

Name : 高橋 圭一郎

Title : IBSB2012 参加報告

Workshop report:

ITP の支援により 2012 年 7 月 23 日～26 日にボストン大学にて開催された第 12 回 International Workshop on Bioinformatics and Systems Biology (IBSB2012)に参加させて頂いた。

私は、「Comparative Study on Frequent Itemset Mining-based Biclustering Methods」という題でのポスター発表の他、30分の口頭発表の機会を頂いた。今回の発表は、行方向に遺伝子、列方向に実験条件をとった遺伝子発現行列から、頻出アイテムセットマイニングと呼ばれる技術を利用して、相関の高い部分行ベクトルからなる行列（バイクラスタ）を列挙するアルゴリズムに関するものであった。我々の手法の他にも、頻出アイテムセットマイニングに基づく手法はいくつか提案されており、いずれも遺伝子発現行列をアイテムセットの集合に離散化し、頻出する部分アイテムセットをマイニングして列挙するものである。我々の手法の特徴は、発現値でソートした各実験上で”読み取り窓”を走査し、”読み取り窓”に収まる遺伝子群を類似した発現値を持つ遺伝子群としてアイテムに離散化し、各遺伝子をそれらのアイテムセットとして表現する点である。これにより、他の手法よりもきめ細やかな離散化が可能となり、発表では Gene Ontology 解析の点で我々の手法の有用性を示した。頂いた質問の内容は大きくわけて3つあり、パラメータ設定に関するもの、バイクラスタに関するもの、評価法に関するものであった。我々のアルゴリズムは、”読み取り窓”の幅を指定する必要があるが、どのように幅を決めるか？という質問を頂いた。現状は、実験条件毎の発現値分布のビン幅を指定することになっているが、行列の factorization を応用できないか？などのアドバイスも頂いた。バイクラスタに関する質問としては、我々の手法でどのようにバイクラスタ同士がオーバーラップするのか？など質問を頂いた。評価方法に関しては、GO enrichment 分析の詳細に関するものであった。口頭発表、ポスター発表ともに様々な質問を頂き、ディスカッションを行うことが出来たが、スライドの作り方や説明方法が悪く誤解を与えて質問を受けたものもあり、プレゼンスキル向上の必要性を痛感した。



また、今回の IBSB では、最終日に、日本、ドイツ、オーストリア、アメリカの研究室における学生の国際交流を促進するため、教授陣による研究室紹介のプレゼンテーションも行われた。各研究室のトピックは様々であり、ボストン大学から、免疫学とワクチン開発のための抗体や B 細胞の研究とツール開発、マイクロアレイやシーケンサーなどのテクノロジーを統合的に臨床応用に活かすための取組が紹介され、京都大学からは機械学習や KEGG の紹介、ベルリン自由大学からは、機械学習を用いたタンパク質の立体構造解析などの

紹介、ボク大学からは、ハイスループットシーケンシングの解析モデルなどの紹介が行われた。今回のワークショップを通じて、アメリカやドイツでは日本よりも医療機関との連携も進んでいる印象を受け、自身の研究についても臨床応用を常に視野において研究を進めることの重要性を再認識することが出来た。

最後に、今回このような貴重な機会を与えてくださった先生方、関係者の皆様に感謝申し上げます。