

C O N T E N T S

巻頭言.....1	地域部会・公募研究会活動報告.....19
特集「バイオインフォマティクスと技術開発コミュニティ」...2	リレー紹介：日本のバイオインフォマティクス研究室...23
Oxford Journals-JSBI Prize受賞報告.....12	学会からのお知らせ.....25
日本バイオインフォマティクス学会賞受賞報告.....13	学会議事録等.....25
年会開催報告.....14	学会の現況.....28
国際会議参加報告.....15	編集後記.....30

巻 頭 言

身近にあるデータを愛でる

新型コロナウイルス感染症の広がりにともない、ここ1年ほど、社会全体で生活スタイルが変わってきている部分があります。対人接触自体が危険因子となり得る状況下で、打ち合わせや学会などがオンラインで開催される機会も増え、結果的に体を物理的に動かす機会が減っている方もかなり多いのではないかと思います。

さて、本学会会員のみなさまは、日頃、各種実験データや公開されたDBのデータに触っていらっしゃるのかと思います。どのようなデータを対象に、どのような解析手法を用いてどのような関係性を見出すか、あるいは見たいことを見るための新しい解析手法を見出すか、が研究のミソだと思いますが、せっかく“バイオ”インフォマティクスに携わっているのですから、それらの本論とは別に、一番身近なバイオ対象である、自分自身に関するデータに触ってみるのも趣味（と実益）として面白いかもしれません。

ひと昔前に比べてウェアラブルデバイスが格段に普及し、例えば腕時計型のデバイスで、日常的に活動量や歩数、脈拍、睡眠、はては今年の後半には血糖値まで計測できるなどとされる時代になってきています。また、体重計ひとつで、体脂

肪率や骨密度などまで測れてしまう上にスマートフォンに転送できたりもします。そしてコロナ禍の最近では、例えば血中酸素飽和度を測るパルスオキシメータといったある種医療機器についても、需要に応じた商品展開もあり、自治体が自宅療養患者に配布を始めるなど、個人に付帯する各種バイタルデータを、個々人自身によって取得することが可能な状況になりつつあります。



バイオインフォマティクスを、生命現象を情報科学の立場から捉える学問である、と考えると、上記に述べたような、個人のライフ・スタイルについて、種々のデバイス経由で得られる各種「データ」は充分、研究の対象たり得るでしょうし、それをたとえば一定期間継続してデータ取得し、経時変化や環境要因等を合わせて関連解析して愛でることもまた一興です。すると、例えばデバイスで取得されるデータの精度・信頼性や、各メーカーの叩き出すおそらく企業独自のアルゴリズム等によるデータの差異、果ては複数デバイスの出力デー

タの標準化、なども気になってきたり、さらに趣味が高じると個人データ計測沼、というものでてくるかもしれません。普段病院で検査した際に、各種検査の生データをください、と申し出ると、なかなか良い顔をされなかったりすることも多い世の中ですが、それらのデータは誰のモノ？などと考えると、自分で取得したデータはある意味心置きなく使えるデータだったりもするわけです。

など書いていると、とあるSF作品に出てきたような、知性を持った体重計を手なづける方法、という小ネタが思い出され、デバイスのその方面の進化にも期待をもちつつ、か

くいう私も経時変化の定量化のため、家族と人体実験、もとい各種バイタルデータの収集に勤しんでおります。体重どころではなく各種生体特徴量が定量化されBluetoothでスマホに転送され、可視化・共有までされてしまう、ある意味SFを超えた現状では、データとそれに触れるひとたちの「お作法」こそが、求められているのかもしれません。そして、つい解析したくなるみなさま、得られたデータと解析結果を見て、よしもう少しだけ体を動かそう、などといったフィードバックもまた良し、ではないでしょうか。

元池 育子

(東北大学 東北メディカル・メガバンク機構 ゲノム解析部門)

特集「バイオインフォマティクスと技術開発コミュニティ」

オンライン国際ハッカソンを成功させるために必要な10のこと、あるいはCOVID19 Virtual BioHackathonはどのようにして成立したのか

大田 達郎 (ライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS))

ハッカソンのオンライン化

COVID19の感染拡大により、2020年は多くの人が行動の変化を強制された年であった。集会の開催が困難になったことで、研究会やセミナーが全面的にオンライン化したことは、アカデミアにとって特に大きな変化であったと思う。

筆者が所属するDBCLSでは、BioHackathon (以下BH) という合宿形式の国際会議を年に一度、10年以上に渡って開催している (<http://biohackathon.org/>)。BH では世界各国から集まった研究者や開発者が同じ会場に宿泊し、7日間に渡ってグループでの議論や開発を行う。特殊な会議の形態であるため、BHにはこれまでの開催経験を活かした様々な運営上の工夫がある^[1]。筆者は8年ほど前から参加を続けており、メールでのやりとりや国際ビデオ会議、発表が主体の国際会議と比較して、人的ネットワークの構築の容易さや、個々の参加者が抱える問題解決の効率の高さという点において、BHは非常に有意義な会であると感じている。

しかし現状では従来型のBH、すなわち世界中の研究者を集めて合宿をするという形式は、その他の国際会議と同様に、COVID19感染拡大防止の観点から実現が非常に困難となっている。では国際会議がオンラインに移行したように、ハッカソンもオンライン化が可能なのだろうか。オンラインで開催するハッカソンは、対面での開催と比較して、参加者が得られるメリットをどこまで再現できるのか、あるいは異なるメリットを生み出せるのか。ハッカソンの意義が対面でのコミュニケーションに基づいたものであるとすれば、これらは興味深い問いである。本稿では、筆者がオンラインハッカソン

COVID19 Virtual BioHackathon 2020 (以下vBH) のオーガナイザーを務めた際に得た経験を振り返り、この問いに答えることを試みる。

使用ツールと開催規模

vBHの開催レポートはNBDC ブログ (<https://biosciencedbc.jp/blog/20200525-01.html>) において既に公開されている。そのため会の内容の詳細はそちらに譲り、ここではまずオンライン開催に用いたソフトウェアツールを示す。

会期中の参加者同士のチャットコミュニケーションには Slack (<https://slack.com/>) を利用した。COVID19に関連する非営利・学術目的の会合であることをSlack社に伝え交渉したところ、有償版を期間限定で無償提供して下さった。メッセージの上限や通話人数の制限が解除され、大変感謝している。参加者全員が参加する進捗報告のセッションには、Zoomのセミナー機能を利用した (<https://zoom.us/>)。オーガナイザーの1名が有償アカウントを既に利用していたため、人数制限などの影響は受けなかった。連絡や進捗報告の記録と公開には Google Slide (<https://www.google.com/slides/about/>) の共同編集機能を利用し、プログラムやドキュメント、小規模なデータのストレージには GitHub repository と GitHub wiki (<http://github.com/>) を利用した。これら複数のツールを組み合わせ採用した背景には、



vBHがBHコミュニティの有志により企画されたもので、組織的な予算がなかったという事情があった。しかしこれらのツールは参加者の多くが既に使い慣れたものであったため混乱が少なく、サポートの必要が少なかったことは、結果的に利点となった。

vBHのSlackワークスペースに参加した人数は約550人であったが、期間中に3回行われた全体セッションの参加者は平均して約100人ほどであった。おそらく、アナウンスに興味を持ちSlackには参加したものの、プロジェクトへの加入はしなかったという人が多かったのだろうと推測している。その原因は各々の自主性に任せるというBHの運営方法をオンラインでも踏襲した結果であると考えており、むしろオンラインでもアクティブに開発に貢献した参加者が全世界で100人以上いたということを嬉しく思っている。

会の進行

開催のアナウンスは会期3週間前にBHのMailing List (以下ML)で行い、同時にハッカソン中に実施するプロジェクトとリーダーを募集したところ、24のプロジェクト提案があった。リーダーにはプロジェクトの概要と作業内容をGitHub上で公開するよう求め、参加者には会期中に参加するプロジェクトを事前に決めておくようアナウンスを行った。会期中の開発の進め方は各プロジェクトのリーダーに一任し、ハッカソン初日の日曜と中間の水曜、最終日の土曜に計3回行ったセッションでの報告を求めた。セッションでは、事前に主催側で準備したテンプレートに沿ってスライドを作成してもらった。テンプレートはスライド1枚、課題・実施事項・次の目標の3点に絞って簡潔に書くことを求め、これによって必要以上にセッションに時間をかけないことを徹底した。これらのスライドは今も公開されており、誰でも閲覧することができる(<https://github.com/virtual-biohackathons/covid-19-bh20/wiki/Video-conference-meetings---Agenda-for-the-week>)。

対面でのハッカソンと比較して最も大きな会期中の変化は、異なるグループのメンバーとの交流の頻度であった。対面であれば、朝昼晩の食事の席、コーヒースペース、夕食後の交流会など、共にプロジェクトを進めるメンバー以外の参加者と話をする場所や機会が多くある。そのような機会に相互の目的や課題を話す中で、思わぬヒントを得られたり協力のきっかけができたりすることは多く、それがハッカソンの醍醐味でもあるのだが、オンラインではプロジェクトごとにコミュニケーションのチャンネルが分かれているため、わざわざ出かけて行かない限り、他のプロジェクトで何が起きているかはほぼ分からない。これはハッカソンのオンライン開催の最も大きなデメリットであろう。セッションでの発表スライドを1つにまとめ、全員が同じファイルに共同編集で書き込むことは、スライド切り替えを排してセッションの時

間短縮を図るためだけでなく、他グループの様子を少しでも目にする機会を作るという意味で重要であった。

行動規範

MLやSNSでのイベント情報の拡散によって参加希望者が増えたことで、開催前にはMLで多くの議論が飛び交った。その際に、メールのやり取りを見たことで精神的にダメージを負ったと申し出た参加者があった。欧州各国では一斉にロックダウンが始まっていた時期であり、多くの人にとって先が見えず不安な状況であったため、このようなケースには一層適切に対処する必要がある。そこでオーガナイザーを正式に組織し、Code of Conduct (行動規範、以下CoC)を定め、それに反した言動を目にした場合に相談を受ける窓口を作ることで対応を行った。日本国内の学術集会でもCoCと相談窓口を作ることが徐々に一般的になっているが、対面と比べて言葉足らずになりがちなおオンラインであるからこそCoCなどの整備が重要であると感じた一件であった。

オンライン化によるメリットとデメリット

参加者として最もメリットを感じたのは、時差のおかげで24時間常に誰かが作業を行う交代制を敷いてプロジェクトを進められたことだ。筆者が携わったプロジェクトではCOVID19関連のデータ解析ワークフローを各種ワークフロー言語やフレームワークを用いて整備するという作業を行っていた。このプロジェクトではメンバーが日本・欧州・米国東海岸・米国西海岸に散っていたため、それぞれが交代で作業し、多くの成果物が得られた。だがこれは裏を返せば常に誰かが何かしらの問題を抱えるということであり、オーガナイザーの気の休まる時はないということでもあった。

時差によるメリットは国際イベントならではの利点であるが、オンライン化によって参加に伴う移動がなくなったことは最も大きなメリットであった。参加者は渡航の時間と費用が不要になり、長距離移動による健康への弊害もない。ビザの制限により移動自体ができないという心配も必要ない。7日間という日程は通常の国際学会よりも長いため、それ故に物理的に移動する必要がないことはハッカソンにとっても大きな利点となった。今回のvBHでも、普段はあまり見られない中東やアフリカからの参加者が多かったことは、このメリットが働いた結果であるように思う。また、普段の生活とリズムを変え、家族への負担、あるいは日々の習慣への影響を最小限にできることから、これまでより広い参加者に門戸を開くことができたと考えている。多様な人材が集うことでその意義を高める性質がハッカソンにあることから、初めての参加者が多かったことは1つの成果であった。

一方で、国際ハッカソンをオンライン化することによるデメリットは「小さなコミュニケーションの不在」によるものが大きい。ここでいう小さなコミュニケーションとは、挨拶、

仕事に関係のない雑談、ちょっとした仕事の相談などを指している。具体的な問題として、初対面の相手とのコミュニケーションの難しさ、同じプロジェクトのメンバー以外の参加者との交流の少なさ、期間中のプロジェクトへのモチベーションの維持の難しさ、などが挙げられる。ハッカソンの目的が参加者同士の深い交流や議論であることを考えると、コミュニケーションの質が下がることは致命的な問題だ。

オンラインでのコミュニケーションは対面でのコミュニケーションと比較して、どの程度真意が伝わっているのか、あるいは理解できているのかを測りかねる難しさがある。時差により集まるタイミングの難しさもある。そのため、チャットや通話で積極的に発言し、貢献する意思があることを参加者個々人が表明する必要がある。また、発信内容が連絡や報告ばかりになってしまうと、些細なことで話しかけたり相談したりするハードルが上がってしまうため、適度に雑談することも実は重要である。

整理すると、オンラインで開催するハッカソンのメリットは参加障壁の低さ、デメリットはコミュニケーションの質と頻度の低さとなる。ハッカソンにおけるコミュニティビルディングや、グループ間での議論や交流、情報共有という点では、オンラインでのハッカソンは対面でのハッカソンの代替とはなり得ないだろう。しかし、既にビジョンや目標が共有できている場合には、期間内での生産性が高いオンラインでのハッカソンは有益なコラボレーションの機会となるだろう。オンラインと対面のハッカソンは補完的な関係にあるものと考え、対面のハッカソンでの質の高いコミュニケーションと深い議論によって構築されたコミュニティを維持し、継続的に成果を出す「拡張」としてオンラインハッカソンを捉えることが、現状での最適な役割分担ではないかと考えている。

Ten simple rules to run a successful *virtual* BioHackathon

まとめに代えて、以下vBHでの経験から得られた教訓をPLOS恒例のTen Simple Rulesに倣って示す。

1. 会議ツールは参加者の多くが慣れたものを組み合わせ

ること。ユーザサポートのコストは規模と共にスケールし主催のリソースを削る。

2. 進行は参加者の自主性に任せること。最低限の約束事と全員が集まる日程だけを予め決めておく。
3. プロジェクトリーダーは期間中の作業内容を事前に具体的に決めておくこと。対面とは異なり始まってから目標を議論することは難しい。
4. 進捗報告は1つの共同編集スライドに集約すること。でなければ他の参加者が何をしているか全くわからない。
5. 適切なCode of Conductを定めておくこと。CoCに反した振る舞いを通報する窓口を設置し、通報があった場合の対応も決めておくこと。オンラインでは誤解が起きやすい。
6. 会議に関わる全ての情報をオープンにし、参加障壁を下げる。誰でも気軽に入れるオンラインのメリットを失ってはいけない。
7. 初参加の人や困っている人でも気軽に発言できる場所と雰囲気を作ること。ユーモアを忘れないこと。
8. オンラインは対面の代替であると考えないこと。両者は補完的な関係にある。
9. オーガナイザーが運営しつつプロジェクトにもコミットしたければ、相応の消耗を覚悟すること。
10. 関わる全ての人をリスペクトして、ハッカソンを楽しむこと。

これからオンラインハッカソン、あるいは類似のオンラインイベントを開催しようとする人の参考になれば幸いである。

Reference

1. Garcia L, Antezana E, Garcia A, Bolton E, Jimenez R, Prins P, et al. (2020) Ten simple rules to run a successful BioHackathon. PLoS Comput Biol 16(5): e1007808. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1007808>



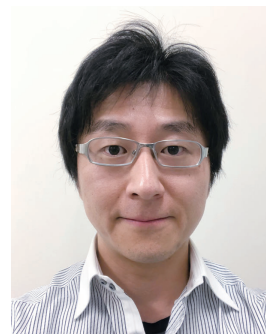
徒手空拳で飛び込んで —BioHackathon 2020—



土肥 栄祐 (新潟大学 脳研究所)

コロナが世間を跋扈する2020年4月、私は臨床医から一念発起し4年半の研究留学を過ごしたアメリカから、縁もゆかりも無い新潟大学へ基礎研究者として帰国することを決めたところでした。同時に、今後は様々なデータがオープンになるだろうと感じていたので、バイオインフォマティクスを学んで自分の研究に活かせる様になろう！と決めていました。そうはいうものの、周りに詳しい人もおらず、自分で調べる他無かったのですが、コツコツ調べる性分が幸いしてか、偶

然BH20.9のTogoWikiのホームページに辿り着きました（どうやって辿り着いたか全く覚えていません（笑））。経験も知識もない状況でしたが、内田樹先生の著書「先生はえらい」中にあった、『シラバスの目次を読んで内容が想像できる授業はとる価



値がない。よくわからない・未知のものとの遭遇にこそ学びの価値がある』という信条に共感するところがある、そんな私でしたので、“よく分からない、だからこそ”と、参加を申し込みました。

実家が広島なので、帰省も含めての参加になりましたが、その実、知り合いゼロ、何をするかもよく分からないまま参加でした。そうしましたら、高月さんを始め、皆さん非常に暖かく迎えて下さり、最初のプロジェクト提案では『先生の思いをぶつけたらイイんです！』との、妙に響く励ましにも背中を押して頂き、以前から興味があった、①生物種間での遺伝子の獲得・消失と、生理的な機能の獲得・消失を、進化の流れを通した形で“見える化”出来るものを作りたい！②患者—医療者間が、同じ3D人体モデルというプラットフォームに、患者側からは自分の症状、医療者側からは病状説明、を書き込みコミュニケーションをとることで、情報収集から病状説明までをシームレスに行えるツール、この二つを勢いだけで提案させて頂きました。

さて実際何が起こったのかと申しますと…片山さん、川島さん、内藤さん、小野さん、岡別府さん、千葉さん、内藤さん…と、ホントに皆さんから、非常に基本的なことから、提案に近い既報や有用な研究・ツールなど、非常に暖かく教えて頂きました…のですが、「RDFって何ですか？」というくらいの知識・経験がゼロ状態でしたので、今考えましても『猫に小判』状態でした。

このBioHackathonがどういうものか、筆者が理解した範囲で述べますと…

- 1：元々継続中のプロジェクトなども普段はリモート環境で開発しているものを、直接膝を付き合わせてディスカッション→役割分担の上開発→ディスカッション→開発、という形で、効率的な開発を期待するもの
- 2：若い先生がベテランの先生から学ぶ良い機会
- 3：新しい提案の受け皿

4：普段会えない人との良質なコミュニケーションの場
といった側面をもち機能するイベントでした。そのため皆さんのプロジェクトのお力になれず、唯一役に立てたかもしれないのは、PubCaseFinderという稀少・遺伝性疾患を対象とした症候からの検索データベースを開発されている、藤原さん、張さんとのミーティングで、臨床医としてのユーザー目線からのフィードバックをさせて頂き、また私の知己である臨床の先生方を後日ご紹介させて頂いたことなどでしょうか。私にとっては、どの様なプロジェクトが動いているのか？データベース構築の現状や苦労話、専門の方々がどの様にお仕事をされているのか？また、提案した内容における技術的な問題点や、活用できそうなリソースを知る事が出来た点などなど、エキスパートの先生方に直接お会いしなければ聞く事が出来ないお話ばかりで、これ以上ない貴重な学びの機会となりました。

今回の参加で得られたものは…

- 1：参加されている先生方が、シェアの精神で尽力されていることに感激しました！
- 2：参加中は、（実家の掃除を除いて）楽しい記憶しか御座いません。皆さんが暖かく迎えて下さったことに大感謝です！（ミーハーですが、坊農先生のサインを貰えたことや、TogoTVや研究で使うツールを作ってもらった方々に会えたのは「あの人が！」と言った感じで1人でテンション上げてました！）
- 3：臨床医としては、データベース活用法や、ユーザー目線でのフィードバックは、意義がありそうですので、多様な臨床医の先生からのニーズを拾い上げてゆきたい！
- 4：研究者としても、データベースやリソースを知らない人が（私も含めて）沢山いるので、積極的に、知って貰う、活用法を考えるなどの活動をしたい！
- 5：ゆっくりでもコツコツ勉強して、役立つツールなどを自分でも作ってみたい！

といった、パッションに溢れた素晴らしい先生方との出会い、学び、モチベーション、そして、次につながる自分への課題を頂きました。

徒手空拳で参加させて頂きましたが、様々な生物・医療のデータをデータベース構築から使いやすい形まで継続的に工夫され、医療や研究に役立てて欲しいと尽力されている先生方と接する機会を得ることが出来て、参加して心から良かったと思っております。超ビギナーながら、この会で頂いたモチベーションのお陰でコツコツと勉強を継続出来ております。最後になりますが、この場を借りまして、体験記を書く機会を頂きました事、またBH20.9で暖かくお迎え頂いた先生方に厚く御礼申し上げます。本当に有り難うございました。まだ参加された事が無い方は、ちょっとしたバイオインフォマティクスやデータベースに興味がある様でしたら、DBCLSの提供されているサービス一覧 (<http://dbcls.rois.ac.jp/services.html>) や、TogoTV (<https://togotv.dbcls.jp/>) を見て頂き、一度参加されてみる事をお勧め致します。



統合データベースの実現を基盤技術開発で支援するSPARQLthon

片山 俊明 (DBCLS)

ライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS) では、毎月SPARQLthon(スパークルソン) という技術開発会議を開催しており、2021年1月で100回目を迎えました。初回開催は2012年で、当初はJSTのバイオサイエンスデータベースセンター (NBDC) が支援している「統合化推進プログラム」に関わるデータベース開発者が参集し、当時まだ情報の限られていた「セマンティック・ウェブ」によるデータ統合に必要とされる情報交換と技術開発を定期的に行うことを目的にスタートしました。DBCLSとNBDCではデータベース統合とそのための技術開発をミッションとしていますが、2010年の国際開発者会議BioHackathonあたりから、データへのアクセスをAPIで連携するだけでは不十分で、統合的なデータ解析を実現するためにはデータベースの中身を横断的に扱えるようにしなければならないことから、セマンティック・ウェブ技術を採用することになりました。しかし、そのデータ表現方法であるRDFについての知見やオントロジーの標準化、検索言語SPARQLによるデータ運用とプログラム開発など、すべてが手探りの状態でした。そのため、国内の様々なデータベースを運用している実務者、データ解析を行っている研究者、アプリケーションを開発している業者などが分け隔てなく参集し、オープンに情報共有を行いながら議論と開発を効率的に進める場が必要だったのです。毎年のBioHackathonとも連携しながら、UniProt、Ensembl、NCBIやDDBJの国際塩基配列データベースなどと共同で座標とアノテーションのRDFにおける標準的な表現方法を策定したり、立体構造データベースPDBのRDF化をPDBjが世界に先駆けて実現するといった過程を経て、国内外の主要な生命科学データベースを統合的に利用できる環境が徐々に整ってきました。特にトランスクリプトーム、プロテオミクス、糖鎖インフォマティクスなどオミックス分野での日本の貢献は大きなものがあり、近年では京都大学とDBCLSの連携によるMed2RDFプロジェクトなどを中心に医科学データベースにも幅広く対応が進んできています。

SPARQLthonは主にDBCLSの会議室で毎月2日間にわたって無料で開催しており、各回20~40名程度の参加があります。データベース統合およびその利活用に興味のある方であれば、いつでも誰でも参加可能なオープンな会となっており、これまでに約100の大学・研究所・企業などの組織から200名以上の方々に足を運んで頂いています。大きな特徴としては、参加者の多様性もあって初心者からエキスパートまで自由な交流ができること、会議時間のほとんどが打ち合わせやプログラム開発に没頭できる環境になっていること、および自由参加の夜の部では私のさばく魚の刺身などをツマミに各

自持ち寄った飲み物で仕事や組織の枠を超えた人的交流を図っていることなどが挙げられます。さまざまな研究機関のデータベースを統合できる形で整備していくため、ノウハウの共有を進めながら、共通のオントロジーや基盤となる技術開発を進めています。初期には

TogoGenomeやMicorobeDB.jpといったゲノムデータベースを共同開発するために、DDBJ/RefSeqおよびTaxonomyのオントロジーとRDFの設計を行い、情報の可視化モジュールをウェブ上で相互運用するTogoStanzaシステムを考案しました。この間に様々なデータベースシステム（トリプルストア）の運用ノウハウを蓄積するとともに、安全かつ効率的にエンドポイントを提供するためのSPARQL-proxy、検索を支援するウェブインターフェイスSPARQL support/Endpoint browser、検索結果を再利用可能なAPIとして提供するSPARQLList、検索結果をD3.jsでグラフィカルに可視化するd3sparql.js、表形式のデータからデータベースを構築しRDF化するTogoDB、ウェブサービスでRDFを生成するTogoWS、RDBを元にSPARQLエンドポイントを提供するD2RQ Mapper、複雑なグラフデータモデルを可視化し検索クエリを生成するRDF-config、SPARQLエンドポイントをGraphQLでアクセス可能にするGraspなど、全ては書ききれませんが多様な基盤ソフトウェアを開発し、その多くをGitHubなどからオープンソースで公開しています。また、2015年にはSPARQLthon参加者有志で日本語による初のSPARQL言語解説本を出版、現在はRDF化ガイドラインの制定を経て、これまでにRDF化が完了したデータベースを集積するレポジトリNBDC RDFポータルの運用を進めています。

セマンティック・ウェブ技術は、WWWを考案したTim Berners-Lee氏が2000年前後に提唱しWorld Wide Web Consortium (W3C) で標準化されているオープンな仕様で、Web 3.0ともいわれています。今後どのように普及していくのか、もしくは新しい技術に置き換わっていくのかはまだ分かりませんが、これまでの経験から感じるのには、データベースにおけるデータの管理方法に新しいパラダイムを示唆してくれているということです。近年では世界的に、データベースのメタデータによる検索性 (Findability)、データへの標準的な方法でのアクセス性 (Accessibility)、データ形式や共通語彙およびリンク情報などの相互運用性 (Interoperability)、取得できるデータの再利用性



(Reusability) が重視されており、データ公開に際して上記4項目の頭文字からなるFAIR原則に基づいた標準化が求められるようになってきました。なおFAIR原則はNBDCとDBCLSが主催した2015年のBioHackathonでの議論を経て論文化されています (<https://www.nature.com/articles/sdata201618>)。セマンティック・ウェブは、現状においてこれらの要求を満たす標準技術です。データにはHTTP/HTTPSプロトコルでインターネット上のどこからでもアクセスできますし、SPARQL言語によるウェブAPIで柔軟な検索が可能です。そこで得られる情報にはグローバルかつユニークなURIによるIDが付与され十分に細分化されているため、IDの突合やパースといった前処理をせずともデータは自然と連結されるだけでなく、多様な関連情報やその意味を必要な部分に絞って抽出することができます。また、標準化のもう一つの恩恵として、特定のシステムに依存しないためベンダーロックインを避けることができるのもポイントです。これらの点には、個性的なウェブページや痒いところに手が届かないAPIを非公開の関係データベースなどに載せたような、よくある既存のデータベースシステムでは想像しえなかった自由度と拡張性があります。

実際、セマンティック・ウェブのように、グラフ形式でデータを扱う仕組みはデータが複雑になるほど有用で、タンパク質に関する膨大な情報を収載するUniProtデータベースでは、2006年からデータ管理をRDFで行ってきています。この10年間で国際的な取り組みによって、国内外の主要な生命医科学データベースがあたかも一つのデータベースのように扱えるようになってきました。もし今後、新しいデータは本質的にはグラフの拡張であり、多くの研究者は生成したデータをポイントをおさえて標準化し、あとは解析に集中す

ればよいといったパラダイムが広まれば、やみくもにデータベースが増えたり統合的な利用のたびに前処理に時間をとられるといったことは減っていくかもしれません。一方で、現状のセマンティック・ウェブ技術ではデータベースの効率の問題や標準化までの手間が大きいのも事実です。IDおよびデータ形式やプロトコルなどの標準化におけるバイオインフォマティクスの歴史を振り返ると死屍累々でもあります。ただ、現状で使われている既存の技術にも課題は多く、今でもデータ共有のためのAPIの設計やデータ構造について国際的な枠組みで合意を得るためには、例えばGlobal Alliance for Genomics and Health (GA4GH) のように多大な努力が必要とされています。膨大で多様なデータをいかに整理しデータ科学を推進していくかという点では、人類はまだその端緒にいるのでしょうか。将来においては、データを集約したり、最初からきれいなデータを生成するのは、人間ではなくコンピュータやロボットが行うことになるのかも知れませんが、現状では統合されたデータの活用方法は人間が考えていく必要がありますし、逆にいったん標準化されたデータがあればよりよいスタンダードに移行するのも容易でしょう。これらを目的として、SPARQLthonはバイオインフォマティクス関連の会議としては異例の回数を重ねてきました。ここ最近ではコロナ禍の影響でリモート開催となることも多いですが、今後も継続的に開催できればと考えています。次回以降の開催予定などはWikiページ (<http://wiki.lifesciencedb.jp/mw/SPARQLthon>) に記載していますので、様々なデータを抱えている研究機関や、アプリケーション開発に携わる技術者、生命医科学のデータ解析や機械学習をはじめとする情報科学に携わる研究者の皆さんにぜひご参加いただき、有意義な議論や開発に取り組めればと思っています。



パッケージングに特化したハッカソンBio "Pack" athonの紹介



露崎 弘毅 (理化学研究所 生命機能科学研究センター バイオインフォマティクス研究開発チーム 基礎科学特別研究員)

バイオインフォマティクス研究において、データ解析の再現性は重要なトピックである。誰しもが、他所のラボが開発したツールや、自分が過去に書いたコードが思い通りに動かず苦勞した経験があるだろう。このような問題を技術的に解決しようとする試みとしては、仮想マシン、コンテナ技術、ワークフロー言語など様々であり、ここで紹介するパッケージもまた再現性に寄与するものである。

パッケージとは、端的に言うと関数やデータを集めたものである。各プログラミング言語が独自に決めたルールに従いディレクトリを切り、内部に自分が実装した関数 (例: 解析手法やデータベースへのアクセス関数) やデータ (例: 実験データ、参照データベース) を配置することで、それらを二次利用しやすい形にまとめる。開発したパッケージは、

GitHubや、各言語が管理しているリポジトリ (RではCRAN、Bioconductor、PythonではPyPI、conda-forge、biocondaなど) に配置 (デプロイ) し、そこで動作確認 (テスト) を行うことにより、再現性をチェックする。また、Dockerのように、“ある時点でのバージョンでツールが動く”ことを保証する技術とは異なり、多くの場合、依存パッケージや、参照データベースの仕様変更に合わせて“動き続ける”ように、継続的にメンテナンスする活動が伴うことになる。

自分がツールを開発する立場になった場合、そのツールがどのような形態で、ユーザーに利用されるのかを考える必要がある。例えば、ユーザーにWebブラウザ上で対話的に結果を閲覧して欲しい場合は、Webアプリケーションとして実装することになる。また、そのWebアプリケーションに、

コマンドライン上でアクセスしたい場合は、Web-APIも別途検討することになる。ツールの実行の仕方が、コマンド実行であれば、小規模ならDockerコンテナイメージ、大規模ならワークフロー言語で実装するのが良いだろう。

これらと比較した際のパッケージとしてツールを公開する意義としては、データ解析の対話性が挙げられる。多くの実データの解析は、探索的データ解析 (Explanatory Data Analysis, EDA) と呼ばれるものであり、まずはデータを可視化して、データがどのような分布をしているのかよく確認した後に、次にどの解析をするのか決める。このような対話的な操作では、ツールはパッケージにしておくことで、他のパッケージと同時に使用できるため便利である。特に、可視化や既存のオミックス解析手法のパッケージが豊富なRやPythonは、EDAに適した言語だと言える。

Bio “Pack” athon発足の理由・目標・これまでの活動

バイオインフォマティクス研究において、ツールの性能や理論、ツールで得られた生物学的新規性などと比較すると、ツールをどのように公開するかという議論は、あまり本質的ではないとされ、重要視されてこなかったと感じている。開発者としても評価され無いことに時間や労力を割くことはできないため、世の中には雑に書き捨てられた動かないコードが溢れている。自分自身、そのような情報を得る機会は少なく、例えば過去にBioconductorに開発したRパッケージを登録する際には、パッケージの登録や更新についての暗黙知 (例：コーディングスタイル、年2回のデータ更新義務) が多く、苦労した経験があった。そのため、パッケージングに関する情報共有や共同開発を行うハッカソンとして、Bio “Pack” athon (<https://sites.google.com/view/biopackathon>) を発足した。

元々は2016年頃から、私が仲間内数名で小規模に行っていたハッカソンであったが、2019年からは、広く参加者を

募るようにしており、これまでに2、30人程度に参加していただいている。2019年には理化学研究所の和光キャンパス、2020年には鶴見キャンパスで宿泊形式のハッカソンを行ってきたが、コロナ禍の現在ではZoomベースのバーチャル開催に切り替え、月1ペースでハッカソンを行っている。これまで扱ったパッケージとしては、R、Python、Juliaパッケージがあり、特に生命科学関連のRパッケージレポジトリであるBioconductorへの登録に力を入れており、これまでにscTGIF (<https://www.bioconductor.org/packages/release/bioc/html/scTGIF.html>) や、AHPathbankDbs (<https://www.bioconductor.org/packages/release/bioc/html/AHPathbankDbs.html>) といったBioconductorパッケージの公開に成功している。

データ解析手法やデータベースのパッケージ化以外にも、ハッカソンの内容は多岐に渡り、パッケージングに関する技術・理論 (例：プログラミング、データサイエンス、バイオインフォマティクス、パッケージング支援ツール) の最新動向のチェック、英語ドキュメントの日本語訳、動画 (統合TV) 作成、教材 (書籍) 作成も行っている。Bioconductorは、かなりユーザー志向なコミュニティであり、ユーザビリティ、パッケージの相互運用性、メンテナンスの省力化等の観点から、時にコアチームから突然パッケージの仕様変更を指示される場合がある。このような情報も直ちにメンバー間で共有され、余計な仕様変更の手間が事前に省けることもこの集まりに参加するメリットである。

Bio “Pack” athonの特色

Bio “Pack” athon発足当初は「それは他のハッカソンでやればいいのか」という否定的な意見もいただいた。そのため、ここでは他のハッカソンと比較した際の、Bio “Pack” athonの特色を述べる。まず、パッケージングに特化した国内のハッカソンは、自分の知る限り存在しない。他のハッカソンとは得意分野が異なるため、扱うトピックに合わせて、Webやデータベース関連ならSPARQLthon、Dockerやワークフロー関連ならWorkflow Meetup、データ解析やパッケージングならBio “Pack” athonという風に参加すれば良いと思う。また、バイオインフォマティクス業界で最大のハッカソンであるBioHackathonは、名前としては総称的であるが、実際はRDFデータベースの話が多く、同じ問題意識を抱えている仲間には出会えなかったのと、飲み会が激しい楽しい集まりではあるが、出不精な私個人としては、“もくもく会”の方が性に合っていたため、新たにハッカソンを企画した。

パッケージは、上記のようにEDAと密接に関係しているため、他のハッカソンと比較すると、参加メンバーはデータベースやインフラのエンジニア寄りの人よりも、実験生物学・データ解析寄りの人の方が多い印象である。ただし扱うデータとしては、オミックス、画像、ネットワークなど多岐に渡って



おり、あくまでそれらをどのようにパッケージ化し、公開、更新していくかというところで、互いに情報共有を行っている。

海外では自分が開発したRパッケージのアウトリーチ活動として、パッケージの内容をデザインした六角形のステッカー（Hex Sticker）を配布する文化が根づきつつある。Hex Stickerは、学会でのポスター、フライヤー、Tシャツのデザイン、スライドや論文の図、名刺といった用途で利用される。Bioconductor関連のパッケージは、BiocStickersレポジトリ (<https://github.com/Bioconductor/BiocStickers>) に集められ、適切なオープンソースライセンスの下で、第三者も利用できるようにしている。Bio “Pack” athonでは、このHex Stickerの作成にも力を入れており、独自に契約しているデザイナーにステッカーのデザインや印刷を外注することで、参加者独自のHex Sticker作成をサポートしている。



CC BY-NC-ND 4.0

BioconductorのコミュニティとしてのBio “Pack” athon

Bioconductorは、コミュニティ、科学、技術で3種の諮問委員会を設けている。Bio “Pack” athonの活動内容を知ったBioconductorはコミュニティ諮問委員会のボードメンバーとしてBio “Pack” athonのメンバーでもある西田孝三氏を選出しており、2021年度のBioconductorのアジア地区カンファレンス（BioC Asia）はBio “Pack” athonが運営していく予定である。

また、他言語対応についても、コミュニティ内で議論している。これまでは、非英語話者が英語を習得して、英語話者とコミュニケーションを取るという形でしか国際連携はされず、逆方向、例えば英語話者が日本語を喋るパターンはほとんど見たことが無いが、よりフェアな、英語化以外の国際化の形として、「各自が好きな言語を使う」ということが、現在の技術水準でどのレベルまで可能なのか、我々は適宜調査している。調査結果は、Bioconductorのドキュメントの翻訳活動、カンファレンスでのリアルタイム翻訳等に活用する予定である。

Bioconductorのコミュニティ諮問委員会も他言語化に前向きな姿勢を示している。2020年度のBioC Asiaではチュートリアルセッションは並行して2トラック分設けられ、その

内の1トラックは標準中国語で行われた。ある標準中国語のチュートリアルには、中国語話者以外の参加者も含め100人超の来場者が訪れており、このような実験的試みはBioconductor側からも注目されている。

継続的ソフトウェア開発の評価について

研究業界では、研究者の業績は論文の本数や、雑誌のインパクトファクター、研究者のh-indexなどで定量化されている。そのため、再現性のあるツールを丁寧に作り込んで公開するという作業は、そういった点数に直結はせず、研究者のインセンティブになりづらい。一方、ユーザーの問題を解決する、使いやすい、優れたツールを世の中に普及させるためには、ツール開発自体にも評価が必要であると感じている。例えば、どれだけデバッグやテストを続けてきたか、どれだけ外部からの問い合わせに丁寧に返してきたか、どれだけ関連技術の変化に合わせて継続的に機能を改良・追加し続けたかといった観点からも、もっと多角的に評価されるべきであろう。このような問題提起はこれまでもあり、2013年から2015年の間は、ライフサイエンス統合データベースセンターがオープンサイエンスアワード (<https://ja.wikipedia.org/wiki/オープン・サイエンス・アワード>) という優れたツール開発者を表彰する取り組みが行われていた。

海外では、ツール開発者を評価・支援する取り組みとして、Essential Open Source Software for Science (Chan Zuckerberg Initiative) や、Code for Science and Society (CS&S) のVirtual Event Awardsが挙げられる。メキシコにはBio “Pack” athonと目標・方向性が類似したコミュニティCDSB (<https://comunidadbioinfo.github.io/>) があるが、彼らはCS&Sからのサポートを受けることが決定している。今後Bio “Pack” athonとしても、活動をより拡大し、そのような評価を得て、支援を受けられるようにしていこうと考えている。

メンバー募集

我々の取り組みに興味が出てきた方は、是非Twitter (<https://twitter.com/biopackathon>) や、Slack (<https://biopackathon.slack.com>)、月一のハッカソン (<https://biopackathon.connpass.com>) などでコンタクトしてほしい。現在バーチャル開催のハッカソンでは、前半を発表形式、後半をもくもく会としているので、情報収集のために前半の部分だけ参加するのでも良いし、もしパッケージにしたい解析手法や、データがある人は、相談していただければ、私や他のコアメンバーが対応する。草の根的な活動ではあるが、このような地道な取り組みにより、世の中に少しでもまともに動くツールが増えること、またツール開発者が正当に評価されることを願っている。

Pitagora Network+Workflow Meetup

西田 孝三（理化学研究所 生命機能科学研究センター）

石井 学（株式会社ゲノムアナリティクスジャパン）

丹生 智也（国立情報学研究所 クラウド基盤研究開発センター）

大田 達郎（ライフサイエンス統合データベースセンター）

Pitagora NetworkとWorkflow Meetupの目的

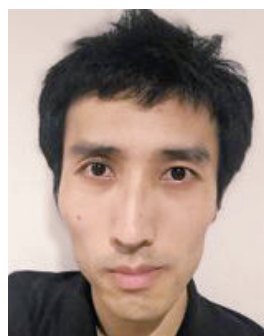
Pitagora Network と Workflow Meetup は、今や研究者が独学するには手に負えないほどに膨れ上がったワークフロー関連技術の学習をピアサポートで解決することを目的としたコミュニティである。本稿におけるワークフローという言葉の定義には、バイオインフォマティクスのプログラムの実行手順を想定していただきたい。ある程度バイオインフォマティクスの経験のある読者は「Taverna (Oinn et al. 2004) やmyExperiment (Goble et al. 2010) といったワークフローに関するソフトウェアやウェブサイトを昔見かけたことがあるなあ（詳しくは知らないが）」と思われたのではなかろうか。その通り、ワークフローの概念とその活用（共有）のためのツールは10年以上前から存在している。しかしその頃と比較して「今」はソフトウェア技術や計算環境が進歩し、ワークフロー関連技術も新たなものになっているのだ。

「今」のワークフロー関連技術を学ぶ意義

前述の「進歩」は大別すると「コンテナ、クラウド、ワークフロー記述言語」の3つになる。ここで読者は「それらは生命科学の“研究”ではない、学習コストが高すぎる、どのように役立つかわからない」と思われる方が多いかと思う。しかしこれら「今」の技術の学習は「自分以外の人にワークフローを実行してもらう必要がある」場合、必ずあなたの役に立つ。具体的には、そのワークフローを「論文読者に使ってもらう」「共同研究者に使ってもらう」「研究室を離れた後も残ったメンバーに使ってもらう」場合などだ。なぜ前述の3つがそういった「再現性」を担保するかを1つずつ説明していこう。

1つ目のコンテナとは「ソフトウェアのセットアップがすべて完了した状態の計算機環境」のことだ。この技術を使いこなすことができれば、読者もご経験されたであろう「セットアップ完了に至るまでの疲弊」が無くなり、コマンド一発でそのセットアップ済み環境中での計算が可能となる。

2つ目のクラウドとは「大学・研究所外のインターネット越しの計算機資源」のことである。前述のコンテナはソフトウェア中で実現される機能であり計算機資源（つまりサーバ）を提供するものではない。クラウドでコンテナを用いれば、所属・所在地にかかわらず同じ計算機環境を複数人で共用することが可能となる。



3つ目のワークフロー記述言語とは「複数の計算ステップからなるワークフローの実行をコンテナやクラウドの連携と共に一気通貫で行う」ことを支援するものである。ワークフローの新しい記述はGalaxy (Afgan et al. 2018)、Snakemake (Köster and Rahmann 2012)、Nextflow (Di Tommaso et al. 2017)、Common Workflow Language (以下CWL) (Amstutz et al. 2016) で行うのが現在の主流となっている。ワークフロー記述言語は、コンテナ (Singularity、Docker等) やクラウド (AWS、Azure、Google Cloud等) の違いを吸収し、それらが異なる環境でも同じワークフロー動作を実現する機能を持つ。またクラウドだけではなくローカルでも動作し、ジョブスケジューラソフト (SGE、SLURM、PBS等) の違いも吸収する。ワークフロー記述言語にはこのような環境差異の吸収以外にも例外処理などのその場限りの手作業を排除する仕組みがあり、ワークフローの再現性の改善に役立つ。

活動内容と特色

Pitagora Network はウェット研究者、ドライ研究者の両方を対象としたワークフロー関連技術についての勉強会である。元々はデータ解析プラットフォームとして有名なGalaxyのユーザコミュニティ Pitagora Galaxy として発足し、Galaxy Community Japan ワークショップの開催など

を行った。その後、Galaxy 以外のワークフロー技術なども話題として取り扱うことが多くなったため、Pitagora Network と改称し、データ解析技術について学びたいウェット研究者と、実用例を開発に活かしたいドライ研究者の交流の場として現在に至っている。主な活動としては月例の Meetup イベントと Slack グループ上での情報交換である。後述する Workflow Meetup は、仮想化やクラウドなどのインフラ関連技術をより深く議論するためのコミュニティとして Pitagora Network からスピニングアウトしたものである。そのため両方のグループに参加している人も多い。その他の活動実績としては、IIBMP (JSBi) などの国内学会でのセッション開催や、Galaxy Community Conference (GCC)、Bioinformatics Open Source Conference (BOSC) などの国際学会での発表、BioHackathon などのハッカソンイベントでのグループ開発などがある。

Workflow Meetupは、Pitagora Networkより広範囲な計算インフラ情報全般のノウハウや最新情報の共有を行っている。コンテナ技術についてはデファクトスタンダードの Dockerだけでなく、遺伝研スパコンなどで採用の実績がある Singularityについてもピアサポートを行っている。またワークフローの記述言語や管理システムはパイオインフォマティクス用のものだけでなく、機械学習用のもの (Jupyter NotebookやMLOpsツール全般) に関しても取り扱っている。

CWLに関しては、このコミュニティからその詳細を知り、CWL自体の開発にも貢献する開発者が複数現れている。そのためCWLを使う上でわからないことがあればWorkflow Meetupで聞いていただくことですぐに解決するケースが多い。ピアサポートはSlackで行うだけでなく、Meetup中のハンズオン形式でも行っている。(先に述べたワークフロー記述言語の特徴から、このハンズオンでは従来ネックとなる環境構築や計算実行方法の共有に手間取ることが無い点を強調したい。) またCWLだけではなく、NextflowやSnakemakeのユーザーもコミュニティ中に存在し、ウェブサイト (<https://workflow-meetup-jp.github.io>) にはそれらのベストプラクティスを提供することを心がけた日本語の情報をまとめている。

メンバー募集

上記の意義に共感していただける方には是非<https://workflow-meetup-jp.github.io>をご参照の上我々のSlack

ワークスペースにご参加いただきたい。Pitagora Network、Workflow Meetup共に毎月1回のペースでバーチャルミーティングを行っている。我々が扱う対象は基本的に「インフラ」であるため、その意義や効果は理解されにくい。しかし必ず研究の再現性の向上に役立つ。こういった縁の下での力持ち的な役目を一人で背負い込んでしまっている方は、是非我々のコミュニティでお互いに助け合い、少しでもその荷を軽くしてほしい。

Afgan, Enis, Dannon Baker, Bérénice Batut, Marius van den Beek, Dave Bouvier, Martin Cech, John Chilton, et al. 2018. “The Galaxy Platform for Accessible, Reproducible and Collaborative Biomedical Analyses: 2018 Update.” *Nucleic Acids Research* 46 (W1): W537–44.

Amstutz, Peter, Michael R. Crusoe, Nebojša Tijanić, Brad Chapman, John Chilton, Michael Heuer, Andrey Kartashov, et al. 2016. “Common Workflow Language, v1.0.” figshare. <https://doi.org/10.6084/M9.FIGSHARE.3115156.V2>.

Di Tommaso, Paolo, Maria Chatzou, Evan W. Floden, Pablo Prieto Barja, Emilio Palumbo, and Cedric Notredame. 2017. “Nextflow Enables Reproducible Computational Workflows.” *Nature Biotechnology* 35 (4): 316–19.

Goble, Carole A., Jiten Bhagat, Sergejs Aleksejevs, Don Cruickshank, Danis Michaelides, David Newman, Mark Borkum, et al. 2010. “myExperiment: A Repository and Social Network for the Sharing of Bioinformatics Workflows.” *Nucleic Acids Research* 38(suppl_2): W677–82.

Köster, Johannes, and Sven Rahmann. 2012. “Snakemake--a Scalable Bioinformatics Workflow Engine.” *Bioinformatics* 28(19): 2520–22.

Oinn, Tom, Matthew Addis, Justin Ferris, Darren Marvin, Martin Senger, Mark Greenwood, Tim Carver, et al. 2004. “Taverna: A Tool for the Composition and Enactment of Bioinformatics Workflows.” *Bioinformatics* 20(17): 3045–54.

Oxford Journals-JSBI Prize受賞報告

大上 雅史 (東京工業大学情報理工学院)

2020年度のOxford Journals - JSBi Prizeを受賞致しました大上です。この度は栄誉ある賞を賜り、大変ありがとうございます。昨年の第9回生命医薬情報学連合大会 (IIBMP2020) で授賞式が行われ、受賞講演の機会を頂戴しました。新型コロナウイルス感染症拡大防止の観点からZoom Webinarによるオンライン開催となりましたが、幅広く多くの方に講演を聞いて頂ける機会となったことを有り難く思っております (当日は230名ほどの方がアクセスされていたかと思います)。Oxford Journals - JSBi Prizeは日本バイオインフォマティクス学会の若手研究者賞にあたります。過去の受賞者 (<https://www.jsbi.org/about/oxford-journals-jsbi-bioinformatics-prize/>) をご覧頂くと、まさに今第一線で我が国のバイオインフォマティクス分野を牽引されている方々がずらりと並んでおり、なんとなくその位置付けが把握できるかと思えます。ここに名前を連ねるということは、過去受賞された諸先輩方に並んで広くバイオインフォマティクス分野への貢献が期待されていることに他ならず、その重責を実感しております。

少し大上の自己紹介を致します。私は石川工業高等専門学校で電子情報工学を、東京工業大学で情報工学を学んだ、いわゆる情報系の人間です。高専のカリキュラムに生物がなかったこともあって生物学とは接点がまるで無かったのですが、高専での卒業研究 (2006年) でGolubらのマイクロアレイ解析による疾病分類のデータ (Golub TR, et al. Science, 286, 1999) を題材にした研究に取り組んだことがきっかけで、バイオインフォマティクスという学問に興味を持つようになりました。その後東工大に編入学し、やはり卒業研究でバイオインフォマティクスに取り組み、そのまま東工大で学位を取得しました (2014年)。修士1年の頃に初めてJSBi年会 (九州大学、2010年) で発表させて頂いたことは、(その後に諸先輩方にくっついて博多の街を訪れたことも含めて) 今でもよく覚えています。

東工大在学中は、タンパク質間相互作用を予測するという研究に主に取り組んでいました (今も続けているテーマです)。計算でタンパク質の予測をという文言からはアミノ酸配列を使った教師あり学習が想像されがちですが、機械学習ベースの方法はどうしても似た配列のデータに予測結果が引き摺られてしまいます。だったらもうちょっと物理っぽい計算をしたら良いじゃないかということで、私はタンパク質の立体構造情報を使うことに着目しました。ただし真面目に物理の計算をしようとすると、例えば分子動力学法でタンパク

質のペア (複合体) を100 μ 秒計算するみたいな話になります。これは専用計算機でも1ペアにつき数週間かかるハードな計算 (Pan AC, et al. PNAS, 116, 2019) ですので、そう簡単にはできません。ましてや、未知のタンパク質間相互作用のスクリーニングのように計算手法を使いたい場合は、100万ペアぶんくらいの計算はサクッとできてほしいところです。とにかく速い計算であることが重要でした。

計算を速くするためのアプローチは色々あります。速いアルゴリズムを考える、真面目な計算を諦める、プログラムをチューニングする、マルチコア向けの実装をする、スパコン向けの並列化をする、などなどーこれら全てに取り組んで、できたのがMEGADOCKというソフトウェアです。色々な幸運が重なって、スパコン「京」の全ノードを使ったMEGADOCKの計算を行うことができましたし、また東工大のスパコンTSUBAMEがGPU搭載型 (世界初) だったため、GPU並列化もほとんど前例がなかった頃でしたがGPU計算の研究にも取り組むことができました (Ohue M, et al. Bioinformatics, 30, 2014)。

スパコンの力もあり、2014年には1日あたり数百万ペアのタンパク質間相互作用の予測が可能となります。新しい技術を作ったら、今度はその技術による新しい発見や、技術の普及にも興味を持つようになりました。2018年に発見したDDX6とTROVE2のタンパク質間相互作用は、MEGADOCKによる予測と実験の協働で得られた成果の代表例です (Kami D, et al. PLoS ONE, 13, 2018)。たくさんの計算が可能であることを生かして、あらかじめ計算しておいた予測結果のアーカイブも作りました (Hayashi T, et al. BMC Bioinform, 19, 2018)。大きな計算環境はスパコンだけでなくクラウドでも簡単に手にできる時代になり、環境に合わせてdocker/singularityコンテナを構築できるワークフローも開発し (Aoyama K, et al. SCFA2020)、より気軽に「網羅的なタンパク質間相互作用予測」を行えるようになりました (Aoyama K, et al. PDPTA'19; Ohue M, et al. PDPTA'20)。

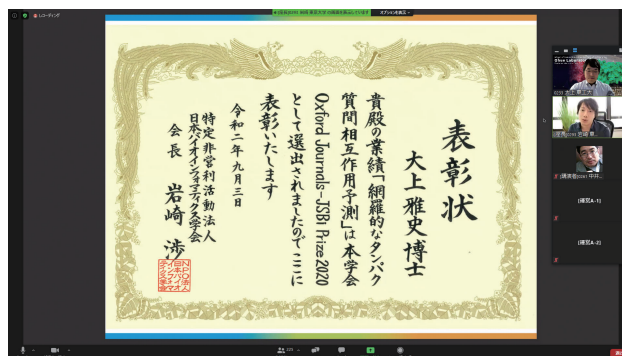
9年前のJSBiニュースレター第25号 (2012年9月) で、当時学生だった大上は「凄いい生命情報科学研究を目指す」と言っ



ていました。網羅的なタンパク質間相互作用予測の研究が凄いかどうかはさておき、バイオインフォマティクスという学問は生物学へ「こんなに凄いことができるんだ！」ということを提示し続ける必要があると思っています。10年後のバイオインフォマティクスみたいな話はよく話題に上りますが、情報科学に限らず実験技術の発展も凄まじく、10年後の姿は私には全然想像できません。ただ、スパコンは10年で1000倍の性能になります。1000倍の計算機があったら何ができるか、網羅的なタンパク質間相互作用予測を超えて、

低分子や中分子によるタンパク質間相互作用の自在な制御ができるんじゃないか、できたら凄いいんじゃないかと妄想して、実現する技術を作っていきたいと思っています。

最後になりますが、推薦頂いた東京工業大学の秋山泰先生、選考委員の先生方、共同研究者の方々をはじめ、関係の皆様深く感謝を申し上げます。また、本研究テーマは様々な研究資金・制度の支援によって進められました。ここに感謝の意を表し、受賞報告と致します。



日本バイオインフォマティクス学会賞受賞報告

中井 謙太 (東京大学医科学研究所)

このたび、日本バイオインフォマティクス学会で新しく創設された学会賞をいただきました。紹介者を務めてくださった五斗先生をはじめ、関係者の皆様方に深く感謝します。ちなみに受賞理由は「種々のゲノム配列情報解析、特にアミノ酸配列中の細胞内局在化シグナルの予測法開発」でした。

本学会賞は、JSBi へのこれまでの貢献をねぎらう意味もあるようなので（誤解でしたらすみません）、まず私とJSBiとの関係についてご紹介させていただきます。私は本学会の初代会長である金久先生の研究室で学位を取得させていただいたご縁もあり、本学会の立ち上げ時期から少々関わらせていただきました。学会初期の仕事としては、日本バイオインフォマティクス学会編「バイオインフォマティクス事典」（共立出版 2006）の編集作業が特に思い出に残っています。2006-2007年度には会長も務めさせていただきましたが、そのときに東工大の秋山先生らがJBIC（バイオ産業情報化コンソーシアム）で数年間行ってこられたバイオインフォマティクス技術者認定試験をJSBiで引き継ぎました。以来、JSBiとしては2007年度から2020年度に至るまで、途切れることなく毎年試験を実施してきました（今年度は2021年2月に実施予定です）。その間、例えばほとんどの事務局作業を私の研究室でお引き受けしてきました。認定試験の意義に関しては、学会内部でもかなり意見が割れて、何度も存続の危

機に直面しましたが、近年は受験者数も着実に増加し（これについては、長浜バイオ大の白井先生をはじめとする多数の先生方のご努力の賜物ですが）、今ではJSBiの主要事業の一つとして恥ずかしくないものに育ったといっても過言ではないでしょう。今年度から始まる新方式（CBT）もぜひ軌道に乗ってほしいと願っています。

さて、肝心の研究についてですが、こちらもちろん多くの皆様方のお世話になってきました。受賞理由の主要なものである、タンパク質の細胞内局在の予測研究についてですが、これは私が金久研究室で大学院生をしていたときに始めたものです。当時、cDNAから得られたアミノ酸配列データベースが急速に成長しており、またいわゆる各種生物のゲノム計画も開始されつつあったことなどを背景に、機能未知のアミノ酸配列から得られる情報に興味が持たれていました。いわゆるホモロジー検索が隆盛を極めており、その他には「やらないよりはまし」と揶揄されていた二次構造予測くらいしか解析方法がなかったのが、配列相同性によらない有用な情報として、タンパク質の細胞内局在に目をつけました。実は修



士のときに、アミノ酸配列の翻訳後修飾（N-グリコシル化とリン酸化）の予測を試みたものの、それらの予測には、細胞外に分泌されるか否かなどの、局所的なアミノ酸配列情報を越えた情報が必要であることを痛感したこともありまし。また、当時、金久先生からエキスパートシステムについてご教示いただき、ある意味雑多な知識の集まりである、様々な局在化シグナルや膜タンパク質のトポロジー、アミノ酸組成などの情報を総合的に活用する手段として、いわゆる知識ベースのアプローチが適しており、これはゲノム情報の解釈を行なっていく上で重要な方法論になるのではと考えて、PSORTという予測システムを作りました。そして、これを当時急速に広がりつつあったインターネット上のウェブサーバとして公開したこともあり、このシステムが世界的に認知されることになりました。また、その後、UCバークレイで最新のAI研究を学んでこられたPaul Horton博士（現在、台湾の国立成功大学）から、機械学習のことを教わり、その中でもk-NN法が有効であることが彼の研究でわかったことで、

PSORTは新しく生まれ変わりました（PSORT II / WoLF PSORT）。現在、PSORT関連の主要論文3報が1000回以上引用されています。その後、私は同様のアプローチが、ゲノムDNAの転写制御領域の解釈に使えないかと考えて、研究を続けています。こちらの方はまだそれほど注目される成果は上がっておりませんが、最近のシングルセルトランスクリプトーム情報などを活用して、新しい展開ができるのではないかと期待しています。このような私の経験から、若い方々に一言申し上げるとすれば、私の研究が評価された主な要因は、やはり当時タンパク質の細胞内局在予測という枠組み自体がほとんどなかったことだと思います。すでに業界でホットな問題を追うだけではなく、新しい問題を見つけて育てていく姿勢こそが研究の醍醐味なのではないかと思います。

最後に、ここにお名前をあげられなかった多くの共同研究者や学生の皆さんにお世話になりました。ここであらためてお礼を申し上げるとともに、本学会のますますの発展を祈念します。

年会開催報告

2020年日本バイオインフォマティクス学会年会・第9回生命医薬情報学連合大会 開催報告

大会長 山西 芳裕（九州工業大学大学院情報工学研究院）

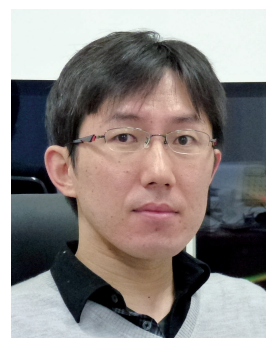
本年度の年会は2020年9月1日から3日まで、オンラインで開催されました。本大会は2012年から生命医薬情報学連合大会として開催されてきましたが、第9回目となる今回は昨年を引き続き日本バイオインフォマティクス学会（JSBi）と日本オミックス医学会（旧日本オミックス医療学会）の2学会合同大会として共催となりました。

当初は福岡県北九州市の北九州国際会議場での開催を計画していましたが、新型コロナウイルスの感染拡大の影響で、開催形式をオンラインに急遽変更しました。JSBi年会のオンライン開催は初めての試みで、試行錯誤しながらの開催準備となりました。前例がないので大会前は不安だらけでしたが、最終的に1,050名の方にご参加いただき、過去最高の参加人数を記録するなど、大変盛況な会となりました。スポンサー企業として27社様にご支援いただきました。至らぬ点多々あったかと思いますが、なんとかやり遂げることができ、安堵しております。ひとえに大会実行組織をはじめとする運営に関わってくださった皆様、大会のスポンサーとなってくれた企業・団体の皆様、そして参加者皆様のおかげです。JSBi理事長・理事・幹事の先生方にも多大なご協力をいただきました。この場を借りて厚く御礼申し上げます。

本会では「データ駆動型研究が切り開くヘルスケア：AI・ビッグデータ時代の生命医薬情報学」をテーマに掲げました。学術研究や産学連携におけるバイオインフォマティクスの重要性を考え、大学や研究機関だけでなく、民間企業や医療機関など、様々な立場の参加者が発表

および議論できる企画セッションを用意しました。「創業AI」「マルチオミクス」「未病・先制医療・健康長寿」「シングルセル」「創業現場」「ケモインフォマティクス」などのセッションを設けて、各分野で活躍されている研究者にご登壇していただき、熱い議論が展開されました。また、有田正規先生（国立遺伝学研究所）のご提案により、「データサイエンティスト養成セッション」を開催し、生命情報・DDBJセンターの先生方のご支援で、初心者向けから実践者向けまで幅広いデータ解析の講義をしていただき、多くの方に参加していただくことができました。

基調講演では、中山敬一先生（九州大学生体防御医学研究



所)、萩原正敏先生(京都大学大学院医学研究科)、合原一幸先生(東京大学国際高等研究所、東京大学ニューロインテリジェンス国際研究機構)より、それぞれ生命科学、創薬科学、数理科学の最先端の研究についてご講演いただきました。中山先生からはプロテオミクスによるワールブルグ効果の謎の解明、萩原先生からはスプライシングに着目した創薬、合原先生からは未病・先制医療への数理モデルに関する最新の研究成果をご紹介いただき、時間内に収まりきれないほど多くの質問が参加者から出て、非常に活発な質疑応答の時間になったのが印象的でした。

他学会と連携した合同シンポジウムも開催いたしました。日本メディカルAI学会との合同シンポジウムでは「医療AI」をテーマに、日本メディカルAI学会代表理事である浜本隆二先生(国立がん研究センター研究所)に医療現場におけるAIの現状についてご講演いただくとともに、医療におけるAI応用の課題について議論しました。日本オミックス医学会との合同シンポジウムでは「COVID-19とバイオインフォマティクス」をテーマに、政府の新型コロナウイルス感染症対策分科会でもご活躍されている押谷仁先生(東北大学大学院医学系研究科)をお招きし、COVID-19の疫学解析から見てきた課題についてご講演いただき、COVID-19に対するバイオインフォマティクスの取り組みについて議論しました。

例年通りの口頭発表・ハイライトトラック・ポスター発表のセッションにも多数の応募をいただき、プログラム委員による選考の上、口頭発表は15演題、ハイライトトラックは8演題、ポスターセッションは77演題を採択し、発表していただきました。最終的に最優秀口頭発表賞を1件、優秀口頭発表賞を2件、優秀ポスター賞を14件、表彰いたしました。

今回の優秀ポスター賞は参加者の投票で選ぶ形式にしたため、同じ票数の人が並んで件数が多くなりました。ワークショップセッション(旧BoF)は7企画が選ばれ、代謝、若手研究者、質量分析、臨床検体、データ駆動型医療、バイオデータベース、スパコンなど幅広いトピックとなりました。キャリアパスセッションでは、JSBiの賛助会員の企業を中心に10社からご講演いただき、企業と研究者をつなげる機会を作っていただきました。

本会の特別ゲストとして、参議院議員・内閣府大臣政務官(大会開催時)の今井絵理子先生に参加していただきました。政治家の先生の参加は、今回が初めてだったかもしれません。今井先生、JSBi理事長の岩崎渉先生、大会長の私(山西)の3人での対談セッションを設け、科学技術政策のビジョン、若手研究者・女性研究者の現状や課題などを議論しました。参加者からの質問やリクエストも受け付け、意見交換などもできたので非常に有意義だったのではないかと思います。

毎年恒例の一般公開シンポジウムでは、「健康で長生きするヒントを探そう!」というテーマで、科学的な視点から健康で長生きするための秘訣について議論しました。アカデミックや企業の専門家に、一般の参加者にとっても理解しやすいように噛み砕いてご説明いただきました。今井絵理子先生にも引き続きご登壇いただきました。非常にリラックスした雰囲気の中、参加者全員が一体となって議論でき、健康分野のサイエンスを楽しむことができたのではないかと思います。

最後に、素晴らしい発表をしてくださった招待講演の先生方をはじめ、発表者、スポンサー、参加者の皆様に、この場を借りて、重ねてお礼申し上げます。また、大会運営を支えてくれた九州工業大学山西研究室のスタッフ・学生の皆様には、心より感謝いたします。

国際会議参加報告

ISMB 2020

飯田 緑(九州工業大学 大学院情報工学研究院 生命化学情報工学研究系 博士研究員)

第28回Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB) が2020年7月13日から16日に開催されました。ISMBは毎年多くの国や地域から参加者が集まる、バイオインフォマティクス分野の最高峰の学会で、本年の参加者数は約2,400名でした。これまでISMBは、現地開催を主な開催手法としてきましたが、今年はCOVID-19感染防止対策のため、カナダ・モントリオールでの開催予定を変更し、オンライン開催となりました。このため、私にとって、初のISMBへの参加は、初めてのオンライン学会への参加ともな

りました。質疑応答など初めての状況に戸惑うことはありましたが、オンラインでの国際学会参加は、お財布にも家族にも優しい、たいへん実り多いものとなりました。開催地や大会の雰囲気を伝える写真はありませんが、本稿ではオンライン開催されたISMB2020の様子をお伝え



したいと思います。

オンライン学会では、現地に必要がなく、特設サイトから学会に参加することができました。福岡からモンテリオールまで行く時間（最短でも22時間）を全て学会参加に費やすのはオンライン学会ならではの利点だと思います。また、現地開催の場合、1週間程度家を空けなくてはならないため、小さい子やペットのいる方が国際学会へ参加するときには、家族やパートナーからの惜しめない協力が必要です。しかし、オンライン開催された本学会では、通常の生活をしつつ、国際学会に参加することができました。このため、私自身も一歳の息子連れて（置いて）海外に行かなくてすみ、家族への負担がかなり軽減されました。さらに、学会参加費は通常より安く設定され、航空券やホテルの手配もする必要がなかったため、通常の国際学会よりもかなり安く手軽に参加することができました。

本大会では、口頭発表がzoomを通じて行われました。時差を考慮し、一部の講演についてはオンデマンド配信も実施されました。このため、現地開催では通常一度しか聞けない口頭発表が、納得のいくまで何度でも視聴でき、発表内容だけではなく、わかりやすいスライドの作り方や話し方など細かな点まで勉強することができました。また、同じ時間帯に聞きたい発表が複数あるときも、どれかをライブで視聴し、他の発表はオンデマンドで見られたため、オンサイトの学会よりも、より多くの興味ある発表を聞くことができました。ポスター発表は5分程度の短い動画とポスターのPDFをいつでも視聴できました。ポスター発表の質疑応答は、特設サイトから、質問を書き込む形で行われました。このため、質問者が質問してから、発表者が回答をするまでに時間がかかりましたが、これまでの質問とそれに対する答えが表示されるので、効率的に質疑応答ができました。また、コヒープレイクの代わりにslackのワークスペースが提供され、24時間いつでも他の研究者と交流をはかることができました。

本大会の基調講演は、最前線で活躍するElaine Mardis氏 (The Ohio State University, USA)、Xiaole Shirley Liu氏 (Dana-Farber Cancer Institute, USA)、Jian Peng氏 (University of Illinois, USA)、Laxmi Parida氏 (Watson Research Center, USA)、Steven L. Salzberg氏 (Johns Hopkins University, USA) の5名の研究者によって行われました。その一人であるLaxmi Parida氏の講演では、疾患ゲノミクスやメタゲノミクスなどのゲノミクス分野の問題を解決するために、一見全く関係がないと思われる学問分野であるトポロジーや統計学的学習分野の手法を組み合わせることが役立つということについて、事例を交えつつ最新の取り

組みが紹介されました。

ISMBでは近年、Communities of Special Interest (COSI) と呼ばれる共通の研究分野に関心がある研究者が集い、議論を深めるための枠組みが重要視されています。本大会では、“Covid-19 Special Track” という新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) に関する発表を集めたトラックが特別に設けられました。このトラックでは、近年注目されている、ネットワークラベル伝播法というネットワーク生物学の手法を用いてCOVID-19の薬物標的を探索するという研究がJeffrey N. Law氏 (Virsinia Tech, USA) により紹介されていました。また、“Network Biology Communities of Special Interest (NetBio)” のキーノートである、Albert-Laszlo Barabasi氏からもヒトの分子相互作用ネットワークを用いてCOVID-19の薬物標的を探索し、探索された標的をもとに臨床試験を計画しているという発表が7月の段階でされていました。これらの発表からは、創薬分野におけるネットワーク生物学の有用性がうかがえました。

本大会で私は、「NetBio」のCOSIにおいて「分子間相互作用ネットワークに基づいた病気の類似性から創薬標的や治療薬を探索する」という内容で口頭発表を行いました (Proceeding Track投稿数329報・採択率19.4% ; Iida et al., Bioinformatics, 2020)。発表時間は20分間で、発表はあらかじめ録画しておいた動画が流れるため、音声は途切れたり、時間を超過しまったりという心配はありませんでした。質疑応答は視聴者が“Q and A”に書き込んだ質問を座長が読み上げる形で行われました。このため、音声は遠く聞き取りにくい、訛りが強く発音している単語がわからない、知らない単語だといった、オンサイトでありがちなトラブルはありませんでした。一方で、“Q and A”形式では発表者が質問に答えたら終了なので、質問者の意図や反応がわからず、質問に正確に答えられているのか、質問者が満足する答えだったのかはわかりません。質疑応答は、質問者の表情や反応をみながら行う方がより深いディスカッションになると感じました。

初めてのオンライン開催のISMB2020は、遊び盛りの1歳児を寝かしつけ、眠い目を擦りながらの参加となりました。質疑応答が難しい場面もありましたが、安く手軽に質の高い発表をたくさん聞くことができ、たいへん充実した国際学会参加となりました。これを機に、開催形態の選択肢が広がり、より多くの研究者が活発に議論する場が提供されることを期待しています。最後になりましたが、本研究を進めるにあたり、ご指導・ご協力いただきました山西芳裕教授と研究室の皆様、そしてこのような貴重な経験を得られる機会を支えてくれた家族にこの場を借りて御礼申し上げます。

田口 善弘 (中央大学理工学部物理学教授)

2020年9月21日から25日にオンライン国際会議(バーチャルコンファレンス)として開催された7th Annual Congress of the European Society for Translational Medicine on Covid-19 (以下EUSTM2020)に招待講演者として参加したのでこの会議の内容、および、参加の経緯、会議の様子などについて報告したい。この会議はAnnual Congress of the European Society for Translational Medicineとして毎年開催されているものでテーマが決まっており、そのテーマに沿った講演者を集めて開催するのが習いとなっている。2020年の会議も当初はリアル国際会議として企画されていたが、コロナ禍の発生に伴って急遽オンライン開催に移行になった。当時は元々リアルで企画された国際会議をどうバーチャル化するが手探りであったようだ。実際、3月と5月に僕が招待された、やはり、当初はリアル国際会議として企画されていたがコロナ禍の発生に伴って急遽オンライン化された別の2つの国際会議はzoomのような双方向型のツールを使って、オンラインオンリーのリアルタイム配信、または、現地でのリアル国際会議とリアルタイム配信のハイブリッドとして開催されていた。これに対し、EUSTM2020はまったく別の方法を採用した。事前に講演者から20分程度の動画を収集し、9時、10時、11時などの切りのよい時間帯に公開、その後は2週間程度の期間を切って自由に視聴可能という方式をとった。当初、この方式を聞いたときには意味があるのか、録画を一齐に公開して視聴すればいいのでは、と思ったのだが、実際に参加してみてその印象は大きく変わった。まず、1時間ごとに20分の動画というペースは、5日間にわたる長丁場の研究会にはちょうど良かった。リアル国際会議の様に、2時間講演が続いて30分程度の休み、というペースでは根気が続かなかっただろう。第2に、やはり主催者側でこういう順番で聞いて欲しいという意図がはっきりしていて、総論から各論へ、また、各論も似たものがまとまっているということで非常にわかりやすかった。実はこの国際会議の招待講演の依頼メールは僕がResearchgateに公開していたプレプリント(2020年9月に査読雑誌に公開済み)を読んだ主催者から、Researchgateのメッセージ機能を使って送られてきたものでかなりいい加減な手作り感のある国際会議なのかと思っていた。が、以下に見るようにその内容は充実していた。COVID-19に特化した国際会議ということでかなり狭い範囲のテーマを想定していたのだが、実際は逆であった。喫緊の課題であるコロナ禍の解決のためにそれこそありとあ

らゆる分野のTranslational Medicineの技術が総動員された感があり、図らずもTranslational Medicineの分野で今人類が全力を尽くしたら何ができるかの総覧の観を呈しており、非常に勉強になった。内容も純粋な実験から僕のような完全なドライの研究まで多岐に渡っており、そこをCOVID-19という軸でまとめたことで総花的になることが防がれておりよかった。さすがに5日間全部参加はできなかったが、聞き逃した分は事後に視聴できるので問題なかった。もう一つ特質すべきこととして、結局アカデミアの参加者は無料で参加登録可能になり、内容を誰でも視聴できるようになったことだ。リアルで開催されていたらこれだけの内容を無料で公開することなど無理だったろうからいわゆるバーチャルコンファレンスの未来を感じさせる国際会議だった。しかし、欠点がなかったわけではない。例えば、一応、Linkedinで講演者と質疑応答をする機会があったのだがまったく盛り上がっていなかった。この点はその後に開催された国際会議で散見されたようにSlackやDiscordと連携しておいて、講演後や講演中に参加者と講演者が質疑応答できるようにしておいた方が良かった。また、いわゆるポスター発表ができにくくなってしまったのも問題だろう。国際会議のポスター発表は若手の国際会議参加の重要なデビュー機会であるが、オンライン国際会議ではうまくポスターをやる方法が無い。たんにポスターの画像をネットで公開しても誰も来ないし、実際、来訪者との質疑応答も無理である。この2点は今後改善が望まれるだろう。前者については上述の様にSlackやDiscordとの連携で解決の兆しが見えているが後者についてはまだ解決策が見出されていないように思う。

なお、既に無料期間は終了しているが現在でもアカデミアの人は50ドル払えば全講演が視聴可能なようなので、興味ある方は今からでも登録して視聴してみたいだろうか？

7th Annual Congress of the European Society for Translational Medicine on Covid-19 (EUSTM-2020)
21–25 September, 2020 (Virtual Congress) <https://eustm-2020.heysummit.com/>





Genome Informatics 2020



河口 理紗 (コールドスプリングハーバー研究所 ポストドクトラルフェロー)

2020年はCOVID-19のパンデミックにより国内・国外の移動が制限され、国際学会にとって受難の年となったことは、研究者の皆様には周知のことかと思います。私の所属するコールドスプリングハーバー研究所でも、2020年3月にニューヨーク州で発表された緊急事態宣言以降、通年開催のミーティングが延期およびバーチャル開催へと変更されました。これを書いている今現在もバーチャルでミーティング開催が継続されており、中止されていた所内でのセミナーやサマーインターンなども内容を編成して再開されるなど、運営の尽力で少しずつ研究交流の機会が戻ってきているように感じます。しかしながら、ステイホームにより失われた体力を色々な意味で取り戻すにはまだまだ時間がかかりそうです (私はマスクしながらの階段昇降がキツイです)。

そして、今回私が参加したGenome Informaticsは、私の所属するコールドスプリングハーバー研究所と、英国のウェルカム・サンガー研究所が持ち回りで毎年開催しているミーティングです。20周年という節目にあたる年でしたがサンガー研究所主催で初のバーチャル開催となり、9月14-16日の三日間で30名の口頭発表と200人強のポスター発表が行われました。これは聴講で参加していた2019年の発表数とほぼ同じですが、全体的に開催時間が短くなったことで口頭発表の半分以上がポスター発表に割り当てられていました。私は幸運なことに口頭発表の機会をいただき、TranscriptomeのセッションにてscATAC-seqデータのメタ解析について発表してきました。

この会議で特徴的だったのは、事前に録画された口頭発表をZoom上で流したあと、セッションごとにライブでQ&Aセッションを行うといった点でした。これによりバーチャル会議特有の問題である通信の不安定化によるトラブルが避けられ、さらに時間を超過する発表者がいなくなり (!) 会議進行もスムーズになる副次的な効果がありました。私が録画をした際には、複数の時間帯から発表者に都合の良い枠を予約でき、各国の時差にも対応しやすかったのではないかと思います。一方で、Q&AセッションのZoom部屋で、録画された自身の発表を他の参加者と一緒に見るというのは、想像を絶する居心地の悪さがあったのも事実です。まだ未熟であると言われればそれまでですが、これからは自分で見ても恥ずかしくない発表をできるようになりたいものです…。また口頭発表以外にポスター発表のライトニングトークも事前録画だったため、Webシステム上の各ポスターのページにも同じ動画が紐づけられており、内容の要約をざっと把握しやすくなったのも個人的に便利な点でした。発表者の中には動画編集などを駆使して視覚的にわかりやすい動画を作ってい

る人もおり、これからは動画配信者のように自由度の高い動画による発表も珍しくなくなるかもしれません。

逆に運営の対応が難しく感じた点としては、複数の会議システム間の連携が挙げられます。Genome Informaticsでは発表者の参加するZoomの映像を外部委託の視聴覚システム上で生放送していたのですが、Zoomに負荷がかかりづらい一方、個人間で視聴時間が異なり質問のセッションで大きな時間差が生まれてしまいました。他にも、ライブQ&A以外ではウェブシステムとSlack上の両方で質問が可能だったため、発表者が質問に気付かないということもままありました。アジアの参加者から放送後アーカイブの迅速なアップロードの要望がなされた際には、翌日からすぐに対応されるようになりましたので、このような不都合に関しては参加者一人一人が臆せず要望を伝えていくことで、これから少しずつ改善されていくのではないかと思います。

以上がバーチャル会議での変更点でしたが、会議で取り扱われた研究は例年のように多岐に渡っており、特に論文 (やプレプリント) 出版前後の最新の話を知ることができる側面はある程度維持されていたように思います。キーノートではEMBLの共同ディレクターであるEwan Birneyから、この20年間にわたるバイオインフォマティクスでのデータ蓄積と共有の発展に関するトークがなされました。彼は近年COVID-19 Genomics UK Consortium (COG-UK) のプロジェクトマネージャーとしても活躍しており、英国におけるSARS-Cov2の系統解析と、そこから得られたデータをスピーディーに世界中と共有する仕組みの重要性を強調していました。また各セッションでは、Christoph BockやSmita Krishnaswamyなどによる一細胞解析のトークや、ゲノムアセンブリ、メタゲノム、進化系統解析など異なるトピックから演者がバランスよく選ばれており、各分野における最新の状況を大まかに把握し、少し離れた領域の専門家からも多様な質問を受ける機会として最適だったように思います。

バーチャルな会議の運営は世界中で共通の課題となっていますが、ある会議では (おそらく参加費や物理的移動の制約がなくなったことで)、学生や女性の参加者の増加につながったとの報告もありました。しかし、未だにアジア・欧州・米国間など離れた開催地の会議への参加は難しく、自宅で落着いて会議に参加する環境のない研究者にも依然として高いハードルが存在しているように思います。一参加者である私



としては、このようなダイバーシティを増やす仕組みについて、個人が模索する契機であると感じています。今年もまだまだ予断を許さぬ状況は続きそうですが、健康上のリスクを最小限にしつつサイエンスを活性化していくような会議のあ

り方と、次の20年後に果たしてどのような会議が行われているか、予想会を開いて皆で議論（という名の飲み会）を交わしてみるのもまた一興かもしれません。

地域部会・公募研究会活動報告

北海道地域部会報告と小さな野望のお話し

遠藤 俊徳（北海道大学 大学院情報科学研究院・JSBi北海道地域部会長）

札幌は全国に先駆けてコロナ感染拡大の緊急事態が宣言されました。年度初頭は楽観的な見通しが裏切られ、大学では原則として前期の全ての講義をオンライン実施の方針になりました。ほどなく全国にも感染拡大しましたが、北海道は全国に先駆けて小康状態となり、このまま押さえ込めるのではという期待もありました。年末にかけて再び状況が悪化していますが、実はデータ上の感染者数のピークは全国の状況よりもやはり少し前にあるように見えます。厳しめの警戒体制を継続していること、比較的早期に検査態勢が確立していることから、感染者への隔離がうまく出来ているのかも知れません。

こうした状況で、北海道地域部会としての単独の活動はあまりできていないのですが、昨年に引き続き、札幌を中心とするBio×IT活性化プロジェクトSAPPORO BI LABとのコラボレーションとしてBI基礎連続講座が1月12日から2月9日までオンライン開催されます。URLはhttps://www.noastec.jp/web/news/details/post_245.htmlです。無料開催なので興味ある方は、覗いてみてください。Bio×IT活性化となっているのは、バイオインフォマティクスが難しく実用性が低いという潜在的な認識のためでしょうか。平たく言えば、ITにバイオが入ると途端にハードルが高くなり、収益化しにくいという警戒感があるようです。分野としての興隆にはお金も大事です。世界的に見ればバイオインフォマティクスは、生命科学の一部として多くの研究者が重要性を認め、またビジネスチャンスとしても認識されているところですが、国内で軌道に乗りにくいのは、お金の問題に加えバイオの知識とコンピュータスキルの両立が難しいという苦手意識を持つ人が多いところだと思います。実際、バイオインフォマティクス検定も易しくはないので、普及用として、実用を重視した敷居の低いものを用意しても良いのかも知れません。

北大では文理併せて約2,600人の新入生がおり、「情報学」を全新生の必修科目としてきましたが、長年カリキュラムは見直されていませんでした。2016年に科目責任者になったのを機に、新しいデータサイエンスとAIに結びつく教育への改革に着手しました。北大はこの年、数理データサイエンス拠点

に選定され、数理・データサイエンス教育研究センターが設立されたので、長谷山センター長（現在、兼副学長）にご協力いただき、全学生向けのオンラインのPythonプログラミング学習システムを設計・導入することにしました。Jupyter NotebookやGoogle Colaboratoryも検討



したものの、マンモス講義における採点の壁を乗り越えられず、独自システムを一から構築する道を選んだのです。それまでは超大量のTAによる人力採点が日常でしたが、あまりの重労働にTA志願者が漸減してきており、プログラミング評価に投入することが難しくなっていたことも新システム構築の大きな要因でした。新システムは、教材を自由に改変・新規設計できるよう、コンテンツをMarkdownの拡張で記述する形とし、開発を旧研究科の卒業生で情報学の非常勤講師経験者が所属する「株式会社 えにしテック」に依頼しました。Markdownの拡張部分は、ユーザプログラムの実行・評価に必要な文法です。やや苦心したのはセキュリティで、システムには個人情報となる学生の名前や学生番号を記録せず、大学の情報システムとの間はトークンを介して接続することで、情報漏洩しても個人特定できないよう備えた点です。システムと教材プロトタイプは、えにしテックのもつノウハウと技術により、短期間に構築できました。その後、里村特任助教と博士後期課程の藤原君の協力の下、教材内容の追加と調整を行いました。余談ですが、これを活かしたR学習コンテンツもほぼ完成しています。

その後、科目責任者はローテーションで交代しましたが、令和元年度に15コマ中の3コマのみの実施で投入しました。1コマ当たり最大200名程度の同時アクセスとなるので、通信障害が不安でしたが、通信量抑制の設計により障害なく実施できました。全新生受講のため基礎的な内容に絞ったことありますが、進捗や理解度に文理差は見られず、逆に発

展課題の最後まで到達したのは文系の学生という状況でした。AI用のツールはパッケージ化されており、その利用には理論の深い理解は必要ないので、入口に立つことのできた多くの学生たちは、もっと先の未来へ進むことが可能になったと思います。学生からの評価も高く、授業評価アンケートでは「プログラミングは難しいという先入観が払拭できた」というコメントも多く見られました。苦手意識のない大量の学生が生まれることで、生命科学分野へ進む人の中からも、ピペットを扱うようにプログラミングを使いこなせる人が増えるでしょう。その人数が一定数を超えると相乗効果も期待でき、新しい発見に結びつくはずです。まだ始まったばかりですが、近い将来、学会や研究室にそうした人材が入ってくることを期待しています。

これと別に、いま小さな野望をもっています。PCR検査体制はいまだ十分でないように思われますが、この解消につながるものです。検査体制拡充が難しい要因には、高価な検査機器とそれによる高価な検査費、スループット、感染防止対応の足枷があげられます。目指すのはこの同時解消です。ご存じの通りPCR装置は温度を上げ下げするだけの非常に単純な装置で、Raspberry PIやArduinoと発熱器、冷却器を組み合わせれば、安価かつ簡便に制作できます。「でも実際は難しいんでしょう？」そんなことはありません。温度制御のノウハウも含めGPLv3でOpenPCRやNINJA PCRも公開され

ています。さらに2020年11月のMaker fair Tokyo 2020ではウィルス検出にも使えるNINJA qPCRが約3万円の原価で製作できると発表されました。必要な試薬も、蛍光色素と消光剤を除けば安価なものです。機器の費用はもっと抑えることが可能です。Raspberry PIやArduinoはシステムオンチップ (SoC) に、電源回路、クロック素子、外部接続用端子類、動作確認用LEDを実装しただけの簡単な基板ですが、SoC自体は安価 (300円程度) で、プログラム書き込みすれば独立にも使用できます。ヒーター・冷却器用電源には150W程度の安価 (3,000円程度) なPC用パーツで事足り、マイクロコントローラへの電源供給に流用可能です。その他もカスタムメイドだと高いですが、本来の材料や部品は安価で、大量生産品を流用できれば費用は抑えられます。非接触体温計と同程度に収まれば、各家庭で日常的に検査できます。家族単位なら防護服も要らず、コンタミの問題も軽微です。家族全員分を夜かければ朝には結果が見られ、スループットも十分です。検温するように日常的に自分で検査できれば発見も早く、早期受診によって効果的に感染拡大を抑えられるはずです。分散化を実現するだけで、現状の問題の大半が解消するので、プライマーを替えれば、変異型にも今後の別種ウィルスにも対応できるので、応用範囲も無限に広がります。どなたか一緒にやりませんか？



関西地域部会



中川 博之 (住友化学株式会社バイオサイエンス研究所・JSBi関西地域部会長)

2020年の関西地域部会の活動は、研究会の新しい様式を模索し続けた一年でした。当初、4月10日に開催予定であった第28回バイオメディカル研究会「医療経済と健康寿命のインフォマティクス」は、参加登録も開始していましたが、COVID-19の感染拡大を受けて延期し、最終的に8月18日に開催しました (<https://www.jsbi.org/activity/event/jsbi-relation/detail-id-121.html>)。嬉しいことに、再登録開始から数日で登録上限の100名に達しました。北海道から沖縄まで各地からご参加いただき、瞬間最大聴講者数は79名でした。医療情報を活用するためのプラットフォーム構築、フレイルの概念浸透の重要性、食用天然物等のメタボロミクスを中心としたデータベース構築、医用ビッグデータの活用事例と人材育成等、盛り沢山の内容でした。一部の講師・スタッフが会場に、残りの講師と聴衆がオンラインというハイブリッド形式に挑戦しましたが、複雑さ故に音響の問題も発生した他、進行の不手際もあったものの、講演内容については非常に好評を得ました。講師の皆様のご厚意により、講演資料は「公募研究会 2020年度 活動予定・活動記録 (<https://www.jsbi.org/activity/record/2020/>)」で公開していますので、どうぞご覧ください。

この経験を踏まえ、2020年12月4日の第29回バイオメディカル研究会「Withコロナ時代の創業」は、オンラインのみで開催しました (<https://www.jsbi.org/news/workshops/20201204-kansai/>)。登録105名に対し、瞬間最大聴講者数は70名でした。一般的なウィルス概論に始まり、新型コロナウイルスの構造・性状、世界のワクチン開発の現状、Phylogenetics, in silicoを含めた低分子創業の取り組み等、多彩かつ深いサイエンスを堪能した日になりました。参加者アンケートの反応も、第28回より良かったような印象を持っています。許可を頂いた講演資料については、前述同様に公開しておりますので、ぜひご覧ください。

COVID-19の感染は未だ終息する気配が見えず、当面は我慢の日が続くそうです。感染防止に努めつつも、時機に合うテーマの研究会を企画・開催し、学会の活性化と異分野交流によるイノベーション促進に貢献できれば幸いです。なお、関西地域部会は、2021年4月より地域部会長を交代し、新体制で臨む予定です。乞うご期待！

中国・四国地域部会

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・JSBi中国・四国地域部会長）

今回は、部会長交代の節目となりました。中国・四国地域部会の経緯については、前回にも書かせていただきましたが、本部会は、2006年に始まりすでに15年が経過しようとしています。この間に9回の「次世代バイオマーカー研究会」と4回の「次世代がんインフォマティクス研究会」を開催させていただきました。研究会活動を通じた学会員のリクルートとバイオインフォマティクスの広報という当初の役割が微力ながらも果たせていれば幸いです。また、このように継続できたことは、ひとえに学会の理事ならびに会員の皆様のご理解とご支援の賜物と感謝いたします。

さて、本来であればメタアナリシスをテーマに研究会企画を考えておりましたが、本年度はコロナウイルスの流行で、多くの会合がオンラインへ移行し方策に追われることも多く、新しい企画立案が難しい1年でした。最近はデータの蓄積も著しく、種々のデータベースの活用が容易になってきているのは周知の事実ですが、データベースを駆使したメタア

ナリシスから新しい研究の方向を創造あるいは応用することが可能になってきています。最近の論文でもメタアナリシスによる報告が増えてきています。これにはやはり蓄積されたデータの量や質が重要で、今後ますますバイオインフォマティクスの必要性が増していくと考えられます。これからの研究会には、このような点に期待したいと思います。

次年度からは、森田瑞樹先生（岡山大学大学院ヘルスシステム統合科学研究科教授）に部会長をお引き受けいただくことになります。先生のご紹介は次回、先生ご自身からいただければと思いますが、今後とも本部会へのご理解とご支援を賜りたく、どうぞよろしくお願い申し上げます。



新型コロナウイルス影響下での沖縄地域部会の活動

部会長 池松 真也（沖縄工業高等専門学校・JSBi沖縄地域部会長）

2020年のJSBi沖縄地域部会の活動を紹介させていただきます。

2020年3月頃より沖縄も新型コロナウイルスの影響がでてきました。

沖縄で予定されていた学会が中止になったり、学校の卒業式が縮小されて実施されたりしました。

そのような中で、沖縄地域部会では2019年度実施した沖縄県商工労働部ものづくり振興課の「健康・医療産業における情報技術活用促進事業」を新たに再申請し採択されました。沖縄高専を中心に、琉球大学・九州大学・鹿児島大学などと共同して事業を進めました。

新型コロナウイルスの影響で、人材育成事業の座学講義は、すべてオンラインでの講義となりましたが、東京大学大学院メディカル情報生命専攻 鈴木稔教授による特別講義をはじめ、10月3日から毎週土曜日に2時間ずつ、「生命科学分野」、「情報科学分野」、「バイオインフォマティクス分野」の講義を合計8回実施致しました。2021年1月末よりRを活用した統計実習や「RNA-Seq」データ解析の実習をスタートさせます（画像1）。

また、2020年11月22日（日）に全国政府重要政策広報展開事業に沖縄高専が採択されていたので、全国の小・中学生に向けて「沖縄高専で学ぶ生物×ICT」と題してイベン

トを開催致しました。この中で「with コロナ時代」の中でバイオインフォマティクスが活躍できることを伝えるパネルディスカッションを企画し、本学会の岩崎渉会長にも東京会場よりリモートでご登壇いただきました。本来ならば岩崎会長にも沖縄にお越しいただき、500名ほどの収容可能なホールで行う予定でしたが、当日は巨大なホールで無観客での実施となりました。この模様はYouTubeにて配信中です（画像2）。

最後に、沖縄における琉球大学や沖縄科学技術大学院大学（OIST）や企業との連携でバイオインフォマティクス人材育成を続けている沖縄高専を2020年9月30日（水）に萩生田文部科学大臣がご訪問されましたことをお伝え致します。大臣には、次世代シーケンサーを活用したバイオインフォマティクス人材育成の活動状況や「バイオインフォマティクス技術者認定試験」の最年少合格者を輩出した実績などをご説明させていただき、実際に研究に取り組んでいる学生の状況をご視察いただきました（画像3）。

以上、新型コロナウイルスの影響下で思うように活動でき



ない1年でもありました。

2021年も、是非学会にご協力をお願いし、多くの皆様に

サポートいただければと思います。どうぞ、よろしくお願い致します。

沖縄県委託事業
令和2年度「健康・医療産業における情報技術活用促進事業」

バイオインフォマティクス 人材育成講座(座学・実習)

**要申込
受講費
無料**

令和2年度の受講生を9月10日より募集開始します。
Zoomによるオンライン配信により受講(座学のみ)
できますので、社会人の方でも気軽にご参加ください。

ここがポイント!

- ① 受講料無料：沖縄県の人材育成事業を活用し、受講者費用負担はありません。
- ② 第一線で活躍する先生の講義が聴けます。
- ③ バイオインフォマティクス技術者認定試験の内容も含んだ講義内容です。
- ④ 座学講義だけでなく、実際のバイオデータを使った実技実習を行うことで習熟度を高めます。

2020年 毎週土曜日 10時から配信

開講期間 10月3日から全8回講義
(実習は2021年2月頃実施予定)

配信方法 Zoomによるオンラインセミナー
(一部、オンデマンド方式のハイブリッドを予定)

受講対象者 社会人、研究者、学生、自治体職員等

画像1 令和2年度 BI人材育成事業応募案内



画像3 文科大臣へのBIを活用した学生研究の説明

政府広報 | 文部科学省

YouTubeライブ配信による オンライン・シンポジウム

沖縄高専で学ぶ 生物 × ICT

ウイルスって何? ウイルスにマスクは有効なの? 情報通信技術(ICT)の力で実験データを解析! 生物やウイルスの不思議を解き明かす!

小中学生の疑問に
沖縄高専の教員がわかりやすく解説!

さあ、
シンポジウムに
参加しよう!

本テーマに関する、研究者・ライフスタイル変革に取り組む企業、団体・地元自治体による講演会を行います。
登録不要で、どなたでもご視聴いただけます!

プログラム

開会挨拶及び施設説明

見えないウイルスへの向き合い方と
講演① コロナ禍における新たな生活様式について
～私達は技術とデータで乗り越えることができる!～

パネルディスカッション
講演② コロナ禍でも大活躍の
ICT(情報通信技術)について

開会挨拶

沖縄高専 生物資源工学科 教授 池田 真也
沖縄高専 情報科学部 教授 神里 市穂子
日本文学 学芸員 岩崎 渉
沖縄高専 情報科学部 学芸員 谷崎 正一
沖縄高専 専攻科 2年生 比嘉 華
沖縄高専 専攻科 1年生 川崎 日向子

2020年11月22日(日)13:00～ 約2時間～2時間半を予定

主催：政府広報 文部科学省(独)国立高等専門学校機構 後援：うるま市

詳しくはこちらから
チームNEXTステップ 検索
<https://www.gov-online.go.jp/tokusyu/COVID-19/policy/koutou-kousen.html>

YouTube
LIVE ライブ配信 参加無料!

画像2 政府広報事業 新聞によるシンポジウム案内

質量分析インフォマティクス研究会

山本 博之 (ヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ株式会社)

質量分析インフォマティクス研究会の第5回公開ワークショップ「質量分析とデータ科学で生命に迫る」を2020年8月7日にオンラインで開催した。昨年度の参加者が63名だったのに対し、今年度はオンライン開催の効果もあって3倍以上の202名の方に参加して頂いた。本ワークショップは当初、京都大学薬学部での現地開催を予定しており、当日の開催の辞は、共同主催者として京都大学大学院薬学研究科長の加藤博章先生より、本ワークショップに対する期待のお言葉を頂いた。講演は招待講演を5件、一般講演を5件、最後に招待講演者と参加者の交流のためのパネルディスカッションと意見交換会(懇親会)を行った。招待講演は、五斗進先生(ROIS ライフサイエンス統合データベースセンター)、蓮沼誠久先生(神戸大学 先端バイオ工学研究センター)、三浦信明先生(新潟大学 大学院医歯学総合研究科)、福崎英一郎先生(大阪大学 大学院工学研究科)、石濱泰先生(京都大学 大学院薬学研究科)と、バイオインフォマティクス・メタボロミクス・プロテオミクス・グライコミクスの各分野で世界的

に著名な先生方にご講演頂いた。パネルディスカッションと意見交換会では、質量分析のウェットな研究者の先生方から、質量分析データを扱うバイオインフォマティクスに求めることとして、質量分析データの性質を良く理解した上で解析することの重要性が指摘された。最後に、本ワークショップ招待講演の録画は、DBCLS



の小野浩雅氏の協力によりDDBJvideoとTogoTVで公開されている(本研究会のwebページからリンク済み)。また招待講演の内容紹介を含む研究会活動報告を、*Journal of Proteome Data and Methods*誌に“Japan Computational Mass Spectrometry Meeting 2020 Activity Report”として発表した(Yamamoto *et al.*, *JPDM*, 2, Pages 5 (2020))。



リレー紹介：日本のバイオインフォマティクス研究室

九州大学 生体防御医学研究所 情報生物学分野(須山研究室)

菊竹 智恵 (九州大学 生体防御医学研究所 情報生物学分野 助教)

九州大学生体防御医学研究所は福岡市東区の馬出キャンパスにあります。馬出キャンパスは、大学病院と医歯薬看護系の学部しかないためとても小さなキャンパスですが、福岡市の西の果てに引っ越した伊都キャンパスと違い、福岡空港から地下鉄で15分程度の距離にある立地の良いキャンパスでもあります。生体防御医学研究所は学部組織を持たない独立研究所で、約20の研究分野(研究室)は「生体防御」をテーマに、疾患、免疫、発生、オミクス等の研究を行っています。

その中の1つである情報生物学分野は、馬出キャンパスのウェストウィング7階という非常に見晴らしの良い場所にあります。須山幹太教授をはじめ、助教2名、スタッフ2名、学生10名(博士課程2名、修士課程3名、学部生3名、研究生2名)



というなかなかの大所帯です。この他に、バイオインフォマティクスを学びたい方や自前のデータを解析したい方、高専生の受け入れも行っています。また、共同研究も積極的に行っています。2つの大部屋に助教、スタッフ、学生を2分割して配置しているため、ひとりひとりのデスクスペースは非常にゆったりとしています。お昼ごはんは、休憩室（通称お茶部屋）で教授を交えた全員でワイワイしながら食べます。また、定期的にイベントを行っており、皆で作った鍋やカレーを食べたり、研究室旅行に出かけたりして親睦を深めています。（※現在は新型コロナウイルスの感染拡大のため、残念ながらほとんどのイベントが中止になってしまいました）

情報生物学分野に来る学生のバックグラウンドは工学系、農学系、理学系、医学系と様々です。ほとんどの学生はドライ解析の経験はなく、研究室に入って一から解析方法について学びます。それでも、半年もすると慣れてきてガリガリとコードが書けるようになります。私自身もウェットの研究室出身で、この研究室に入ってから初めてドライ解析を学びました。はじめは苦労しましたが、ウェットの研究もわかるドライ研究者として様々な場面でこれまでの経験が役に立つことが多いなと実感しています。

情報生物学分野では、各自の知識の底上げを図るため、ゼミに力を入れています。ゼミは3つあり、輪読（学生のみ参加）、論文紹介（全員参加）、進捗報告（全員参加）を毎週す

べて行っています。輪読では英語の教科書を担当になっている学生が読み、日本語に訳しながら内容を説明します。論文紹介では担当者が選んだ論文の説明を行い、内容についてディスカッションします。進捗報告ではこれまでに行った解析や結果の説明を行い、今後の方針についてディスカッションします。これらのゼミでは、共有のgoogle docを議事録として使っています。発表を聞きながらその場で意見やアドバイスを1人1つ以上書き込んで共有するようにしています。このgoogle doc議事録により、集中して発表を聞くことができるだけでなく、より深い議論ができるようになりました。

情報生物学分野では「様々な公共データを使って得た新しい知見を生物学的に解釈する」という研究方針のもと、解析結果が生物にとってどのような意義があるのかを明らかにすることを目指しています。「がん」「スプライシング」「系統解析」の3つを研究の柱として、どんなことができるのか、どんなデータが使えるのか、どんな先行研究があるのか、どんな解析を行って何を明らかにするのか、についてディスカッションを繰り返しながら研究テーマの方向性を決めていきます。私自身は修士課程の頃に研究していたがんをテーマに腫瘍内不均一性について研究しています。変異の位置や種類、タイミングとがんの進化過程との関係について、統計学的手法を用いて解析を行っています。研究室内では、染色体高次構造と遺伝子発現制御の関係、ラットの系統解析、新規エクソン活性化やスプライシング制御機構等に関する研究も進められています。多種多様な公共オミクスデータの中から、様々なデータを組み合わせて再解析するのは泥臭く地味な作業ですが、面白い結果が見つかった時のこの上ないワクワク感のために、皆で協力しながら試行錯誤する日々を送っています。

情報生物学分野で研究してみたい！、ドライ解析はやったことがないけどやってみたい！という方がいましたら、是非一度ウェストウィング7階にどうぞ。学内外の共同研究や高専生のインターンも積極的に受け入れていますので興味がある方はお気軽にご連絡ください。



研究室の集合写真



居室（大部屋）の様子



ゼミの様子

学会からのお知らせ

2021年日本バイオインフォマティクス学会年会・第10回生命医薬情報学連合大会開催概要

開催概要

日 程：2021年9月27日（月）～9月29日（水）
会 場：オンライン開催
大会ホームページ：<https://www.jsbi.org/iibmp2021/>
大会長：浜田 道昭（早稲田大学理工学術院）
テーマ：次世代の生命科学・医薬学を切り拓くバイオインフォマティクス
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：日本メディカルAI学会
情報計算化学生物学会（CBI学会）
早稲田大学理工学術院

学会議事録等

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 第23回理事会議事録

日 時 2020年8月31日（月）13:00～17:00

場 所 オンライン（Zoomを利用）

出席者 岩崎渉理事長、五斗進副理事長、荻島創一理事・幹事、尾崎遼理事・幹事、木下賢吾理事・幹事、白井剛理事・幹事、竹本和広理事、田村武幸理事、元池育子理事、藤淵航理事、山西芳裕理事・幹事、大上雅史理事・幹事、大林武理事・幹事、鎌田真由美理事、木下聖子理事、清水謙多郎理事・幹事、遠里由佳子理事、長井陽子理事、松田秀雄理事、武藤愛理事・幹事

（表決書提出）なし

以上 20名出席扱い

オブザーバ 松井求監事、遠藤俊徳地域部会長、中川博之地域部会長、倉田博之地域部会長、池松真也地域部会長、浜田道昭幹事、笠原浩太幹事、齋藤裕幹事、奥田修二郎幹事、事務局牛山絵美子

議 長 岩崎理事長（定款35条による）

配布資料

（審議事項参照資料）

s01 日本バイオインフォマティクス 学会賞・OJP選考規定の変更について（大上理事・幹事）

s02 名誉会員の推薦について（岩崎理事長）

（報告事項参照資料）

h02-1 年会幹事 2020年度年会の準備状況について（山西幹事）

h02-2 年会幹事2021年会概要（浜田幹事）

h03-1 2020年度（中間）貸借対照表（大林幹事）

h03-2 2020年度（中間）活動計算書（大林幹事）

h03-3 2020年度（中間）活動計算書（予算対比）（大林幹事）

h03-4 2020年度（中間）財産目録（大林幹事）

h03-5 2020年度（中間）財産目録-期末対比-（大林幹事）

h05-1 研究会幹事 2019年 公募研究会アンケート（岩崎幹事）

h05-2 研究会幹事 2020年 公募研究会アンケート（岩崎幹事）

h07 ダイバーシティ幹事 JSBi diversity report Aug2020（武藤幹事）

h10 渉外幹事報告（浜田幹事）

h11-1 連携幹事報告資料（荻島幹事）

h11-2 連携幹事連携状況表（荻島幹事）

h12-1 広報幹事 幹事報告（齋藤幹事）

h12-2 広報幹事 バイオインフォマティクス教育機関一覧（齋藤幹事）

h12-3 広報幹事 JSBi HPリニューアルについて（事務局）

より) (齋藤幹事)

h12-4 広報幹事JSBi HPデザイン案、サイトマップ案
(齋藤幹事)

h17 総務報告資料 (事務局)

h18-1 会長報告 メール審議議事録 (期間2020.03-08)
(岩崎理事長)

h18-2 会長報告 JSBiの現況 (岩崎理事長)

h24 沖縄地域部会 活動報告資料 (池松地域部会長)

(公募研究会報告資料)

公募01 2019-06 尾崎先生 RNAフロンティアミーティング

公募02 2019-03 中川先生 第27回バイオメディカル研究会
(関西地域部会)

公募04 2019a-12 平岡先生 生命情報科学若手の会第11回
研究会

公募05 2019a-13 山本先生 第2回メタボロミクスソフト
ウェア講習会

公募06 2019a-11 倉田先生 九州地域部会セミナー

岩崎理事長、五斗副理事長より第23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尾崎理事、五斗副理事長が指名され、満場一致で承認された。

議案

〈審議事項〉

第一号議案 日本バイオインフォマティクス学会賞・OJP
の選考規定の変更について

大上理事・幹事より別紙s01を基に「日本バイオインフォマティクス学会賞選考規程」ならびに「Oxford Journals-Japanese Society for Bioinformatics Prize 選考規定」について、その年の年会在開催できない可能性などを考慮した変更をしたい旨が説明された。

日本バイオインフォマティクス学会賞選考規程

【現行】

第9条 この賞の受賞者は当該年度の年会在におけるこの賞の授賞式に出席する義務を有するとともに、受賞講演を依頼された場合にはそれを受諾する義務を有する。

【変更後】

(受賞者の義務)

第9条 この賞の受賞者は、この賞の授賞式への出席ならびに受賞講演を依頼された場合には、それらを受諾する義務を有する。

(その他)

第10条 その他、本規定で対応できない事項については理事長が定める。

以上の説明を受け、慎重に審議した結果、出席した理事の議決権の過半数を持って異議なく可決された。

Oxford Journals-Japanese Society for Bioinformatics
Prize 選考規定

【現行】

(受賞者の特典と義務)

第9条 この賞の受賞者には賞状、副賞として賞金三万円、当該年度の翌年のBioinformatics 誌無料購読の特典、当該年度の翌年度の年会費免除の特典が与えられる。

第10条 この賞の受賞者は当該年度の年会在におけるこの賞の授賞式に出席する義務を有するとともに、受賞講演を依頼された場合にはそれを受諾する義務を有する。

(その他)

第11条 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。

【変更後】

(受賞者の特典と義務)

第9条 この賞の受賞者には賞状、副賞として賞金三万円、当該年度の翌年のBioinformatics 誌無料購読の特典、当該年度の翌年度の年会費免除の特典が与えられる。

第10条 この賞の受賞者は、この賞の授賞式への出席ならびに受賞講演を依頼された場合には、それらを受諾する義務を有する。

(その他)

第11条 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12条 その他、本規定で対応できない事項については理事長が定める。

以上の説明を受け、慎重に審議した結果、出席した理事の議決権の過半数を持って異議なく可決された。

第二号議案 名誉会員の推薦について

岩崎理事長より名誉会員推薦に関する覚書に基づき別紙s02を基に新規名誉会員として高木利久会員・宮野悟会員を理事会として推薦したい旨が説明された。慎重に審議した結果、満場一致で可決され、2021年3月の総会に議案として付議することが承認された。

〈報告事項〉

【各幹事、会長、総務からの報告】

1 会長補佐 (木下賢吾理事・幹事、清水理事・幹事)
特に報告事項は無かった。

2 年会 (五斗副理事長・幹事、山西理事・幹事、浜田幹事)
山西理事・幹事より別紙h02-1、2に基づき、年会的報告があった。特に、初のオンライン開催で、通常の参加者、招待講演者、一般公開の参加者、データ養成入門の参加者を含め、事前参加登録者数が約1000名となったことが報告された。

浜田幹事より次回の年会は2021年9月27日（月）～29日（水）に早稲田大学国際会議場井深大記念ホール（東京都新宿区）にて開催予定であることが報告された。

3 会計（大林理事・幹事、笠原幹事）

大林理事・幹事より、別紙h03-1～5に基づき、会計に関する報告が行われた。

4 認定試験（白井理事・幹事）

白井理事・幹事より、今年度の認定試験の開催形態をCBT試験に移行すること、試験日が2021年2月1日（月）～14日（日）になることが報告された。

5 研究会（岩崎理事長・幹事）

岩崎理事長・幹事より、別紙h05-1、2に基づき、研究会の報告があった。新型コロナウイルスに感染症により延期になった研究会は、持ち越しはせず、来年度の公募研究会募集時に改めて応募してもらうことが確認された。

6 ニュースレター（尾崎理事・幹事、松本幹事）

尾崎理事・幹事より、ニュースレター第38号を発行したこと、ニュースレターおよびロゴのデザインをリニューアルしたこと、デザインはウチダヒロコ氏に依頼したことが報告された。また、現在、JSBi Bioinformatics Review発行に向けて準備を進めていること、執筆者の積極的な推薦の依頼等の報告があった。

7 ダイバーシティー推進（武藤理事・幹事）

武藤理事・幹事より、別紙h07に基づき、男女共同参画に関するダイバーシティー推進の報告があった。男女共同参画学協会連絡会の提言・要望書およびアンケートワーキンググループへの学会としての関与について意見交換を行い、後日メールにて審議することとなった。

8 ISCB（岩崎理事長・幹事）

岩崎理事長・幹事より、ISCB Board of Directorsとして3年間務めることになったことが報告された。またアジアとして大規模な国際会議「Asian Superconference 2023（仮称）」を2023年に開催予定であることが報告された。

9 若手（大上理事・幹事）

大上理事・幹事より、Oxford Journals-Japanese Society for Bioinformatics Prizeの受賞者について報告があり、推薦の協力について改めて依頼があった。また、岩崎理事長より日本バイオインフォマティクス学会賞受賞者について報告があった。

10 渉外（浜田幹事）

浜田幹事より、別紙h10に基づき、賛助会員の特典利用状況や、ホームページのバナー広告利用状況についての報告があった。

11 連携（荻島理事・幹事）

荻島理事・幹事より、別紙11-1、2に基づき、他学会・研究会との連携について報告があった。また、連携幹事の引継ぎ資料を作成中であることが報告された。

12 広報（齋藤幹事）

齋藤幹事より、別紙12-1～4に基づき、新たなホームページを作成するために見積もり等行っていることについて報告があった。

13 人材育成（有田幹事、白井理事・幹事）

特に報告はなかった。

14 活性化（奥田幹事）

山西理事・幹事より奥田幹事への引き継ぎについて報告があった。

15 個別化医療推進（木下賢吾理事・幹事）

木下理事・幹事より、新型コロナウイルスの影響により、個別化医療推進に関する会議開催が遅れていることが報告された。

16 Genome Informatics（岩崎理事長・幹事）

特に報告はなかった。

17 総務報告

岩崎理事長より別紙h17に基づき、会員数等の基本情報について報告があった。特に、13年ぶりに会員数が650名を超えたことが報告された。

18 会長（岩崎理事長）

岩崎理事長より、別紙h18に基づき、学会の現況について報告があった。特に日本バイオインフォマティクス学会賞の名称を英訳すると、既存のOxford Journals-Japanese Society for Bioinformatics Prize (OJP) と名称が被って紛らわしい点について確認があり、すぐに名称を変えるべきではないが留意するべき点として報告された。

【地域部会長からの報告】

19 北海道地域部会（遠藤地域部会長）

特に報告はなかった。

20 東北地域部会（木下地域部会長）

特に報告はなかった。

21 関西地域部会（中川地域部会長）

中川地域部会長より、8月18日（火）に開催された第28回バイオメディカル研究会「医療経済と健康寿命のインフォマティクス」についての報告があった。学会としてZoomライセンスを保持してはどうかと提案があり、今後の開催状況により判断することとなった。

22 中国・四国地域部会（妹尾地域部会長）

特に報告はなかった。

23 九州地域部会（倉田地域部会長）

特に報告はなかった。

24 沖縄地域部会（池松地域部会長）

池松地域部会長より、別紙h24に基づき、沖縄県のバイオインフォマティクス人材育成プログラムにバイオインフォマティクス技術者認定試験の活用を進めていることが報告された。

以上

以上により議事が終了し、議長は17時00分閉会を宣言した。

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 岩 崎 渉 印

議事録署名人 尾 崎 遼 印

議事録署名人 五 斗 進 印

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。

2020年8月31日

学会の現況

有効会員数(2021年1月現在) 正会員:551名 学生会員:144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 2020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科)	池松 真也	(沖縄工業高等専門学校生物資源工学科)	
理 事	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バイオサイエンス学科)	竹本 和広	(九州工業大学大学院情報工学研究科)	
	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科)	
	岩崎 渉	(東京大学大学院理学系研究科)	大上 雅史	(東京工業大学情報理工学院)	
	大林 武	(東北大学情報科学研究科)	鎌田真由美	(京都大学大学院医学研究科)	
	木下 聖子	(創価大学理工学部糖鎖生命システム融合センター)	佐藤 健吾	(慶應義塾大学理工学部)	
	清水謙多郎	(東京大学大学院農学生命科学研究科)	遠里由佳子	(立命館大学情報理工学部)	
	長井 陽子	(Varinos株式会社 取締役、CTO)	松田 秀雄	(大阪大学大学院情報科学研究科)	
	武藤 愛	(奈良先端科学技術大学院大学データ駆動型サイエンス創造センター)			
監 事	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)	松井 求	(東京大学大学院理学系研究科)	

賛助会員一覧

(2021年1月現在、賛助会員口数および五十音順)

- ・株式会社日立製作所
- ・株式会社富士通九州システムズ
- ・エーザイ株式会社
- ・国立研究開発法人科学技術振興機構
- ・カクダス・コミュニケーションズ株式会社
- ・株式会社 クリムゾン インタラクティブジャパン
- ・塩野義製薬株式会社
- ・住友化学株式会社
- ・タカラバイオ株式会社
- ・田辺三菱製薬株式会社
- ・中外製薬株式会社
- ・株式会社ナベ インターナショナル
- ・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
- ・三井情報株式会社

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
新卒およびキャリア採用を行っておりま
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。



採用詳細は、こちらから



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



英語論文の校正なら
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。



たまるポイントをサービスの割引に使える
研究者のためのリWARDSクラブあり

enago
研究支援エナゴ
Author First, Quality First

エナゴ で検索

www.enago.jp

日本バイオインフォマティクス学会ニュースレター第39号

発行日	2021年3月30日
発行者	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 岩崎渉）
編集	尾崎遼・松本拡高（学会幹事）、牛山絵美子（学会事務局）
デザイン	ウチダヒロコ
組版	勝美印刷株式会社

編集後記

今回の特集は「バイオインフォマティクスと技術開発コミュニティ」です。バイオインフォマティクスにおいてツールや情報解析基盤の開発・標準化は極めて重要であり、その中で技術開発コミュニティがどのような役割を果たしているかについて、実際に様々なコミュニティにおいて運営者や参加者として関わる方々に執筆いただきました。本特集を通じて技術開発コミュニティへの理解や参画が進めば望外の喜びです。

コロナ禍の下、国際会議参加報告の3点が全てオンライン開催の会議に関するものであるのも今の時期ならではだと思います。今後も対面での集会在難しい状況が続くと思われる今、これらの記事の内容がオンラインでの集会のノウハウや、オンライン集会在広まったからこそ実現可能になる共同研究・開発につながれば僥倖です。

2021年日本バイオインフォマティクス学会年会・第10回生命医薬情報学連合大会（IIBMP2021）は2021年9月27日～29日にオンライン開催となります。IIBMP2021では企画委員を担当しており、幅広い分野の様々な企画を検討しています。皆さんの参加・投稿をお待ちしております！
(尾崎・松本)