

2022 年度（令和 4 年度）日本環境変異原ゲノム学会公開シンポジウム

「環境変異原ゲノム研究を革新する解析技術 ～基礎から最先端まで～」のお知らせ

世話人:佐々彰（千葉大学），小山 直己（エーザイ株式会社）

インシリコおよびバイオ/ケモインフォマティクス解析技術は，化学物質の薬物動態・変異原性予測，生体分子の構造予測，染色体の次世代解析等に活用され，もはやヒトの健康影響評価に欠かすことはできません．本シンポジウムでは，学会内外からインシリコおよびインフォマティクス分野の最先端の研究に携わる講師をお招きし，それらの原理・方法論の基礎から最新の研究内容までをお話頂く予定です．学会の各会員が膨大なデータ解析に踏み込むきっかけをつくる，そして最先端の話題を通して JEMS 研究のさらなる発展につながるような機会にしたいと考えています．

より多くの方にご参加頂けるよう，オンライン会議システムを用いて開催いたします．事前登録制となりますので，下記 URL またはポスターに記載の QR コードからお申込みください．ご登録頂いたメールアドレス宛に，開催前日までに視聴用の URL をお送りさせていただきます．多くの方のご参加をお待ちしています．

日時：2022 年 6 月 11 日（土）13:00～17:00

会場：オンライン開催

参加費：無料、要事前登録（6 月 8 日（水）登録締切予定、会員・非会員の別を問わず、どなたでも聴講いただけます）事前参加登録 URL：<https://jp.surveymonkey.com/r/HFH5KM9>

協賛：公益社団法人 日本薬学会

プログラム：

13:00～13:05 開会の辞 山田 雅巳（日本環境変異原ゲノム学会会長／防衛大学校）

13:05～13:10 はじめに 世話人 佐々 彰

第一部

13:10～13:45 江崎 剛史（滋賀大学）

データ駆動型創薬の加速を目指した薬物特性の予測－データ収集から予測まで－

13:45～14:20 澤田 敏彦（株式会社ゼノバイオティック）

量子化学計算を駆使した Ames 試験予測ソフトウェア xenobiotic の開発

14:20～14:55 小山 直己（エーザイ株式会社）
ヘルスケア企業における(Q)SAR/AI を活用した遺伝毒性評価

14:55～15:10 休憩

第二部

15:10～15:45 鈴木 愛（東北大学）
量子化学ダイナミクスを用いた損傷 DNA 水和水の構造解析

15:45～16:20 齋藤 裕（産業技術総合研究所）
機械学習が導くタンパク質の指向性進化

16:20～16:55 平谷 伊智朗（理化学研究所）
3D ゲノム・4D ニュクレオーム研究の現状と将来展望～1細胞全ゲノム解析の行く末～

16:55 おわりに 世話人 小山 直己

【学会へのお問合せ】 <https://www.j-ems.org/contact.html>