



JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS

特定非営利活動法人

日本バイオインフォマティクス学会ニュースレター 第36号

学会ホームページ <http://www.jsbi.org/> E-mail: jimu@mail.jsbi.org

CONTENTS

巻頭言.....1	リレー紹介：日本のバイオインフォマティクス研究室.....15
20周年記念特集「バイオインフォマティクスの今後の20年」...2	学会からのお知らせ.....17
国際会議参加報告.....9	学会議事録等.....18
会員による著書紹介.....10	学会の現況.....22
地域部会・公募研究会の活動報告.....11	編集後記.....24

巻 頭 言

2019年4月より、日本バイオインフォマティクス学会(JSBi)の会長を務めさせていただくことになりました。生命科学と情報科学が融合した学問領域であるバイオインフォマティクスに関する研究・教育を一層推進するため、微力を尽くしていければと考えています。

ここでは、私が学会の現状と展望に関連して重要だと考えている課題のうち、特に三つの点について述べさせていただきます。

第一は当然のことですが、本学会が本来のポテンシャルを最大限に発揮できるよう、さらに発展させていくことです。昨今では、学会の存在意義や統合に関する踏み込んだ議論もしばしば行われるようになりました。私としては、そうした議論があることも認識した上で、バイオインフォマティクスという学問分野の需要と近年の急速な発展、これまでの歴史を通じた産学をまたぐ人的ネットワークや融合分野の幅広い領域にわたる知見の蓄積、さらには医学・薬学・農学・環境学なども含めた生命科学全体におけるその本質的な存在意義を踏まえて、ぜひ周辺分野も含めより多くの方に本学会に参加していただきたいと考えています。とりわけ、本学会の中心的な活動である年会や公募研究会については、年会実行委員会や公募研究会主催者と学会本体との有機的な連携を深めつつ、引き続き、さらに魅力的かつ効果的なものにしていくことが望まれるでしょう。また本学会が実施しており、昨年には史上最多の受験者が臨んだバイオインフォマティクス技術者認

定試験などの活動もまた、大きな盛り上がりを見せています。本認定試験を含む教育関連事業、学会賞、ニュースレター、他学会や関連企業との連携、学会ウェブサイト、政府や社会に対する発信などのあり方も含めて、正会員・学生会員・賛助会員の全ての学



会員にとってより有意義な学会となるよう、みなさまのご意見を伺いながら前向きに展開させていければと考えています。

第二は、バイオインフォマティクスの未来の姿を議論し、また発信していくことです。今年は、1999年に設立された本学会の20周年の節目にあたります。この間、生命計測技術と、いわゆる人工知能技術を含む情報科学の長足の進歩によって、バイオインフォマティクスの位置付けは大きく変わり、あらゆる生命科学分野に必要な基盤としての役割も確固たるものになりました。そうした近年の発展や需要の大きさを踏まえた上で、バイオインフォマティクスのための中心的なコミュニティである本学会には、バイオインフォマティクスに関する研究討議や交流を行う中心的な場としての役割にとどまらず、生命科学の諸分野をまたぎ、情報という観点から俯瞰し、関連分野を先導するようなビジョンを示していく場としての役割が期待されるのではないかと思います。その過程

では、激しくまた絶え間ない学問の展開の中でも、改めてバイオインフォマティクスとはどのような学問なのかを見つめ直し、これまでの研究の流れにとらわれない議論を行い、新たな領域を切り開いていくことも必要になるでしょう。そうした機運を醸成するための企画も、学会として進めていけばと考えています。

最後に第三は、本学会の運営を安定的かつ持続可能なものにする事です。改めて強調するまでもないことですが、運営の安定性は、学会が様々な役割を果たしていく上で、決定的な基盤をなすものです。もともと本学会の運営は、一部の先生方の献身に依存してきた部分が大きくありました。そうした“手弁当”の運営形態を改善することを目指した、関係の先生方の近年の尽力の成果として、現在では、抜本的に再構築された幹事会、庶務を担当する内部事務局、そして会員管理・会計・法人業務を担当する外部事務局の三者が連携した新たな体制が構築されつつあります（学会員の方のなかには、例えば学会ウェブサイトの改善などにそのような変化を

感じられている方もいらっしゃるかもしれません）。その一方で、課題もまだ多く残されています。まず、幹事や地域部会長など学会運営に携わる役員の引き継ぎ、そして年会運営の引き継ぎを、より円滑に行えるようにすること。さらに、理事会・幹事会においては長期的な視野からより本質的な議論を行えるように、かつ、そうした議論の結果をきちんと実装に繋げられるように、枠組みを整えること。事務局業務に関する明文化をさらに進め、将来的に事務局の再移設を調和的に行えるようにすること。そして、学会会計について精査を行い、会計面からも持続可能な体制を築いていくこと。いずれも華々しい性質のものではありませんが、積み重ねによって今後の本学会の姿に大きな影響を及ぼしていく、極めて重要な課題だと捉えています。

どうぞ、よろしく願いいたします。

岩崎 渉（東京大学大学院理学系研究科）

20周年記念特集「バイオインフォマティクスの今後の20年」

20年後のバイオインフォマティクス

金久 實（京都大学化学研究所・1999-2003年 会長）

日本バイオインフォマティクス学会は1999年12月に設立されました。当時はまだヒトゲノム計画が進行中で、バイオインフォマティクスには大きな期待が集まっていました。私にとっては、その期待に応える情報技術開発やデータ解析等の支援的役割とともに、生命を情報システムとして扱う新しい学問分野を目指す独自性を両立させることが大きな課題でした。当然ながら前者の方が圧倒的にニーズが高く、実用的な学問分野としてのバイオインフォマティクスが今日まで大きく発展したことは喜ばしいことです。一方では、後者の方はまだまだ道半ばです。20年後のバイオインフォマティクスは生命の基本原則を解明する学問分野として発展していることを願っています。私が1995年に構築を開始したKEGGデータベースは、ゲノムの配列情報から生命システムの機能と有用性を解読するためのリソースとして、実用的な価値を重視し

た結果、広く利用されるようになりました。ただそもそもの出発点には、生命の原則を解明するためのリソースにしたいという個人的な思いも含まれていたのです。ゲノムは生命の設計図だと言われていますが、当時から私はこの考え方には同調できず、生命の基本単位である細胞にどのような情報が書かれているかを明らかにすることが重要だと思っていました。我々が親から受け継ぐのはゲノムだけでなく細胞全体であり、生殖細胞系列と呼ばれるように、これは生命の起源の細胞につながっています。そこでとくに自己複製する反応系としての生命に着目し、細胞に書かれた設計図を分子間相互作用・反応のネットワークで表現するという着想に至ったわけです。ゲノムの設計図と細胞の設計図を統合し、その起源と進化を探ることから、バイオインフォマティクスの新たな発展があるのではないのでしょうか。

がん研究と人工知能、スパコン

宮野 悟（東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター・2004年 会長）

はじめに

がんはゲノムの多様な変異が原因となっている生体内で進化する極めて複雑な病気である。がんのゲノム解析は高効率で実現したが、膨大な変異と病態を結びつけるためには人工知能技術が不可欠となっている。その背景にはビッグデータとがんの複雑さがある。このためには自然言語処理と機械学習という技術が有用であり、東京大学医科学研究所はWatson for Genomicsを導入することで乗り越えようとしてきた。そこから少し未来を見てみる。

全ゲノムシーケンス解析のコスト

ゲノムシーケンスのコスト（費用と時間）は急激に下がった。筆者が2019年はじめに48サンプルを国内の業者に外注したときの費用は（イルミナ社のNovaSeq6000）、がんゲノムが約15万円、正常ゲノムが12万円、合計で27万円弱であった。2年ほどのうちにこの費用は4分の1以下になるだろう。

シーケンスデータからゲノムの構造異常を含む変異を網羅的に検出することは、東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センターのスパコンSHIROKANE上でGenomon (<https://github.com/Genomon-Project>) というゲノムデータ解析パイプラインをこれまで使ってきた。しかし、「スパコンが必須」という時代は過ぎ去ろうとしている。実際、筆者らが2018年はじめに、GPUアクセラレータを実装した計算ノード1台（Parabricks社製・価格約1,500万円）で、2種類の全ゲノムシーケンスデータ解析パイプライン（米国ブロード研究所GATK、イルミナ社DRAGEN）の計測実験を行った。デブス40のがんゲノムと正常ゲノムの両方の解析（マッピング→変異同定）で、GATKでは2時間弱、DRAGENはその半分だった。実はこの計測実験はクラウドを使って行った。世界のトレンドはクラウド利用に移っている。日本は医療利用におけるクラウドのレギュレーションがまだきちんとしていないため、この世界の動きから引き離されている。海外の商用クラウドを使った場合、1検体の全ゲノムシーケンスデータの

解析は数十ドルでできる。

変異解釈のボトルネックは人工知能で

血液腫瘍から固形がんまで、全ゲノムシーケンス解析をして変異を検出すると、1検体あたり、その数は数百から数百万になる。がんの臨床シーケンスの現場では専門医や研究者が、がんのゲノム変異を解釈し臨床翻訳する。そのために、英国サンガー研究所は専門家が論文を読んで情報を抽出したCOSMICというデータベースを利用している。このCOSMICにもたくさんのエラー（登録当時の知識と最新の知識の乖離によるものなど）があり、専門家が論文を読んで作成したものだから信じてよいというものではないというのが現実である。文献情報としては、PubMedには、2800万報以上の論文が登録され、がんだけでも1年間に20万報以上がひっかかってくる。また、ClinicaTrials.govでは30万ほどの臨床試験の情報が利用でき、これらの情報は時々刻々と変化している。すべて電子化されておりコンピュータが読める。人がこうした知識を正確に維持・管理できる時代は終わり、人工知能技術が不可欠になっている。

東京大学医科学研究所は、2015年7月からWatson for Genomicsを導入し、スパコンを活用して、血液腫瘍や消化器がんなどがんゲノム医療研究を支援してきた。現在、血液腫瘍の場合、患者さんのがんの全ゲノムシーケンス解析に基づき4日で診断を返すことができるようになっている（図）。

全ゲノムシーケンスに基づくがんの臨床シーケンスを開始したのは2011年であったが、すぐに膨大な数の変異の解釈と臨床翻訳というボトルネックに直面した。この解消のために人工知能を導入した。Watson for Genomicsの場合、上述のデータベースなどを「ぜんぶ読み」「ある程度理解し」「適宜学習・推論する」ことをやっている。技術は自然言語処理と機械学習などが背景にある。エキスパートも強く介入している。決して人工知能だけがやっているわけではない。しか



し、臨床シーケンスのプロセスを速くできたことは大きい。こうしたビッグデータの中で、がんゲノム医療は必然的に人工知能を活用しなければ未来が拓けない状況に置かれているということを強く認識するに至った。

20年先のことなどわからないが

内閣府の戦略的イノベーション創造プログラムでは、サイ

バー空間と現実空間が融合したシステムにより人間中心の未来社会に向けて「AIホスピタル」プロジェクトが開始された。厚労省は人工知能活用について「保健医療分野におけるAI活用推進懇談会」でまとめた。米国では21st Century Cures Actが施行され、Cancer Moonshot Initiativeが始まった。日本のがんゲノム医療も少しずつではあるが未来に向かって進んでいる。

バイオインフォマティクスの過去・現在・未来

江口 至洋（神戸大学、東京理科大学 客員教授・2005年 会長）

1975年、酵素反応のシミュレーション研究を始めたのがバイオインフォマティクスに近づくきっかけとなった。その成果は、文部省の「研究成果刊行費」を得た共同研究者の尽力で「酵素反応のダイナミクス」（1981年、学会出版センター）にまとめられた。今から思うと、その時代は牧歌的で、ゆったり時は流れていた。1981年にDNAの解析研究にとりかかると、時代の大きな変化に巻き込まれていった。DNAのシーケンシングの時代、その黎明期と言え、生物学における「情報解析」への期待が急速に高まっていった。紙に印字された長い塩基配列を眺め、実験研究者が目視で「制限酵素の認識部位はここですね。」と話すのを聞いて、その能力には驚かされた。当時、実験研究者もパーソナルコンピュータを目の前にするようになり、それを用いて塩基配列を解析しようとする要望が高まった。共同研究者とその総説を書こうと雑誌「蛋白質 核酸 酵素」の編集委員の先生にお願いに伺うと、即座に「どれほど長くなってもいいですよ。」と承諾してくれた。それが「コンピュータによる核酸塩基配列の情報解析」（1983年）である。「上」と「下」で42ページの総説となった。総説では最後に「Computer Geneticsと呼ばれる新しい分野」が生まれつつある、と述べている。今日のバイオインフォマティクスの一分野と言え。1980年代には同時に、タンパク質構造解析の研究者との共同研究を進め、1991年に「タンパク質工学の物理・化学的基礎」（共立出版）をまとめている。2003年4月に「ヒトゲノム全配列解読」が発表されたが、その研究は生物学の成果であるとともに、バイオインフォマティクスの成果でもあった。多くの若手研究者によるバイオインフォマティクスの進展なくして、「ヒトゲノム全配列解読」はできなかった、と言っても過言ではない。バイオインフォマティクスはJSBi学会が発足した1999年以降、急速に拡大する。PubMedで「Bioinformatics」と検索すると、1999年に834件であった論文が2018年には3万件を超えるまでになっている。2003年頃までのバイオインフォマティクス研究は構造解析に重きがあったが、その後は重きが機能解析に移ってきたように思う。システム生物学はその一例である。1970年代にはMichaelis-Menten型酵素など個々の酵素反応の

機構に注目した解析をしていたが、この頃はEGFシグナル伝達系など反応ネットワークの機能に焦点が当たってきていた。「細胞のシステム生物学」（共立出版）を著したのは2008年のことである。現在、バイオインフォマティクスは生物学・医学に必須の研究基盤になっている。と同時に、進化する情報解析基盤（データ科学+計算機科学+計算科学）の上に、新たなバイオインフォマティクス研究が生み出されつつある。足元でみると（Big data+CPU・GPU+Deep learning）が注目されており、例えば深層学習（Deep learning）をDNAやタンパク質の構造解析はじめ、広く生物学・医学の分野に生かす試みが活発になされている。ただ、20年先には情報解析基盤の様相は全く異なっているだろう。今後のバイオインフォマティクスの発展には多くの実験研究者からの期待がある。ある医学研究者は「バイオインフォマティクスは、急激なデータ量の増大、および解析する生物学・医学データの質の多様化にこれからは歩調を合わせて行けますか？」と期待を込めて問いかけてくる。ヒトゲノム配列解読の時代も同じだったが、その時以上の継続的な進展をバイオインフォマティクスは求められることになる。個人的願望を述べさせて頂くと、まずは、「生命の設計図」とされるゲノムに記された遺伝情報の意味内容、ゲノム文法の解明を期待している。さらに、「生命の始まり」であり「生命の基本単位」である細胞にバイオインフォマティクスが切り込み、「生命とは何だろう」への21世紀的解決を図って頂きたい。最後に、バイオインフォマティクス教育がある。5年前から神戸大学で遠隔講義「計算生命科学の基礎」を企画してきてバイオインフォマティクス教育への想いを一層強くしている。大学、民間企業を問わず、networkを介して参加できる、半年で15回の講義である。最初の年の参加者は262人だったが、JSBi学会の企画協力も得て、参加者は年々増加し、2018年度には748名に達している。2018年度の大学からの参加者は253名、南は琉球大学から、北は北海道大学まで、全国70ほどの大学から参加している。学生、大学院生、研究者からのバイオインフォマティクス教育への期待は大きい。また、ゲノム医療の進展にもみられるように、社会からバイオインフォマティ

クスへの期待、要望もますます大きくなっている。バイオインフォマティクス教育は多様であるべきだと思っており、

JSBi学会の会員のみなさんがそれぞれの場で協力して多様な取り組みを継続的になされることを願っている。

二十年後

中井 謙太（東京大学医科学研究所・2006-2007年 会長）

高校生の頃、夢中になって読んだ小説の中に「二十年後」（A. デュマ著）があった。有名なダルタニャンと三銃士がかつて華々しく活躍し、永遠の友情を誓いあってから20年後に、それぞれかなり違った姿で再会し、ひいては2つのグループに分かれて対立するという話であった。さて、我らがバイオインフォマティクスの20年後は果たしてどのようなものであろうか？それぞれの分野が別の道を歩み始めていたり、内部対立したりはしていないことを祈る。

20年後のことを考えるために、まず20年前から今日の状況をどの程度予測できていたかを振り返ってみる。当時は、これからはシステム生物学が重要になって、相同性検索や遺伝子発見などの配列解析は最前線から外れると思われていた。また、自然界で見られるタンパク質のフォールディングのパターンが限られているので、それを手がかりにタンパク質の立体構造予測も簡単になるのではと言われていたと思う。これらの想像は当然、当たっている面もそうでない面もあるが、決定的なことは、その後のDNA塩基配列決定技術の進歩とそのエピゲノム解析や一細胞レベル解析への応用を当時に予想することは難しかった点であろう。技術面でのイノベーションが起こると、世の中が大きく変わってしまうという、当たり前といえば当たりの事実と直面すると、いまから20年後を想像することは難しいと言わざるを得ない。しかし、予想よりも歩みは遅かったものの、ゲノム情報をもとにした医療は着実に進歩しており、その意味では大きな流れは予想通りと言ってもよいのかもしれない。逆に、もしNGSの発展がなかったら、現在のゲノム研究やバイオインフォマティクス研究には若干停滞感が漂っていたのかもしれない。

それでは、バイオインフォマティクスの今後はどうなっていくのか。少なくとも今後10年間はとても忙しいものになるだろう。あまり独創性のない予想で恐縮だが、ゲノム医療では、（体細胞を含む）個人のゲノムに存在する様々な変異・多型の情報を組み合わせて、遺伝子ネットワーク的観点から、様々な疾病に罹患するリスクを精密に予測する研究が主流になるだろう。DNA編集を含む遺伝子治療や産業応用はますます盛んになり、ある変異を導入したときに、生体にどのようなインパクトがあるのかを予測する研究も進展するだろう。また、腸内常在菌と体質との関係の理解も進み、アレ

ギーや個別の免疫反応をゲノム情報（腸内細菌叢のものを含む）から理解する研究も進むだろう。社会的には、個人ゲノムや診療情報のセキュアな保管・活用技術の実装や開発が進展するだろう。発生物学は早晩、革命的な進歩を遂げ、細胞分化のメカニズムの理解や再生医療への応用が進むだろうし、そこにバイオインフォマティクスが大きく寄与することは間違いないと思われる。また、進化学においても、個体レベルのゲノム情報のバリエーションに基づいた種という概念の再検討と、種分化機構の具体的な証拠集めや検証技術が進み、より実証的の科学として学問体系自体が変貌を遂げるだろう。さらにこれら様々な学問の進展を支える実験研究は、よりシステムティックなものが主体になり、そこにAIやロボティクスが関与する割合が高まっていくだろうから、インフォマティクス研究者がそれらの実験パートを含むプロジェクト全体をリードすることがむしろ普通になるものと予想される。海外の有力研究所などのように、日本の研究機関においても、バイオインフォマティクスの研究チームが当たり前に行くつも存在し、その活躍が研究機関全体の名声を左右することになるだろう。新しいイノベーションを生み出すような実験技術の開発に際しても、機械学習などを応用して、やや不確かな測定データから、より多くの情報を取り出すためのデータ処理技術も今後ますます発展していくことだろう。

このように列挙してみると、バイオインフォマティクスの将来は明るい希望に満ちたもののように思えるが、すでにゲノム研究が世界的に有力な大規模研究所にリードされつつあるのと同様、バイオインフォマティクス研究もますます高度化・精緻化していき、予算の少ない大学の研究室で大きな成果を上げることが難しくなっていくのかもしれない。これは学問の成熟に伴う不可避ともいえる現象であり、そう嘆くべきことではないかもしれないが、20年後にバイオインフォマティクスの中で脚光を浴びているのは、少し離れた関連分野、たとえば計算論的脳科学や合成生物学、なのかもしれないし、今は名前さえついていない新しい分野なのかもしれない。従って、プロの研究者を目指す若い学生さんには、本稿のような予測や目先の流行に引きずられ過ぎないで、本当に自分が面白そうと思うテーマを探してほしいと思う。

「20年後に備えて」

後藤 修（産業技術総合研究所、東京大学大学院新領域創成研究科・2008-2009年 会長）

日本バイオインフォマティクス学会が設立20周年を迎えるとのこと、まことにおめでとうございます。小文に与えられた課題は「バイオインフォマティクスの今後の20年」ですが、そもそも人生の終活期に入っている人間にそんな先のことを問う方がおかしい。これまでの人生ではその時々々の課題をこなすことにあくせくしてきて、2~3年先のことで意識して生きてきたことなどありません。SFだって「日本沈没」以来読んだことないし。未来予想図など描けそうにないので、仕方なく次のような思考実験をしてみました。もし自分が数十年若返ってこれからバイオインフォマティクスを始める新人だとしたら、どのようなことに心がけたらよいだろう？10年であろうと20年であろうと、それは日々の積み重ねの延長です。自省の念を込めて、もしこれらをすべて実践したらきっと優れたバイオインフォマティクスの研究者になれるはず？？

1) アルゴリズムの基本を習得する。当たり前だと感じるかもしれませんが、周りを見回すと必ずしもすべての学生が実践しているように見えません。自身はもともと実験系であったため、初めてアルゴリズムの教科書（Ahoらの易しい方）を一通り勉強したのは30半ばでした。早いと越したことはありませんが遅すぎることありません。

2) 実際のプログラムを自作して動かしてみる。込み入ったアルゴリズムをより深く理解するのに役立ちます。また、いかに自分が誤りに満ちた存在であるかを思い知り、謙虚になれる絶好の機会です。今や公開プログラムを組み合わせることでより効率的に目的を達成できるかもしれませんが、バイオインフォマティクス研究者への発生過程において必須の道だと思います。

3) 実験系の研究者と密接に連携する。これは環境に依存する部分が大きいため、個人の問題というより自然なコミュニケーションができる環境作りが必要でしょう。自身の経験から言っても、新しい重要な問題の発掘が周りの実験系研究者との日常会話に根差した例はいくつもあります。

4) 以下略。

なんか説教じみて面白くなりそうなのでこの辺で止めておきます。学部からの卒業近く生物物理教室への進学が決まったころ、理論演習の先生に「生物物理はもう終わった」と言われて愕然としたことがあります。でも、それから半世紀過ぎた今でも生物物理では面白い研究が続いています。たぶん20年後にもバイオインフォマティクスは健在でしょう。その時に、どのような分野が盛隆しているかを今から予測することはできませんが。Good Luck!

バイオインフォマティクスの今後の20年について

松田 秀雄（大阪大学大学院情報科学研究科・2010-2012年 会長・理事長）

バイオインフォマティクスの今後の20年について語ってほしいとの依頼を受けましたので、私が考えていることについて述べさせていただきます。

まず、現在行われているような「バイオインフォマティクス」は生命科学の研究スタンスとしてごくありふれたものになっているだろうということです。既にある程度はそうなっていると思いますが、シングルセル解析などはバイオインフォマティクスのアプローチなくしてはもはや成り立たない研究テーマになっています。20年といわず、後5年もしないうちにますますその傾向は顕著になるでしょう。

それでは、20年後にはもうバイオインフォマティクスはありふれてしまい、学問的な価値がなくなってしまうのでしょうか？そのようなことは全くなくて、今よりはるかにスケールの大きな研究分野になっていると思います。

おそらく20年たっても、生命科学はまだまだ発展途上で未知の部分が多く残されていると思います。むしろ、今まで知られていなかった新しい現象がこれからも次々見つかってく

るでしょう。そういう分野では、とにかくデータを多数集めた方が強いのだと思います。データは「量」が集まると、自ずと「質」、つまり全体を見渡した時の個別条件下での傾向や、さらにはその条件を特徴づけるマーカー等の特徴量の発見へと発展していきます。また、細胞や組織ごとの「アトラス」が整備されていけば、手持ちのサンプルをその場でシーケンスして、アトラスに当てて、その中に類似のサンプルが見つければ、そのアノテーションで機能の情報が得られることが期待できます。

このような環境整備を前提に、「次世代」のバイオインフォマティクスは、「ヒト」のコンピュータ上での再現になるのではないかと思います。分子、細胞、組織、神経系・免疫系、さらには腸内細菌など、ヒトを構成するあらゆるパーツの間での情報伝達・相互作用のデータを集めて、そこから機械学習により特徴量を抽出し、それを基に数理モデルを立てて「ヒューマンアトラス」の構築を目指すのではないかと思います。

以上とりとめのないことを書きましたが、これからバイオインフォマティクスを研究し始める人たちは、すごくいろいろなことができそうで本当にうらやましいです。ぜひ、学生

や若手研究者にどんどんこの分野に入って活躍してもらえらと思ひます。

バイオインフォマティクスのこれから

浅井 潔（東京大学大学院新領域創成科学研究科・2013-2014年 理事長）

バイオインフォマティクスの歴史を振り返ると、現在から比べるとごく限られたデータ量の配列情報解析から始まり、構造、相互作用、機能、ネットワークなどより複雑な現象を対象とする方向に広がっていきました。同時に、情報技術を用いた生命科学研究と生命科学のための情報技術の両面で、バイオインフォマティクスの重要性が広く社会に認められるようになりました。

この間、動的計画法、確率モデル、グラフ理論を始め様々な情報学的手法が応用され、人工知能ブームで注目される機械学習も、バイオインフォマティクスでは長年使われて来ました。しかし、これらの手法を使う課題は、主に実験・計測手法の革新によって生じ、質や量がこれまでと異なるデータによって生まれて来たように思ひます。DNAマイクロアレイの発明を知った時、電子・情報技術を専門とする研究所にいた私は、どうして情報学の立場からこのようなコンセプトを提案できなかったのか、悔やんだものです。近年では、DNAシーケンサの超高速化とそのRNA情報解析への応用

は、配列情報解析を大きく変化させました。

今後の20年間も、実験・計測技術はさらに進歩し、それに突き動かされてバイオインフォマティクスが進歩するという流れは続くでしょう。その一方で、実験・計測手法のコンセプト設計の段階から、バイオインフォマティクスが貢献するような方向も増えてくるのではないのでしょうか。ロボティクス・バイオロジはその典型で、幅広い分野の英知を結集して開発を進める必要があります。

教育面では、生物学と生物学に使われている情報技術を教えるだけでなく、最新の情報技術に精通し、実験・計測・情報解析を総合的に革新できるような人材を育てたいと思ひています。バイオインフォマティクスを専門に学んだ学生は、人工知能技術の使い手として幅広い分野から歓迎され、生命科学分野の情報解析人材は不足していますが、バイオインフォマティクスが裾野をさらに広げ、幅広い学問分野から人材が集まるようになることによって、この問題は解決されていくことを期待しています。

バイオインフォマティクス今後の20年

清水 謙多郎（東京大学大学院農学生命科学研究科・2015-2016年 理事長）

バイオインフォマティクスでは、これまで、実験装置の革新と相まって、新規のアルゴリズム、手法の開発が行われ、高度な技術が生み出されてきた。オミックス解析では大規模なデータ処理が必要とされ、構造生物学では解析の精密化、相関構造解析にバイオインフォマティクスの手法は不可欠となっている。今後も、実験装置の進歩により、新しいバイオインフォマティクスの技術が開発されていくことは間違いないと思ひれる。バイオインフォマティクスの大きな傾向としては、扱うデータの規模に加えて、多様なデータの関連づけ、データの質の評価が重要になってくるであろう。実験生物学の研究においては、バイオインフォマティクスの手法はすでにさまざまな側面で利用されており、バイオインフォマティクスを独立した分野として論じる必然性がなくなっている。インフォマティクスが実験にとって代わる部分もあるが、当面は、すでに創薬等で行われているように、その信頼性の限界を踏まえて実験との連携が行われていくものと思ひれる。さまざまな分野で目的に応じた、専門化されたバイオ

インフォマティクスが浸透していく中で、その内容は、データを解析し、それをもとに予測を行うだけでなく、いろいろな現象、実験結果、解析結果を「説明する」ことが求められるようになる。そして、生命現象をコントロールし、さらにデザインするという目的に重点が置かれていくことになる。そうした専門に密着した高度なインフォマティクスの研究では、その分野とインフォマティクスの両方に精通した融合型人材が必要となる。今後、創薬、医療だけでなく、産業レベルで、食品、環境、エネルギー、農業などの分野において本格的な利用が促進されることになり、そのような人材の養成が不可欠である。バイオインフォマティクスは、data drivenの側面が強調されることが多いが、生命現象を究明するのに、その素過程を理解しようというtheory drivenのアプローチがあり、シミュレーション等によって取り組む研究が行われてきた。両者の統合が促進されていくことは間違いないが、そこでは、データの信頼性が重要なポイントとなる。また、バイオインフォマティクスでは従来、分子レベル

とシステムレベルで異なるモデル・手法が用いられてきた。合成生物学のような構成的なアプローチがとられる中で、これらを統合的に扱うモデル・手法が構築されていくものと思われる。

(筆者は30年ほど前、情報処理学会誌に「30年後のOS」と

いう記事を書いたが、現状を見ると、ソフトウェア技術そのもの予想はそれほど外れていない。しかし、バイオインフォマティクスは、分野の多様性、扱うデータの変化、実験装置の進歩、応用分野の広がりと、ダイナミックな研究領域として、さまざまな変化の可能性を秘めていると思う。)

バイオインフォマティクスの今後の20年

木下 賢吾 (東北大学大学院情報科学研究科・2017-2018年 理事長)

JSBi学会が創立20周年ということを受けて、タイトルのようなお題を頂いた。タイトルそのものは荷が重いので、これまでの自分の20年を簡単に振り返ることで、若い研究者の方が今後の20年を考える一つのきっかけになればと思う。

当学会が設立されたのが1999年10月であるが、私は同年の3月に学位を取得した。当時は、バイオインフォマティクスという言葉もあまり一般的ではなく、私自身は設立当初は学会員でもなかった。さらに、自分自身は、情報科学というよりは蛋白質科学をやっていると考えていて、情報系の仕事からは少し距離を置くスタンスであった。しかし、当時の記録をたどってみると、2000年に恵比寿ガーデンプレイスで開催されたGIWに、当時のボスであった中村春木氏に言われてポスターを出している。その際、学会員になると非会員で発表するので参加費がほとんど変わらないという単純な動機で学会員となった記憶がある。その後も、退会もせずに継続しているので、当学会の会員歴は長いですが、関わり方の濃淡は時期によるかなり変わっている。

2000年当時は、阪大蛋白研でポスドク、その後、2001年から横浜市大、2004年から東大医科研を経て現在の所属である東北大学に2009年10月からラボ主宰している。東大医科研に所属していた頃は、近くに学会関係者が多いこともあり、バイオインフォマティクス学会には比較的深めに関わっていたような気がしていたが、過去の記録を見てみると、2008年から2年間評議員を務め、2010年から東北地域部会長を拝命した以外には、特に積極的に関わってはいなかったようである。しかし、2014年から理事、2015年から副理事長、2017年から理事長という形で一気に学会への関与が強くなったが、このきっかけは、2014年の第3回生命医薬情報学連合大会の実行委員長を引き受けた時からである。

それまでもJSBiの年会にはそれなりに参加はしていたが、正直言って、毎年楽しみにしている年会では無かった。そんな中で2014年に仙台でJSBiの年会としての連合大会を引き受けるにあたっては、2011年の東日本大震災からの復興のきっかけとして、仙台で年会を行いたいという思いがあった。実際に、実行委員長として開催するからには「来て良かった、参加して楽しかった」と言ってもらえる大会にしたいと思い、

ポスター会場でのミキサー、ポスターへの投票による表彰や公募でのBoF、公開シンポジウムという形での社会への情報発信など、JSBi年会としては目新しい試みを盛り込むことができた。これらの試みに対しては、当時の会長である浅井先生や次期会長となった清水先生の強力なサポートを頂いた点には深く感謝している。

その後、清水先生からバトンを受け取る形でJSBiの会長を務め、20周年を迎え、現在の岩崎先生に引き継ぐ形でバトンをつなぐことが出来て安堵している。この間も、連合大会として開催されているJSBi年会は、歴代の大会長や実行委員長の努力により、楽しい年會が続いていることは嬉しい限りである。

こうして振り返ってみると、学会の10周年にラボが出来て、学会の20周年がラボ設置10周年であるが、この10年も含めてあつという間の20年であった。特に、2011年の東日本大震災からの復興プロジェクトである大規模ゲノムコホートの構築(東北メディカル・メガバンク計画)に係わるようになってからは、多くの時間を当計画の推進につき込みながら研究を推進している。20年後の事は正直分らないが、地震大国の日本では、間違いなく再度の大きな震災による被害が避けられないと思われる。その際に、東北での復興プロジェクトでの経験が生かされることを願っている。本プロジェクトは医学系研究者を中心としたプロジェクトであるが、大規模ゲノム解析など、バイオインフォマティクス系研究者もやるべき仕事は多い。この例だけでなく、今後も、ますます情報科学と生命科学の垣根は無くなり、渾然一体として学問分野が形成されると思われる。その際に、バイオインフォマティクスという言葉が残っているかどうか分からないし、昨今の大学や研究機関を取りまく環境の厳しさも年々増していくなかで、研究活動を続けていくことも容易でなくなるかもしれない。しかし、個人的には、流行廃りを考えてこじんまりと研究を展開するよりも、興味本位でその時点で楽しいこと、自分で大事だと思えることを一生懸命やっていたら、なんとかなると思っている。20年とは言わず永く、当学会で活躍している若い研究者が次世代の生命科学の中心で、楽しく活発に研究活動を展開している未来を期待している。

国際会議参加報告

International Biocuration Conference (IBC) 2019

山本 泰智(情報・システム研究機構 データサイエンス共同利用基盤施設 ライフサイエンス統合データベースセンター)

2019年4月7日から10日までケンブリッジ大学にて開催されたInternational Biocuration Conference (IBC) 2019に参加してきました。IBCはInternational Society for Biocuration (ISB) の年会に当たり、より多くの地域のバイオキュレーターに参加を促す目的で、原則として、欧州、北米、アジアオセアニアの順に開催することとしています。本原則に従い、今年はいギリス、去年は中国、一昨年は米国という具合です。そして来年はジャクソン研究所のある米国バーハーバーでの開催が予定されています。今年の参加者は290名と発表されました。

ところで、バイオキュレーションというのを思い浮かべるでしょうか？最近はたくさんキュレーションサイトと呼ばれるウェブサイトがあるので、キュレーションという言葉は以前と比べて多くの方が耳にされていることと思います。これらのサイトは特定の話題に関連する情報を分かりやすく整理して提示しています。たとえば、ニュースのキュレーションサイトでは、各ニュースサイトから得られる情報を、従来の新聞と同様に経済や政治、社会などの分野ごとに、そして同じ内容のニュースはまとめて配信しています。インターネット経由で取得できる情報が膨大な量である昨今では、自身の興味ある話題の情報を効率よく取得することが困難なので、キュレーションサイトの存在意義は高いでしょう。

同様の課題は生命科学分野にも当てはまることは読者の想像に難くないと思います。同研究分野で発表された論文の書誌情報を収集するデータベースPubMedを例にあげれば、2014年以降は毎年100万件を超す書誌情報が追加されています。生命科学における研究成果は論文として発表され、人類の知識として蓄積されますが、その量は特定の研究課題に限っても一人の研究者が全体を把握することが困難なほどに増加しています。そこで、生命科学の特定の側面、例えば、たんぱく質の機能に焦点を当てて、論文から必要な情報を抽出し、研究者が効率よく必要な知識にアクセスできるようにデータベースを構築する営みが行われています。これをバイオキュレーションと呼び、その作業を行う者がバイオキュレーターです。

ISBのミッションとして、専門職であるバイオキュレーションという行為を明確にし、科学コミュニティや研究資金提供者に認知してもらう活動が含まれています。というのも、10年前の学会立ち上げ時に、バイオキュレーションによ

り得られたデータベースは生命科学の研究において重要な位置を占めているにもかかわらず、あまりその重要性がコミュニティにおいて認識されていないのではないかと、という危惧があったためです。そこで、ISBの年会であるIBCでは、バイオキュレーターが日々の活動を提示し、研究的な側面からの成果や取り組みを議論したり、協力体制を築いたりする場が提供されます。また、Databaseという名の学術雑誌(Database: The Journal of Biological Databases and Curation)を通して、得られた成果は論文としても発表されます。

IBCは、一部のワークショップを除き、シングルセッションなので、一つの会場に居続ければ、当該会議において議論されている全容を把握できます。IBC 2019の構成は以下の通りでした。4日間の日程のうち、毎日キーノートレクチャーと呼ばれる講演が行われ、コミュニティにおいて特徴ある活動をしている方や功績をあげた方が登壇しました。その他に「機能アノテーション」や「キュレーションとデータ可視化ツール」などのタイトルが付けられたセッションで口頭発表がそれぞれ5件ずつ行われました。また、「Databaseジャーナルセッション」というセッションでは、既にDatabase誌で出版された論文の内容が口頭発表され、直接著者と情報交換できる場が提供されました。

今年のIBCではバイオキュレーションキャリア賞としてAnne Morgatさんが受賞され、記念講演をされました。Morgatさんは薬局で働いたのちに計算機科学の修士課程に入学し、PhDを取得、そしてSIBのSwiss-Protグループで、生化学反応に関するキュレーションされたデータベースであるRheaの開発に携わりました。講演ではセマンティックウェブ技術を用いたデータ統合の有効性について熱心に語られ、本賞受賞者ならではの含蓄のある内容でした。

IBCでは毎回Springer Nature社やOxford University Press社などの出版社からの参加があります。今年にはDDBJが2018年に立ち上げた機能ゲノミクスのデータを受け入れるGenomic Expression Archive (GEA) の紹介を含むポスターをDDBJの大城戸さんが発表されていましたが、ポスターセッションにてSpring Nature社の方との情報交換がなされて同社の出版するScientific Dataの推奨する機能ゲノミクスのデータレポジトリとして登録されました。

最後に、バイオキュレーションは生命科学の研究における

インフラストラクチャーとして機能している一方で、その重要性が目立ちにくいかもしれません。2010年のお台場での開催時を除き、毎年日本からの参加者が少ないので、ぜひ読者

の皆さんで関連のある研究や活動に携わっている方がいらっしゃいましたら次回の参加をご検討いただければと思います。

Plant & Animal Genome Conference (PAG)

小野 浩雅(情報・システム研究機構 データサイエンス共同利用基盤施設 ライフサイエンス統合データベースセンター)

米国サンディエゴで2019年1月12日～16日に開催された Plant & Animal Genome Conference (PAG) に参加した。今年で27回目 (XXVII) を数えたPAGは、文字通り、植物と動物のゲノムプロジェクトに関する最近の進展と将来計画について議論する国際会議である。サブタイトルとして “The Largest Ag-Genomics Meeting in the World” と銘打つように、ヒトを含まない産業系の動・植物のゲノムを対象にした話題が中心である。会場は例年、サンディエゴ国際空港から8kmほど郊外にある Town and Country San Diego で行われる。

今年の参加者は3,000名を超え（世界各国から参加者がある中で、日本からの参加者は米国を除いて中国、英国、豪州について第4位の参加者数（およそ90名弱）との発表）、5日間の間に延べ180のワークショップ、30のコンピュータデモが同時並行で行われた。ポスター数は1200件以上、企業展示の数も130以上を数えることからこの会議の巨大さが分かる。今年は、同時期に米政府シャットダウンがあった影響で、一部のワークショップがキャンセルになっていたりと、ポスター発表でも演題取り消しが散見された。

PAGがカバーする内容は幅広く、“Equine” や “Coffee” のようにゲノムプロジェクトの対象生物種の名前を冠したワークショップがある一方で、シーケンス技術、ゲノムデータのアノテーション・キュレーション、解析手法、解析インフラ、データベース技術、可視化、教育など多岐にわたっている。例年、NCBIやEBIもワークショップを開催しており、

これらのデータセンターの取り組みや最新の知見が一つの国際会議で一度に得られるのもメリットの一つである。

10年前と比べてゲノム解読とその解析がカジュアルに可能になっているなかで、それらの研究者であっても必ずしもバイオインフォマティクスに明るいというわけではないという参加者もあり、そういった向きにどういうツール、データベース、アプリケーションを提供するかという観点で発表や議論がなされていた点が個人的に印象的であった。また、様々なワークショップでは、データ解析の再現性やFAIR (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable) 原則などがキーワードとして頻出していた。

興味を持たれた方は、来年の1月、暖かいサンディエゴにぜひ足を運んでみてほしい。



会員による著書紹介

進化で読み解く バイオインフォマティクス入門 (長田直樹著)

皆さんは「バイオインフォマティクス」と聞いてどのようなものを思い浮かべるでしょうか。ゲノム解析、タンパク質の立体構造、システム生物学、メタゲノミクス、機械学習、etc...、人によってさまざまなものを思い浮かべるかもしれません。それほど現在の生物学にコンピュータというものは浸透しており、コンピュータによるデータ解析は生物学の発展

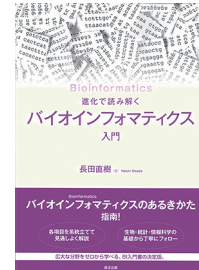
に無くてはならないものになっています。

この本は、私が4年前に現職に就き、「生命情報解析学」という学部生向けの講義を始めると同時に書き溜め始めた講義資料を一冊の本にまとめたものです。生物学の知識も情報学の知識も中途半端である学部生でも、資料として読み進められるような内容となっています。

内容を考えるにあたり、そもそも「生命情報」とは何か、ということから始めました。この本が定義する生命情報とは、生命がもつ遺伝情報（DNAとそこから派生するもの）であり、その解析手法を裏付ける原理の紹介が中心になっている本です。分子生物学、遺伝学の基礎から始まり、遺伝子の配列解析が中心となった解説を行っています。古典的な内容も多いですが、最新のトピックも扱っており、近年当たり前のように使われている次世代シーケンサーから得られるデータ解析についても、その概要や基本的な解析アルゴリズムについて触れています。

本書で重点を置いている視点は、タイトルにもある「進化」です。生命がもつ（遺伝）情報は進化の産物ですから、そこから得られるデータを解析するためにも進化の視点は重要な役割をもちます。事実、多くの遺伝子配列解析アルゴリズムは、陰に陽に進化における遺伝子配列の保存性を前提としています。本書では、進化の原動力であるDNAの突然変異がどのように起こって、どのように個体間や種間の違いにつながっていくかを理解する過程に、多くのページを割いていま

す。あくまでも初学者を対象にした本なので、研究者の皆さんには物足りない面もあるかと思いますが、バイオインフォマティクスを勉強したいけれどもどこから始めていいかわからない、という方が周りにいらっしゃいましたらぜひ勧めていただけると幸いです。



進化で読み解く バイオインフォマティクス入門

長田 直樹（著）

232ページ・定価 3,200円+税

2019年6月・森北出版 刊

地域部会・公募研究会の活動報告

関西地域部会

部会長 中川 博之（住友化学株式会社バイオサイエンス研究所）

関西地域部会では、2019年4月19日に第26回バイオメディカル研究会を開催し、67名の参加を得ました（<https://www.jsbi.org/news/workshops/20190419-kansai/>）。約半数が当部会の研究会に初参加でしたが、次回以降もぜひ参加したいとの声が多く聞かれました。学会の存在、ならびに当部会の活動をアピールする良い機会となりました。

今回のテーマ「健康・医療のデータサイエンスが乗り越えるべき課題」は、2025年に開催が決定した大阪・関西万博が発端になりました。万博の描く未来社会では「多様で心身ともに健康な生き方」の実現が期待されています。そこで、健康・医療分野で利活用が注目されている健康診断データ、ライフログ等に着目しました。こうしたビッグデータの収集・計測・解析は技術的な進歩も著しいのですが、解決すべき課題も残されています。研究会では、大阪市経済戦略局の山向薫先生に「2025年日本国際博覧会について」ご紹介頂いた後、理化学研究所の水野 敬先生に「疲労科学研究から個別健康最大化のための健康関数の開発へ」という演題で、「1万人の健康計測プロジェクト」での取り組みを中心にご講演頂きました。健康状態の定量的解析に有効なパラメーターが同定さ

れつつあることが良く判りました。健康診断データは要配慮個人情報であり、その収集・活用には注意が必要なものの、個人の時系列データが蓄積され、容易に活用できるようになれば、健康寿命の延伸に繋がります。上記プロジェクトでも採用されていますが、非侵襲・非接触での新たな計測技術が開発されています。その取り組みを、(株)リコーの船橋 一樹先生に「疲労の日常管理を目指して。カメラによる自律神経機能計測技術の開発と健康増進への活用」でご講演頂きました。被験者の負担を軽減し、ストレス無くモニタリングできる技術が重要になってきていることを感じました。産業総合技術研究所の坂無 英徳先生には、「人工知能技術による医療診断支援」という演題で、病理画像や内視鏡画像のAIによる診断支援について、研究事例をご紹介頂きました。AI vs. 医師ではなく、医師がAIを利用することで、より高精度に診断を下せるようになります。そのためには診断・予測の根拠を説明できるAIの構築が急務ですが、これは医療分野に限った課題ではありません。関西地域部会では、このような課題を取り上げた研究会を開催し、異分野交流によるイノベーション促進に貢献していきたいと思っております。



中国・四国地域部会

部会長 妹尾 昌治（岡山大学大学院ヘルスシステム統合科学研究科）

中国四国地域部会は、2005年度（平成17年度）の総会で各地域部会の設立が当時の江口会長により提案され、評議委員会（2005年3月）でその設立が承認されました。その後、2006年度（平成18年度）より9回にわたり「次世代バイオマーカー研究会」を開催しました。さらに、図らずも10年が経過し、2015年（平成27年）からは「次世代がんインフォマティクス研究会」へ名称を変更して、4回の研究会を開催しています。

しかしながら、部会長の私自身が大学院の新設計画に携わっていたことが、大きく影響して平成29年度から2年間研究会が開催できておりませんでした。平成30年度（2018年度）4月よりお陰様で「大学院ヘルスシステム統合科学研究科」が設置されました。本研究科は、課題の発見と解析から解決策となるアイデアの創出とその社会実装へのシミュレーションまでを見通すプロジェクトに関われる人材育成を工学系、医療系、人文社会系を融合した新しい学問体系としての統合科学の教育研究の下で行っていくというものです。

「本研究科の対象は「ヘルスシステム」の「現場」です。つまり、病院での外来診療・入院診療を主体とした医療にとどまらず、在宅、介護、健康寿命延伸のための予防的医療、あるいは終末期の生き方を含めた、人間の生老病死にかかわる困難や課題を包括した対象を扱います。本研究科の方法は「統合科学」です。課題解決の活動は、4群からなるサイクルで説明することができます。

①自然・社会（現場）に対して、

- ②それを観察解析する学術を行う活動が対応し、
 - ③その知見を応用してもものづくりや新制度考案などアイデア創出を行い、
 - ④その成果であるアイデアを応用して行動する活動が、
- また①自然・社会（現場）を相手にしていく（社会での活用）

本研究科はそのような人材の育成を図るとともに、ヘルスシステムの現場に関係する多くの人や組織と協働して、現場の課題を探り、その解決に資するアイデアを創り出し、活用していくことを目指します。」（大学院ヘルスシステム研究科概要パンフレットより抜粋）

このような教育改革を含め社会的な情勢は様変わりしつつあり、中国四国地域部会もこれに対応すべくバイオインフォマティクス研究会の指向性を模索し、メタアナリシスのような既存データベースの活用やそこから得られるデータを活用して実際の生物学的実験で検証したり応用したりすることで研究の創造を行なっていくような研究会を立ち上げたいと考えています。

日本バイオインフォマティクス学会中国四国地域部会では、日本バイオインフォマティクス学会からのご支援により、今後も地域部会独自行事として、研究会を継続開催していく予定です。バイオインフォマティクス研究者のみならず、新しい研究創造に興味をお持ちの皆様のご参加をお待ちしています。

沖縄地域部会

部会長 池松 真也（沖縄工業高等専門学校生物資源工学科）

2018年後期から2019年前期までのJSBi沖縄地域部会の活動を報告致します。沖縄地域部会では、若年層へのバイオインフォマティクス（BI）の啓蒙とBI技術者認定試験への挑戦をテーマに活動を続けています。

昨年度は啓蒙活動の一環として、2018年10月14日に沖縄高専の大教室を会場として「中学生向けBI体験会」を開催いたしました。当日は、10人を超える中学生とその保護者の方々に参加頂きました。冒頭30分間は、自然科学研究機構基礎生物学研究所ゲノム情報研究室の内山郁夫先生に「BIって何？」という観点でお話して頂きました。ご講演は、愛知県にある内山先生の研究室と沖縄高専をインターネットで繋ぎSkype越しに行って頂きました。次に、琉球大学工学部の宮田龍太先生に「人工知能（AI）って何？何が出来るの？」というタイトルで、AIの基礎とBI研究との関連について講演してもらいました。実習では、中学生たちに2人1組になってもらい、お互いの意見をぶつけ合いながら生物の系統樹を予想してもらいました。その後MEGA（フリーソフトウェア）を使って作成した系統樹と見比べて、見た目が似ていることと遺伝学的な近縁関係は必ずしも一致しないことを確認し、この分野の奥深さを体感してもらいました。アンケートでは、

参加してくれた全中学生が「BIは面白そうだ！」と評価してくれました。

また上記イベントとは別に、沖縄地域部会では週一回（今年度は毎週火曜16時30分～18時）、BI技術者認定試験の対策勉強会を開催しています。例年運営は学生たちを中心に行っており、生物学の分野と複合問題は池松研で担当し、情報技術分野は宮田研の担当としています。これまでは参加者の大半が沖縄高専と琉球大工学部の学生たちでしたが、今年度から琉球大医学部の助教の先生方もメンバーに加わって頂き、より広い視点で議論できる環境が整いました。

さらに今年度、「沖縄県の医療を支えるバイオインフォマティクス育成プログラム」を県に提案したところ、「健康・医療産業における情報技術活用促進事業」として採択されました。向こう3年間かけて、国立遺伝学研究所の有田正規先生や東京工業大学生命理工学院の山田拓司先生たちと一緒に、株式会社リバネスさんのお力を借りながら、県内のバイオ関連企業や高等教育機関を対象にBIの人材育成により一層力を注いで参ります。

どうぞ、引き続き、広範なご支援をいただきますよう、よろしくお願い致します。



質量分析インフォマティクス研究会

担当世話人 守屋 勇樹（ライフサイエンス統合データベースセンター）、吉沢 明康（京都大学大学院薬学研究科）

質量分析インフォマティクス研究会がJSBiの公募研究会として活動を始めてから、今年で4年目になる（2019年6月27日現在、会員35名・メーリングリスト登録66名）。この2年間は毎年、「定番」3イベント（公開ワークショップ・ハッカソン・年大会BoF）に加えて2つの企画、1年間にイベント5回というハードスケジュールであるため、イベントごとに最高責任

者たる“担当世話人”を置いている。

研究会の“顔”である公開ワークショップ（WS）は毎年春に行っており（第1回のみ秋）、今年の第4回WSは3月19日（火）にJST東京本部別館で開催した。会場の都合のため年度末の火曜日開催という悪条件であったが、63名が参加し、例年どおり広い範囲から（メタボローム解析からケモイン

フォーマティクス解析・代謝工学まで、プロテオーム解析からChIP-seq解析まで、またデータの多重検定からRDFデータベースの構築まで)計6件の招待講演をいただいた。また加えて5件の一般講演も行われたが、このうち複数件が“ノーマーク”の分野からの応募であり、“質量分析のインフォマティクス関連分野”を気軽に発表する場という認識が(有り難いことに)徐々に広がっているように思われる。

また、毎回最後に行っている総合討論は“なかなか点火しないが、終盤には盛り上がっていて終了に苦勞する”ことが多かったが、今回は関連学会の会長の先生などが積極的に発言されたこともあり(このWSは“偉い先生がよく参加されている”との下馬評をいただいている)、最初から“トップギア”で討論が進んだ。“盛り上がり”という意味では今までで最高だったかもしれない。

WSでの招待講演はDBCLSの統合TVコンテンツとしてYouTube上で公開している(研究会webからもリンクがある)が、録画されていない講演もあり、また総合討論は録画していない。興味を持っていただいた方には、是非“生”での参加をご検討いただきたい。なお来年度は、春に京都での開催(初の関西開催)を計画している。

ニュースレター前号(第35号)の活動報告でも述べたように、本研究会にはJSBi非会員も加わっており、JSBi予算とは

全く独立にイベントを行うこともある。今年はその一つとして6月22日(土)に、60th International Conference on the Bioscience of Lipids (ICBL)のサテライト・ミーティングを、新学術領域研究(リポクオリティ)／国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJセンターと共同開催した(LipoQuality International Workshop on Lipidomics: Satellite event of the 60th ICBL: Co-organized by DDBJ and MS-BIO.info)。こちらの会合についても、担当世話人の津川裕司氏(理研CSRS・IMS、JSBi非会員)のコメントを紹介しておきたい:

「2019年6月22日に開かれた国際ワークショップですが、世界中の脂質研究者が集まり、特に質量分析を用いたリポミクス研究に焦点を当てた活発な議論が取り交わされました。シンガポール国際大学のリポミクスセンター(SLING)は、今後も世界的なワークショップを開催していく予定ということですが、日本の質量分析インフォマティクスのアクティビティは高く評価されており、今後はより一層、本研究会のアクティビティも含めて世界中に発信していければと強く思います。」

(第4回WS) <http://ms-bio.info/2019ws.html>

(ICBLサテライト) <http://ms-bio.info/2019icbl.html>

(研究会web) <http://ms-bio.info/>



WS開会挨拶



ICBLサテライトにはシンガポール国際大と日本の脂質研究者が集結した



WS総合討論



ICBLサテライト・ミーティング

幹細胞情報学研究イニシアチブ研究会

藤瀨 航（京都大学iPS細胞研究所）、中井 謙太（東京大学医科学研究所）

2019年5月10日（金）、東京大学医科学研究所講堂にて、第一回の表記研究会を開催した。参加者は、世話人5名を除いて、申し込みが98名、当日の参加は79名であり、なかなかの盛況であった。研究会の趣旨としては、ここ数年の単一細胞トランスクリプトーム解析技術などの発展により、幹細胞の分化過程に関する知見が急速に集まりつつあり、世界的にもHuman Cell Atlasをはじめとする国際的大型研究が始まっている現況に鑑みて、我が国でも積極的にその方向でウェット・ドライの融合研究を進めていこうと考える人々の交流の場にしたと考えている。JSBiからご支援をいただく研究会として、発起人はドライ研究者が多く、関連するバイオバンクの整備や解析技術開発に取り組んでいる。当日はこの5名の発起人がそれぞれの立場から発表を行った。具体的には、まず藤瀨航（京都大学iPS細胞研究所）が設立趣旨説明と国際幹細胞バンクの情勢の解説を行い、続いて、中井謙太（東

京大学医科学研究所）が「幹細胞情報学におけるウェットとドライの融合」と題して、最近のscRNA-seq関連技術の発展や、Hi-Cなどのクロマチン構造変化と転写制御の関連などについて解説した。さらに、中村幸夫（理化学研究所バイオリソース研究センター）が「理研BRCにおける疾患特異的iPS細胞バンク事業」を紹介し、萩島創一（東北大学 東北メディカル・メガバンク機構）が、「国内外のバイオバンク事業の状況」を非常にホットな内容まで含めて紹介した。最後に、阿久津達也（京都大学化学研究所）が「細胞種情報解析における数理モデル概説」を行い、自身の研究の関連研究の一端を紹介した。総じて、海外の研究の進展ぶりに圧倒されがちではあったが、研究会設立を機に私達も協力して頑張っていこうという雰囲気で盛り上がった。秋には第二回の研究会を開催して、さらに議論を深めていきたいと考えている。

（文責：中井謙太）



リレー紹介：日本のバイオインフォマティクス研究室

京都大学化学研究所附属バイオインフォマティクスセンター 化学生命科学研究領域（緒方研究室）

遠藤 寿（京都大学化学研究所附属バイオインフォマティクスセンター 助教）

緒方研究室は京都府宇治市、京都大学宇治キャンパス内にあります。化学研究所附属バイオインフォマティクスセンターでは、化学生命科学研究領域（本研究室）、数理生物情報研究領域（阿久津研）、生命知工学研究領域（馬見塚研）、およびKEGGデータベース開発グループ（金久ラボラトリーズ）の4研究室がバイオインフォマティクスに関連した研究・教育を推進しています。緒方研究室では主に、ウイルスゲノム解析や微生物生態学に着目し、あらゆる環境から得られたDNA・RNAデータの解析を行っています。また、先代の遺

産である「ゲノムネット」の維持管理や、関連するバイオインフォマティクスツールの開発も進めています。

研究スタッフは、教員が3名（教授1名、助教2名）、研究員が1名です。さらに、化学研究所スーパーコンピュータシステムを管理するシステムエンジニア4名による強力なサポート体制が整っています。学生は大学院生8名、学部生2名、研究生2名が在籍しており、短期留学生も毎年数名ですが受け入れています。本研究室は協力講座として理学研究科と薬学研究科から学生を受け入れており、研究テーマも所属する大

学院によって異なります。研究室では、広いフロア1室に助教、研究員、および学生が配員されており、いつでもディスカッションが可能な環境となっています。昼食も、毎日学生と教員と一緒に生協食堂でとります。教員と学生の距離の近さは本研究室の魅力の一つだと思います。

研究に使うプログラミング言語はPythonが主流ですが、学生・教員の多国籍化が進んだため、ラボ内の自然言語は英語、日本語、中国語と統一感がありません。一応、毎週の報告会やセミナーは英語で行っています。学生は生粋のプログラミング大好き人間もいれば、配属前はウェットしか経験のなかった学生もいます。特に近年は、生態学分野におけるバイオインフォマティクスの普及によって、多くのウェット出身者がバイオインフォマティクス技術の習得を志すようになりました。ウイルスゲノムのみならず、様々な生物を対象にしてきた人材が、国籍を問わず本研究室に興味を持ってくれる機会が増えています。かく言う私も、もともとはフィールド観測とウェットラボワークを主軸に研究を進めてきた人間の一人です。多様なスキル・バックグラウンドを持つスタッフが居ることで、学生の興味やアイデアを可能な限り実現できるよう努めています。

本研究室の特色の一つは、ゲノムネットを通じて様々な解析プラットフォームを世界に発信していることです。ゲノムネットは、先代の金久實教授が現在も精力的に開発しているKEGGデータベースを核とし、その発展と共に世界有数のバイオ情報解析サービスとなっています。情報・システム研究機構の五斗進教授や他の研究者とも密接に連携し、ゲノムネットのさらなる拡充に努めています。近年では、ウイルスゲノムの類似性をもとにプロテオミックスを構築するViPTreeサーバーや、既知のウイルスと宿主の関係を集約し

たウイルス-宿主データベース、隠れマルコフモデルによって遺伝子機能予測をおこなうKofamKOALAといったツールを開発し、ゲノムネットを通じて公開しました。

2つ目の特徴は、国際的な海洋観測プロジェクトであるTara Oceansへ参加していることです。これは緒方教授がフランスのCNRS（フランス国立科学研究センター）に在籍されていた頃から続いており、膨大な数の関連論文を発表するなど近年で最も成功している海洋調査プロジェクトの一つに挙げられます。本研究室では、学生のうちからTara Oceansの最新のオミックスデータや関連パラメータを扱うことができ、国外の著名な研究者との交流も盛んです。他にも、疾患と腸内細菌叢との関係解析、植物プランクトンや巨大ウイルスのゲノム解析といったプロジェクトを外部機関との共同研究として推進しており、対象とする環境区分や生物群が非常に幅広いのも本研究室の特徴です。

最後にもう一つ、私が本研究室に赴任してから、ウェットラボと観測機材の整備を進めています。環境ゲノミクスを推進する上でサンプリングと分子生物実験は避けることができず、そのすべてを共同研究者に頼るわけにもいきません。そこで、基礎的な操作を緒方研究室で自立して行える環境を作ろうというのが目的です。まだまだ観測人材を育成できる環境ではありませんが、もし独立して観測できる方が加入した場合を想定し、基本的な機材を揃えています。特に、水圏生態系においては、沿岸域から外洋域、場合によっては極域においてもフィールド観測を遂行できる体制を整備しています。

他にも、年一回の遠足や納涼会、スポーツ大会などの学内行事にも積極的に参加しています。本研究室に興味をお持ちの方がおりましたら、ご連絡をお待ちしています。



写真1：研究室の集合写真



写真2：新設したウェットラボ

学会からのお知らせ

2019年日本バイオインフォマティクス学会年会・第8回生命医薬情報学連合大会

生命医薬情報学連合大会の2019年大会を2019年9月9日から11日まで、東京都目黒区の東京工業大学大岡山キャンパスにて開催いたします。

本大会は2012年から生命医薬情報学連合大会として開催されてきました。第8回目となる今回も昨年に引き続き日本バイオインフォマティクス学会と日本オミックス医学会（旧日本オミックス医療学会）の2学会合同大会として開催いたします。さらに日本バイオインフォマティクス学会としては、20周年の大きな節目でもあります。本年は、東京工業大学大岡山キャンパスにて開催します。

情報解析を駆使する生物学の分野にバイオインフォマティクスという名が与えられてから約20年、その裾野は広大であり、現在では基礎生命科学のみならず医学・薬学、進化学、情報科学、農学など様々な領域へと及んでいます。バイオインフォマティクスが扱う研究内容は多種多様で、分野を代表するキーワードも時代ともに変遷してきました。配列解析、構造解析、ネットワーク、機械学習、ビッグデータ、AIなど、今後も別の分野と融合してますますとひろがっていくことが予想されます。中でも機械学習やAIに関する分野は、学術だけでなく産業面においても非常に重要であり、その研究速度は著しいものがあります。バイオインフォマティクスに限らず重要性が高まり広がる学術分野は細分化されそれぞれが独自の分野へと発展していきます。細分化された各分野はさらに価値のあるものへと発展していきますが、一方でその発展の速さは分野間の情報共有を難しくしてしまいます。発展している分野全体をまたぐ情報共有を積極的に促進することにより、その分野はさらに価値のあるものへと昇華し、そこでの知識共有がさらなるイノベーションへとつながります。現在ではデータ解析に用いた独自のプログラムや解析パイプラインをGitHubなどのオンラインレポジトリによって共有することが一般的になっています。しかしながら、バイオインフォマティクスが融合させている多くの分野間において、知識共有はオンラインレポジトリだけでは十分ではありません。学会はこのようなオンラインで共有することが難しい情報を共有する場としても存在しています。

領域間の情報共有という意味において示される領域は学術分野だけではなく、企業体、医療機関、政府機関、そして一般国民も含んでいます。その中でも情報共有が比較的うまくいき、バイオインフォマティクスが広くそして重要なツールとして活躍している一つの分野が医学・薬学分野です。がん治療の際に行われるゲノム医療は昨年度に先進医療に認定され、臨床現場においてさえ、その重要性が高まっています。今後ゲノム医療においては、実際のゲノムデータ解析によってどのような解釈ができるのか、臨床データと紐付けられた遺伝子配列情報からどのような解釈が可能なのか、など臨床現場との連携が進んでいくことで、バイオインフォマティクスはその価値をより高めていきます。

成功例である医学・薬学分野だけでなく、今後はさらに多くの分野でバイオインフォマティクスがサイエンスの枠を超えて利用されていくことが予想されます。どこまで広がる可能性があるかについて、異なる分野にいる全ての人々が互いに情報を共有し、その価値観を議論することが次の20年のサイエンスの礎になります。

本大会において、異なる価値観が十分に融合すること期待しております。バイオインフォマティクスに関心をもつ多くの方々にぜひご参加ならびにご支援をお願いできれば幸いです。

大会長 山田 拓司
(東京工業大学生命理工学院)

開催概要

<https://iibmp2019.tokyo/>

開催日：2019年9月9日（月）～11日（水）

開催場所：東京工業大学 大岡山キャンパス
(東京都目黒区大岡山2-12-1)

テーマ：社会と融合する学問：生命医薬情報学

主催：日本バイオインフォマティクス学会（JSBi）
日本オミックス医学会

後援：メディカルAI学会
情報計算化学生物学会（CBI学会）

協賛：東京工業大学

岩崎渉会員・大上雅史会員が平成31年度科学技術分野の文部科学大臣表彰 若手科学者賞を受賞

◆平成31年度科学技術分野の文部科学大臣表彰 若手科学者賞

岩崎 渉 氏「生物学と情報学の複合的アプローチによるゲノム進化研究」

大上雅史 氏「生体内のタンパク質等の相互作用の網羅的な予測研究」

文部科学大臣表彰は、科学技術に関する研究開発、理解増進等において顕著な成果を収めた者について、その功績を讃えることにより、科学技術に携わる者の意欲の向上を図り、我が国の科学技術水準の向上に寄与することを目的として行われているものです。中でも「若手科学者賞」は萌芽的な研究、独創的視点に立った研究等、高度な研究開発能力を示す顕著な研究業績をあげた40歳未満の若手研究者個人を対象としています。

詳細は、文部科学省のウェブサイトをご確認下さい。

平成31年度科学技術分野の文部科学大臣表彰受賞者等の決定について

http://www.mext.go.jp/b_menu/houdou/31/04/1415044.htm



学会議事録等

2019年度通常総会議事録

1. 日 時 2019年3月29日（金）16：30～17：00

2. 場 所 東京都文京区弥生2-11-16
東京大学理学部3号館412号室

3. 正会員総数 405名
出席した会員数 193名
内訳 本人出席 31名
委任状出席 154名
書面による議決権行使 8名

4. 議事録署名人選任の経過

定款第26条により議長を木下理事長が務めることとなった。議長が定足数を確認し、議長が清水厚志会員ならびに白井剛会員を議事録署名人に指名したところ、満場異議なくこれを承認した。

5. 議事の経過の概要及び議決の結果

第一号議案 2015年度・2016年度収支決算の修正

議長は、これを議事に諮ったところ、満場一致を持って異議なく可決決定した。

第二号議案 2017年度収支決算の修正

議長は、これを議事に諮ったところ、満場一致を持って異議なく可決決定した。

第三号議案 2018年度事業報告および収支決算の承認

議長は、これを議事に諮ったところ、満場一致を持って異議なく可決決定した。

第四号議案 2019年度事業計画および収支予算の承認

議長は、これを議事に諮ったところ、満場一致を持って異議なく可決決定した。

第五号議案 役員の選任

議長は総会に先立って本日13時より行われた、2019年3月31日付での任期満了に伴う会長指名選挙の報告を行った。当法人の定款第14条および細則第3条に基づき、理事13名（木下賢吾、岩崎渉、粕川雄也、川島武士、倉田博之、小寺正明、藤渕航、元池育子、遠藤俊徳、大林武、清水厚志、清水謙多郎、宮本真理）、および新理事候補者7名（荻島創一、尾崎遼、五斗進、白井剛、竹本和広、田村武幸、山西芳裕）による会長選挙の投票の結果、岩崎渉が過半数を獲得し会長に指名された。また、細則第4条に基づき、副会長に五斗進が指名された。両者を選任することを議場に諮ったところ満場一致をもって選任され、被選任者はその就任（就任日 2019年4月1日）を承諾した。

また、議長は、理事10名が2019年3月31日に任期満了とな

るため、その改選について議場に諮ったところ、当法人の細則第2条に定める選挙（2019年2月6日～2月24日実施）により選出された新理事候補者10名が、満場一致で選任され、被選任者は、いずれもその就任（就任日 2019年4月1日）を承諾した。改選される理事指名は下表にまとめた。

2019年3月31日に 任期満了となる理事11名		2019年4月1日に 就任する理事10名	
柏川 雄也	小寺 正明	荻島 創一	竹本 和広
門田 幸二	藤淵 航	尾崎 遼	田村 武幸
川島 武士	元池 育子	木下 賢吾	元池 育子
川本 祥子	山口 敦子	五斗 進	藤淵 航
倉田 博之	山田 拓司	白井 剛	山西 芳裕
木下 賢吾			

また、議長は、監事清水佳奈、山田和範が2019年3月31日で任期満了につきその改選方を議場に諮ったところ満場一致をもって、山田和範、渋谷哲朗が監事に選任され、被選任者はいずれもその就任（就任日 2019年4月1日）を承諾した。

以上により議事が終了し、議長は17時閉会を宣言した。

上記の議決を明確にするために、議長および議事録署名人において次に記名押印する。

2019年3月29日

特定非営利活動法人日本バイオインフォマティクス学会

理事長 木下 賢吾 印

議事録署名人 清水 厚志 印

議事録署名人 白井 剛 印

第20回理事会議事録

日 時

2019年3月29日（金）13：30-16：30

場 所

東京大学理学部3号館412号室
（東京都文京区弥生2-11-16）

出席者

木下理事長、岩崎副理事長・幹事、遠藤理事、宮本理事、元池理事、山田（拓）理事・幹事、小寺理事・幹事、清水（謙）理事・幹事、清水（厚）理事、川島理事、倉田理事・地域部会長、大林理事・幹事、長野理事、藤淵理事、柏川理事、有田理事・幹事

（表決書提出）山口理事、松田理事・幹事、川本理事、門田理事

以上 20名出席扱い

オブザーバ

五斗幹事・新理事、荻島幹事・新理事、山西幹事・新理事、山田（和）監事、竹本幹事・新理事、白井幹事・新理事、八谷幹事、齋藤幹事、尾崎新理事、田村新理事、池松地域部会長、事務局牛山

議 長

木下理事長（定款35条による）

配布資料

別紙s1（第一号議案 2015年度・2016年度収支決算の修正 関係資料）

別紙s1-1. 2015年度（H27）活動計算書の修正

別紙s1-2. 2016年度（H28）活動計算書の修正

別紙s1-3. 消費税計算（参考資料）

別紙s1-4. JSBi会計における留意事項（参考資料）

別紙s2（第二号議案 2017年度収支決算の修正 関係資料）

別紙s2-1. 資料なし（修正なしのため）

別紙s2-2. 2017年度財産目録の修正

別紙s2-3. 2017年度貸借対照表の修正

別紙s2-4. 2017年度活動計算書の修正

別紙s2-5. 2017年度計算書類の注記の修正

別紙s3（第三号議案 2018年度事業報告および収支決算の承認 関係資料）

別紙s3-1. 2018年度事業報告書

別紙s3-2. 2018年度財産目録

別紙s3-3. 2018年度貸借対照表

別紙s3-4. 2018年度活動計算書

別紙s3-5. 2018年度計算書類の注記

別紙s3-6. 2018年度収支計算書（参考資料）

別紙s3-7. 会計の説明（参考資料）

別紙s4（第四号議案 2019年度事業計画および収支予算の承認 関係資料）

別紙s4-1. 2019年度事業計画案

別紙s4-2. 2019年度予算案

別紙s4-3. 2019年度予算参考資料（参考資料）

別紙s5（第五号議案 幹事の役割終了と幹事新設の承認 関係資料）

別紙s5-2. 幹事新設（案）（個別化医療推進）

別紙h1（庶務報告（事務局） 関連資料）

別紙h1-1. 別紙h1-2. 庶務報告（事務局）

別紙h2（各幹事からの報告 関連資料）

別紙h2-2. JSBiの正会員・学生会員・賛助会員の特典の明確化について・

別紙h2-3-1. h2-3-2. h2-3-3. 年会（荒川幹事、五斗幹事・新理事）

別紙h2-5. 広報（八谷幹事・齋藤幹事）

別紙h2-7. 認定試験（白井幹事・新理事）

別紙h2-8-1. h2-8-2. 候補者推薦書の様式変更について

別紙h2-16. ゲノム・個人情報保護（荻島幹事・新理事）

別紙h2-17. バイオインフォマティクススキル標準について

別紙h3 (事務局で洗い出した検討事項等)

別紙h4 (研究会開催報告 関連資料)

別紙h4-1. 2018/10/4 (木) 開催: 第21回創薬インフォマティクス研究会 (市原会員)

別紙h4-2. 2018/10/5 (金)-7 (日) 開催: 生命科学系フロンティアミーティング2018 (尾崎新理事)

別紙h4-3. 2018/10/14 (日) 開催: 中学生のためのバイオインフォマティクス体験会 (池松地域部会長)

別紙h4-4. 2018/10/17 (水) 開催: 第25回バイオメディカル研究会 (中川地域部会長)

別紙h4-5. 2018/11/12 (月) 開催: メタボロミクスソフトウェア講習会 (山本会員)

別紙h4-6. 2018/12/17 (月)、21 (金) 開催: JSBi九州地域部会セミナー (西郷会員・倉田理事・地域部会長)

別紙h4-7. 2018/12/21 (金) 開催: 第2回 D2Kサイエンティスト緊急養成研究集会 (中井会員・生島会員)

別紙h4-8. 2019/2/19 (火) 開催: 第3回 D2Kサイエンティスト養成研究集会 (中井会員・生島会員)

木下理事長より第20回理事会開催にあたって挨拶があり、議事録署名人として清水厚志理事、白井剛幹事・新理事が指名され、満場一致で承認された。

議 案

〈審議事項〉

第一号議案 2015年度・2016年度収支決算の修正

大林理事・幹事より別紙s1-1.~別紙s1-4.を基に2015年度・2016年度収支決算の修正について報告が行われた。慎重な審議の結果、2015年度・2016年度収支決算の修正案は全会一致で承認された。

第二号議案 2017年度収支決算の修正

大林理事・幹事より別紙s2-2.~別紙s2-5.を基に2017年度収支決算の修正について報告が行われた。慎重な審議の結果、2017年度収支決算の修正案は全会一致で承認された。

第三号議案 2018年度事業報告および収支決算の承認

大林理事・幹事より別紙s3-1.~別紙s3-7.を基に2018年度事業報告および収支決算について報告が行われた。慎重な審議の結果、2018年度事業報告および収支決算は全会一致で承認された。

第四号議案 2019年度事業計画および収支予算の承認

大林理事・幹事より別紙s4-1.~別紙s4-3.を基に2019年度事業計画および収支予算について報告が行われた。慎重な審議の結果、2019年度事業計画および収支予算案は全会一致で承認された。

第五号議案 幹事の役割終了と幹事新設の承認

萩島幹事・新理事より、ゲノム・個人情報保護の活動について別紙h2-16.を基に報告が行われ、さらに同幹事の役割を終了したい旨について報告があった。慎重な審議の結果、

全会一致で承認された。

また、岩崎幹事より、事務局移設幹事の役割を終了したい旨について報告があった。慎重な審議の結果、全会一致で承認された。

加えて、木下理事長より、個別化医療推進幹事の新設について別紙s5-2.を基に説明が行われた。慎重な審議の結果、全会一致で承認された。

第六号議案 2019年度幹事の承認

2019年度の幹事について木下理事長から以下の提案があり、全会一致で承認された。

(敬称略)

会長補佐: 五斗進・白井剛・浅井潔・有田正規・清水謙多郎・大林武・木下賢吾

活性化: 山西芳裕

年 会: 五斗進・山田拓司

次年度年会: 山西芳裕

広 報: 八谷剛史・齋藤裕

ニュースレター: 小寺正明

認定試験: 白井剛

若 手: 竹本和広

連 携: 萩島創一

渉 外: 松田秀雄

研究会: 八谷剛史・有田正規

男女共同参画: 油谷幸代

ISCB: 岩崎渉

Genome Informatics: 佐藤賢二

会 計: 大林武

人材育成: 有田正規・白井剛

個別化医療推進: 木下賢吾

第七号議案 北海道地域部会の廃止の承認

伊藤公人北海道地域部会長より、北海道地域部会の廃止の提案があったが、否認された。

第八号議案 地域部会運営規程の改定 (第6条)

岩崎副理事長・幹事より、地域部会運営規程の改定について、以下の提案があり、全会一致で承認された。

(変更前)

地域部会運営規程の改正 (第6条)

第6条 地域部会長の任期は1年とする。ただし、重任を妨げないが、引続き3期を越えて重任するときは理事会の承認を受けなければならない。

(変更案)

第6条 地域部会長の任期は1年とする。ただし、重任を妨げない。

第九号議案 2019年度地域部会長の承認

2019年度の地域部会長について木下理事長から以下の提案があり、全会一致で承認された。

(敬称略)

遠藤 俊徳 (北海道大学大学院情報科学研究科)
北海道地域部会

木下 賢吾 (東北大学大学院情報科学研究科)
東北地域部会

中川 博之 (住友化学株式会社) 関西地域部会

妹尾 昌治 (岡山大学大学院自然科学研究科)
中国・四国地域部会

倉田 博之 (九州工業大学大学院情報工学研究院)
九州地域部会

池松 真也 (沖縄工業高等専門学校生物資源工学科)
沖縄地域部会

第十号議案 Oxford Journals - Japanese Society for Bioinformatics Prize 選考規定の改定 (第11条)

竹本幹事より、Oxford Journals - Japanese Society for Bioinformatics Prize 選考規定の改定について、以下の提案があり、全会一致で承認された。

(変更前)

第9条の賞金および Bioinformatics 誌無料購読の特典は Oxford University Pressからの寄付金及び無償で提供されるサービスにより運営する。

(変更後)

第9条の賞金および Bioinformatics 誌無料購読の特典は Oxford University Pressからの寄付金及び無償で提供されるサービスに基づきこの法人が運営する。

第十一号議案 年会開催計画の承認

11-1. 2019年年会開催計画

2019年年会長の山田(拓)理事・幹事より、別紙s11-1に基づき、年会開催計画について報告があり、その内容が承認された。

11-2. 2020年年会長の委嘱 (山西幹事・新理事、九工大)

2020年度に開催される年会の年会長として、山西幹事・新理事が就任することが承認された。

(報告事項)

1. 庶務報告 (事務局)

岩崎副理事長・幹事より、別紙h1-1.を基に事務局報告が行われた。

別紙h1-2.を基に事務局の年間スケジュールの報告が行われ、年間スケジュールが概ね明文化できたことが報告された。

2. 各幹事からの報告

2-1. 会長補佐 (五斗幹事・新理事、白井幹事・新理事、浅井理事・幹事、有田理事・幹事、清水(謙)理事・幹事、大林理事・幹事)

特に報告事項は無かった。

2-2. 活性化 (山西幹事・新理事)

山西幹事・新理事より、別紙h2-2.を基にJSBiの正会員・学生会員・賛助会員の特典の明確化・ホームページへの掲載について報告が行われた。キャリアセッションにつ

いて、山田(拓)理事・幹事へ開催依頼を行うとともに、賛助会員に限らず協力企業を募集することが提案され、全会一致で承認された。また、山田(拓)理事・幹事より、賛助会員に対して口数に応じて年会への無料参加枠を提供することが提案された。

2-3. 年会 (荒川幹事、五斗幹事・新理事)

五斗幹事・新理事より、別紙h2-3-1.を基に2020年、2021年の年会長について報告が行われ、2020年は山西幹事・新理事の内諾を得たこと、2021年は浜田会員(早稲田大学)の内諾を得たことが報告された。また、2020年年会の会場は北九州国際会議場(北九州市小倉北区)、開催期間は2020年9月1日~3日で検討中であることが報告された。

また、五斗幹事・新理事より、別紙h2-3-2、h2-3-3.を基に2018年年会の開催報告が行われた。通帳の引き継ぎの問題があったこと以外は、素晴らしい年会であったことが報告された。

2-4. 次年度年会 (山田(拓)理事・幹事)

審議事項に加えての報告事項は無かった。

2-5. 広報 (八谷幹事・齋藤幹事)

八谷幹事より、別紙h2-5.を基にWebページのアクセス解析に関する報告が行われ、特に認定試験ページのアクセス数が多いことが報告された。また、ホームページへ掲載するコンテンツの1つとして、バイオインフォマティクス分野の研究室紹介等を掲載したらどうかと提案があった。他にも山田(拓)理事・幹事や、木下理事長が発言を行い、今後、MLにて議論を続けることとなった。

2-6. ニュースレター (小寺理事・幹事)

小寺理事・幹事より、第35回ニュースレターの発行が遅れていることについて報告があった。

また、岩崎副理事長・幹事から本年は20周年のため、ニュースレターで20周年の特集を組んではどうかという提案が行われた。

2-7. 認定試験 (白井幹事・新理事)

白井幹事・新理事より、別紙h2-7.を基に2018年度バイオインフォマティクス技術者認定試験の収支および実施報告が行われた。

また、読売新聞に、最年少合格記録が更新したことについて記事が掲載されたことが報告された。さらに国家資格化・オンライン化等に関する提案があり、引き続き、審議を続けることとなった。

2-8. 若手 (竹本幹事・新理事)

竹本幹事・新理事より、別紙h2-8-1、h2-8-2.に基づき、候補者推薦書の様式変更についての報告が行われた。

2-9. 連携 (荻島幹事・新理事)

特に報告事項は無かった。

2-10. 渉外 (松田理事・幹事)

- 欠席のため報告は行われなかった。
- 2-11. 研究会（有田理事・幹事）
八谷幹事より公募研究会に関する報告が行われ議論が行われた。公募研究会は学会にとって重要な活動であるが、予算規模も大きいため、改善が必要であることが確認された。引き続き審議していくこととなった。
- 2-12. 男女共同参画（油谷幹事）
欠席のため報告は行われなかった。
- 2-13. ISCB(岩崎副理事長・幹事)
特に報告事項は無かった。
- 2-14. Genome Informatics(佐藤幹事)
欠席のため報告は行われなかった。岩崎副理事長・幹事より、Genome Informaticsについて検討を行なっていく旨が述べられた。
- 2-15. 会計（大林理事・幹事）
審議事項に加えての報告事項は無かった。
- 2-16. ゲノム・個人情報保護（荻島幹事・新理事）
審議事項に加えての報告事項は無かった。
- 2-17. 人材育成（有田理事・幹事、白井幹事・新理事）
白井幹事・新理事より、有田理事・幹事の代理で、別紙h2-17.を基にバイオインフォマティクススキル標準につ

- いての報告が行われた。対象レベルや内容に関して、ワーキンググループ（WG）を作って議論を行なっていくことが合意された。
 - 2-18. 事務局移設（岩崎副理事長・幹事）
審議事項に加えての報告事項は無かった。
 - 3. 事務局で洗い出した検討事項等
岩崎副理事長・幹事より、別紙h3.を基に事務局で洗い出した学会運営に関する検討事項についての報告が行われた。
 - 4. 研究会開催報告
昨年開催された研究会について、別紙h4-1.～別紙h4-8.を基に開催報告書の確認が行われた。特に、尾崎新理事と、池松地域部会長、倉田理事・地域部会長が直接報告を行った。
- 以上
- 以上により議事が終了し、議長は16時30分閉会を宣言した。上記の議決を明確にするために、議長および議事録署名人において次に記名押印する。
- 2019年3月29日
特定非営利活動法人日本バイオインフォマティクス学会
- 理 事 長 木 下 賢 吾 印
議事録署名人 清 水 厚 志 印
議事録署名人 白 井 剛 印

学会の現況

有効会員数(2019年7月現在) 正会員:416名 学生会員:68名 賛助会員:15社 名誉会員:3名

特定非営利活動法人 日本バイオインフォマティクス学会 2019年度役員一覧

会 長	岩崎 渉 (東京大学大学院理学系研究科)	
副 会 長	五斗 進 (情報・システム研究機構データサイエンス共同利用基盤施設ライフサイエンス統合データベースセンター)	
地域部会長	遠藤 俊徳 (北海道大学大学院情報科学研究科)	木下 賢吾 (東北大学大学院情報科学研究科)
	中川 博之 (住友化学株式会社)	妹尾 昌治 (岡山大学大学院自然科学研究科)
	倉田 博之 (九州工業大学大学院情報工学研究院)	池松 真也 (沖縄工業高等専門学校生物資源工学科)
理 事	浅井 潔 (東京大学大学院新領域創成科学研究科)	有田 正規 (国立遺伝学研究所)
	岩崎 渉 (東京大学大学院理学系研究科)	遠藤 俊徳 (北海道大学大学院情報科学研究科)
	大林 武 (東北大学情報科学研究科)	清水 厚志 (岩手医科大学いわて東北メディカル・メガバンク機構)
	清水謙多郎 (東京大学大学院農学生命科学研究科)	長野 希美 (産業技術総合研究所人工知能研究センター)
	松田 秀雄 (大阪大学大学院情報科学研究科)	宮本 真理 (Oxford Nanopore Technologies 社)
	荻島 創一 (東北大学東北メディカル・メガバンク機構)	尾崎 遼 (筑波大学医学医療系生命医科学域)
	木下 賢吾 (東北大学大学院情報科学研究科)	五斗 進 (情報・システム研究機構データサイエンス共同利用基盤施設ライフサイエンス統合データベースセンター)
	白井 剛 (長浜バイオ大学コンピュータサイエンス学科)	竹本 和広 (九州工業大学大学院情報工学研究院)
	田村 武幸 (京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター)	元池 育子 (東北大学東北メディカルメガバンク機構)
	藤渕 航 (京都大学IPS細胞研究所)	山西 芳裕 (九州工業大学大学院情報工学研究院)
監 事	山田 和範 (東北大学大学院情報科学研究科)	渋谷 哲朗 (東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター)

賛助会員一覧(2019年7月現在)

- 株式会社日立製作所
- 株式会社富士通九州システムズ
- 田辺三菱製薬株式会社
- エーザイ株式会社
- 中外製薬株式会社
- 一般社団法人バイオ産業情報化コンソーシアム
- 有限会社パスウェイソリューションズ
- 株式会社クリムゾン インタラクティブ・ジャパン
- 日本SGI株式会社
- 塩野義製薬株式会社
- 三井情報株式会社
- タカラバイオ株式会社
- 国立研究開発法人科学技術振興機構
- 株式会社ナベ インターナショナル
- 公益財団法人沖縄科学技術振興センター

学術論文の英文校正サービスなら、 論文添削に特化した エナゴへ

専門家2名による**英文校正を、**
1単語4.5円からご提供します。



ポイントの有効期限は永久不滅!
次回以降の割引としてご利用可能。



www.enago.jp



03-5050-5374

タカラバイオ株式会社

ライフサイエンス研究支援の
バイオインフォマティクス技術者募集!

タカラバイオでは情報解析技術者の採用を
随時行っております。
次世代シーケンサーやマイクロアレイ等
による遺伝子解析試験や技術開発、遺伝子検
査が主な業務です。

詳しくは、以下ホームページをご確
認ください。

<http://www.takara-bio.co.jp/kaisha/boshu.htm>



JSBi

編 集 後 記

日本バイオインフォマティクス学会（JSBi）も20周年の節目を迎え、岩崎先生を新たに会長としてお迎えしました。

今号の特集はJSBiの歴代会長・理事長の先生方にバイオインフォマティクスの未来像を語っていただくという、難しいお願いをしました。

未来のことは誰にも分かりませんが、バイオインフォマティクスという学術分野に携わる皆様のご活躍によって、20年後の未来にはより広い生命現象の理解と応用につながり、より良い社会を構築できることを祈願いたします。 (小寺正明)

JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS
