yoshida, Takayuki Honda, Tomomi Nakahara, Tomoko Watanabe, Masaaki Komatsu, Ryuji Hamamoto, "Genomic Alterations in STK11 Can Predict Clinical Outcomes in Cervical Cancer Patients.", *Gynecol Oncol*, vol. 156, No. 1, pp. 203-210, 2020. (DOI: 10.1016/j.ygyno.2019.10.022).
  18. Ken Asada, Kazuma Kobayashi, Samuel Joutard, Masashi Tubaki, Satoshi Takahashi, Ken Takasawa, Masaaki Komatsu, Syuzo Kaneko, Jun Sese, Ryuji Hamamoto, "Uncovering Prognosis-related Genes and Pathways by Multi-omics Analysis in Lung Cancer.", *Biomolecules*, vol. 10, No. 4, pp. 524-, 2020. (DOI: 10.3390/biom10040524).
  19. Suguru Yasutomi, Tatsuya Arakaki, Ryuji Hamamoto, "Shadow Detection for Ultrasound Images Using Unlabeled Data and Synthetic Shadows", *MIDL 2019, the 2nd International Conference on Medical Imaging with Deep Learning*, 2019.

## (2) その他の著作物(総説、書籍など)

1. ChIP-Atlas:公共 ChIP-seq データを統合的に活用するためのウェブサービス. 沖 真弥, 大田達郎. *THE LUNG perspectives* 27 243-249 2019 年
2. ChIP-Atlas:既報の ChIP-seq データをフル活用するためのウェブサービス. 沖真弥, 大田達郎. *実験医学* 37 2760-2763 2019 年



3. 浜本隆二, "がん研究における AI 活用の重要性", 実験医学, vol. 37 pp.2664-2672, 2019
4. 浜本隆二, "医療 AI: 本邦における AI 戦略と医療 AI の現状", Monthly IHEP, 2019 年 7 月号, pp.1-5
5. 浜本隆二, "医療 AI: Precision Medicine と医療 AI", Monthly IHEP, 2019 年 9 月号, pp.1-7

### (3) 国際学会および国内学会発表

#### ① 概要

種別	国内外	件数
招待講演	国内	27 件
	国際	3 件
口頭発表	国内	4 件
	国際	0 件
ポスター発表	国内	2 件
	国際	0 件

#### ② 招待講演

〈国内〉

1. 沖 真弥. 遺伝子発現の時空間的な制御のしくみ. KBC 第 4 回勉強会. 九州大学 病院キャンパス. 2020/2/19
2. 沖 真弥. Data-driven and technical approaches to understand spatial gene regulation. WPI-IIIS Seminar. 筑波大学国際統合睡眠医科学研究機構. 2020/1/20
3. 沖 真弥. Data-driven and technical approaches to understand spatial gene regulation. RIKEN BDR seminar in Kobe. RIKEN BDR(神戸市). 2020/1/16
4. 沖 真弥. ChIP-Atlas: 公共 ChIP-seq データを利活用できる. 第 42 回日本分子生物学会年会. 福岡国際会議場. 2019/12/3
5. 沖 真弥. 位置情報と遺伝子発現とその仕組み. 新学術領域「個性創発脳」若手の会・技術支援講習会. 岡崎コンファレンスセンター. 2019/11/14
6. 沖 真弥. Annotathon 2019. Annotathon 2019. DBCLS 柏の葉キャンパス. 2019/11/12
7. 沖 真弥. ChIP-Atlas をつないで使う. トーゴの日シンポジウム 2019. 日本科学未来館(東京都江東区). 2019/10/5
8. 沖 真弥. ChIP-Atlas: 既報 ChIP-seq データの統合データベース. 統合データベース講習会:AJACS 番町3. JST 東京本部. 2019/8/7
9. 沖 真弥. ChIP-Atlas: 既報 ChIP-seq データの統合データベース. 日本プロテオーム学会 2019 年大会. シーガイア コンベンションセンター(宮崎市). 2019/7/26
10. 沖 真弥. 公共 ChIP-seq データの利活用術. 国立精神・神経医療研究センター セミナー. 国立精神・神経医療研究センター. 2019/6/25
11. 沖 真弥. 公共 ChIP-seq データの統合解析. 京都大学 セミナー. 京都大学大学院 医学研究科 創薬医学講座. 2019/6/12
12. 沖 真弥. ChIP-Atlas の使い方とその応用. 資生堂 セミナー. 資生堂リサーチセンター. 2019/5/22
13. 沖 真弥. 薬効の作用点となる転写因子の特定と創薬への応用. 日本たばこ医薬総合研究所 セミナー. 日本たばこ医薬総合研究所. 2019/5/16
14. 浜本 隆二. AI の医療応用. 第 14 回 TJCRO meeting. 東京ガーデンパレス. 2019/5/31
15. 浜本 隆二. メディカル AI の展望. 第 7 回一般社団法人日本ホスピタルアライアンス総会. TKP ガーデンシティ品川. 2019/6/7
16. 浜本 隆二. メディカル AI 現状と課題. 第 8 回肺癌治療 Immuno Oncology Seminar. 明治記念館. 2019/6/29

17. 浜本 隆二. 臨床応用を志向したメディカル AI 研究. 第 61 回日本婦人科腫瘍学会学術講演会. 朱鷺メッセ新潟コンベンションセンター. 2019/7/5
18. 浜本 隆二. AI による予防医療の未来. 第 60 回日本人間ドック学会学術大会. ホテルグランヴィア岡山. 2019/7/26
19. 浜本 隆二. メディカル AI 研究の現状と今後の展望. 令和 1 年度関西臨床腫瘍研究会総会. 科研製薬大阪支店会議室. 2019/7/27
20. 浜本 隆二. 臨床応用を志向した AI を活用した医療システムの開発. 第 69 回日本病院学会. 札幌コンベンションセンター. 2019/8/2
21. 浜本 隆二. 社会実装を目指した AI を活用した医療機器の開発. レギュラトリーサイエンス学会第 9 回学術大会シンポジウム. 一橋大学・一橋講堂. 2019/9/6
22. 浜本 隆二. Development of the integrated cancer medical system using artificial intelligence: Towards the realization of Precision Medicine. 第 78 回日本癌学会学術総会. 国立京都国際会館. 2019/9/26
23. 浜本 隆二. 人工知能技術を活用した新規診断システムの開発. 第 59 回日本臨床化学会年次学術集会. 仙台国際センター. 2019/9/28
24. 浜本 隆二. 臨床応用を志向した AI 研究. 第 32 回電子情報研究会・第 2 回日本医用画像人工知能研究会. ウィンクあいち. 2019/10/19
25. 浜本 隆二. 臨床応用を志向したメディカル AI 研究の現状と可能性. 第 1 回 Digital Hypertension Conference. 京王プラザホテル. 2019/10/25
26. 浜本 隆二. Application of A.I. in Cancer Research. The 2nd Korea-China-Japan Cancer Control Workshop. National Cancer Center Korea. 2019/11/1
27. 浜本 隆二. がんの統合的解明を目指したオミックス情報の階層的ネットワークに対する機械学習・深層学習技術の応用. 第 39 回医療情報学連合大会. 幕張メッセ. 2019/11/24

〈国際〉

1. Shinya Oki. ChIP-Atlas: a data-mining suite powered by full integration of public ChIP-seq data. Lecture in College of Dentistry, Yonsei University. Yonsei university. 2019/10/24
2. 浜本 隆二. AI の医療応用: Precision Medicine 時代における AI 研究. 台日 AI・IoT の活用によるスマート・ホスピタル・医療産業の展開シンポジウム. 財団法人中華経済研究院 蔣碩傑国際会議庁. 2019/7/23
3. 浜本 隆二. Current conditions and future prospects of medical AI research for clinical application. 第 30 回日本消化器癌発生学会総会. メルパルク横浜. 2019/11/7

③ 口頭講演

〈国内〉

1. 金子 修三. ChIP-seq 解析に基づいた“がん”創薬ターゲット探索を加速させるバイオ実験自動化システムの構築. 第 78 回日本癌学会学術総会. 国立京都国際会館. 2019/9/27
2. 小林 和馬. 解釈可能な特徴抽出を可能にする深層学習モデルによる肺がん病理型の予測. 第 78 回日本癌学会学術総会. 国立京都国際会館. 2019/9/28
3. 小林 和馬. 臨床のリアル・ワールド・データを利用した人工知能技術の開発を加速するための統合的なデータ・プラットフォームの構築. 第 2 回日本メディカル AI 学会学術集会. 東京ビッグサイト TFT ホール. 2020/1/31
4. 浅田 健. 肺がん予後予測を施行したマルチオミックス解析. 第 2 回日本メディカル AI 学会学術集会. 東京ビッグサイト TFT ホール. 2020/2/1

〈国際〉

該当なし

④ ポスター発表

〈国内〉

1. 浅田 健. 深層学習を用いた肺癌データのマルチオミックス解析. 第 78 回日本癌学会学術総会. 国立京都国際会館. 2019/9/28
2. 金子 修三. Toward the application of precision medicine: Multi-omics analysis including clinical ChIP-seq datasets may reveal pivotal regulation of gene expression in cancer. 第 2 回日本メディカル AI 学会学術集会. 東京ビッグサイト TFT ホール. 2020/1/31

〈国際〉

該当なし

(4) 知的財産権の出願 (国内の出願件数のみ公開)

① 出願件数

特許出願 国内 1 件

(5) 受賞・報道等

① 受賞

1. 浜本 隆二(共同受賞). 日本皮膚科学会総会・優秀一般演題賞. 公益社団法人日本皮膚科学会. 名古屋. 2019/6/9
2. 浜本 隆二. Wellness Award of the Year 2019 . FiNC Technologies. 東京. 2019/6/24
3. 浜本 隆二(共同受賞). ISUOG Congress 2019 Short oral presentation award. International Society of Ultrasound in Obstetrics and Gynecology . ドイツ. 2019/10/16
4. 浜本 隆二(共同受賞). 2019 年度日本メディカル AI 学会奨励賞-JMAI AWARD・優秀一般演題賞. 一般社団法人日本メディカル AI 学会. 東京. 2020/3/19
5. 浜本 隆二(共同受賞). 2019 年度日本メディカル AI 学会奨励賞-JMAI AWARD・優秀ポスター賞. 一般社団法人日本メディカル AI 学会. 東京. 2020/3/19

② メディア報道

なし

③ その他の成果発表

なし

## §5. 研究開発期間中に主催した活動(ワークショップ等)

### 1. 進捗ミーティング

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
2020.01.31	チーム内ミーティング(非公開)	国立がんセンター	3人	研究進捗報告のためのミーティング
ほぼ毎月	チーム内ミーティング(非公開)	九州大学 + Skype	3人	同上

### 2. 主催したワークショップ、シンポジウム、アウトリーチ活動等

該当なし

以上

## 1 既公開のデータベース・ウェブツール等

正式名称	別称・略称	概要	URL	公開日	状態	分類	関連論文
ChIP-Atlas		<p>論文などで報告された ChIP-seq データの可視化と解析を行うサイトです。公開 NGS データレポジトリ (NCBI, EMBL, EBI, DDBJ) に登録されたほぼ全ての ChIP-seq データをデータソースとしています。</p> <p>ChIP-Atlasは以下の4つのサービスで構成されています。</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) Peak Browser ChIP-seq データをゲノムブラウザ上に表示し、何がどこに結合しているかを一目で分かるようにしています。</li> <li>2) Target Genes 転写因子からターゲット遺伝子を予測します。</li> <li>3) Colocalization 転写因子から共局在する相手のタンパク質を予測します。</li> <li>4) Enrichment Analysis 既存データを使ってユーザーデータの解析を行います。似たようなChIP-seq データの探索、指定したモチーフに結合するタンパク質の探索、指定した遺伝子に結合するタンパク質の探索などができます。</li> </ol>	<a href="https://chip-atlas.org/">https://chip-atlas.org/</a>	2015年	維持・発展	データベース等	Oki, S., Ohta, T., Shioi, G., Hatanaka, H., Ogasawara, O., Okuda, Y., Kawaji, H., Nakaki, R., Sese, J., and Meno, C. (2018). ChIP-Atlas: a data-mining suite powered by full integration of public ChIP-seq data. EMBO Rep. e46255.