

2015年10月30日<sup>金</sup>

京都大学宇治キャンパス

スポンサーセッション

## 生命科学におけるインフォマティクスと 物理化学の融合

ーバイオインフォマティクスを広い視点から鳥瞰するー

【時間】13:30～15:30 【会場】第3会場 (おうばくプラザ1階)

【プログラム】 座長：江口至洋 (理化学研究所 HPCI計算生命科学推進プログラム)

杉田有治 (理化学研究所 杉田理論分子科学研究室)

「細胞内環境での蛋白質の分子運動と機能」

高橋恒一 (理化学研究所 生命システム研究センター)

「上皮成長因子応答経路の1分子粒度シミュレーション」

宮野 悟 (東京大学医科学研究所)

「『京』、及びポスト『京』がブーストするがんビッグデータ解析」

【主旨】

計測技術の急激な進展は、分子から細胞に至る生命ビッグデータを私たちにもたらし、より広い視点から生命を捉える必要性を私たちに訴えかけています。ここでは、物理化学、システム科学、そして情報科学の視点から最近の研究動向を明らかにし、それら諸学問が相互に連携し、これからのバイオインフォマティクスが進むべき道について議論できればと願っています。

チュートリアルセッション

## 並列配列相同検索プログラム「GHOST-MP」講習会

【時間】15:45～17:15 【会場】第4会場 (化学研究所 農学研究科会議室M-105)

【講師】秋山 泰、石田貴士、角田将典 (東京工業大学 大学院情報理工学研究所)

【受講要件】 実習用ノートPCをご持参いただきます (見学のみ可)。  
申し込み方法他、詳細はホームページをご覧ください。  
<https://hpci.cbrc.jp/modules/tutorial/biomedpharinfo2015.html>

【要旨】

「GHOST-MP」は、高速な配列相同性検索を行うGHOSTXアルゴリズムを分散メモリシステム向けに並列化したソフトウェアです。次世代シーケンサー等で得られた大量の短い塩基配列またはアミノ酸配列を入力し、アミノ酸配列データベースに対する相同性検索を短時間で実行でき、メタゲノム解析などの用途に適します。本講習会では、「GHOST-MP」のしくみと利用方法を説明し、メタゲノムデータ解析を例に、スパコン「京」と互換性が高い理化学研究所のSCLS計算機システムを用いたGHOST-MP実習や、ウェブサイトを利用したその結果のさらなる解析方法などを実習します。

理化学研究所  
HPCI計算生命科学推進プログラム  
RIKEN HPCI Program for Computational Life Sciences



産業技術総合研究所 創薬基盤研究部門  
HPCI人材養成プログラム

HPCI Fostering Human Resources Program, Biotechnology Research Institute for Drug Discovery, AIST

<http://biomedinfo.kuicr.kyoto-u.ac.jp/>

生命医薬情報学連合大会 2015 大会

大会主催：日本バイオインフォマティクス学会 (JSBI) / 日本オミックス医療学会 / 情報計算化学生物学会 (CBI 学会)