



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35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.....21
特集「データの再現性・信頼性とその向上に向けた取り組み」..2	学会からのお知らせ..... 22
Oxford Journals-JSBI Prize受賞報告..... 8	学会議事録等..... 24
年会開催報告.....9	学会の現況.....27
国際会議参加報告.....10	編集後記.....28
地域部会・公募研究会の活動報告.....14	

巻頭言

オープンイノベーションに向けたデータ共有とバイオインフォマティクスの発展

バイオインフォマティクスと一口に言っても、その研究内容や応用範囲は幅広く計算機科学や数理科学をベースとする理論的な研究から、実験研究者との共同作業による生命現象の理解など様々である。その中で最も基盤となるものの一つがデータである。ビッグデータ時代となり、ゲノムデータはもとより多様なオミクスデータが産出され、データベースも整備されている。それらを利用した大規模データ解析の技術基盤としてもバイオインフォマティクスの重要性はますます大きくなっている。

公的資金により産出する大規模データや論文執筆の基礎となる研究データの多くは資金提供機関や出版社などの協力もありオープンデータとして誰でも利用できるようにすることが基本になりつつある。また、リンクトデータなどの枠組みで提供されるデータも増えつつあり、データの意味解釈や他のデータベースとの突き合わせを容易にし、よりデータを再利用しやすくするための仕組みも整備されてきた。その結果、データ管理者、データ科学者、アプリケーション開発者の生産性が向上してきた。例えばUniProtではデータベース管理コストの大幅削減につなげているし、著者が所属するデータベースセンターではアプリケーション開発を容易にするミドルウェアなどを提供している。

一方ですべてのデータがそのように使いやすく整備されているわけではなく、公開されていてもライセンス形態が明確ではなく再利用や再配布が可能か不明なものも残っている。また、データの意味解釈や他のデータベースとの突き合わせが依然困難な状況も多く残されている。むしろ、そういう状況の方が多く残されていると言ってもいいかもしれない。さらに公的資金によるサポートを受けた研究であっても、分野によっては産出したデータを全く公開しないもの、コンソーシアムなどのグループ内でのみ公開するものもある。

このような状況の中で、データマネジメントプランの提出を申請時に義務付ける資金提供機関や研究データの整備を始めている大学も増えてきているが、実際にどのようにデータを管理すればよいか、すべて公開する必要があるか、公開するにしてもどのような形で公開するべきかが分からないという研究者も多い。自分が出したデータを他の研究者に使われたくない、他の研究者が興味を持つ訳がないという意識や、産業に直接関わるデータを海外勢に使われると国益を損なうという考えもある。国の予算によるプロジェクトに企業が手



弁当で参画することもあり、そこから産出されるデータの扱いも状況を難しくしている。

これらの課題は、技術的解決が必要なものと研究者の意識改革など社会的解決が必要なものが絡み合っているが、データ共有が重要なデータサイエンス、オープンサイエンスを推進する上では、ともに解決しなければならない課題である。前者に関してはバイオインフォマティクス研究としてもデータベースセンターなどを中心として進められている。後者に関してはデータを提供したくなるような制度面も含めて整備する必要があるかもしれない。例えば、プラットフォームなどが集めている個人の購買履歴やウェブアクセス履歴などの情報を個人に帰属させつつ情報銀行などで流通させる動きがあり、バイオの分野でも同様の広がりがあるかもしれない。

いずれにせよ、データを生産する人、整備する人、利用する人の意識を合わせる事が重要であり、資金提供機関や出版社も巻き込んださらなる制度整備が重要である。この問題は10年以上前からずっと議論されてきていることでもあると思うが、バイオインフォマティクスのさらなる発展のためにも、データベース整備の一端を担うものとして、データに関わる様々なプレイヤーの橋渡し役の重要性と幅広い共有方法を検討する必要性を改めて感じている。

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

五斗進

特集「データの再現性・信頼性とその向上に向けた取り組み」

“Reproducibility”をめぐる科学界の侃々諤々

河口 理紗（産業技術総合研究所 人工知能研究センター 機械学習研究チーム 日本学術振興会 特別研究員(PD)）

—もしあなたが生まれたばかりの赤ん坊の頃に時間が巻き戻ってしまったとしたら—あなたは今と同じ人生を歩むでしょうか？もしあなたが例えば他の国の、まったく違う環境に生まれていたら、果たしてそれは今のあなたと同一と言えるでしょうか？

この問いにおける「あなた」を「細胞」にそっくり入れ替えたとき、それは心理学の分野に端を発し現在生命科学の分野でも大きな問題となっている、研究の「再現性」を問うことに他ならないのではないのでしょうか。近年の科学研究においては、高度な技術による大規模な計測と解析技術の発展により、目覚ましい進展が生まれる一方で、その複雑さによる再現性の低下が深刻な問題となってきました。ある試算ではUSの約半数の前臨床研究で、金額にして一年で280億ドルもの膨大な研究費が再現性のない研究に費やされているとの報告もあり[1]、今後の科学の発展の妨げにもなりかねない重大な課題となっています。

さらに再現性に関する研究者の実感も分野によっても大きく異なり、特に細胞や生物を扱う生命科学の分野では、物理や化学の分野と比較して研究者自身の自信が低い傾向が見られます[2]。当然再現性の担保や再現実験にはコストがかかるわけですが、これも分野によって異なることから、研究倫理の問題と同様に、生命科学の分野として満たすべき再現性の基準を考える必要があります。

改めて、再現性という言葉の意味を考えてみますと、英語でこれに対応する単語は一つではなく、Reproducibility、Replicability、Repeatabilityなどがあります。それぞれ一般に再現性、反復可能性、繰り返し性などと訳され、達成の難易度としてはRepeatability < Reproducibility < Replicabilityとして利用する傾向が高いように感じますが、実はこれらの言葉の定義は未だ統一されていないため、一例としてNeuroinformaticsの記事[3]中で紹介されたテーブルを図1に示しました。簡易的ではありますが定義の多様性があることと、特にコンピュータを用いた解析を要する分野では、実験に用いるソフトウェアと環境・データが同一かどうかの間で大きな線引きが行われていることがわかります。

各分野ごとにこれらの定義や表記方法に関する議論が必要な一方で、少なくともすべての再現性のレイヤーにおいて重要となる、解析環境を管理、統一、自動化するための取り組みがバイオインフォマティクスの分野で行われていることは、多くの方がご存知のことと思います。例えばDockerやVirtual Machineを利用した仮想化やクラウドなどを利用して環境を揃えること、そしてBioconda、Galaxy、Common Workflow Languageといった、ソフトウェアのインストールから実行結果までを規格化していくための様々な枠組みの組み合わせなどが推奨されています[4]。このときにはコードがオープンソースかどうかとも重要になってきます。一般的な

遺伝子発現の定量などでは、例えば日本製ではMaserや最近ではBioJupiesなど、データを与えるだけでユーザーの恣意性なしに結果の図の出力を自動的に行うパイプラインを利用することで、他のグループにとっても再現性の高い解析となることが期待されます。この辺りの問題はぜひ実際に取り組んでいる方に、また個別にいろいろと語っていただきたいところ です。

最後に、再現性の向上に重要な点として、現状では実験を追試できるほど十分な記述が論文でなされていないという指摘があります[5]。もし実験のプロトコルが料理のレシピであれば、小麦粉のメーカーの情報は不要でも焼く時間や温度の情報は必要とされますが、現状論文誌ではページ数の制限によって情報すべてを記載することは難しくなっています。その場合例えば実験プロトコルの共有では、Protocol Exchangeやprotocols.ioといった外部システムを利用することで、論文との紐付けを行うことができます。Starkは科学においては“TRUST ME”ではなく“SHOW ME”の精神で明確な情報をもとに議論を行うべきということを強調してお

り、個人個人でこの“Preproducibility”の問題を改善していくことが、再現性問題を解決していくための、そして他者にも自身にも有用な科学への貢献の近道となるのでは、と期待しています。

参考文献 [1] Freedman LP., et al. “The Economics of Reproducibility in Preclinical Research”, *PLOS Biol.* (2015).
 [2] M.Baker. “1,500 scientists lift the lid on reproducibility”, *Nature News* (2016).
 [3] Plesser HE. “Reproducibility vs. Replicability: A Brief History of a Confused Terminology”, *Front. in Neuroinfo.* (2018).
 [4] Grüning B, et al. “Practical Computational Reproducibility in the Life Sciences”, *Cell Systems* (2018).
 [5] Stark PB. “Before reproducibility must come preproducibility”, *Nature.* (2018)

Goodman et al. 2015	Claerbout et al. 1992 + Rougier et al. 2017	Association for Computing Machinery, 2016
Methods reproducibility (Same data and enough details for methods)	Reproducibility (Same data and setup)	Repeatability (Same team, same setup)
Results reproducibility (Independent study, different setup)	Replicability (Independent study, different setup)	Replicability (Different team, same setup)
Inferential reproducibility (Same conclusion)		Reproducibility (Different team, different setup)
医療衛生	計算機科学 (+経済、社会、行動科学)	計算機科学

参考文献[3] テーブル1を改変

ゲノム科学研究とそのデータ解析の再現性

二階堂 愛 (理研BDR・筑波大学院)

ゲノム科学、特にDNAシーケンスデータ解析は複雑である。これは、多数のプログラムとデータベース (DB) を複雑なワークフローとして組み合わせて実行するためだ。しかも、それらのプログラムとDBの多くは、他人が作ったものである。各プログラムやDBは更新され異なるバージョンが存在する。プログラムは多くの実行パラメータを持ち、それによって解析結果が異なる。

このような背景から、同じデータセットでもあっても、データ解析結果を再現するが困難になりつつある。これに立ち向かい解決せねば、ゲノム科学研究のデータ解析は、早晚、自

然科学から逸脱する。

我々の研究室では、「複雑なワークフローによるデータ解析の再現性」を担保するために、DevOps技術を取り入れている。まず、各ソフトウェアのセットアップ手順が書き下されたdockerfileやChef recipeを作成する。これらはgithubでソースコードと同様に管理することで、バージョン履歴が管理されている。またJenkinsによる継続的インテグレーションにより、ソフトウェアの日々動作が確認される。これによりソフトウェアが実行可能な形で管理され、実行の再現性が担保される。コンテナ仮想化されたプログラムは、ユーザが

意識することなく、ラボ内のPCクラスタに通常のジョブとして、ジョブ管理システムで分散実行できる。

今後の課題のひとつは、ワークフローの管理である。実際にどのようなパラメータで、どのような順序で実行したのかを管理せねば、解析結果の再現性を担保できない。現在、ワークフロー言語やそのエンジンが乱立しているが、我々もCWLやLuigi, Nextflowなどをテストしている。もうひとつの課題は、RやPythonなどで対話的に探索的にデータ解析する場合の再現性の担保である。これらはJupyter NotebookやR Markdownのような動的レポート生成システムを利用することで解決しようと試みている。

現在、ゲノム科学のトップジャーナルでは、supplement dataとして動的レポート生成システムで出力されたレポートを添付することが多くなってきた。また解析ツールをコンテナ仮想イメージで配布する例も増えている。今後は、これらを使いこなし、解析の再現性に心を配らなければ、論文として認められない時代が迫ってきており、必須のスキルとなるだろう。また解析再現性にばかり心を砕き属人的に解決しようとするのではなく、テクノロジーを最大限に活用して解決することで研究に集中できれば、研究生産性の向上に直結するだろう。

データ解析を再現するために必要な情報を実行可能な形式で記述する

大田 達郎 (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)

2015年に大きな話題となった心理学研究の実験結果の再現性に関する報告 [1] 以後、“Research reproducibility” は分野を問わず、オープンサイエンスの文脈と共に頻繁に言及されている。バイオインフォマティクス分野では、Sandveらによる “Ten Simple Rules for Reproducible Computational Research” (2013) [2] や、Goble による ISMB/ECCB 2013 Keynote [3] においてデータ解析の再現性について議論されており、いずれもデータ解析で使用したデータとコードを再利用可能な形で公開することの重要性を指摘している。2019年現在、一次データおよび使用したプログラムの公開と共有を行う研究プロジェクトは以前よりも増えているが、全てのプロジェクトにおいてデータ解析が完全に再現できると言える状況ではない。その理由の1つとして、公開された情報が、完全に同一な手順でデータ解析を反復するために充分でないことが挙げられる。そこで本稿では、データ解析の再現に必要な情報と、それを記述するためのフレームワークについて紹介する。

計算機を用いたデータ解析についての記述の対象は主に4つある (図1)。1つ目は、処理を行う実体であるソフトウェアである。ソフトウェアの名称やバージョンはもちろん、入手方法、ソースコードからビルドして利用する場合には、同一のバイナリが得られるよう、ビルド環境の情報も含まれるべきである。2つ目は、ソフトウェアの実行に際して与えられる入力である。入力データファイルの他、実行時に与えられるパラメータなどの引数が挙げられる。公共のリファレンスデータやデータベース、外部サービスのAPIなどに依存する場合にはそれらの情報も記述する必要がある。3つ目は、ソフトウェアの実行によって得られる出力の情報である。解析の再現性を評価するためには、解析結果のファイルも提供されなければならない。また、処理の過程の同一性を評価するためには実行ログも必要である。4つ目は、これらの解析

が行われる環境についての情報である。ソフトウェアが実行される計算機の情報、すなわちOS情報や、CPUやメモリ量などのリソース情報、ハードウェアの情報がこれに該当する。

バイオインフォマティクスに限らず、データ解析あるいは新規アルゴリズムの開発の過程は試行錯誤の連続である。これらの作業と並行して、解析の再現性のために必要な情報を漏れなく記述することは容易ではない。さらに、複数のソフトウェアを組み合わせる利用する、すなわちワークフローを構築して解析を行う場合には、ソフトウェア間の入出力の依存関係も記述しなければならない。そこで、データ解析やツール開発を効率化し、かつデータ解析の再現性を高めるために、データ解析の情報を記述するためのフレームワークの開発、利用が進んでいる。

まず挙げられるのが Docker [4] を始めとするコンテナ仮想化技術である。コンテナ仮想化によってソフトウェアを実行環境ごとパッケージングすることで、ソフトウェアの可搬性が格段に向上した。また、Docker における Dockerfile の仕組みを使うことにより、ソフトウェアの依存するパッケージおよびインストール手順を記述し、コンテナをビルドすることができる。しかし、依存するパッケージのバージョンの違いなどの要因で、Dockerfileでも完全に同一のイメージをビルドすることは保証されない。そのため、依存パッケージの情報を含めビルドを固定する GNU Guix のようなプロジェクトも開発が進んでいる。BioContainers [5] などのコンテナイメージを共有するプロジェクトでは、頻繁に利用されるソフトウェアが既にコンテナ化され、利用可能なことも多い。そのため、異なるプロジェクトによる共通のコンテナイメージの利用も進んでいる。

また、データ解析の記述手法として、ワークフロー管理フレームワークの利用が挙げられる。複数のソフトウェアを組み合わせたデータ解析ワークフローの構築、管理、実行を容

易にするため、多くのフレームワークが開発されている [6]。これらは特に大規模な塩基配列データの解析を必要とする分野において利用されることが多い。いずれのフレームワークにおいても、ソフトウェアの実行コマンドと入出力を指定するツール定義と、ツールの入出力の依存関係を含むワークフロー定義を記述することが一般的である。そのため、これらを用いてソフトウェアの実行と入出力についての情報を記述することにより、データ解析の情報を実行可能な形式で共有することができる。

ワークフロー管理フレームワークをワークフロー記述のファイル形式によって2種類の型に分類される。1つはプログラミング言語のように記述できるDSL型で、Nextflow [7], Snakemake [8], Workflow Description Language (WDL) [9]などがこれに該当する。もう1つはマークアップ言語のようにツールやワークフローの定義をデータとして記述する構造化データ型で、Galaxy [10] や Common Workflow Language (CWL) [11] がこれに該当する。DSL型は柔軟な記述が可能な一方で、それぞれ独自の文法を習得する必要があることから、人数が限られたグループ内でのワークフローの共有と、生産性を向上することに長けている。一方の構造化データ型の記述形式では、複雑な処理の記述が難しくなる傾向があるが、機械可読であり、他の形式とのインポート・エクスポートの実装が容易である。そのため、構造化データ型に分類されるCWLは、複数のワークフロー実行エンジン間でワークフローを共有するための記述形式として開発と利用が進んでいる。

コンテナ仮想化とワークフロー管理フレームワークによって前述の4つの記述対象はおよそカバーされる。しかし、これらのワークフローを実行する計算機環境の情報、すなわちハードウェアの情報や実行に要した時間、要した計算機リソース量についての記述が欠けている。そのため、筆者はCWLによって記述されたワークフローを対象に実行環境の情報、消費リソース量などをワークフローの構造と共に記述するためのフレームワークCWL-metricsを開発している [12]。同じくCWLの実行ログを構造化して管理するプロジェクトCWLProv [13] と共に、ワークフローを再実行する際に必要となる計算機環境の選択が容易になることが期待される。

コンテナ仮想化技術とワークフロー管理フレームワークを組み合わせることで、異なる解析者による、異なる計算機環境におけるデータ解析の再現が現実的となった。しかし、それでも同一の入力から全く同一の出力結果が得られることが期待できないケースがある。例えば、乱数を用いたアルゴリズムを含むソフトウェアでは、シード値を固定しなければ異なる結果が出力されるし、BLAST [14] のように外部データベースに依存するソフトウェアの出力結果は、入力が同じでも問い合わせ先のデータベースのエントリが更新されることで出力結果は変化する。さらに、コンテナ仮想化によって

ソフトウェアの可搬性が高まったとはいえ、GPUのような特殊なハードウェアに依存した実装を用いる解析の再現は環境によっては不可能である。商用ソフトウェア・商用データベースを用いた解析に至っては、第三者による実行が不可能となる。そのため、データ解析手法の共有にあたっては、既に述べた解析手順の記述だけでなく、記述された解析の手順が第三者によって実行されたとき、どの程度の厳密さで再現されることが期待されるか、を明示することが重要であると考えられる。すなわち、解析手順に同一の入力を与えた際、生物学的な解釈が一致すれば再現したと言ってよいのか、あるいは出力ファイルのハッシュ値が一致することを求めるのか、を解析者は意識する必要がある。

本稿で取り上げたフレームワークは科学研究の透明性向上だけでなく、エンジニアリングの生産性向上にも大きく寄与する。例えば、コンテナ仮想化を導入することで、環境構築で問題が起こらなくなる、依存関係を切り離すことでデバッグが容易になる、テストが楽になる、実装の配布が容易になる、など数多くのメリットがある。東大医科研、遺伝研、東工大など国内の大型計算機環境でもコンテナ利用のための整備が進められており、今後さらに利用が拡大されることが見込まれるため、まだ試したことのない方は是非試してみたい。筆者がCo-chairを務めるオープンソースコミュニティPitagora Network [15] では、コンテナやワークフロー管理システムを始めとしたデータ解析のためのインフラ技術の情報共有、共同開発のためのMeetupイベントを毎月都内で開催している。また、より低レイヤーなハードウェア周辺の勉強会も都内または関西地区で定期的に開催されている。どちらも参加自由なので、興味のある方はtwitter @iNutまで連絡して頂けると幸いである。

Reference

1. Open Science Collaboration. "Estimating the reproducibility of psychological science." *Science* 349.6251 (2015): aac4716.
2. Sandve, Geir Kjetil, et al. "Ten simple rules for reproducible computational research." *PLoS computational biology* 9.10 (2013): e1003285.
3. Goble, Carole. "Results may vary: reproducibility, open science and all that jazz." *Proceedings of the 3rd International Conference on Linked Science-Volume 1116*. CEUR-WS. org, 2013.
4. Merkel, Dirk. "Docker: lightweight linux containers for consistent development and deployment." *Linux Journal* 2014.239 (2014): 2.
5. da Veiga Leprevost, Felipe, et al. "BioContainers: an open-source and community-driven framework for software standardization." *Bioinformatics* 33.16 (2017): 2580-2582.

6. <https://github.com/common-workflow-language/common-workflow-language/wiki/Existing-Workflow-systems>
7. Di Tommaso, Paolo, et al. "Nextflow enables reproducible computational workflows." *Nature biotechnology* 35.4 (2017): 316.
8. Köster, Johannes, and Sven Rahmann. "Snakemake—a scalable bioinformatics workflow engine." *Bioinformatics* 28.19 (2012): 2520-2522.
9. <https://software.broadinstitute.org/wdl/>
10. Afgan, Enis, et al. "The Galaxy platform for accessible, reproducible and collaborative biomedical analyses: 2018 update." *Nucleic acids research* 46.W1 (2018): W537-W544.
11. Amstutz, P., et al. "Common workflow language, v1. 0. figshare. 2016."
12. Ohta, T., et al. "Accumulating computational resource usage of genomic data analysis workflow to optimize cloud computing instance selection." *bioRxiv* (2018): 456756.
13. Khan, F. Z., et al. "CWLProv-Interoperable Retrospective Provenance capture and its challenges." preparation. Zenodo preprint: <https://doi.org/10.5281/zenodo.1215611> (2018).
14. Altschul, Stephen F., et al. "Basic local alignment search tool." *Journal of molecular biology* 215.3 (1990): 403-410.
15. <http://pitagora-network.org>

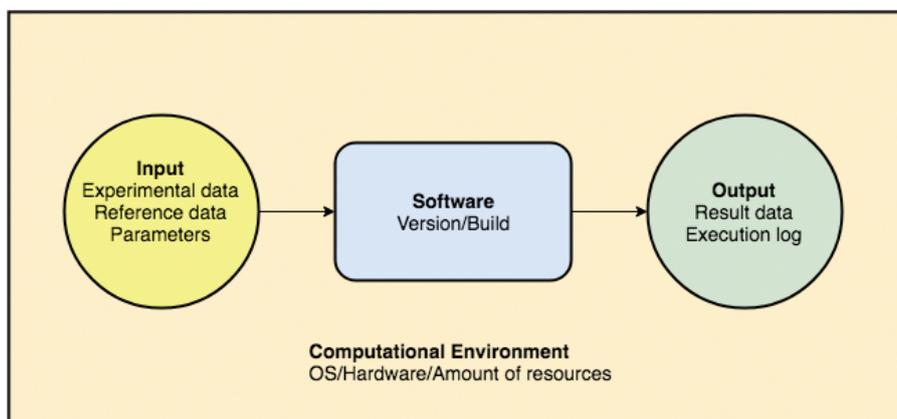


図1：データ解析を再現するために記述する4つのコンポーネント

つくるよ！ロボット実験センター！

神田 元紀（理化学研究所）

ロボット実験センターのプロトタイピングラボを作ることになりました。

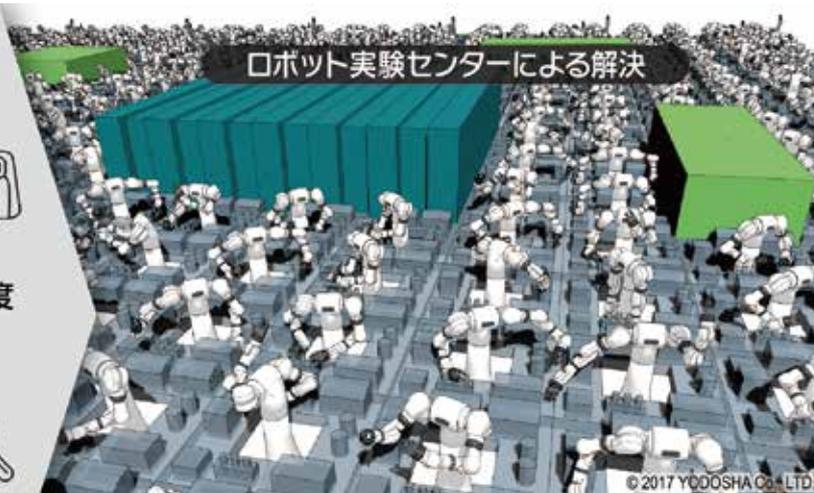
ロボット実験センターは数百台から数千台の実験用ロボットを一ヶ所に集めた施設。開設により生命科学実験のやり方が大きく変わります。研究者は手元のPCでやりたい実験のプロトコルを作り、センターに送ります。送られたプロトコルは最も効率よく実験が遂行されるようロボットに自動で割り当てられ、実行されます。実験結果はインターネット経由で研究者の手元に戻る、と。わかる人には、生命科学実験版のAWS、と言うと話が早いかも。大型機器を買う必要も手元で管理する必要もなくなります。そもそもラボに行かなくてもいいので、子育てや介護などのライフイベントと研究の両立も今よりはカンタンに。さらに、再現性や研究不正といった悩みから解放される可能性も。論文投稿の際にはセンターに送ったプロトコル実物を添付することで、論文をダウンロードした読者も全く同じプロトコルによる実験ができ、これまで有効な防止策のなかった研究上のインチキを一掃する手助けになるでしょう。

...という輝かしい未来は順調にいても十数年は先になりそう。その前段階として、まずはこの先のおよそ5年で、10台程度のロボット・分注機・解析機やそれらをつなぐ搬送用ロボットをひとつの部屋にまとめたプロトタイピングラボを整備します。プロトタイピングラボとはいえ、開発課題は山のようにあります。ざっくり挙げてみても、例えば実験系の項目だと、どの実験ができてどの実験ができないのかの検証

や、試料・試薬・プラスチック消耗品などを品質管理するしよみの整備が必要です。ロボット系では、実験ロボット間の試料を運搬するロボットの開発は当然のこととして、種類の違うロボットを一度に動かすプロトコルの書き方も確立しないといけない。情報系でいえば、全てのロボットや測定機械のデータをきちんと吸い上げるフローの整備や、実験プロトコル・実験結果・ロボットのログ・カメラの映像などの関連情報をうまく紐づける機構の開発といったところ。

研究や開発と関係なさそうなところにもやることはたくさん。物理的にどの位置にどのロボットやサンプルラックを置くのかを決める図面引きや、サンプルの搬入出のロジ整備、コンセプトをきちんと伝える様々な素材の制作は避けられません。そうそう、たくさんの企業や研究機関が参画するため、知財管理も一工夫が必要です。

いわゆる一般的な研究開発ではあまり触らない項目も多く、さまざまな方々の専門をちょっとずつお借りしながら進めています。プロトタイピングラボに興味がある！この部分なら手伝えるかも！などあればぜひぜひこっそり教えてください。特にバイオインフォマティクスや人工知能分野で当たり前にやられていることを再開発するのは避けたい。読者のみなさまと協働できれば、さらに面白い研究開発ができそうな予感もかなりしています。ともかく今はいろいろな人の意見を聞きたい段階。この文章を見た人と何かの縁ができる、なんてことがあったら、控えめに言って最高です！



ロボット実験センターによる解決

- 集約的労働形態
- 低い高額機器稼働率
- 高危険度実験
- 研究不正 低い再現性
- 無駄な再現実験

- ・研究者は実験を組み立ててオーダー
- ・実験はさまざまなロボットが協働して実行
- ・データはクラウドへ送信

© 2017 YOOOSHA CO., LTD.

Oxford Journals-JSBI Prize受賞報告

岩崎 渉（東京大学大学院理学系研究科）

このたび、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るOxford Journals - JSBi Prizeを、研究題目「生物進化・生態のバイオインフォマティクス」にて受賞させていただきました。具体的な研究の内容については昨年（平成28年）の年会でいただいた授賞式で紹介させていただきましたので、ここでは所感を記したいと思います。

今回は、平成最後の同賞の授与にあたることになりました。そこで平成という時代を振り返ってみると、これはまさに「バイオインフォマティクスの時代」でもあったのではないかと思います。ヒトゲノムプロジェクトが開始されるとともに、第1回のGIWが東京の機械振興会館で開催されたのが平成のはじめの出来事でした。1993年（平成5年）には国際会議ISMBが始まり、1997年（平成9年）に国際情報生物学会ISCBが設立されました。1999年（平成11年）にはJSBiが設立。平成のちょうど真ん中の2003年（平成15年）に、ヒトゲノムのコンプリート配列の解読が発表されました。ポストゲノム時代の期待感と緊張感の空気の中で、2005年（平成17年）に454 Life Sciences社によりGS20シーケンサーが発売され、いわゆるNGS時代が幕を開けました。そこからは、想像もしていなかったようなデータの増大にバイオインフォマティクスが“巻き込まれてきた”という印象も強いように思います。平成最初の10年と中盤の10年はそれぞれ、バイオインフォマティクスにとって青年期と壮年期にあたり、一方で平成最後の10年間は不惑に至るかと思えばそうではなく、ある意味でまた最初の10年のような状況に戻った時代だった、とも言え

るように感じています。

今年2019年は、平成の次の時代を迎えるとともに、JSBi設立20周年の年でもあります。この節目に、これまでの一連の流れを学会として振り返るとともに、バイオインフォマティクスとはどのような学問なのか、バイオインフォマティクスはどこへ向かうのか、改めて考え直すことも大事なことはないか、と思っています。そしてその中で私個人としては、生物学者が「できない」こと（あるいは「理解できない」こと）としてのバイオインフォマティクスを越えて、生物学者が「想像できない」ビジョンをバイオインフォマティクスがより強く示していかなければならないという意識を持っています。もちろん、生物学者が「できない」こととしてのバイオインフォマティクスには大きな重要性和ニーズがあり、これは、多くの生物学のプロジェクトの一部でバイオインフォマティクスが必須の役割を果たしていることにもあらわれています。しかしながら一方で、膨大なデータこそが重要であるという近年の情報技術発展のトレンドはデータを体系的に取得していくことの重要性を改めて示唆しており、バイオインフォマティクスが先導的な役割を果たして行くことの必要性も改めて浮かび上がってきているように思えます。そしてそうした段階において、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、すなわちJSBiの“ポスト平成”における新たな存在意義も立ち上がってくるのだらうと思います。

最後になりましたが、改めて推薦いただいた先生、選考委員会の先生方をはじめ、関係の先生方に深く感謝申し上げます。



2018年年会・第7回生命医薬情報学連合大会開催報告

幹事 荒川 和晴（慶應義塾大学先端生命科学研究所）

本年度の年会は9月19日から21日まで、山形県鶴岡市の荘銀タクト鶴岡及び鶴岡アートフォーラムにて開催されました。生命医薬情報学連合大会は2012年から、生命情報科学研究及び生命科学・医学、薬学研究の発展のために、日本バイオインフォマティクス学会、情報計算化学生物学会、日本オミックス医療学会の共催で開催されてきました。しかし、本年度は情報計算化学生物学会が協賛から外れ後援となり、また鶴岡への空路でのアクセスが羽田のみの1日4便に限定されるなど、地方での開催にあたっては少なからず不安な面がありました。最終的に385名の方にご参加いただきおかげさまで盛会となりました。これはひとえに、プログラム委員をはじめとする運営に関わってくださった皆様、会のスポンサーとなってくださったさまざまな企業・団体の皆様、全面的にバックアップをいただいた鶴岡市、そして鶴岡まで足を運んでくださった参加者皆様のおかげであります。この場を借りて厚く御礼申し上げます。

21世紀に入り生命科学がデータ駆動型の科学へと変貌を続ける中で、バイオインフォマティクス、そしてバイオインフォマティクス関連人材の需要や役割は高まり多様化しているものの、単体としてのバイオインフォマティクスそのもの位置づけは難しい側面があります。これは分子生物学が広がった流れにも似ていて、今や生態学や分類学などにおいてもPCRや分子のアスペクトなしに研究が成り立たないほど分子生物学は生命科学とほぼ同義にすらなりつつありますが、単体として何かに応用するのでない分子生物学とは何か、という命題が難解であることに類するでしょう。実際、現在情報学的アスペクトのない生命科学研究はほぼないほどにバイオインフォマティクスは既に浸透している時代ですが、一方で日本分子生物学会は会員数1万人を超える巨大会へと発展し、日本バイオインフォマティクス学会の会員数は数百人で横ばいの状況かと思えます。学会として何を重視していくか、どのくらいの規模を狙うのか、はポリシーによるものであって決して優劣はありません。しかし、少なくとも本年会においてはバイオインフォマティクスそのものよりも、バイオインフォマティクスが広がりゆきつつある生命科学の方に焦点をあてて企画しました。

プレナリー講演では鶴岡の慶應義塾大学先端生命科学研究所のコアテクノロジーであるメタボローム解析をはじめとするオミックス解析技術を用いたがんの代謝研究について曾我教授にお話をいただきました。また、基調講演にはカリフォルニア大学ロサンゼルス校のKosuri博士をお招きし、大規模遺伝

子合成技術を用いた画期的スクリーニング手法及びその応用研究についてご講演いただきました。いずれもヒトの医療を含めたターゲットに、最先端の分子生物学・網羅的測定・超並列シーケンシングなどを活用していますが、そのデータ解析だけでなく、実験計画にも情報科学が不可分な研究であり、フロアからの議論も大変に盛り上がったのが印象的でした。

連合大会として日本オミックス医療学会との連携にも力を入れ、AIのゲノム・オミックス医療への展開を議論した合同シンポジウムや、シングルセル解析をテーマにした企画セッションをご提案いただきました。また、例年好評であるBoFセッションは6企画をJSBi会員よりご提案いただき、メタゲノム、質量情報、医療情報などといった応用分野だけでなく、コアな要素技術としてオープンなソフトウェアプラットフォームやゲノムグラフの応用について、そしてバイオインフォマティクスへの情報科学からのインプットなど、おかげさまで全体的にバランスの良いプログラムとなりました。今回慣例となってしまうがちな演題募集締切の延長を一切せずに厳密に期限を適用させていただきましたが、一般演題としては例年を大きく上回る37件の口頭発表演題の登録があり、ここからプログラム委員の選考によって24件の演題を採択させていただきました。また、ポスター演題として96件の応募があり、こちらも熱のこもった議論が展開されておりました。最終的に、優秀口頭発表賞1件、優秀ポスター発表賞6件をプログラム委員による選考の上表彰いたしました。5件のスポンサーセッション及び2件のランチョンセミナーも最大で4会場のパラレルセッションとなる中で、各部屋でそれぞれ十分な参加者があり、また活発な議論があったことが印象的でした。ご協賛・演題後登録いただいた皆様方にあらためて御礼申し上げます。

最終日の公開企画としてバイオインフォマティクスの未来への広がりや、学会の枠組みを超えて広く柔軟に議論するため、『攻殻機動隊S.A.C.』シリーズなど多くの大人気作品のアニメーション映画監督である神山健治監督をお招きいたしました。こちらは最後まで残っていただいた多くの参加者の皆様に加え多数の市民の参加もあり、テクノロジーの未来について夢を広げる示唆に富む対談や議論が展開されました。参加者にとっても、市民の皆様にとっても、バイオインフォマティクスの未来を展望する上で刺激的な企画になったのではないかと思います。

本大会では発展し続ける鶴岡市及び慶應義塾大学先端生命科学研究所の最新状況をご覧いただく機会としても、昨年竣

成したばかりの荘銀タクト鶴岡（鶴岡市文化会館）をメイン会場とし、鶴岡サイエンスパーク内で慶應義塾大学先端生命科学研究所に隣接し、奇しくも本大会初日がグランドオープン日となった新ホテル スイデンテラスを推奨ホテルとして設定させていただきました。新しい施設のため運営委員としても勝手にわからず至らない点多々あったかと思いますが、鶴岡市の旧市街・文化的中心地での学会開催となり、これが少しでも鶴岡市の魅力をご堪能いただくきっかけになったことを願います。ホテルと会場が少し離れていたために送迎バスを運行し、皆様にはご不便もおかけいたしました。結果的に毎朝最初のセッションから各会場が盛況になるとい

う良い効果もあったように思います。駅や空港での歓迎フラッグから、懇親会に至るまで随所で鶴岡市にも全面的に本会のバックアップをいただきましたが、これをきっかけとして皆様の心に鶴岡が印象として残り、再来のきっかけになりましたら幸いです。

最後に、慶應義塾大学先端生命科学研究所のスタッフ・学生の皆様には多大な協力をいただきました。また、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、すべての発表者・スポンサーの皆様へ、この場を借りて、重ねてお礼申し上げます。



国際会議参加報告

SMBE2018

松波 雅俊（琉球大学医学研究科先進ゲノム検査医学講座）

Society of Molecular Biology and Evolution (SMBE) は、Walter M. Fitch博士と根井正利博士によって創設され、分子進化学の国際組織としてMolecular Biology and Evolution (MBE), Genome Biology and Evolution (GBE) の2つの国際雑誌を発行しており、年一回の国際会議を開催しています。本年度の国際会議 (SMBE2018) は、木村資生博士による「中立進化論」の提唱50周年を記念して、2018年7月8日から2018年7月12日までの5日間の日程でパシフィコ横浜に於いて開催されました。例年、参加者が1,000人を超える非常に大きな国際会議ですが、大会長である首都大の田村浩一郎教授の尽力もあり、盛況のうちに終了しました。内容に関しては、分子進化学の大家であるWilliam F. Martin博士や、植物のエピジェネティクス研究で著名な角谷徹仁博士（遺伝研・東大）などによる連日のプレナリートーク、大学院生限定で優秀な若手研究者に与えられるWalter Fitch awardの選考、30を超

えるシンポジウムと例年通り盛りだくさんでした。

私自身は、分子進化学・ゲノム進化学で学位を取得したという経緯もあり、大学院生の頃はほぼ毎年参加していましたが、研究員となってからはこの学会からは遠ざかっていましたので、実に7年ぶりの参加となりました。この空白期間にNGSをはじめとする先端技術は目覚ましい発展を遂げ、それに伴い巨大になった学会には隔世の感がありました。私は、今回の学会では最近論文になったシロアリのmicroRNAの進化について発表しましたが、学会の主流は、モデル生物を中心とした大規模解析でした。特に、現代・古代を含めたヒトゲノム解析、さらにはその解析手法の開発に関する発表数が飛躍的に増えている印象を受けました。新しいシーケンサーの登場により、ゲノム解読の低コスト化は現在進行形で進んでいます。また、技術の進展により、染色体レベルでのアセンブルも可能となってきています。したがって、この傾

向は今後も続き、同じような研究がヒト以外の非モデル生物にも次々と適用されるだろうと予想しております。既に生物学研究におけるバイオインフォマティクスの重要性は周知の事実ですが、このように今後さらに配列データは爆発的に蓄積される可能性が大きいので、まだまだ発展の余地はありそ

うです。

来年度のSMBE2019は英国マンチェスターで開催する予定です。多くのJSBi会員の参加を期待しております。最後にこのような執筆の機会をくださったニュースレター担当幹事の小寺正明博士にこの場を借りて厚く御礼申し上げます。



参加者に配られたバッグ



会場のパシフィコ横浜

ECCB2018

鎌田 真由美 (京都大学大学院 医学研究科)

第17回 European Conference on Computational Biology (ECCB) が2018年9月8日から12日までの4日間、ギリシャのアテネで開催されました。ECCBは、バイオインフォマティクス分野でのトップカンファレンスであるISMBに次ぐ欧州の大きなカンファレンスであり、本年度はELIXIRとの共同開催でした。ELIXIRは、ライフサイエンスに関わるデータベースやソフトウェアツール、教育教材に至るまでのリソースを集約・公開し、欧州における生命科学情報基盤の構築・運用を図るイニシアチブです。

会場となったStavros Niarchos Foundation Cultural Centerは、アテネ中心部から南西に位置し、ギリシャ国立図書館・オペラ劇場が併設された文化施設です。2017年7月にオープンしたばかりのガラス張りの建物は、ポンピドゥー・センターや関西国際空港ターミナルビル設計を行った、イタリアを代表する建築家レンゾ・ピアノ氏によるもので、開放感があり、とても心地のいい空間でした。

ECCB2018での発表演題は大きく“Data”, “Genes”, “Genome”, “Proteins and Structural Biology”, “Systems”の5つのテーマに分類されていました。それらテーマにおいて、今回のECCBでは、Proceedings talksとして280件の投稿のうち48件が採択(17%)されており、それらに加えてすでにハイインパクトな雑誌に掲載されている研究について紹介するHighlights trackが24演題がありました。

また、ECCB2018では、上記の5テーマに加えて、“Applications”

と“ELIXIR”というテーマTrackも併催されていました。

“Applications”は企業や臨床、政府機関などにおけるバイオインフォ技術の応用に関して扱うもので、“ELIXIR”は既述のイニシアチブにおけるサービスと最新の成果を紹介する目的で設定されたものであり、ELIXIRの取り組みの中で開発されたサービスや基盤システムに関する発表が行われていました。

また、今回は617のポスターが採択されており、2日間に渡りポスターセッションが行われました。ポスター会場はメインホールを取り囲む通路に設置されていたこともあり、ポスターセッションの時間は狭い通路をたくさんの方が行き来をし、熱気にあふれていました。

今回のECCBでは、9月9日からのメインプログラムに先立ち、8日にPre-meetingsという形で、13のTutorialsと8のWorkshopsが開催されていました。私はTutorial10の「Protein Function Prediction with Machine Learning and Interactive Analytics」のハンズオンに参加しましたが、EBIの方によるUniProtでのアノテーションについての解説や各エントリに付随するInterProアノテーションを特徴量として用いた機械学習による機能予測などを1日かけて行いました。少人数でのハンズオンだったので、参加者からの質問も活発でした。

ISMBにつぐトップカンファレンスということもあり、1,000名を越す参加者が世界中から集まっていますが、日本人の参加者はとても少なかった印象です。私は今回初めて

ECCBに参加しましたが、欧州の若手研究者の登竜門のような印象で、ヨーロッパでの研究を考える若手研究者の方々には良い場ではないかと思いました。ECCBは偶数年には単独

開催されていますが、奇数年はISBMと共催されます。本年(2019年)はスイスのバーゼルにて、ISMB/ECCB2019として開催されますので、是非参加してみはいかがでしょうか。



GA4GH (Global Alliance for Genomics & Health) 6th Plenary Meeting

荻島 創一 (東北大学 東北メディカル・メガバンク機構)

スイスのバーゼルで2018年10月3日～5日に開催されたGA4GH(Global Alliance for Genomics & Health)の6th Plenary Meetingに参加した。GA4GHは、71ヶ国の500以上の機関が参加する国際団体で、ゲノムデータと診療データの共有により、ゲノム医療・医学の促進を目指す対話の場となっている。各国で進展するゲノム医療研究開発の縦軸研究のプロジェクト(Driver Projectとよぶ)を、技術的な横串(Work Streamとよぶ)でハーモナイゼーションすることが目指されており、このPlenary Meetingでは430名以上が参加し、1年間の成果が発表され、今後の方向性について議論がなされた。発表はライブストリーミングされ、200名以上が視聴した。<https://www.ga4gh.org/event/ga4gh-6th-plenary/>で発表スライドや録画が公開されている。

Work Stream(以下、WS)は6つある。Clinical & Phenotypic Data Capture WSは臨床・表現型データの電子的取得のため、Human Phenotype Ontologyの開発とEHRの臨床データからのコーディングに取り組んでいる。Cloud WSはゲノムデータや診療データの共有について、データサイズが非常に大きく、また、データが機微であるため、“bring the algorithm to the data”を目指している。研究者がデータをダウンロードして共有するのではなく、解析アルゴリズムを共有し、解析アルゴリズムをデータサイトに送り、解析結果を返却してもらう仕組みとして、Workflow Execution Serviceの開発に取り組んでいる。Data Use & Researcher Identities(DURI) WSはデータの利用とアクセス制御における認証のため、

Data Use Ontologyや認証基盤の開発に取り組んでいる。Genomic Knowledge Standards WSはゲノムの変異と疾患の関係についての知識の表現のため、ゲノムの知識表現のモデルの開発に取り組んでいる。各Work Streamに分かれての、実務者の作業部会も開かれ、活発な活動がなされた。

今年3月18日～21日には、AMEDの臨床ゲノム情報統合データベース整備事業(2次)の一環として、GA4GHからは各WSのコアメンバーを招聘し、国内からはゲノム医療研究開発に関わるアカデミアの研究者や企業の開発者を招聘し、仙台で3日間にわかってシンポジウムとワークショップを開催する。ゲノム医療研究開発にあたってのゲノムデータや診療データの共有、ゲノムの知識表現について実務者で議論する予定である。



GIW2018

佐藤 健吾（慶應義塾大学理工学部）

2018年12月3日から5日まで、中国雲南省昆明市の昆明理工大学で開催されたGIW2018に参加してまいりましたので、ご報告いたします。

今回で29回目を迎えたGIWは、JSBiとは大変縁が深い国際会議です。今回はJSBiから直接のサポートはなかったようですが、過去にはJSBi年会として開催されたり、JSBiが主催して東京や横浜で開催した年もありました。

今回、東大医科研の中井先生とともにプログラム委員長を拝命しました。と言いましても5人いる共同委員長のうちの一人として、方々に査読のお願いをして回ったり、査読が返ってこなかった論文を大急ぎで読んだりするのが主な役割でしたので、昨年1月に現地組織委員長として携わったAPBC2018と比べると仕事量はだいぶ少なかったと思います。

大会長のYun Zheng先生（昆明理工大学）とJinyan Li先生（シドニー工科大学）によると、今回の参加者は160人を超えたそうですが、その大半は中国人でした。昆明市は日本からのアクセスがあまり良くないこともあり、日本からの参加者は20人弱と多くありませんでした。また、マラソンの高地トレーニングに利用されるほどの高地（標高2,000mぐらい）であるせいか、日本人参加者は体調を崩してしまった方が多かったように思います。

ご存知の通り、中国は著しく発展を遂げている途上にあり、昆明市も例外ではありませんでした。至る所が工事中で大きなビルがいくつも建築中でした。他の中国の大都市と比べると治安はだいぶ良い印象でしたが、唯一身の危険を感じたのが、音もなく近づく電動スクーターでした。見かけたスクーターの類の乗り物は全て電化されており、駆動音がほとんど聞こえません。おそらく国策で電化を推進しているのだと思われる。

本会議では、10件の基調講演が行われました。基調講演の数としてはいささか多い気がして、実際にこれはちょっとどうだろう???と思う講演も中にはあったりしました。しかし逆に、これだけの数があれば全てが期待ハズレということもなかなかないので、資金面の不安がないのであればこれはこれでアリだと思いました。日本からは、理研のPiero Carninci先生がFANTOMプロジェクトの話を中心に講演されました。

口頭発表に対しては150件の投稿があり、うち70件が採択されました。これらの論文は、特別号としてBMC Genomics, BMC Systems Biology, BMC Medical Genomics, BMC Bioinformatics, IEEE/ACM Transactions on Computational Biology, Journal of Bioinformatics and Computational Biologyに掲載されたり、Bioinformatics誌に推薦されました。また、併設ワークショップRecent progresses of non-coding RNAs in biological and medical researchには6件の口頭発表が採択されました。ポスターは19件の発表がありました。それぞれのセッションでは非常に活発な議論が展開されていたように思います。

次回のGIW2019は、11月27日から29日の日程でオーストラリアのシドニーにおいてオーストラリアバイオインフォマティクス学会（Australian Bioinformatics Society）年会と共同で開催されるということです。

今回、共同プログラム委員長として論文の採択に関わりました。この場を借りて、論文やポスターを投稿して下さった方々、査読をしていただいたプログラム委員の方々に御礼申し上げます。また、本会議を成功に導いた大会長をはじめとする運営スタッフの皆様にご挨拶いたします。

地域部会・公募研究会の活動報告

質量分析インフォマティクス研究会

担当世話人 早川 英介（沖縄科学技術大学院大学）、守屋 勇樹（ライフサイエンス統合データベースセンター）、山本 博之（ヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ）、吉沢 明康（京都大学）

質量分析はNGSと並ぶオミクス測定手段であると同時に、化学分析手段として犯罪捜査・美術品鑑定・宇宙探査まで広範に用いられているが、その情報学的な研究者は日本では少ない。そこで本研究会は2016年の発足以来、JSBi非会員も参加できる・JSBi会員の世話人が予算使用の責任を負う という方針の下、研究者の交流と情報交換を行っている（2019年1月10日現在、会員30名・メーリングリスト登録44名）。本年度は年会BoF及び以下の4件を実施し、一部の講演録画を『統合TV』のコンテンツとしてYouTubeで公開した。開催報告なども順次、研究会web (<http://ms-bio.info/>) で公開している。（吉沢明康）

第3回ワークショップ（2018年4月23日）

JST東京本部別館にて開催した第3回ワークショップには、様々な分野から73人の参加があった。ワークショップでは、5つの依頼講演と5つの一般講演が行われ、グライコムクス、プロテオミクス、リポドミクス等の多分野の質量分析を利用するオミクス解析の講演を中心に、データリポジトリの開発やケモインフォマティクスを主題とした講演など多様な報告が成され、活発な議論が行われた。本会は当分野の意見交換の場として十分に機能しており、分野の発展に少なからず貢献していると考えられる。（守屋勇樹）

日本環境化学会との共催ワークショップ（2018年5月25日）

第27回環境化学討論会の翌日に沖縄県市町村自治会館において、本会と日本環境化学会との共催によるワークショップを開催した。当日も定員80名の会場がほぼ埋まるほどの参加者があり、注目度の高さが伺えた。8名の講演者により環境化学における最新の研究と現在の課題、そしてその解決につながり得る新技術の発表が行われた。講演後のパネルディスカッションでは、「どのようなインフォマティクスソリューションが求められているのか」「環境化学のプレイクスルーに質量分析インフォマティクスがどう関わるか」等のテーマで意見交換が行われた。このワークショップをきっかけと

して両分野の交流と発展につながることを期待する。開催にご尽力いただいた橋本俊次先生をはじめ、環境化学討論会事務局の皆様へ深く感謝申し上げます。（早川英介）

第2回ハッカソン（2018年7月15日～20日）

昨年度と同様、DBCLSによる国内版バイオハッカソン（BH）と共同で、徳島市の温泉旅館！にて開催した（学生2名に対する旅費助成も実施した）。初日は徳島大学先端酵素学研究所にてミニ・シンポジウムを行い、42名（全参加者の75%）が参加した。翌日からのハッカソンはBHと「目標は異なるが会場・進行は共通」、参加者間の交流は「強く推奨」という形態で一体化して実施した。28名の参加者の成果は、BH参加者39名と共同（合計67名）でオンライン公開している。開催にあたっては、加藤記念バイオサイエンス振興財団の学会等開催助成及びデータサイエンス共同利用基盤施設のROIS-DS-JOINT助成（002RM2018）を取得した。また会場費用は徳島大学先端酵素学研究所及びDBCLSにご負担いただいた。厚く御礼申し上げます。（吉沢明康）

メタボロミクスソフトウェア講習会（2018年11月12日）

第1回講習会は、理化学研究所横浜キャンパスにて行ないました。会場の都合上、定員は100名としていましたが、事前参加登録の締め切り一ヶ月前には定員に達する程、大変盛況でした。当日は、遺伝研・理研CSRSの有田正規先生による趣旨説明の後、理研CSRS・IMSの津川裕司先生より、MS-DIALを用いた親水性代謝物および脂質プロファイリングのためのデータ解析と、MS-FINDERを用いた未知マススペクトル構造推定のハンズオン講習を行なって頂きました。続いてHMTの山本博之より多変量解析の講義を行なった後、遺伝研の櫻井望先生よりMetaboAnalystを用いたハンズオンでの多変量解析の講習をして頂きました。最後に、今回ご参加頂いた方々、当日お手伝いを頂いたスタッフの皆様には、この場を借りて改めてお礼申し上げます。（山本博之）



盛況だったメタボロミクスソフトウェア講習会



国内版バイオハッカソンと共催の第2回ハッカソン
手前二つのデスクはプロテオームのグループの島、一つおいてメ
タボロームの島
それ以外にも所々に質量分析系の参加者がいる
一見、生真面目に見える風景だが…



死角では気楽にやっております

RinkaiHackathon2018 with DDBJing

川島 武士（臨海ハック研究会）

昨年に引き続き本年も、臨海ハック研究会が主体となって臨海実験所で行うバイオインフォマティクスのハンズオン講習会を、2018年6月10日から13日の4日間、RinkaiHackathon2018 with DDBJingと銘打って開催いたしました。本年はJSBiの研究集会サポートの他に、DDBJのハンズオン講習会であるDDBJingとも共済という形で行いました。昨年との大きな違いは、告知文や申請受付サイトはもちろん期間中の利用言語も基本的に日英両言語としたことです。これによって、国内にいる外国人留学生の方々の参加のハードルを下げることを目指しました。臨海実験所を利用した研究は、今後は海流によって接続されている近隣諸国の研究者たちとより一層緊密な協力関係を作っていくことが必要であり、その際はバイオインフォマティクスの視点からのデータ等の標準化が同

時に必要とされるだろうと予想されます。この研究会がそのような協力関係の一助になれば良いとの想いから、利用言語を英語にシフトさせました。その甲斐あってか、参加学生20名の内訳は、5カ国10組織からの参加とたいへんバラエティに富んでおり、運営側にとっても刺激的な経験になりました。その内容には、初日に海洋研究の専門家達の講演で構成されたシンポジウム、翌日からは臨海実験所の立地を生かした瀬戸内海の海水から得たeDNAをMitoFishパイプラインで解析する一連のコースや、DDBJの登録システムに関する利用講習会を盛り込みました。講師陣を含めると総勢37名による4日間の合宿は、充実しており、参加学生には熱意をもって全てのプログラムに取り組んでもえたと思います。最後になりましたが、研究会の場を提供していただき、またさまざまな

準備を手伝ってくださった、広島大学向島臨海実験所の田川准教授、同植木准教授、研究所構成員のすべての皆様にお礼を申し上げます。



写真1. 合宿所に使った、広島大学大学院理学系研究科附属臨海実験所（向島臨海実験所）



写真2. 総勢37名での集合写真



写真3. 研究所の前の海で、環境DNA用の海水のサンプリング



写真4. DNAの調整



写真5. パソコンを用いてのバイオインフォマティクス解析の実習

第21回創薬インフォマティクス研究会

市原 収 (シュレーディングー株式会社)

2018年度は、創薬インフォマティクス研究会では、10月4日に品川インターシティー貸会議室を会場として「インテリジェント・データサイエンスと創薬」と題し、第21回となる研究講演会を開催した。当日は大学及び公立研究所の研究者だけではなく、製薬・バイオテックとその関連企業などから、約70名の方々にお集まりをいただいた。幹事、座長は、市原収 (シュレーディングー株式会社) が務めた。演題は以下のとおりであった。

1) 「大規模バーチャルスクリーニングのための圧縮情報処理技術」(理化学研究所革新知能統合研究センター 田部井靖生)、2) 「深層学習を用いた化合物とタンパク質の相互作用予測」(産業技術総合研究所 人工知能研究センター 椿真史*/瀬々潤/富井 健太郎/*は講演者)、3) 「AI創薬における適切な学習データとは? ~深層学習とデータベース~」(慶應義塾大学薬学部、生命機能物理学講座 池田和由)、4) 「Accelerating Drug Discovery with Advanced Computational Modeling and Deep Learning」(Schrödinger Inc Machine Learning研究グループ Timothy Robertson)

全くの私見ではあるが、以下に講演の概要、筆者の感じたこと、印象に残った点について記した。(括弧内は講演者名)

1) (田部井) データ圧縮に関する最新技術についてお話しいただいた。20億あるとも言われるバーチャル化合物をデータベース化しVSに用いるというアイデアに興味をもたれる。
2) (椿) graph neural network (GNN) とconvolutional neural network (CNN) を組み合わせた新しい化合物・タンパク相互作用予想のためのアプローチについてご紹介いただいた。
3) (池田) AIに良質なデータは必要か? モデルの有効性はどの程度できるのだろうか? などについて問題提起した上で、データベース側からのAIの創薬利用についてお話をいただいた。
4) (Robertson) Schrödinger社での深層学習全般に関する取り組みについてご紹介いただいた。特に、リガンドとタンパク質の相互作用の自由エネルギー計算 (FEP+) の結果を深層学習の手法を用いて処理することにより、汎用的なAIベースの自由エネルギー計算法に発展させるというアイデアに興味深かった。



生命科学系フロンティアミーティング2018

浜口 悠貴（東京大学大学院新領域創成科学研究科メディカル情報生命専攻）

尾崎 遼（筑波大学医学医療系生命医科学域）

生命科学系フロンティアミーティング 2018は、微生物という対象生物を軸とした「日本ゲノム微生物学会若手の会」、バイオインフォマティクスというアプローチを軸とした「生命情報科学若手の会」、および光合成という現象を軸とした「日本光合成学会若手の会」の3団体により、2018年10月5～7日に国立遺伝学研究所（静岡県三島市）にて合同開催されました。合宿形式・参加者全員発表形式の本会は、実験や計算機的手法を専門とする研究者達を一同に集めることで、wet/dryという垣根を意識させず、生命科学の新たな潮流やパラダイムを切り拓けるような地盤を築くことを目指すものであり、大会長の河野暢明（慶應大）からの「学会って楽しいですか？ 目的はなんですか？ 互いの『武器』を知ることが大事じゃないですか？」という開会宣言で始まりました。

107名の参加者の7割近くが学生であり、さらに分野は再生医療から農芸化学まで非常に多岐にわたるものでした。また、本研究会にJSBiからの助成をいただいたことで、バイオインフォマティクスに関わっていてもJSBiを知らなかったり主分野が異なる参加者にJSBiが知られることになりました（スタッフでこの記事の執筆者の一人である浜口も、本会がきっかけでJSBiに入会しました）。

参加者による口頭発表やA3サイズの手持ちポスターを用いたディスカッション形式のポスター発表は、互いに異分野であるにもかかわらず、活発な質疑応答がなされました。特に、通常の学会と異なり合宿形式だったこともあり、懇親会にも手持ちポスターが持ち込まれて深夜まで参加者同士の活

発な議論が交わされました。

招待講演からは、西田敬二教授（神戸大）にゲノム編集技術や起業を通じた社会との向き合い方、谷内江望准教授（東大）からは生命現象を記録するためのバイオテクノロジー開発の最前線、田中佑助教（京大）から光合成速度を切り口にした作物学のフロンティアについて、それぞれご自身の研究分野をどのように開拓されてきたかについてご講演いただきました。また、招待講演者と3会の代表者によるパネルディスカッションでは「面白い研究はどうやって考えつくか？」といった普段なかなか話す機会のない話題についてざっくりばらんな意見が次々飛び出し、会場を沸かせました。この話題は続くグループディスカッションにも持ち込まれ、参加者間で活発な意見交換がなされました。

スポンサーセッションでは、AI分野をリードする株式会社Preferred Networks、腸内細菌叢解析事業を展開する株式会社サイキンソーおよび株式会社メタジェンに、事業内容の紹介に加えて、各企業での研究活動や今後の事業展開、さらには民間企業でのキャリアパス等に関する幅広い内容についてご講演頂きました。

研究会の最後には、参加者投票に基づき、最優秀発表賞の薄井光生さん（東大修士二年）、ジェンスクリプトジャパン特別賞の菅波真央（東北大博士二年）をはじめ、優秀な発表を行った参加者7名を表彰しました。こうした研究発表・顕彰の機会が生命情報科学を志す若手の一層の活躍の一助になれば幸いです。



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）

関西地域部会では、医療、医薬、診断、食品等の研究開発に役立つバイオインフォマティクス技術の普及と、教育・啓発、産官学マッチング、異分野融合によるイノベーション促進を目指して活動しております。

4月20日に開催の第24回バイオメディカル研究会では、「大学の基礎・臨床研究のあり方と応用への橋渡し」と題し、100名近くの参加を得ました。自治医科大学学長の永井良三先生には、大学教育の歴史的背景に始まり、ご自身の研究データ、人材育成経験とその思いまで、熱のこもった基調講演を行って頂きました。塩野義製薬(株)の澤田拓子先生、日本ベリンガーインゲルハイム(株)の鈴木忍先生、東京工業大学の首藤一幸先生の各講演の後、徳島大学研究支援・産官学連携センターの織田聡先生と長浜バイオ大学の白井剛先生を加え、大阪大学特別招聘教授の坂田恒昭先生をモデレーターとして、パネルディスカッションを行いました。人材育成の

重要性とその課題が改めて認識されました。

10月17日に開催した第25回バイオメディカル研究会では「バイオテクノロジーの次世代技術」として、量子コンピューティング、ゲノム編集、合成生物学を取り上げました。神戸大学大学院の田中成典先生には、難解な理論を分かり易く、加えてライフサイエンスへの応用可能性をご講演いただきました。さらに、(株)デンソーの門脇正史先生に量子コンピューティングを、広島大学大学院の山本卓先生にゲノム編集研究の現状と可能性を、東京工業大学生命理工学院の相澤康則先生に非翻訳領域の機能ゲノム研究を、毎日新聞東京本社の須田桃子先生に米国の合成生物学の現状をご講演頂きました。次世代技術に興味した一日となりました。

関西地域部会では、引き続き異分野交流による人材育成・人的ネットワークの構築、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。



九州地域部会

西郷 浩人（九州大学システム情報科学研究院）、倉田 博之（九州工業大学情報工学研究院）

2018年九州地域部会では、3件の研究セミナーを開催いたしました。九州・山口地域の各県で、生命情報学研究における分野横断的な発表の機会を作ることで、情報共有の場を提供し研究者間の交流を広げていくことを目指しています。5月25日（金）鹿児島大学工学部情報生体システム工学科において、古川龍彦氏（鹿児島大学）にご協力いただいて「生物医学・情報・システム工学の融合分野における交流の加速化」というタイトルの研究セミナーを開催しました。特別講演者として、門田幸二氏（東京大学大学院農学生命科学研究科）をお招きして「バイオインフォマティクス教育と研究～私の経験談～」の講演をいただきました。他に鹿児島大学の先生

4名から分子生物学やがんゲノムに関する講演が行われました。12月17日（月）九州大学西新プラザにおいて一般演題の公募発表及び招待講演が行われました。慶応大学の佐藤健吾氏をお招きして、「機械学習を用いたRNA二次構造予測」の講演をいただきました。3件目は12月21日（金）、九州大学西新プラザにおいてヒューマノーム研究所社長の瀬々潤氏を招待して「生命情報学の研究と産業連携」の講演をいただきました。いずれの会においても近隣地域で研究しているながら、研究討論・交流する機会の少ない研究者が集うことで、新たな研究交流ネットワークが広がっていくのを感じることができました。

生命システム理論研究会

森 智弥（京都大学iPS細胞研究所（現在：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））

藤渕 航（京都大学iPS細胞研究所）

生命システム理論研究会は平成29年12月15日に「AIを用いた細胞システムの解明に向けて」と題した研究会を京都大学iPS細胞研究所にて開催した（AMED再生医療実現拠点ネットワークプログラム共催）。将来の生命科学分野において、技術の進歩や実験の自動化による精密かつ大量のデータからAIは何を見い出すことができるのか、そして細胞システムの解明にどれだけ近づくことができるのかということ踏まえて、AI・機械学習の分野で先進的な研究を行なっておられる4名の先生方を招いてご講演頂いた。研究会の事前登録者数はおよそ30名であったが、当日参加者を合わせると50名程度となり大変盛況であった。また、京都大学での開催であったにも関わらず関西圏以外の大学や企業からもご参加頂き、近年のAIへの注目度の高さを改めて伺い知ることができた。

研究会では、Institute for Systems Biology (Seattle) の Sui Huang先生、産業技術総合研究所人工知能研究センターの瀬々潤先生、特定非営利活動法人システム・バイオロジー研究機構の北野宏明先生、そして東京大学医科学研究所ヘルスインテリジェンスセンターの井元清哉先生にご講演頂いた。Sui Huang先生は「Cell Fate Decisions on the Epigenetic Landscape: First Principles, Formalism and Fate Prediction」というタイトルで、細胞の運命決定がいかに制御されているかを解明するために取り組まれてきたアプローチを理論的な立場からWaddington's landscapeと数理モデルを関連させてご紹介下さった後、AI・機械学習を用いて大量のデータから得られた結果と数理モデルなどによる理論解析から得られた結果を結び付けることの重要性について述べられた。瀬々先生は「Toward Understanding the Mechanism of Complex Phenotype with Big and Heterogeneous Data」というタイ

トルで、機械学習で利用されている統計的概念と多重検定補正の重要性をBonferroni法などの古典的な方法からLAMPと呼ばれる最新手法まで述べられた後、実際のバイオリジカルデータ及びビッグデータ解析に適用した事例をご紹介下さった。北野先生は「Nobel Turing Challenge: Grand Challenge of AI and Systems Biology」というタイトルで、「ノーベル賞を取れるAI」を実現するために必要となる研究の自動化や、北野先生らが開発されている統合解析プラットフォーム「GARUDA」についてご紹介下さった。GARUDAによって多くの機械学習手法やデータベースをまとめて利用できるようになっており、これを用いたリウマチ患者の自動分類などを例にその機能の一部をご説明下さった。そして井元先生は「Cancer Clinical Sequencing Enhanced with Artificial Intelligence」というタイトルで、臨床シーケンスにおける人工知能技術の応用についてご講演下さった。既知のがん関連遺伝子を標的としたパネルシーケンスから全ゲノム解析へとシフトする際にボトルネックとなっていた大量の出力データの解釈に対して人工知能技術がいかに有効であるかということをもIBM Watsonを適用した事例に基づいてご紹介された後、臨床シーケンスの今後と残されている課題についてご説明下さった。各講演中にも質疑応答の時間が設けられていたが、最後に設けていたディスカッションのセッションではご講演頂いた先生方だけでなく聴講者の方も交えた自由討論形式で非常に活発な議論が行われ、予定していた時間をやや超えてしまうほど盛況であった。

最後に、本研究会の開催をサポートして下さった日本バイオインフォマティクス学会とAMED再生医療実現拠点ネットワークプログラムへ深く感謝の意を表す。



2017年度生命システム理論研究会の様子（京都大学iPS細胞研究所にて）

リレー紹介：日本のバイオインフォマティクス研究室

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 システム微生物学研究室（森研究室）

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 助教）

奈良先端科学技術大学院大学は奈良県生駒市にある、学部を持たない大学院だけの大学です。元々は「情報科学」、「バイオサイエンス」及び「物質創成科学」の3つの研究科から成っていましたが、2018年度より先端科学技術研究科に統合され、現在は上記3つの研究領域とその融合領域を含めた7つの教育プログラムが設定されています。例えば「情報生命プログラム」または「データサイエンスプログラム」を選択した学生はバイオサイエンスと情報学の両方の科目を履修することができ、分野横断的な専門性を身に付けられることが特長です。キャンパスは最寄りの駅までは徒歩30分、駅までを結ぶバスは1時間に一本しか運行していないという、研究に没頭するのに極めて適した環境にあります。学生の多くはキャンパス内の寮に住んでおり、研究棟の窓の電気は深夜にもほとんど消えることはありません。

森研究室は開校時に設置されたため、本学では最も古い研究室の一つということになります。大腸菌ゲノムプロジェクトの完成を日本のグループと共に成し遂げ、「細胞とは何か？」という根源的な問いに答えることを目指して大腸菌をモデルとした研究を進めてきました。全遺伝子クローンや変異株ライブラリーなどの構築を通し、OMICS研究を立ち上げてきた歴史を持ち、現在もリソースの構築、観測システムの開発、網羅的データの取得及び解析を継続的に行っています。2006年に当研究室から発表された大腸菌の網羅的遺伝子欠失株ライブラリーKeio collectionはこれまでに5千回以上引用されており、世界中の研究者に利用されています。網羅的な遺伝子欠失株ライブラリーを用いた実験データの取得、それを用いた計算機による解析、検証のための実験系の開発及び検証実験までの一連の流れを、研究室内で実行できる点が大きな特徴です。

Keio collectionには約3800の遺伝子欠失株（必須遺伝子を除く全遺伝子）が含まれており、これらの植菌はロボット（図1）が行ないます。植えられた菌の生育のモニタリングも自動化されており、インキュベーター内に設置された市販のスキナー（図2）が30分おきに寒天培地上のコロニーの画像を取得し、画像解析によって生育を定量するシステムが稼働し

ています。大腸菌の接合機構を利用することで、網羅的な二重遺伝子欠失株を作製する系や、欠失株のゲノムDNAに人工的な識別配列（20塩基のbar-code）を導入することで混合培養時のpopulation dynamicsをNGSを使って検出できる系など、興味深い系が多数開発され、データが蓄積されています。計算機環境としては、本学総合情報基盤センターが提供する計算サーバーとバイオサイエンス領域の管理する解析サーバーを利用することができます。当研究室では大腸菌の様々な測定データのデータベースを構築し公開しており、将来的には、Keio collectionを利用する世界中の研究者がデータを互いに参照し合えるよう、外部データも含めたデータベースとして公開することを目指しています。

研究室には現在、研究室を主宰する森浩禎教授を含めた3名のスタッフと、博士後期課程3名、修士課程6名の計12名の学生が所属しています。学生の研究テーマは、新たなリソース作製や実験系の構築を行う実験班と、実験データのコンピュータ解析を行う解析班のどちらかに属することが多いですが、バイオインフォマティクスと実験生物学の両方を習得できるよう、修士の学生には両方の実習を経験してもらっています。現在は所属する留学生はいませんが、毎年海外から短期留学生を受け入れており、研究室に海外の研究者が滞在することも多いことから研究室の公用語は英語です。月曜日の朝に開催しているJournal club及びProgress reportでは発表も質疑応答も英語で行なっています。最初は英語でのコミュニケーションに苦勞する学生も少なくありませんが、長期にわたり経験を積むことで英会話能力を伸ばして卒業していく学生がほとんどです。外部との共同研究や研究交流も盛んで、毎年3月には淡路島で共同研究者らと研究会を行っており、共同研究先の研究室の学生と交流する良い機会となっています。

大腸菌は生物工学的扱いやすさだけでなく、その細胞内システムに関する知識蓄積が最も進んでいる点からも、細胞全体の理解に最も近い生物だと考えています。興味を持っていただけましたら、ぜひ森研究室へ見学にお越し下さい。



図1：ハイスループット植菌ロボット



図2：コロニー生育モニタリングシステム

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

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を、日本バイオインフォマティクス学会（JSBi）、日本オミックス医療学会の共催で開催します。会員の皆様には万障お繰り合わせのうえ、ご参加いただけますよう、お願い申し上げます。

開催概要

日程	2019年9月9日（月）～11日（水）
会場	東京工業大学 大岡山キャンパス
大会長	山田拓司（東京工業大学生命理工学院）
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） 日本オミックス医療学会
懇親会	2019年9月10日（火）

バイオインフォマティクス技術者認定試験実施報告

内山 郁夫（基礎生物学研究所）

平成30年度のバイオインフォマティクス技術者認定試験は12月2日（日）に札幌、東京、名古屋、大阪、福岡、沖縄の6会場で実施されました。受験者数（当日欠席者を含む）は345名で、過去最高だった昨年度の250名を大幅に更新しました。合格者も過去最高の154名、欠席者を除いた受験者に対する合格率は60.2%で、これはほぼ例年通りです。

受験者数は、平成27年に本試験の対策に使える学会認定教科書「バイオインフォマティクス入門」(慶應義塾大学出版会)が刊行されてから200名を超えるようになり、以降順調に増加を続けています。その背景には、NGS等の技術革新によって大量の情報を扱うことが求められるようになった医学生物学の分野において、必要に駆られてバイオインフォマティクスの勉強をはじめの方が増えており、そうした方がまず取り組むべき目標の一つとして本認定試験ならびに認定教科書を利用していただいているという側面があるのではないかと考えられます。このことは、受験者に対するアンケートにおいても、バイオインフォマティクスを主に利用しない社会人の方、および主に生物学をバックグラウンドとして持つ方の割合がそれぞれ多くなっているという点に表れています。いずれにしても、本認定試験がそうした社会的要請に応える形で受験者数を増やし、その結果として学会の財政を支えるのに貢献するようになれば、学会の事業としても望ましい方向にいらっているといえるかと思えます。

一方で、本認定試験はバイオインフォマティクスの研究者・技術者をめざす（かもしれない）学生や若い研究者にも大いに挑戦していただき、将来の本分野を牽引する人材の育成に寄与することも期待されていると思います。この点で特筆すべきこととして、今年度の首席合格者は大学一年生の山内直寛さん（東京大学教養学部1年）という大変若い方でした。また、今年度は最年少合格者として、史上初めて中学生の方（広尾学園中学校3年）が合格されました。このほかにも、

優秀な成績で合格された方の中には将来有望な方が多く含まれていると思います。こうした若くて優秀な方が、バイオインフォマティクスに目を向けるきっかけの一つとして本認定試験が寄与するとすれば、これも大変すばらしいことです。ただしそのためには、試験の合格者をバイオインフォマティクスのさらなる深みに引き込むための次のステップが重要になると思います。これについては学会のワーキンググループ等を通じて議論されているところと理解していますが、何とかよい流れにつなげていけたらと思っています。

本認定試験も始まってから10年以上が経過し、過去問もずいぶん蓄積してきました。過去の試験問題、およびその解答・解説は、すべて認定試験のホームページ（<https://www.jsbi.org/nintei/>）からダウンロードできます。バイオインフォマティクスの研究教育に携わっている学会員の皆様には、ぜひ一度このページをご覧ください、日頃の教育活動に活用できないかを検討していただけたらと思います。そして、適切なレベルの方に対しては、ぜひ受験を勧めていただけたらと思います。本認定試験についてのご意見等がありましたら、学会HPの問い合わせページ（<https://www.jsbi.org/support>）から、もしくは認定試験事務局（nintei@mail.jsbi.org）宛てのメールでお送り下さい。

最後になりましたが、本認定試験は、事務局の東京大学医科学研究所中井研究室の齊藤友紀さんの献身的なサポートに支えられています。また、認定試験実行委員ならびに問題作成協力者の先生方（お名前は2年後に公表されることになっています）には、初学者への教育的効果に配慮した良問を揃えるようにご尽力いただいています。このほか、試験当日の監督を担当いただいた先生方など、多くの方々のご協力によって本試験は成り立っています。この場を借りて厚く御礼申し上げます。

学会議事録等

平成30年度臨時総会議事録

1 日 時

平成30年9月20日（木）16：45～18:15

2 場 所

山形県鶴岡市馬場町11番61号
荘銀タクト鶴岡 大ホール

3 正会員総数

446名

出席した会員数

153名

内訳 本人出席

80名

委任状出席

62名

書面による議決権行使

11名

4 議事録署名入選の経過

定款第26条により議長を理事長が務めることとなった。議長が定足数を確認し、定款第24条の定めに従い本臨時総会が成立していることが説明された後、議長が清水厚志会員ならびに岩崎渉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

定款の改正（事務所・第2条）

議長は、平成30年9月20日に主たる事務所の移転に伴う以下の定款変更について議場に諮ったところ、出席した会員の議決権の過半数を持って異議なく可決決定した。

【現行】

（事務所）

第2条この法人は、主たる事務所を 東京都千代田区飯田橋三丁目11番15号 UEDAビル6階 株式会社クバプロ内に置く。

【変更後】

第2条この法人は、主たる事務所を 東京都文京区 に置く。

定款の改正（公告の方法・第52条）

議長により、以下の定款の変更について賛否を議場に諮ったところ、出席した会員の議決権の過半数を持って異議な

く可決決定した。

【現行】

第52条この法人の公告は、この法人の掲示場に掲示するとともに、官報に掲載して行う。

【変更後】

第52条 この法人の公告は、この法人の掲示場に掲示するとともに、官報に掲載して行う。

ただし、法第28条の2第1項に規定する貸借対照表の公告については、内閣府NPO法人ポータルサイト（法人入力情報欄）に掲載して行う。

名誉会員の承認（江口至洋 会員）

議長により、名誉会員の承認について賛否を議場に諮ったところ、出席した会員の議決権の過半数を持って異議なく可決決定した。

名誉会員の承認（金久實 会員）

議長により、名誉会員の承認について賛否を議場に諮ったところ、出席した会員の議決権の過半数を持って異議なく可決決定した。

名誉会員の承認（後藤修 会員）

議長により、名誉会員の承認について賛否を議場に諮ったところ、出席した会員の議決権の過半数を持って異議なく可決決定した。

以上により議事が終了し、議長は18時15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。

平成30年9月20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 岩 崎 渉 印

議事録署名人 清 水 厚 志 印

第19回理事会議事録

日 時

2018年9月20日（木）9：00-10：30

場 所

アートフォーラム会議室

（山形県鶴岡市馬場町13番3号）

出席者

木下理事長、岩崎副理事長・幹事、粕川理事、川島理事、
藤渕理事、元池理事、山田（拓）理事・幹事、浅井理事・
幹事、有田理事・幹事、大林理事・幹事、清水（厚）理事、
清水（謙）理事・幹事、長野理事、松田理事・幹事
（表決書提出） 門田理事、川本理事、倉田理事、小寺理事・
幹事、山口理事、遠藤理事

以上20名出席扱い

オブザーバ

白井幹事、八谷幹事、齋藤幹事、竹本幹事、五斗幹事、山
西幹事、荒川幹事、山田（和）監事、事務局牛山

議 長

木下理事長（定款35条による）

配布資料

- ・定款の改正について（事務所・第2条）、ニュースレター規定の改定について……別紙1
- ・定款の改正について（公告の方法・第52条）、名誉会員の推薦について……別紙2
- ・庶務報告……別紙3、別紙4、別紙5
- ・若手（竹本幹事）……別紙6・男女共同参画（油谷幹事）……別紙7・ISCB（岩崎幹事）……別紙8
- ・平成29年度財産目録（大林幹事）……別紙9
- ・公募研究会・地域部会開催報告……別紙1～15

木下理事長より第19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岩崎副理事長、清水理事が指名され、
満場一致で承認された。

議 案

（審議事項）

第1号議案

定款の改正について（事務所・第2条）

木下理事長より、別紙1を基に定款について以下の通りに
改正したい旨が説明された。

【現行】

（事務所）

第2条

この法人は、主たる事務所を 東京都千代田区飯田橋三丁
目11番15号 UEDAビル6階 株式会社クバプロ内に置く。

【変更案】

第2条

この法人は、主たる事務所を東京都文京区に置く。

以上の説明を受け、全会一致で承認され、同日に開催され
る臨時総会に諮ることが確認された。

第2号議案

ニュースレター規定の改定について

木下理事長より別紙1のニュースレター規定の変更案に
ついて以下の説明が行われた。

【現行】

（発行）

第2条

原則として年2回発行し、会員情報データベースに登録さ
れた会員の住所に送付する。

【変更案】

第2条

原則として年2回発行する。

以上の説明を受け、全会一致で承認された。

（報告事項）

第1号

定款の改正について（公告の方法・第52条）

岩崎副理事長・幹事より別紙2について、すでにメール審
議で承認されている本議案を同日に開催される臨時総会に
諮ることが報告された。

第2号

名誉会員の推薦について

岩崎副理事長・幹事より別紙2について、すでにメール審
議で承認されている本議案を同日に開催される臨時総会に
諮ることが報告された。

第3号

庶務報告

岩崎副理事長・幹事より、別紙3を基に事務局報告が行わ
れた。また、木下理事長より後藤会員からの寄付金の補足
説明があり、それに対し、有田幹事より、寄付金は一般会
計に加えるのではなく、寄付者の名前を冠するフェロー
シップを作成するのはどうかという提案があった。木下理
事長より、今回寄付金をいただいた後藤会員に了承を得ら
れ次第運用するとの提案があり、全会一致で承認された。
岩崎副理事長・幹事より、別紙4を基に事務局の年間スケ
ジュールの説明が行われた。

岩崎副理事長・幹事より、別紙5を基に事務局で洗い出し
た検討事項の説明が行われた。名誉会員への対応について、
木下理事長よりJSBi年会は無料招待とすることや、年会に
よって講演依頼を行うことについて提案があり、全会一致
で承認された。

第4号

年会長報告

荒川幹事より、今年度の年会の現状報告があった。特に、

年会口座の引き継ぎに関する課題が報告された。

第5号

各担当幹事からの報告

活性化（山西幹事）

賛助会員関連の規定について、山西幹事がたたき台を作成することになった。また、有田理事・幹事より、賛助会員のメリットについて、賛助会員と学生会員が双方向で交流できるような企画（キャリアセッション）を年会で行うという提案があった。調整が必要なため、詳細については引き続きMLなどで検討することが了承された。

年会（荒川幹事・五斗幹事）

五斗幹事より、年会において日本バイオインフォマティクス学会の年会であることを明示する必要があるということが報告された。CBI学会（情報計算化学生物学会）は都内開催の際は共催への意欲を示したこと、日本オミックス医療学会は今後も意欲的に共催していく意向とのことが報告された。また、五斗幹事より、引き継ぎ課題はまとめ次第、山田（拓）理事・幹事に引き継ぐ予定であることが報告された。

次年度年会（山田幹事）

山田（拓）理事・幹事より、来年の年会は東京工業大学大岡山キャンパスで開催すること、および、開催日程、スポンサー選定、委員会調整等を行い、決まり次第連絡する旨の報告があった。

有田理事・幹事より、オミックス医療学会（荻島幹事）、メディカルAI学会に早めに話をし、連合大会として一緒にできるか打診した方が良いとの提案があった。

広報（八谷幹事・齋藤幹事）

八谷幹事より、ホームページについての概要の説明があり、英語のページについては必要なページを齋藤幹事がリストアップし、まとめ次第MLにて報告する旨の報告があった。またバナー広告についてはリアクションが良くないため、各役員にフォローを取ってもらう体制にしたいとの依頼があった。

ニュースレター（小寺幹事）

小寺理事・幹事は欠席のため、岩崎副理事長・幹事が代わりに報告した。

木下理事長より、ニュースレターをプログラム集へ綴じ込むかどうかについては年会長の裁量で決めてもらうよう提案があった。

認定試験（白井幹事）

白井幹事より震災地の補助（受験費用4,800円を1,000円とする）について、現在は関西のみだが、北海道の震災地の補助の追加も提案された。それに対し、慎重な審議の結果、すでに入金してしまった返金対象者についても考慮する必要があることを勘案し、白井幹事の判断で決めるということで全会一致で承認された。

若手（竹本幹事）

竹本幹事より別紙6に基づき、岩崎渉会員が2018年度Oxford Journals-JSBI Prize受賞者として選ばれたことが、報告された。木下理事長より、応募者数を増やすため、各先生の声かけが必要であるとコメントがあった。また、年会のプログラム集への誤記について、載せないという手段があることも検討したほうが良いと提案があった。

連携（荻島幹事）

学会連携について、議論が行われた。

渉外（松田幹事）

松田理事・幹事より、来年度の年会ではキャリアセッションの企画を検討したいとの報告があった。

研究会（有田幹事）

有田理事・幹事より、別紙5の研究会の項目に基づき、説明があった。研究会に関するルールはJSBi ウェブページに掲載することとし、記載してほしい内容は事務局に各役員より指示をすることとなった。また経費が発生する研究会（公募研究会・国際会議援助等）は原則として公募研究会の枠組みで検討してもらい、事務局の判断で特別性があるとする際には会長に判断してもらう流れで進めてほしいと川島理事より、提案があった。有田理事・幹事から、公募研究会の場合、原則主催を日本バイオインフォマティクス学会と明記すること、予算配分が微妙な場合は共催するなど相談する必要があるとの提案があった。2023年開催予定の生物物理学会主催の国際会議にJSBiからいくらか支援できれば望ましいが、共催にするかどうかなど大きな会なので担当を決めてやった方が良くとの意見があり、詳細については引き続きMLなどで検討することが了承された。

男女共同参画（油谷幹事）

油谷幹事は欠席のため、別紙7を参加者で確認した。また、長野理事より、男女共同参画の会合は年に3-4回開催され、負担があるとの意見があった。

ISCB(岩崎幹事)

岩崎副理事長・幹事より、別紙8に基づきISCBの活動の概要について報告された。

会計（大林幹事）

大林理事・幹事より、別紙9に基づいて会計の概要について報告があった。消費税の対応については、10月中に税理士に相談することが報告された。

以上

この議事録が正確であることを証します。

平成30年9月20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 岩 崎 渉 印
議事録署名人 清 水 謙多郎 印

学会の現況

有効会員数(2019年4月現在) 正会員:405名 学生会員:63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)	
	藤淵 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4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

生物医学データ解析のベースに、
環境構築力を。

構築済み大規模データ解析環境
Takeru

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。

たまるポイントで無料サービスが使える
研究者のためのリワーズクラブあり

JSBi



再現性・信頼性などのテーマはウェット・ドライ関わらずサイエンスにとって非常に重要なテーマだと思っておりましたので、今回の特集記事として諸先生方をお願いして執筆していただきました。今回のニュースレターは私自身もスケジューリングがうまく回らず、事務局の牛山様や勝美印刷の朝倉様には大変ご迷惑をおかけしまして、大変申し訳ございませんでした。今後のニュースレターのスケジューリングも再現性・信頼性を高めて今後も頑張っていきたいと思います。

(小寺正明)

JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS
