

出國報告（出國類別：開會）

參與「2018年分子生物學智慧系統年度 國際研討會」之心得報告

服務機關：醫學研究部

姓名職稱：蕭自宏 契約副研究員

派赴國家：美國 芝加哥

出國期間：107年7月6日至7月10日

報告日期：107年8月7日

摘要

「2018 年分子生物學智慧系統年度國際研討會」於 107 年 7 月 6 日至 7 月 10 日在美國芝加哥舉辦，此年會之目的是讓全世界生物資訊人員能夠一起分享並探討關於這一年度關於計算生物學以及生物資訊的最新進展以及未來的方向，本次會議有大量的次世代定序資料分析以及人工智慧未來展望的討論。本次參加會議發表了題目為” 運用循環攝護腺癌腫瘤細胞之單細胞基因表達定序資料進行差別網絡分析”的論文海報並與相關學者討論，獲得了寶貴的意見以及建立與其他學者合作的可能性。並學習關於如何針對單細胞定序分析的最新演算法以及分析技巧；在多場相關的演講中，聽取多位學者分享研究的最新進展，由其是關基因體定序分析以及人工智慧於生物資訊分析方面，有助於我未來在這方面的研究進展。希望未來能有運用最新穎的生物資訊演算技法，進而在臨床議題進行研究得到成果，之後再參與此會議與其他研究者分享臺灣的研究成果。

關鍵字：次世代定序、人工智慧。

一、目的

本次參與 2018 年分子生物學智慧系統年度國際研討會，主要目的有二，其一是發表本人針對單細胞定序資料發展之新的演算法，並與各國相關的生物資訊研究人員分享本院之研究成果。其二則是希望藉由參與生物資訊領域最重要之研討會，能擷取目前最新的研究新知，並將最新的演算法以及分析概念帶回本院，進而強化本院的次世代定序分析及生物資訊之研究能量。

二、過程

「2018年分子生物學智慧系統年度國際研討會」於107年 7月 6日至 7月10 日在美國芝加哥舉辦，此會議為生物資訊最大的會議之一。此年會之目的是讓從事生物資訊相關領域的研究人員能夠一起分享並探討關於這一年度關於生物資訊領域的最新進展以及未來的方向。整個會議包含了多項COSIs (Communities of Special Interest)，包含次世代定序分析、基因註解、人工智慧等等最新之領域。本次旅程中，本人先從臺灣搭日本ANA航空經東京至芝加哥，本次年會於七月六日開始，第一天邀請了Steven Salzberg，演講關於”25 Years of human gene findings: Are we there yet?”，探討二十五年來的基因研究的歷程以及未來基因體研究的展望。

第二天的會議同時有八個議程展開，我專注的重點為RNA計算生物學的演算法，該議程對於最新演算法有一系列的更新與報告，其中多為演講者報告了他們自行開發的單細胞RNA序列分析方法、以及如何運用

RNA定序分析探討基因功能的表達量，以及如果有效率地分析等議題。藉由聽取這些會議的報告，有助於在本院的RNA定序分析流程效率。第三天的會議本人聽取了一系列DB2K (Big Data to Knowledge)的相關研究，本項研究為NIH的大型計畫，探討如何運用基因以及臨床大數據，進而找尋到醫學相關的資訊，其中包含了大量的基因資料以及生物醫療資訊整合，會中演講者分享美國各個單位的經驗，讓我在本次研討會中獲益良多，更了解如何將生物資訊與醫療資訊互相結合。本次我並發表了壁報論文，運用循環攝護腺癌腫瘤細胞之單細胞基因表達定序資料進行差別網絡分析，與來自世界各國的學者交換意見，得到很多寶貴的指教。

第四天的會議我聽取了Vanderbilt大學的Nancy Cox醫師介紹BioUV的目前發展，BioUV為美國的大型人體生物資料庫，收存了二十五萬人的檢體，演講中並介紹了最新Phenome研究的概念。

第四天聽取了人工智慧於基因資訊的應用，人工智慧運用於基因資訊為全新領域，在幾位學者的報告之下，對於人工智慧有更進一步的領略，會議結束後於隔天離開芝加哥，搭機返國。

三、心得

這次參加2018年分子生物學智慧系統年度國際研討會，讓我了解最新的生物資訊研究發展，並且了解到大型生物資料庫如何結合資料科學與臨床議題結合，

進行探討。未來包含最新的單細胞定序分析與人工智慧等議題，都是非常值得生物資訊人員專注的研究題目。

四、 建議事項

如何讓台灣生物資訊人員針對最新技術產出的新穎資料，運用演算法進行分析，進而實踐基因體學於精準醫學上的應用，為本院可以發展的方向之一。