

令和 5 年 6 月 1 日現在

機関番号：13901

研究種目：挑戦的研究（萌芽）

研究期間：2020～2022

課題番号：20K21832

研究課題名（和文）常在細菌叢の機能理解に向けた疾患関連細菌叢アトラスの創出

研究課題名（英文）Constructing a Disease-Related Microbiome Atlas for Advancing Understanding of Microbial Functionality

研究代表者

島村 徹平（Shimamura, Teppei）

名古屋大学・医学系研究科・教授

研究者番号：00623943

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 5,000,000円

研究成果の概要（和文）：本研究では、研究代表者らがこれまで開発を行ってきたベイズモデリング技術を技術面の柱として、細菌叢解析で問題となる頻度が稀な菌種の扱いや菌叢の個体差を考慮した上で、ヒト常在細菌叢を対象として、その機能理解と健康・疾病との関連の解明に向けたベイズモデリング技術を開発するとともに、公共の疾患関連コホート研究の細菌叢データの解析を可能とする解析ツール群を開発し、統合データベース「疾患関連細菌叢アトラス」を構築した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究課題は、世界中に登録された公共の膨大なコホート研究の細菌叢データ（衛星地図）と最先端のベイズモデリング技術（GPS）の2つの強力なツールを駆使することによって、細菌叢の大海原で研究者が遭難しないように「予測地図」を提供することが主たる目的である。本研究の活用により、細菌叢の機能解析への障壁を取り去り、国民のQOL、細菌叢を利用した健康・医療産業の活性化にも大きく貢献することが期待される。

研究成果の概要（英文）：In this study, we utilize Bayesian modeling techniques, previously developed by the applicant, as the technical cornerstone to address challenges in microbiome analysis such as the management of infrequently occurring microbial species and the consideration of inter-individual variability. Targeting the human microbiota, we develop Bayesian modeling techniques aimed at elucidating the functionalities of the microbiota and its correlation with health and disease. Concurrently, we construct a suite of analytical tools enabling the analysis of microbiome data from public disease-related cohort studies, and integrate these into a comprehensive database, the 'Disease-Related Microbiome Atlas'.

研究分野：システム生物学

キーワード：メタゲノム マルチオミクス解析 ベイズモデリング トピックモデル 因子分解モデル

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

近年、巨額の予算を投じた大型プロジェクトの進展により、ヒトの皮膚、上部気道、口腔、咽頭、胃、腸、膈、尿道などのさまざまな部位に住み着く常在細菌叢と疾患に関する基礎データが蓄積されつつある。しかしながら、ヒトの常在細菌叢の機能の大半は未解明のものが多く、細菌叢間の相互作用、宿主との共生関係、その破綻による疾病の詳細な発症メカニズムについては、ほとんど明らかにされていない。

細菌叢解析においては、頻度が稀な菌種の扱いや菌叢の個体差を考慮した上で、細菌叢の疾病への影響を考える必要がある。しかし、従来細菌叢解析で用いられてきた解析手法は、こうした個人差やデータ構造を想定していない場合が多く、相似したコホート研究間でも統一的な見解が得られなかったり、コントロール群と疾病群で有意な差のある菌叢の同定ができなかったりするケースが多くみられた。この問題を解決するために、研究代表者らはトピックモデルと呼ばれる自然言語処理に用いられる統計モデルをベイズ推論の枠組みで拡張し、細菌叢がもつ個人差をモデルに取り入れることによって、従来では難しかった頻度が稀な菌種のデータの表現、個人差を考慮した細菌叢の疾病への影響を推定することを可能にした。ベイズモデリング技術を活用すれば、データの不確実性や不完全性、個人差を考慮に入れつつ、個人の知識や経験に基づく主観的判断のバイアスに悩まされることなく、さまざまなデータから得られる情報を解析することができる。また、変分ベイズなどの複雑な計算法を駆使することで、データに隠された時系列トレンドやパターンを特定したり、実際に起こりうる結果について、その確率を計算したりすることもできる。研究代表者によるこれらの研究は、細菌叢の個人差や相互作用を考慮することではじめて疾病と細菌叢の関係が正確に記述できることを示唆している。

その一方で、特定された細菌の増減は疾病の原因なのか、結果なのかという新たな問いが浮上した。細菌叢と疾病の因果関係をあきらかにするために、コホート研究や、細菌叢と宿主の代謝物との同時に調査することが行われ始めている (Kostic et al. Cell host & microbe, 2015)。しかし、分析に関しては、細菌一種ずつの増減や相関の比較にとどまっている。コホート研究や細菌叢と宿主の代謝物との同時調査は世界各国で行われているが、これらのデータの分析手法に関しては決定的なものがない状況である。そこで研究代表者は細菌の個人差や相互作用を考慮した上で、細菌叢データと疾病の因果関係の推定を行うための数理モデルの開発が必要であると考えに至った。

2. 研究の目的

本研究では、研究代表者らがこれまで開発を行ってきたベイズモデリング技術を技術面の柱として、細菌叢解析で問題となる頻度が稀な菌種の扱いや菌叢の個体差を考慮した上で、細菌叢の疾病への因果関係を推定する解析技術を開発するとともに、世界中に登録された公共の疾患に関連する膨大なコホート研究の細菌叢データとインハウスの細菌叢データを解析することを可能とする解析ツール群を開発する。解析結果をデータベースおよび解析ツールを研究者に無償で提供することで、世界トップレベルの強みを有する我が国の細菌叢の機能解析を有利に進め、細菌叢制御による疾病の予防・治療などの臨床応用を加速する。

3. 研究の方法

ヒト常在細菌叢を対象として、その機能理解と健康・疾病との関連の解明に向けたベイズモデリング技術を開発するとともに、公共の疾患関連コホート研究の細菌叢データの解析を可能とする解析ツール群を開発し、統合データベース「疾患関連細菌叢アトラス」を構築する。主として、下記の3つの目標を設定し、これを達成する。

(1) 常在細菌叢による宿主の疾病への影響を推定するベイズモデリング技術の開発
腸内細菌叢と宿主の代謝物の同時分析をより、細菌と代謝物との関連を調べるためのベイズ因子分解モデルを開発する。また、潜在的な細菌叢クラスタを抽出し、疾患への影響も同時に推定する。

(2) 疾病による常在細菌叢ダイナミクスを記述するベイズモデリング技術の開発
細菌の構成比が時間的にどのように変化するか、その変化が疾病というアウトカムにどのように影響を与えるかを推定するベイズ因子分解モデルを開発する。

(3) 解析結果をまとめたデータベースの構築と解析ツール群の開発

(1) および (2) で開発したベイズモデリング技術を、curated Metagenomic Data など公共のオープンに取得可能な疾患関連コホート研究をまとめた細菌叢データに適用する。最終的に、解析結果をデータベース化し、「疾患関連細菌叢アトラス」を構築

する。

4. 研究成果

(1) 細菌叢に関わる付随情報を使用した階層的非負行列因数分解モデルの開発

本研究では、BALSAMICO (Bayesian Latent Semantic Analysis of Microbial Communities) と呼ばれる階層ベイズモデルを開発した。BALSAMICO では、環境要因を考慮に入れ、非負行列因数分解の枠組みで細菌叢コミュニティの混合比をモデル化することで、以下のようなメリットがある。

- 細菌存在量と環境要因を入力データとして使用し、細菌叢コミュニティとその環境要因の関係性を解釈するのに必要な 2 つの行列を推定する。一方の行列は細菌叢コミュニティの混合比を表し、もう一方の行列は各コミュニティ内に含まれる細菌の存在量を表す。BALSAMICO では、環境要因の影響を特定するために、混合比を表す行列を観察された環境要因とその係数にさらに分解する。この分解は通常非負値行列分解の一種であるだけでなく、階層構造を表現できるように改良されている。ベイズ階層モデルを用いる利点として、すべてのレベルで確率的変動を導入できることが挙げられる。これにより、欠損データをスムーズに処理でき、信頼区間を推定することができる。
- BALSAMICO では、細菌が属するコミュニティに関する事前知識は必要としない。BALSAMICO は、あらかじめ決められた群集情報を明示的に使用することなく、未知のコミュニティ構造を推定することができる。さらに、未知のコミュニティ構造のパラメータはベイズ学習によって自動的に推定される。
- 変分ベイズ推論とラプラス近似を用いて計算コストを削減することで、BALSAMICO モデルを効率的に学習することができる。

(2) 大腸がんの発症に関連する腸内細菌叢の同定

本研究では、(1) で開発した手法を用いて、199 人(大腸がん患者 91 人、腺腫患者 42 人、対照群 66 人)のサンプルから抽出した腸内細菌叢データ (Zellar et al., Mol Syst Biol, 2014) を解析した。解析の結果、7 個の細菌叢コミュニティが同定された。このうち、コミュニティ 6 の係数が、腺腫、大腸がんへと進行するにつれて増加することがわかった(図 1)。以上の結果から、コミュニティ 6 は大腸がんとの関連する可能性が示唆された。

次に、各コミュニティに含まれる上位 5 つの細菌の存在量を図 2 に示す。解析の結果、コミュニティ 1、2 および 4 では、Bacteroides、Prevotella、Ruminococcus 菌が豊富に存在するコミュニティであることがわかった。ここで、Bacteroides、Prevotella、Ruminococcus はエンテロタイプ (enterotype) と呼ばれる腸内に常在する腸内細菌叢の型を特徴づけることが知られており (Arumugam et al., Nature, 2011) これらのコミュニティはエンテロタイプ様のコミュニティである可能性が示唆された。一方、大腸がんへの寄与が示唆されたコミュニティ 6 では、Akkermansia が多

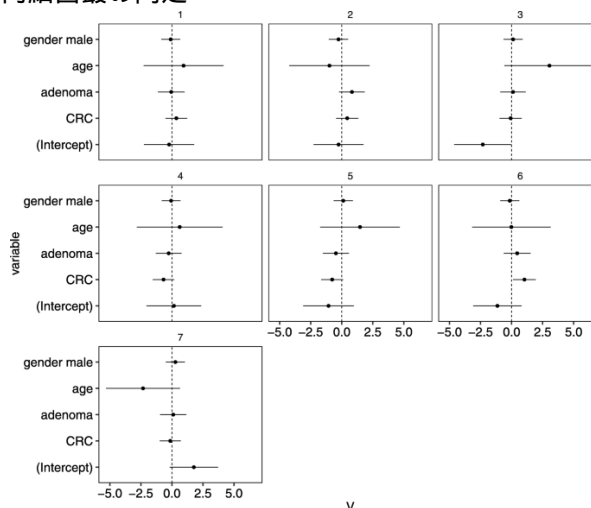


図 1:各コミュニティの環境要因への関連

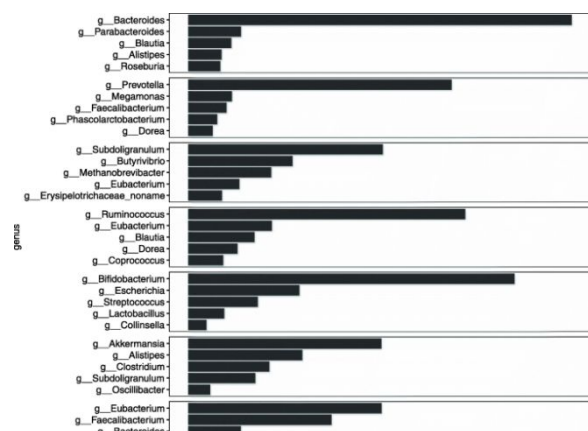


図 2: 各コミュニティの上位 5 個の細菌

く存在することがわかった。この結果は、ムチン分解細菌である Akkermansia が結腸癌患者の糞便中に有意に高い割合で存在していたと報告 (Weir et al., PLoS One, 2013) と一致する結果であり、本研究からこの研究を再現される結果が得られた。また、コミュニティ 6 と他のコミュニティの相対存在量の比を計算したところ、コミュニティ 6 特異的に高い細菌として、Akkermansia、Desulfotomaculum、Mucispirillum、Methanobacterium、Hahellaceae、Nakaseomyces、Fretibacterium、Alphabaculovirus、Synergistes が同定された。これらの細菌と大腸がんとの関係性についても、既報と一致するものである (Yu et al., Gastrointest Tumors, 2015; Zhao et al., Engineering, 2017; Weaver et al., Gut, 1986; Xu et al., International Med J Exp Clin Res, 2017)。以上の結果から、BALSAMICO を用いて、細菌叢コミュニティと大腸がんとの関係性を捉えられることが示された。

(3) 食中毒に関連する腸内細菌叢の同定

本研究では、(1) で開発した手法を用いて、2 人のドナー A と B から抽出した時系列の腸内細菌叢データ (David et al., Genome Biol, 2014) を解析した。ここで、ドナー A は 71 日から 122 日目に海外旅行に行き、ドナー B は 151 日から 159 日目に腸内感染症に罹患している。そこで、ドナー A をベースラインとして、ドナー B において食中毒に関連する細菌と食中毒後の細菌叢の変化を調べた。本研究では、日付変数は、間隔 (0,50]、(50, 100]、(150,200]、および (200, 364] の 4 つのカテゴリ変数として扱った。解析の結果、6 個の細菌叢コミュニティが同定された。このうち、ドナー B が食中毒に罹患した期間に相当する (150,200] の期間において、ドナー B のコミュニティ 6 の存在量が増加していることがわかった (図 3)。さらに、ドナー A は旅行中に新しい食事と環境に晒されたことにより、80 ~ 85 日目と 104 ~ 113 日目に下痢を起こしたことがわかっている。この事実に対応するように、コミュニティ 6 のベースラインの係数が期間 (50, 100] と (100, 150] で大きくなることがわかった。

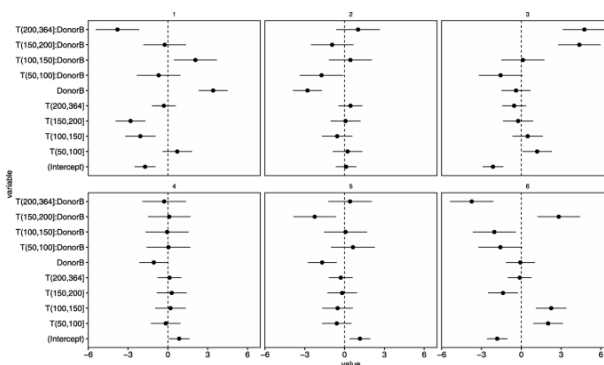


図 3: 各コミュニティの環境要因への関連

次に、各コミュニティに含まれる上位 5 つの細菌の存在量を図 4 に示す。コミュニティ 6 特異的に高い細菌として、食中毒を引き起こすことで知られている Escherichia Shigella (赤痢菌)、Salmonella が同定された。ドナー B はサルモネラ感染症を罹患しており、ドナー B の感染中に Escherichia Shigella を含む Enterobacteriaceae が増加したことを報告している (David et al., Genome Biol, 2014)。本研究における解析結果はこの診断と一致したものとなっている。以上の結果から、BALSAMICO を用いて、細菌叢コミュニティと食中毒との関係性を捉えられることが示された。

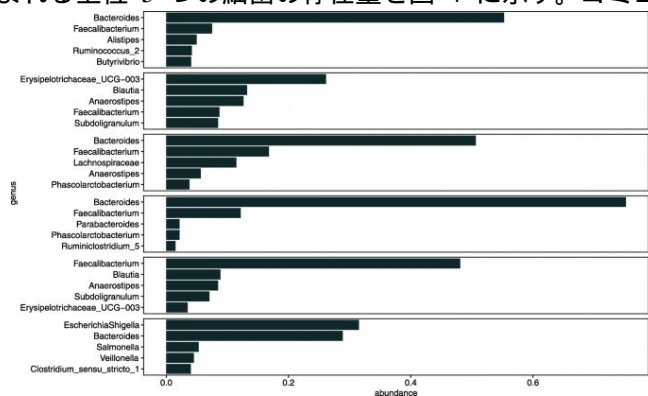


図 4: 各コミュニティの上位 5 個の細菌

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計12件（うち査読付論文 8件 / うち国際共著 1件 / うちオープンアクセス 2件）

1. 著者名 Toyama Miho, Takasaki Yuto, Branko Aleksic, Kimura Hiroki, Kato Hidekazu, Nawa Yoshihiro, Kushima Itaru, Ishizuka Kanako, Shimamura Teppei, Ogi Tomoo, Ozaki Norio	4. 巻 17(5)
2. 論文標題 Exome sequencing of Japanese schizophrenia multiplex families supports the involvement of calcium ion channels	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 PLOS ONE	6. 最初と最後の頁 e0268321
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0268321	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Minoura Kodai, Abe Ko, Nam Hyunha, Nishikawa Hiroyoshi, Shimamura Teppei	4. 巻 1(5)
2. 論文標題 A mixture-of-experts deep generative model for integrated analysis of single-cell multiomics data	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Cell Reports Methods	6. 最初と最後の頁 100071
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.crmeth.2021.100071	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Maeda Yuka, Wada Hisashi, Sugiyama Daisuke, Saito Takuro, Irie Takuma, Itahashi Kota, Minoura Kodai, Suzuki Susumu, Kojima Takashi, Kakimi Kazuhiro, Nakajima Jun, Funakoshi Takeru, Iida Shinsuke, Oka Mikio, Shimamura Teppei, Doi Toshihiko, Doki Yuichiro, Nakayama Eiichi, Ueda Ryuzo, Nishikawa Hiroyoshi	4. 巻 12(1)
2. 論文標題 Depletion of central memory CD8+ T cells might impede the antitumor therapeutic effect of Mogamulizumab	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Nature Communications	6. 最初と最後の頁 7280
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41467-021-27574-0	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Minoura Kodai, Abe Ko, Maeda Yuka, Nishikawa Hiroyoshi, Shimamura Teppei	4. 巻 37(11)
2. 論文標題 CYBERTRACK2.0: zero-inflated model-based cell clustering and population tracking method for longitudinal mass cytometry data	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 1632 ~ 1634
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bioinformatics/btaa873	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Abe K, Hirayama M, Ohno K, Shimamura T§	4. 巻 22(1)
2. 論文標題 Hierarchical non-negative matrix factorization using clinical information for microbial communities	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 BMC Genomics	6. 最初と最後の頁 104
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s12864-021-07401-y	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Nishiwaki H, Hamaguchi T, Ito M, Ishida T, Maeda T, Kashihara K, Tsuboi Y, Ueyama J, Shimamura T, Mori H, Kurokawa K, Katsuno M, Hirayama M, Ohno K§	4. 巻 5(6)
2. 論文標題 Short-Chain Fatty Acid-Producing Gut Microbiota Is Decreased in Parkinson's Disease but Not in Rapid-Eye-Movement Sleep Behavior Disorder	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 mSystems	6. 最初と最後の頁 e00797-20
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/mSystems.00797-20	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Abe K, Minoura K, Maeda Y, Nishikawa H, Shimamura T§	4. 巻 21(Suppl 13)
2. 論文標題 Model-based clustering for flow and mass cytometry data with clinical information	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 BMC Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 393
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s12859-020-03671-7	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Sekiguchi M, (37 authors), Shimamura T, Nagai T, Nabeshima T, Kaibuchi K, Yamada K, Mori D, Ozaki N§	4. 巻 10(1)
2. 論文標題 ARHGAP10, which encodes Rho GTPase-activating protein 10, is a novel gene for schizophrenia risk	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Translational Psychiatry	6. 最初と最後の頁 247
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41398-020-00917-z	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Sekiguchi M, (18 authors), Shimamura T, Sato Y, Sato-Otsubo A, Kimura S, Kubota Y, Hiwatari M, Koh K, Hayashi Y, Kanamori Y, Kasahara M, Kohashi K, Kato M, Yoshioka T, Matsumoto K, Oka A, Taguchi T, Sanada M, Tanaka Y, Miyano S, Hata K, Ogawa S, Takita J§	4. 巻 4
2. 論文標題 Integrated multiomics analysis of hepatoblastoma unravels its heterogeneity and provides novel druggable targets	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 NPJ Precision Oncology	6. 最初と最後の頁 20
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41698-020-0125-y	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Nishiwaki H, Ito M, Ishida T, Hamaguchi T, Maeda T, Kashihara K, Tsuboi Y, Ueyama J, Shimamura T, Mori H, Kurokawa K, Katsuno M, Hirayama M, Ohno K§	4. 巻 35(9)
2. 論文標題 Meta-Analysis of Gut Dysbiosis in Parkinson's Disease	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Movement Disorders	6. 最初と最後の頁 1626-1635
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1002/mds.28119	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Yoshino S, Matsui Y, Fukui Y, Seki M, Yamaguchi K, Kanamori A, Saitoh Y, Shimamura T, Suzuki Y, Furukawa Y, Kaneko S, Seiki M, Murakami Y, Inoue JI, Sakamoto T§	4. 巻 10(1)
2. 論文標題 EXOSC9 depletion attenuates P-body formation, stress resistance, and tumorigenicity of cancer cells	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 9275
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-020-66455-2	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Higashijima Y, Matsui Y, Shimamura T, Nakaki R, Nagai N, Tsutsumi S, Abe Y, Link VM, Osaka M, Yoshida M, Watanabe R, Tanaka T, Taguchi A, Miura M, Ruan X, Li G, Inoue T, Nangaku M, Kimura H, Furukawa T, Aburatani H, Wada Y, Ruan Y, Glass CK, Kanki Y§	4. 巻 39(7)
2. 論文標題 Coordinated demethylation of H3K9 and H3K27 is required for rapid inflammatory responses of endothelial cells	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 EMBO Journal	6. 最初と最後の頁 e103949
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.15252/embj.2019103949	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計20件（うち招待講演 20件 / うち国際学会 1件）

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 深層生成モデルで読み解く生命システムの動作原理
3. 学会等名 第7回理論免疫学ワークショップ（招待講演）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 深層学習による生体内微小環境の新次元俯瞰
3. 学会等名 第45回日本分子生物学会年会ワークショップ（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 深層学習で細胞社会を読み解く
3. 学会等名 第45回日本分子生物学会年会フォーラム（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 深層学習による生体内微小環境の新次元俯瞰
3. 学会等名 LINK-Jセミナー（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 深層学習による生体内微小環境の新次元俯瞰
3. 学会等名 第95回日本生化学会大会企画シンポジウム（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 深層学習による生体内微小環境の新次元俯瞰
3. 学会等名 第60回日本癌治療学会学術集会会長企画シンポジウム（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 Estimating fluctuations in cell state dynamics and predicting fate bifurcations under influenza infection using deep learning
3. 学会等名 第20回あわじ感染と免疫国際フォーラム（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 A new modality for elucidating tumor microenvironment using deep learning
3. 学会等名 第81回日本癌学会学術総会（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 細胞間コミュニケーションを読み解くためのデータ科学
3. 学会等名 第6回理論免疫学ワークショップ (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 データから読み解く生命医科学
3. 学会等名 脳神経内科医のためのバイオインフォマティクス・ハンズオン 2021 (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 Deep learning to decipher cell dynamics and cell-cell interactions
3. 学会等名 第44回日本分子生物学会年会 (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 一細胞マルチモーダル情報をデータとモデルから読み解く
3. 学会等名 産業技術研究所人工知能研究センター第51回AIセミナー (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 細胞間コミュニケーションを読み解く深層学習
3. 学会等名 第94回日本生化学会大会（招待講演）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 Modeling cell population dynamics and cell-to-cell communication from single-cell multi-omics data
3. 学会等名 第80回日本癌学会学術総会（招待講演）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 データとモデルが駆動する生命科学
3. 学会等名 第32回高遠・分子細胞生物学シンポジウム（招待講演）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 シングルセルオミクス解析のためのAI技術の最新動向
3. 学会等名 第39回内分泌代謝学サマーセミナー（招待講演）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 細胞集団のダイナミクスを捉えるためのベイズモデリング
3. 学会等名 第5回理論免疫学ワークショップ（招待講演）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 がん研究における一細胞解析のためのモデリング・AI 技術の最新動向
3. 学会等名 第79回日本癌学会学術総会（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 臓器連関トランスオミクス解析のためのベイズモデリング
3. 学会等名 第93回日本生化学会大会（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 島村徹平
2. 発表標題 今こそ知りたい！行列因子分解～ゼロから始めるマルチオミクス解析～
3. 学会等名 代謝統合オミクス若手技術セミナー（招待講演）
4. 発表年 2020年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
--	---------------------------	-----------------------	----

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------