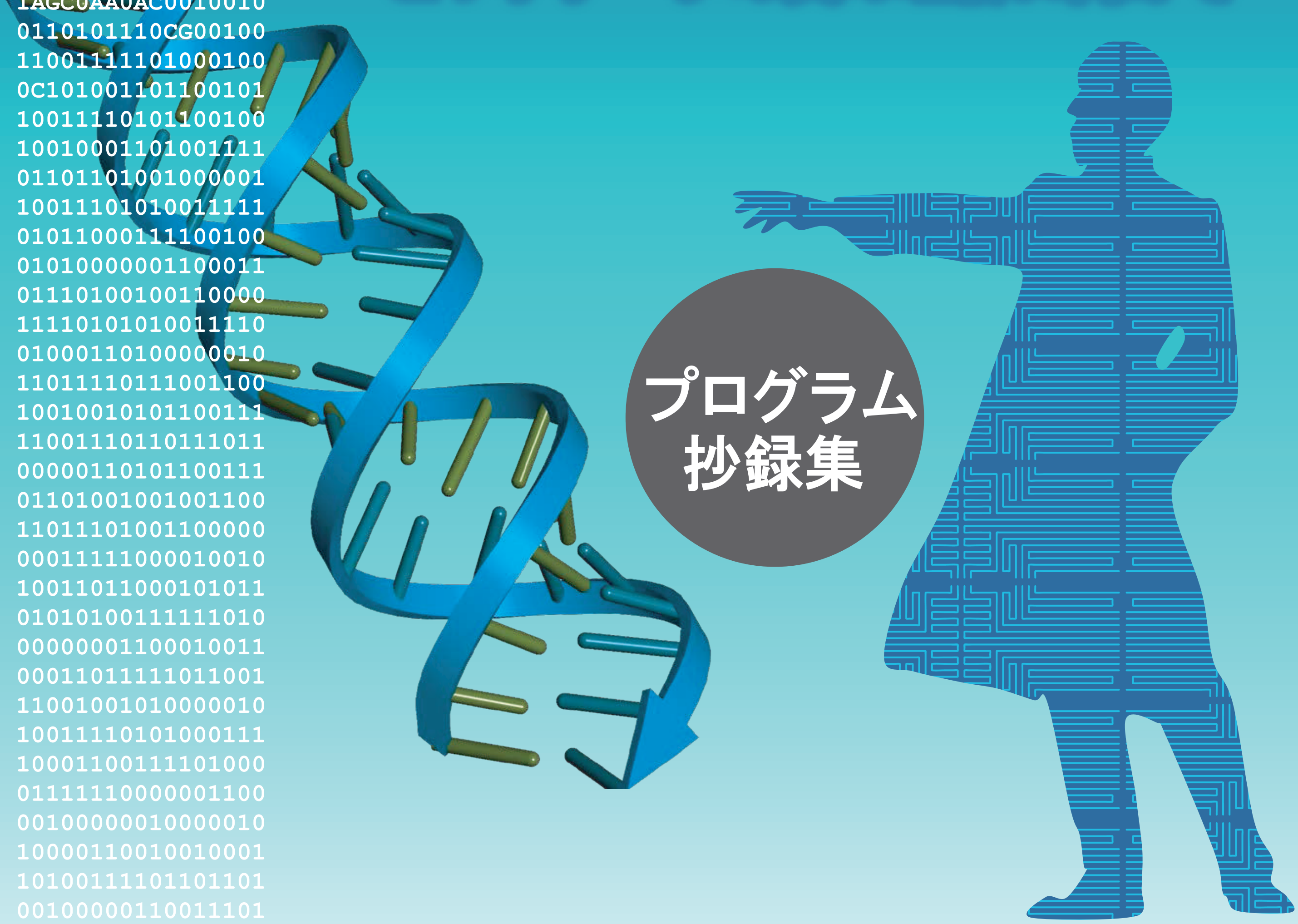
第6回
生命医薬情報学連合大会

Informatics in Biology, Medicine and Pharmacology (IIBMP2017)

進化する生命医薬情報学
～ビッグデータの真の理解に向けて



プログラム抄録集

2017.9.27 WED -29 FRI

会場　北海道大学情報科学研究科棟、
鈴木章ホール（フロンティア応用科学研究棟）

■ 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
情報計算化学生物学会（CBI学会）

■ 共催　Global Station for Big Data and Cybersecurity

■ 実行委員長　遠藤俊徳（北海道大学大学院情報科学研究科）

■ 連携開催　情報処理学会 バイオ情報学研究会（SIGBIO）

■ 後援　札幌市

第６回生命医薬情報学連合大会

Informatics in Biology, Medicine and Pharmacology（IIBMP2017）

プログラム・講演要旨集

目次

開催趣旨

生命医薬分野の研究の進歩はめざましいものがあり、情報学はその一部に組み込まれているのではないかというほどに浸透しました。生命活動が生物の形態形成、生命維持、生殖などあらゆる場面において、広い意味での遺伝情報に基づいて行われていることから必然とも言うべきですが、次世代シーケンシング技術をはじめとする、様々な生命現象を測定する技術の飛躍的発展や、膨大な可能性や組合せの網羅的探索への要求の増大など、様々な場面においてビッグデータの処理が求められるようになり、またハードウェアの飛躍的な発展も要求される水準に届くようになったという意味合いが大きいと思われます。

生物の持つ遺伝情報は長い進化の歴史の産物として形成されたものであると同時に、今まさにダイナミックに進化を続けています。そのスナップショットというべき、ヒトやそのほかの現生生物は非常に複雑で多様です。すべての多細胞生物は世代ごとに単細胞の時期を経て発生プログラムを展開してゆきます。また、生命維持の各段階においても、同様にプログラムが実行されてゆきます。しかしそのプログラム実行の仕組みはなじみの深いノイマン型のコンピュータの挙動に似て非なるものであり、それは生体を構成する分子とそのネットワークそのものが、高度に自己組織化した集合体であることが大きな要因となっています。つまり、DNAがもつ遺伝情報のみならず、それを支持する分子や構造さえもその挙動を変化させ得る実体として振る舞っており、多くの事実が明らかになってきているにも関わらず、疾患を含む様々な生命現象についての、まだ完全な理解には至っていません。高度に進化したこの遺伝情報は、「サルがキーボードをたたいてシェークスピアを著述するほど稀な現象」という表現をされたこともありますが、現実にはサルが正しくない文字を打ったらすかさず訂正することによって、シェークスピア完成の確立を著しく高めてきたのです。この現象は、突然変異と自然淘汰の蓄積です。

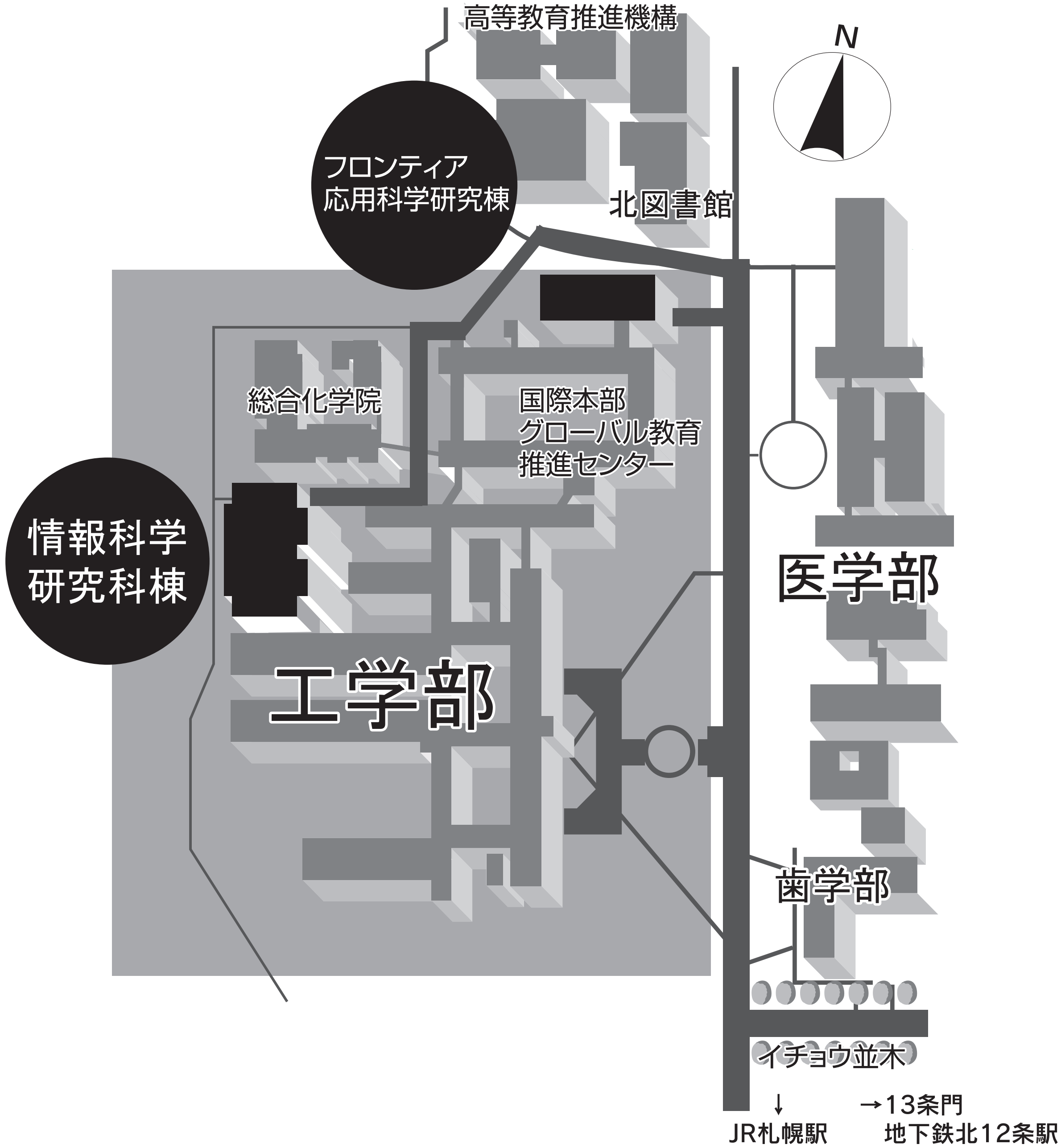
個人ゲノム解析コストも当初目標の1000ドルを切り、10年以内には100ドルに迫ると言われています。健康診断程度の費用で早期に罹患可能性を知ることができるようになり、副作用を最小限に効果的な投薬ができる時代も目前です。いまのところ次世代シーケンサから生み出される膨大なデータ処理には高速な情報処理が必要ですが、10年の間には十分なデータ処理技術の向上が見込めるでしょう。これからの課題はむしろ、明らかにされたゲノム情報の適切な解釈のやり方に移ってゆくはずです。ゲノム状態の検査情報は明らかになっても、その意味する疾患可能性や回避すべき生活習慣・嗜好にたどり着くにはもう一段のステップが必要です。どのようなゲノム状態と生活習慣や嗜好が結びつくと疾患につながるのかについては、ゲノム解析データと、医療情報を組合わせて初めて明らかにできることであり、その意味ではやっとロゼッタストーンを手に入れた段階ともいえます。ゲノム解析結果、生活習慣、嗜好の組合わせは膨大なビッグデータです。解明は必ずしも即時と言うわけには行きません。しかし、個人毎に最適な投薬や療法が確立すれば、副作用等に悩まされることもなく、医療費も劇的に低下させることが期待できます。そして複雑怪奇な暗号を解読するためのお膳立ては揃いつつあります。

モデル生物のゲノム配列のデータベース、遺伝子アノテーション、そして関連文献の膨大な蓄積、生命現象を理解するために必要な用語と概念の体系であるオントロジー、そしてそれらの統合化データベースなど、ヒトの健康へのフィードバックのみならず、各種資源あるいは環境構成要素としての生物への理解も深めてゆくための材料が調ってきています。こうした蓄積を進化学的視点から見ると、生命の共通性、ヒトやその他の生き物の成立過程、そしてその進化要因をも浮き彫りにすることが可能になってゆくことでしょう。また、各学問分野の融合によって初めて理解出来ることも多いはずです。

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3学会合同大会として6回目を迎える生命医薬情報学連合大会（IIBMP2017）も、この進化を続けるダイナミックシステムのスナップショットと言うべき年次大会です。本年は、北海道大学札幌キャンパス内の情報科学研究科およびフロンティア応用科学研究棟（鈴木章ホール）にて開催します。本大会では、遺伝情報やそれによって構成される生命と、そこからもたらされる様々な情報と知見を、生物学、医学、薬学、進化学、情報科学、個人情報など、様々な材料と視点から扱った研究の発表と分野の垣根を越えた議論の場となることを期待しています。この分野に関心をもつ多くの方々にぜひご参加ならびにご支援をお願いできれば幸いです。

第６回生命医薬情報学連合大会実行委員長
遠藤　俊徳
(北海道大学大学院情報科学研究科)

北海道大学　構内案内図（会場付近抜粋）



◇ **フロンティア応用科学研究棟**

受付（27日午前中のみ）

・Ｓ会場

・ポスター会場

◇ **情報科学研究科棟**

受付（27日午後～29日）

・Ａ会場

・Ｂ会場

・Ｃ会場

・Ｄ会場

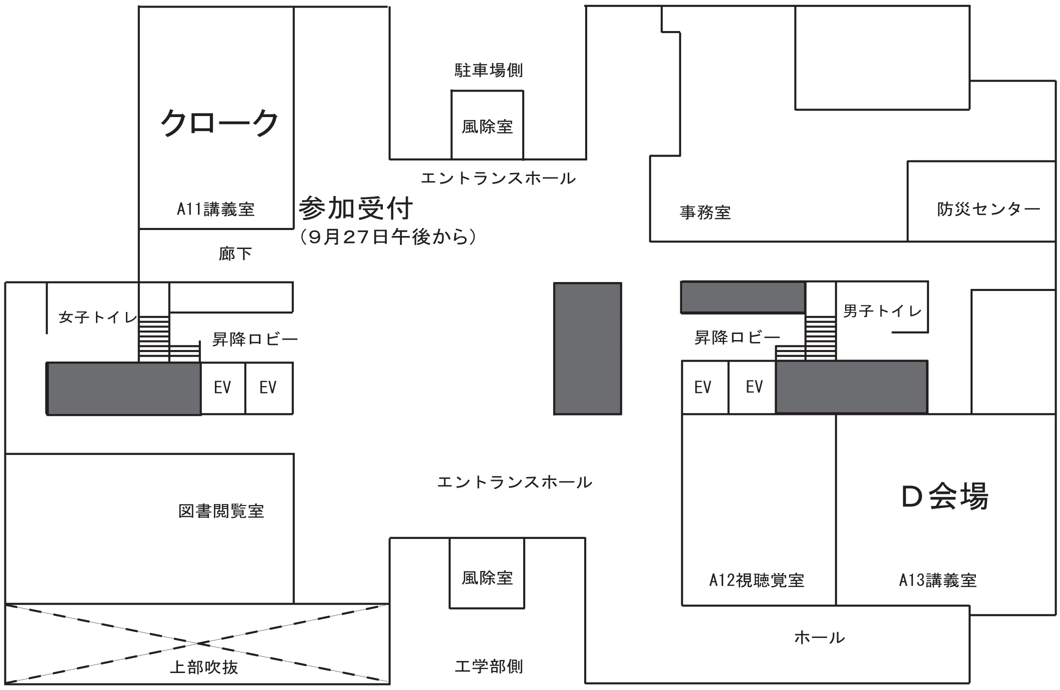
・大会事務局

・展示会場

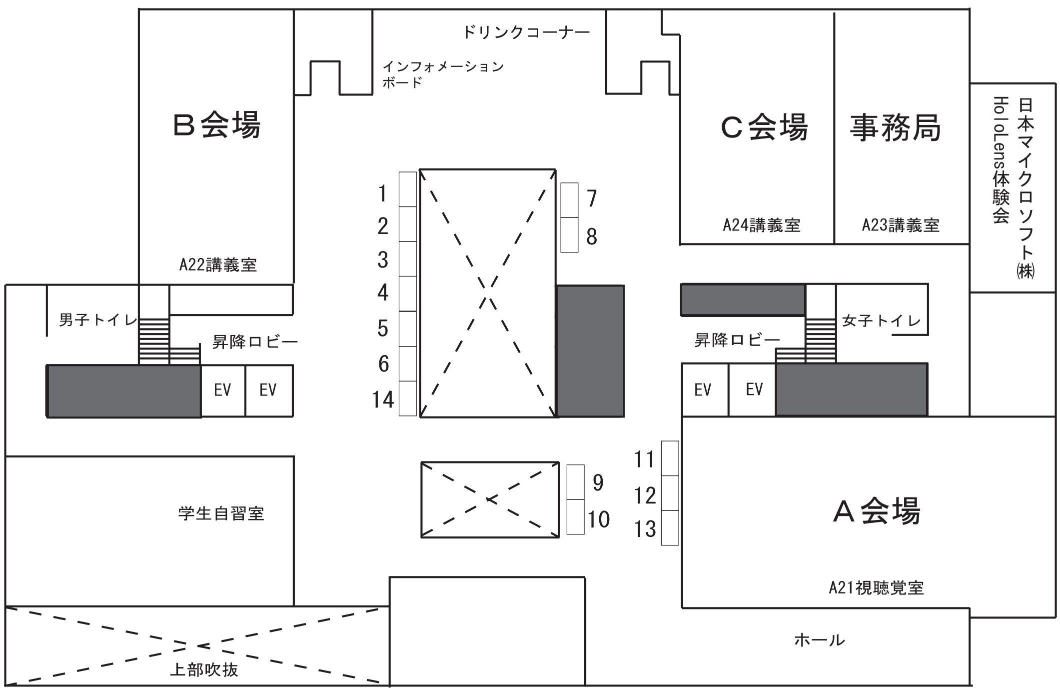
・会議室（幹事会、理事会）

北海道大学情報科学研究科棟

北海道大学　情報科学研究科棟　１階

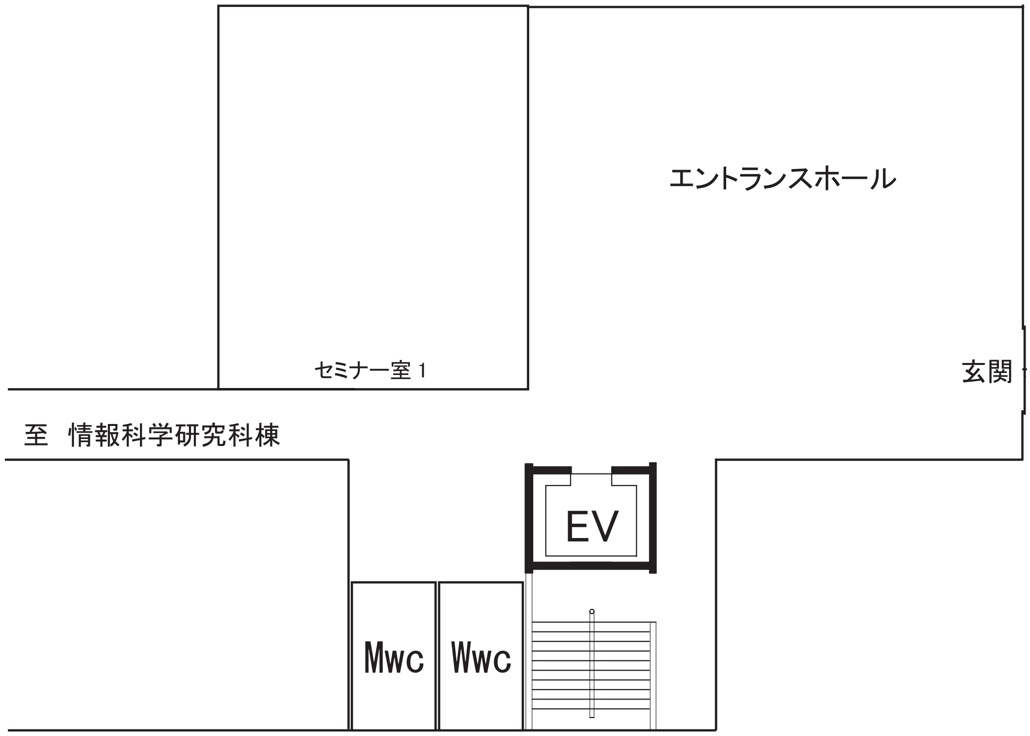


北海道大学　情報科学研究科棟　２階

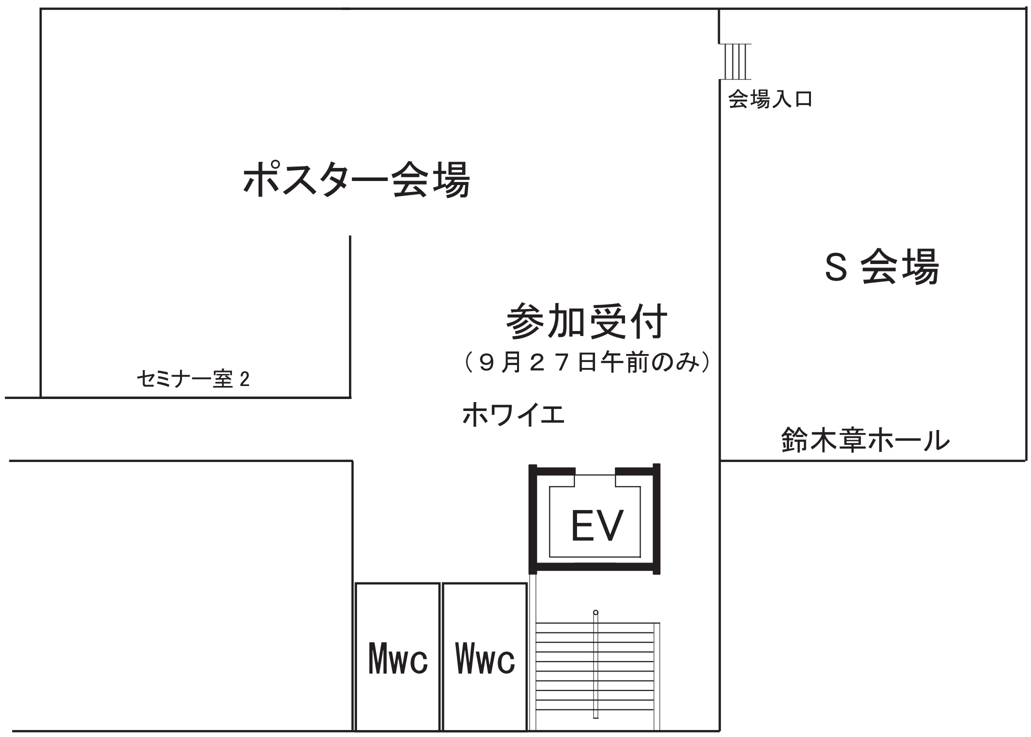


鈴木章ホール（フロンティア応用科学研究棟）

フロンティア応用科学研究棟　１階



フロンティア応用科学研究棟　２階



日程表

■ 9 月 27 日（水）

	S会場 （鈴木章ホール）	A会場 （情報科学研究科棟）	B会場 （情報科学研究科棟）	C会場 （情報科学研究科棟）	D会場 （情報科学研究科棟）
8:30	参加受付（午前のみ）				
8:50	開会挨拶				
9:00 10:30	招待講演 宮野　悟				
（15分）	休憩				
10:45 12:15	[スポンサー] 日本マイクロソフト	参加受付（情報科学研究科棟）			
12:25 13:25		[ランチョンセミナー１] PDBj			JSBi 幹事会
13:35 15:05		口演発表１	[スポンサー] バイオグリッドセンター関西		
（20分）	Coffee break				
15:25 16:55	ライトニングトーク &ポスタープレビュー	口演発表２	[BoF] NGS現場の会	[BoF] がんの進化の理解	
17:40 18:40	ポスター奇数				

■ 9 月 28 日（木）

	S会場 （鈴木章ホール）	A会場 （情報科学研究科棟）	B会場 （情報科学研究科棟）	C会場 （情報科学研究科棟）	D会場 （情報科学研究科棟）
8:30		参加受付（情報科学研究科棟）			
9:00 10:30	基調講演 五條堀　孝				
（15分）	休憩				
10:45 12:15	[シンポ] ニュートリゲノミクス		ハイライトトラック１	[企画１] 感染症研究とBioinfo	
12:25 13:25		[ランチョンセミナー２] SCSK			JSBi 理事会
13:35 15:05		[企画２] キャリアパスセッション1	[スポンサー] ナベインターナショナル	[企画３] 毒性評価の計算予測	
（20分）	Coffee break				
15:25 16:55	[BoF] バイオデータベース	[企画４] キャリアパスセッション2	[企画５] 3学会合同	[BoF] 質量分析と ケモインフォマティクス	
17:05 18:05	ポスター偶数				
19:00 21:00	**懇親会** JRタワーホテル日航札幌 36階スカイバンケット「たいよう」				

■ 9 月 29 日（金）

	S会場 （鈴木章ホール）	A会場 （情報科学研究科棟）	B会場 （情報科学研究科棟）	C会場 （情報科学研究科棟）	D会場 （情報科学研究科棟）
8:30		参加受付（情報科学研究科棟）			
9:00 10:30		[シンポ] RNAバイオロジー	ハイライトトラック２	[BoF] 東北メディカル・バンク	
（15分）		休憩			
10:45 12:15		[企画６] 札幌市IT／Bio産業	[BoF] AMED		[企画７] 魅せる・伝わる プレゼンテーション
13:35 15:00		表彰式・総会			

講演・セッション

基調講演	
ゲノム情報社会を見据えた医薬の研究と開発	
日時・会場	9月28日（木） 09：00 ～ 10：30 S会場
演者	五條堀 孝（アブドラ国王科学技術大学教授（Distinguished Professor of KAUST [King Abdullah University of Science and `Technology]）早稲田大学招聘研究教授）
オーガナイザー	遠藤 俊徳（北海道大学大学院情報科学研究科）

2000年にヒトの全ゲノムの塩基配列が決定されて以来約18年の歳月が過ぎたが、ゲノム科学の進展は続き、特にNGS（Next-Generation Sequencer）と言われる次世代の塩基配列決定装置の急速な発展はそのスピードを緩めることなく、超大量で超高速にそして超安価にして膨大なゲノム情報の解読を可能にしてきている。ヒト集団で言えば数十万人の全ゲノム情報の取得を目標としたコホート研究プロジェクトも進行中であったり、現在注目の腸内細菌のいわゆるバイオーム研究ではある種の細菌叢と特定な病気との強い関連が明らかになったりしてきているのは、多くの人達が知っているところである。

特に、メタゲノム解析の急速な技術発展によって、人体や各種の動植物だけでなく、陸地の土や海水・淡水そして大気や空気においてまでも病原菌を含む微生物やウイルスの多様な存在様式を明らかにできるようになってきた。このように地球全体をゲノム情報の観点から捉えるとき、現代の社会は「ゲノム情報社会」とでも言うべき新しい社会が見えてくる。こうして見えてくる社会の最重課題は、何といっても「遺伝的な要因だけでなく環境と健康福祉や先進医療を総合して理解すること」を標榜する新しい医薬の研究開発ではないかと考える。

こういった見地に立って、演者は、紅海のサウジアラビア側沿岸から毎月1回定期的に海水を採取し、ショットガンによるメタゲノム解析を行い、得られる塩基配列のビッグデータからウイルスを含む多様な微生物から極めて大量な新規遺伝子を発見し続けている。これらの新規の遺伝子から医薬的に有用な遺伝子や遺伝子産物を見つけるため、バイオインフォマティクスとシングルセルのマイクロドロプレットによるスクリーニングを駆使したパイプラインを構築した。また、それらの遺伝子の実験的な確証を得るために、このパイプラインには枯草菌などを用いたゲノム編集の行程も組み込まれている。

本講演では、このパイプラインを紹介しながら、ゲノム情報社会を見据えた医薬の研究と開発の今後について議論する。

招待講演

ゲノムデータ解析パイプラインGenomonとがん臨床シークエンス研究 ～スパコンと人工知能による加速～

日時・会場	9月27日（水） 09：00 ～ 10：30 S会場
演者	宮野 悟（東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター）
オーガナイザー	遠藤 俊徳（北海道大学大学院情報科学研究科）

キーワード：ゲノムデータ解析、がん臨床シークエンス、人工知能、スーパコンピュータ

東大医科学研究所は2011年から、ヒトゲノム解析センターのスーパーコンピュータシステム活用し、がんを対象とした全ゲノムシークエンスに基づく臨床ゲノムシークエンス体制を構築してきた。Genomon（https://github.com/Genomon-Project）は、血液腫瘍をはじめとしてがんゲノム研究で実績のあるデータ解析パイプラインで、WGS解析、WES解析、RNA-seq解析、SV解析などが可視化も含めスムーズにできるようになっている。経験ベイズ理論により、理論的に妥当でかつ実用的な変異コールルールを算出するEBcallやRNAシークエンスデータからの融合遺伝子検出などが導入されている。さらにイルミナシークエンサーデータの盲点であったミッドレンジ（10bp ～ 1000bp）の構造異常の検出が高精度にできるようになった。その結果、全ゲノムシークエンス解析による成人T細胞白血病リンパ腫（ATL）のゲノム変異の全貌が解明され、さらにPD-L1遺伝子の3′非翻訳領域の構造異常とがん細胞が免疫から逃れるメカニズムの解明など、Genomonによるがんゲノミクスの成果もでてきた。こうして、ヒトゲノム解析センタースパコンSHIROKANEを使ったGenomonとデータマネージメントシステム、生体認証によるセキュリティ管理、網羅的多地点カメラによる安全・データ事故管理などのシステムを構築してきた。しかし、数千から数百万のゲノム変異の翻訳・解釈はボトルネックになっており、人海戦術で臨むしかなかった。そのため、2015年7月に、IBMのWatson for Genomics研究用として導入し、ビッグデータを活用したゲノム変異の解釈・翻訳が人工知能技術によりどの程度有効であるかを検証してきた。大腸がんのマルチリージョナル全ゲノム解析で始まったこのプロジェクトだが、Watson for Genomicsの導入により、Myeloidパネル解析及び全エクソーム解析を使った血液腫瘍の臨床シークエンスも２年以上の実績を積んできた（時系列でシークエンス解析を実施している）。これらのシークエンスには、臨床シークエンス専用に用意したHiSeq2500, NextSeq, MiSeq, Ion Proton, Ion PGMなどを使い、サンガー法でバリデーションをしてきた。専用のDigital PCRも導入した。Tumor Boardを開催し、様々な観点からの議論も行っている。多くのノウハウがこの７年ほどの間に蓄積していると考えている。Turn around timeは５日間ほどになった。がんの理解の難しさだけでなく、日本において非認可の分子標的薬の問題、パネルを使った解析の限界（2020年にはパネル解析は消滅すると言われているが）、WGSの重要性、日本における治験情報の非集中化の問題、薬機法、時間との闘いなど、様々な課題に取り組んできた。医科学研究所のシステムの概要とプラクティスを通した経験についてお話する。

シンポジウム	
ニュートリゲノミクス	
日時・会場	9月28日（木）　10：45 ～ 12：15　S会場
オーガナイザー	西平　　順（北海道情報大学　医療情報学部）

健康状態は、遺伝子的な構造（遺伝子型）と食生活や運動など生活環境の相互作用によって決まる。特に、遺伝的背景（体質）と食生活（栄養）を対象にした研究領域はニュートリゲノミクスと称され、近年大いに注目されている。遺伝的背景については、約20年以上に及ぶヒトゲノム塩基配列決定と遺伝子変異に関するデータの集積から、ヒトの生理的プロセスや疾病リスクに関連した遺伝的変異（SNPs、エピゲノムなど）が多く見いだされている。これらの変異が栄養の吸収、代謝、食の機能性の効果にも影響し、その結果老化や疾病の発症とも関連することが報告されている。一方、ヒトを対象にした食の臨床試験が多く実施され、食の機能性と関連して腸内細菌叢の解析が盛んに実施されている。特に、腸内細菌叢の腸内・脳内代謝物への影響について解析が行われ、認知症やストレスなど脳機能に関する研究が話題となっている。本シンポジウムでは、ニュートリゲノミクスに焦点をあて、腸内細菌叢のデータ解析と疾患との関連性、食の機能性と遺伝的背景の相関、食の臨床試験データの新たな解析方法について、それぞれ専門的立場から発表いただく。

新時代を迎えた腸内常在菌研究～腸内常在菌データベースによる健康管理法の確立～

辨野　義己（国立研究開発法人　理化学研究所　辨野特別研究室）

臨床試験データのモデル化に基づく食の機能性評価

甫喜本　司（北海道情報大学　情報メディア学部）

遺伝子データ解析を組み入れた食のヒト臨床試験の評価と探索

西平　　順（北海道情報大学　医療情報学部）

シンポジウム	
ポストゲノム時代のRNAバイオロジー	
日時・会場	9月29日（金）　09：00 ～ 10：30　A会場
オーガナイザー	**廣瀬　哲郎（北海道大学　遺伝子病制御研究所）**

ポストゲノム時代に入り、RNAに関する新しい知見が続々と明らかになっている。まず、ゲノムの大部分を占めるノンコーディング領域から生み出される多彩なノンコーディングRNA(ncRNA)が発見され、その機能解明が大きな課題になっている。またノンコーディング領域の主要要素であるトランスポゾンが、細胞の運命決定に関わる可能性が報告され、ゲノムの隠れた機能に注目が集まっている。一方でNGS解析から、選択的RNAプロセシングがトランスクリプトームの多様性を生み出す原動力になっていること、また多彩なRNA修飾が新たなRNA制御機能を付加していることが明らかにされ、転写後制御の複雑性が再認識された。こうしたRNA機能を支えているのは、パートナーであるRNA結合タンパク質群である。近年RNA上のタンパク質結合部位を高分解能で決定するCLIP法が開発され、特定の生理条件でのRNA-タンパク質相互作用をゲノムワイドに俯瞰できるようになった。このようにRNAバイオロジーは、ポストゲノム時代の革新的技術とそれによって生み出された配列情報によって様変わりし、複雑な生命活動の綿密な制御を担うRNAの新たな姿が見え始めた。本シンポジウムでは、RNA研究を牽引する４名の研究者に最新の話題を提供いただき、情報学研究者との相乗的なコラボレーションの可能性を模索したい。

協賛：　新学術領域研究「ノンコーディングRNAネオタクソノミ」

mRNA metabolism in mammalian germ cell development and disease

山路　剛史（Rockefeller大）

細胞内メタボライトを感知するRNA修飾と疾患

鈴木　　勉（東京大学大学院　工学系研究科化学生命工学専攻）

長鎖ノンコーディングRNAの個体レベルでの機能解析

中川　真一（北海道大学大学院薬学研究院　創薬科学部門）

トランスポゾンによるゲノム機能制御

塩見　春彦（慶應義塾大学　医学部分子生物学教室）

企画セッション1	
感染症研究とバイオインフォマティクス	
日時・会場	9月28日（木）　10：45 ～ 12：15　C会場
オーガナイザー	中川　　草（東海大学医学部）、伊藤　公人（北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター）

感染症に関する研究は実験的な手法に加えて、塩基配列や立体構造解析、そして集団での感染動態を調べるための数理モデルなど、様々な手法を組み合わせた学際的な研究分野である。特に近年のシーケンス技術の発展を受けて、大量塩基配列や感染症が生じている現地でシーケンスなど、感染症研究においてバイオインフォマティクスに関連する研究領域が大きく広がっている。今回会場となる北海道大学は医学部、獣医学部などに加えて人獣共通感染症リサーチセンターを有し、様々な研究室で幅広い感染症研究を行っている。本セッションでは、様々なアプローチで感染症研究を行っている研究者に、これまでの研究の歩みとこれからの感染症研究のために必要なバイオインフォマティクスについて意見をいただくための講演を依頼した。本セッションはこれまで感染症研究に携わっていなかった方にもぜひ参加していただきたいと考えている。

エボラウイルスの感染効率に関与するアミノ酸置換の発見とその生物学的意義の考察

中川　　草（東海大学医学部）

系統動態モデルによる自然宿主探索

西浦　　博（北海道大学大学院医学研究科）

2つの現場から：ダニ媒介性ウイルスの網羅的探索と鳥インフルエンザの診断

松野　啓太（北海道大学大学院獣医学研究院）

病原体集団遺伝学と感染症数理疫学の融合

伊藤　公人（北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター）

企画セッション2	
キャリアパスセッション1	
日時・会場	9月28日（木）　13：35 〜 15：05　A会場
オーガナイザー	阿久津達也（京都大学）、松田　秀雄（大阪大学）

このセッションでは、ベンチャー、IT系、製薬系など多様な企業において第一線で活躍されている講師の方々に、企業におけるバイオインフォマティクス関連研究者・技術者のキャリアの実例や可能性を紹介していただきます。特に、どのような人材を望んでいるか、どのようなキャリアパスが考えられるか、どのような研究開発項目があるか、など大学院生や若手研究者が将来のキャリアを考える上で参考になる事柄を中心にご講演いただきます。大学院生や若手研究者の方々はもとより、学生の進路に関してより多くの情報を得たいと考えている教員の方々まで、数多くの皆様のご参加をお待ちしています。近年、企業におけるバイオインフォマティクスへの期待も高まってきており、また、新たにご講演いただく企業も何社もあり内容も充実したものとなっておりますので、以前に参加された方のお越しもお待ちしています。

製薬企業の研究所がバイオインフォマティシャンに期待すること

六嶋　正知（塩野義製薬株式会社）

協和発酵キリンにおけるバイオインフォマティクス研究者への期待

吉田　哲郎（協和発酵キリン株式会社）

研究者が活躍するビジネス現場の紹介

山口　昌雄（アメリエフ株式会社）

ICT企業MKIのバイオインフォマティクス

深町　幸宏（三井情報株式会社）

“受託解析屋”からみたバイオインフォマティシャンへの期待

岡田　　宰（北海道システム・サイエンス株式会社）

企画セッション3	
一般化学物質の長期毒性評価の計算予測をめざして	
日時・会場	9月28日（木） 13：35 ～ 15：05 C会場
オーガナイザー	福西 快文（産業技術総合研究所 創薬分子プロファイリング研究センター）

〔背景〕電気・電子材料、半導体、洗剤等工業原料など一般化学物質は、日本では新規な物質も含め年間3万物質が上市されている。PCBやDDTなどに見られた深刻な環境や人の健康影響問題を未然に防ぐため、一般化学物質の安全性評価と規制はOECD加盟国等先進国ではほぼ必須となっている。しかしながら、哺乳動物を用いた28日～90日間反復投与などの亜急性毒性試験は1件1000万円から3000万円程度と極めて高価である。化合物を扱うすべての業種で高リスクの物質を、より安全な物質に代替し、日本が世界的に機能性化学物質の開発を促進するためには、計算予測手法を中心としたIn silicoでの実験の代替手法開発が必須である。本年最先端の人工知能技術を活用した、産業界の共通基盤としての化学物質の安全性予測手法の開発を目指し、経済産業省委託事業「次世代型安全性予測手法開発」(AI-SHIPS)が発足した。

〔問題〕長期での肝臓等の毒性は、創薬よりもメカニズムが複雑で、マイクロアレイ、パスウェイ解析など様々な試みがなされている。現在では、化合物の代謝での反応、各種タンパク質と化合物との相互作用、遺伝子の発現やパスウェイの動きなどを階層的に理解し、毒性発現とその影響を紐解く(AOPベースでのアプローチ)流れとなっている。理解を深めるため、1万種類もの化合物のHTSアッセイや、~300化合物程度に限定はされるが、500種類以上にも及ぶ薬物の影響の観察結果が集積され、計算予測の土台となりつつある。しかし、一般化学物質の毒性を的確かつ高精度に予測できるソフトウェアはまだ存在しない。

〔趣旨〕当セッションでは、毒性予測分野の第一線の研究者による、毒性予測や評価についての計算手法や、その成果と限界についてご紹介を願う。

核内受容体およびストレス応答パスウェイを介した肝毒性予測における人工知能技術の適用

植沢 芳広(明治薬科大学 臨床薬剤学研究室)

インビボ毒性試験データベースを用いたラット肝毒性のインシリコ予測手法の開発

竹下 潤一(産業技術総合研究所 安全科学研究部門 リスク評価戦略グループ)

NGSデータから当たりを引き出す

緒方 法親(株式会社日本バイオデータ)

企画セッション4	
キャリアパスセッション２	
日時・会場	9月28日（木）　15：25 ～ 16：55　A会場
オーガナイザー	阿久津達也（京都大学）、松田　秀雄（大阪大学）

このセッションでは、ベンチャー、IT系、製薬系など多様な企業において第一線で活躍されている講師の方々に、企業におけるバイオインフォマティクス関連研究者・技術者のキャリアの実例や可能性を紹介していただきます。特に、どのような人材を望んでいるか、どのようなキャリアパスが考えられるか、どのような研究開発項目があるか、など大学院生や若手研究者が将来のキャリアを考える上で参考になる事柄を中心にご講演いただきます。大学院生や若手研究者の方々はもとより、学生の進路に関してより多くの情報を得たいと考えている教員の方々まで、数多くの皆様のご参加をお待ちしています。近年、企業におけるバイオインフォマティクスへの期待も高まってきており、また、新たにご講演いただく企業も何社もあり内容も充実したものとなっておりますので、以前に参加された方のお越しもお待ちしています。

創薬の成功確率向上のためのトランスレーショナルリサーチの利用

小川　武利（第一三共株式会社）

とある物理屋のデータ科学

門脇　正史（エーザイ株式会社）

野菜、花の新品種開発におけるバイオインフォマティクスの役割

遠藤　　誠（タキイ種苗株式会社）

バイオインフォマティクスにおけるAI技術の活用とバイオインフォマティシャンへの期待

鈴木　脩司（Preferred Networks, inc.）

企画セッション5	
３学会合同企画	
日時・会場	9月28日（木）　15：25 ～ 16：55　B会場
オーガナイザー	荻島　創一（東北大学東北メディカル・メガバンク機構）

進化する生命医薬情報学　～ビッグデータの真の理解に向けて、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３学会の学会長に、各学会におけるバイオインフォマティクス（生命情報学）、ケモバイオインフォマティクス、オミックス医療の現状と課題についてご講演いただきます。基礎研究から応用研究まで、生物学、進化学、情報科学から医学、薬学まで、３学会が取扱う分野のスコープは広く、分野の垣根を越えた議論の場としたいと考えています。そして、今後の生命医薬情報学の進むべき方向性について考える機会となればと考えています。

日本バイオインフォマティクス学会

「バイオインフォマティクス（生命情報学）の現状と今後の課題」

木下　賢吾（東北大学情報科学研究科/東北メディカル・メガバンク機構）

情報計算化学生物学会

「ケモバイオインフォマティクスの現状と今後の課題」

片倉　晋一（第一三共RDノバーレ株式会社）

日本オミックス医療学会

「オミックス医療の現状と今後の課題」

田中　　博（東北大学東北メディカル・メガバンク機構）

企画セッション6

札幌におけるIT・バイオ連携と産業の活性化に向けて

日時・会場	9月29日（金） 10:45 ～ 12:15 A会場
オーガナイザー	札幌市、ノーステック財団、さっぽろ産業振興財団

札幌は、北海道大学などの研究機関が多く存在することに加え、全国有数のIT企業の集積地となっており、将来有望な創薬・受託解析等のバイオ関連企業も活躍しています。

こうした中、先端的なIT技術や、バイオを含む健康・医療関連産業に対する注目も踏まえ、札幌市は、今年１月に産業振興ビジョンを改定し、「IT・クリエイティブ」と「健康福祉・医療」を産業振興の重点分野と位置付けました。

本セッションでは、札幌市の取組紹介に加え、「札幌におけるIT・バイオ連携と産業の活性化に向けて　～産学連携を含めた札幌の可能性や課題～」をテーマに、札幌のIT・バイオ分野でご活躍の５名によるパネルディスカッションを行います。

IT・バイオ連携への期待と札幌市の取組紹介
札幌市 経済観光局 国際経済戦略室
IT・クリエイティブ産業担当課長　村椿　浩基
食・健康医療産業担当課長　谷口　秀一

パネルディスカッション
札幌におけるIT・バイオ連携と産業の活性化に向けて
～産学連携を含めた札幌の可能性や課題～

〔モデリスト〕
北海道大学大学院 情報科学研究科 特任教授　山本　強 氏
〔パネリスト〕
株式会社ジェネティックラボ 先端医療事業部 部長代理　宮本 顕友 氏
株式会社テクノフェイス 代表取締役　石田　崇 氏
ネオス株式会社 札幌開発センター長　磯 真査彦 氏
北海道科学大学 工学部 情報工学科長 教授　川上　敬 氏

企画セッション7	
魅せる・伝わるプレゼンテーション	
日時・会場	9月29日（金）　10:45 ～ 12:15　D会場
オーガナイザー	遠藤　俊徳（北海道大学大学院情報科学研究科）

プレゼンをする機会はどんどん増えてきています。時には自分の人生をも左右しかねないほどのプレゼンの機会すらあります。では、どうすればよりよく伝わり、相手の記憶にも残るプレゼンができるのでしょうか。困っている人はたくさんいそうですが、学ぶ機会はそれほど多くないかもしれません。そこで今回、「伝わりやすくセンスのよいスライドの作り方」と「聴衆に納得してもらえるプレゼン技術」の２つの視点から、プレゼンについて考えてみる企画を準備しました。そうは言っても、プレゼンの準備ばかりにそんなにたくさんの時間は使えません。できれば限られた時間の中であってもよりよいプレゼンにしたい。そこで、これを守ればワンランクアップにつながる２つのルール、「スライドデザインのルール」「プレゼン構成のルール」をご紹介します。プレゼンについて、一度じっくり考えてみませんか？

※日本サイエンス・ビジュアリゼーション研究会に科学プレゼンテーションのコツのご講演をお願いしました。同じ研究成果なら魅力的に話す方がより良く伝わりますが、技術としての科学プレゼンテーションを学べる場は多くありません。表現方法から話の組み立てについて、学生、研究者、教員を問わず、是非、聴講していただければと思います。

「伝わるプレゼンのビジュアル・デザイン」

有賀　雅奈（東北大学　研究推進・支援機構）

「納得を生むプレゼンテーション」

三輪　佳宏（筑波大学　医学医療系）

スポンサーセッション	
Mixed RealityとAIによる次世代データ活用と、創薬における実践事例	
日時・会場	9月27日（水）　10：45 ～ 12：15　S会場
提供スポンサー	日本マイクロソフト株式会社

スマート創薬の為の基盤環境整備と応用～ AI、スパコン、Mixed Realityの社会実装に向けて～

関嶋　政和 (東京工業大学)

創薬には、十数年に渡る長い期間と3000億円以上とも言われる膨大な費用が必要であり、近年はこの研究開発費が増加傾向にある。これまで新規化合物獲得のための期間と費用を削減し、有望な薬候補化合物を効率的に探索するためにさまざまな手法、アプローチが開発されてきた。筆者らは、ＩＴ創薬と生化学実験が連携するスマート創薬で、従来の創薬手法であるHigh Throughput Screening (HTS) に比べ、20倍以上高いヒット率でヒット化合物を見つけることに成功した。

我々は、AI の技術の一つである機械学習手法によるリード最適化に関する研究、スーパーコンピュータによる顧みられない熱帯病治療薬探索、ドッキングシミュレーションの精度向上を行ってきた。本講演では、これらの技術について議論を行うと共に、近年、現実の空間にオブジェクトを表示することで三次元の物を三次元のまま表示する技術として知られる Mixed Reality について、その実応用について紹介をする。

参考URL

1) https://www.youtube.com/watch?v=DXFL9lIZLWU
2) https://www.youtube.com/watch?v=JazPv04mxEo

参考文献

1) S. Chiba et al., An iterative compound screening contest method for identifying target protein inhibitors using the tyrosine-protein kinase Yes, Scientific Reports, accepted.
2) R. Yoshino et al., In silico, in vitro, X-ray crystallography, and integrated strategies for discovering spermidine synthase inhibitors for Chagas disease, Scientific Reports, 7, Article number: 6666 (2017) doi:10.1038/s41598-017-06411-9.
3) S. Chiba et al., Identification of potential inhibitors based on compound proposal contest: Tyrosine-protein kinase Yes as a target, Scientific Reports, 5, Article number: 17209 (2015) doi:10.1038/srep17209.

次世代のデータ活用としての　Intelligent Data Platform

畠山　大有 (日本マイクロソフト株式会社 Principal Software Development Engineer)

AI (Artificial Intelligence) が実ビジネスのソリューションとして広がりを見せ始めています。その背景には、研究者の皆様が取り組みやすい技術・環境が整ってきた事があります。それにはクラウドの存在は欠かせません。このセッションではMicrosoftが提供している最新のAIなどを中心にした、Data Platformについてご紹介をします。Big Dataの先に生まれるIntelligenceをどう位置づけ、どう産業に活かしていくのかを最新動向も踏まえて紹介します。

スポンサーセッション	
ライフサイエンス分野におけるＡＩ戦略	
日時・会場	9月27日（水）　13：35 ～ 15：05　Ｂ会場
提供スポンサー	NPO法人バイオグリッドセンター関西

21世紀に入り、人工知能（AI: artificial intelligence）とビッグデータは、クイズ番組でのIBM Watsonや囲碁の世界でのGoogle AlphaGoなどの活躍により大きく注目され、その利活用は、自動車の自動運転への応用など多くの産業分野において急速に進展しつつあります。 ライフサイエンス分野においても、IBM Watsonによる癌診断への応用などで一定の成果が上ってきています。しかし、ライフサイエンス分野でのAIとビッグデータの活用は、他の分野と比較するといまだ端緒に就いたところと言えます。我々はここに、「ライフ インテリジェンス コンソーシアム（LINC）」を発足させ、製薬・化学・食品・医療・ヘルスケア関連のライフサイエンス分野のためのAIならびにビッグデータ技術を開発することで、関連諸分野の産業振興と、国民の健康寿命の延伸及び生活の質の向上を目指しています。 LINCの主要構成メンバーは以下で、現在約80の機関が参加しております。

AIを開発する企業・アカデミア（主にIT系）
AIを利活用する企業・アカデミア（主に製薬・化学・食品・医療・ヘルスケア関連のライフ系）
LINCは、アカデミアの触媒機能により、IT業界とライフ業界の連携を促進し、IT業界が世界のAI産業競争に勝てる土壌作りを目指すとともに、AI戦略によるライフ業界の産業競争力を加速することを目指します。2016/11/17に発足し、ライフ系企業から150超のテーマを頂き、これらを精査・集約し、現在29のテーマについてプロジェクトとして開発を進めております。2017/7/1から開発がスタートしており、2018/3に年度末の成果報告を行いプロジェクトを評価し継続、終了などを判断します。評価の結果、BtoBへ移行するものを最低1つは出していきたいと考えています。また、これらの個々のアウトプットが次のプロジェクトのインプットとなり、成果がシームレスにつながり一連のバリューチューンを構築することを最終的に目指しております。２年後、３年後をご期待下さい。

医療・創薬分野での研究アライアンスと人工知能研究への期待
江口　至洋（理化学研究所客員主管研究員、NPO法人システム薬学研究機構理事）
医療従事者が疾患別に評価する治療の満足度は薬の存在に大きく依存しており、患者への医療サービスの向上において創薬は鍵になっている。しかし、今に至るも製薬産業は高騰する研究開発費、急速に減少する研究開発効率に悩まされている。そんな中、私にとって2009年Nat Rev Drug Discov誌に出た意見論文”Lowering industry firewalls: pre-competitive informatics initiatives in drug discovery”は印象的であった。その論文は欧米の３つの製薬企業（GlaxoSmithKline, Pfizer, AstraZeneca）の研究者が共同で執筆、投稿したもので、端的に言えば「これまで通り各企業の塀の内で研究を進めるのですか？」と問いかけている。ここでは近年急速に進歩した人工知能研究を共通基盤に、塀の外に出て研究開発を共に進めようとするLINCの取り組みを紹介する。

IT企業のライフ分野におけるAIへの取り組み
丸山　文宏（富士通研究所　人工知能研究所）

【フリートーク】製薬企業の限界とAIへの期待
江口氏、丸山氏、塩野義製薬　デジタルインテリジェンス部　奥村利幸氏

スポンサーセッション

解析手法やデータを共有できる「バイオメディカルデータ解析ゲートウェイ」Takeru Galaxy

日時・会場	9月28日（木）　13:35 ～ 15:05　B会場
提供スポンサー	株式会社ナベ　インターナショナル

バイオインフォマティクスをはじめとする情報系の研究者にとって、コマンドラインによる操作に慣れていないメンバーや共同研究先など外部のメンバーを含むチームで研究を進める際に、解析手法の共有、解析データの共有をどうするかは大きな課題です。共有にあたっては、実験系・臨床系研究者が実行するデータ解析に対する技術的サポートやトラブルシューティング、解析に用いる計算機やストレージにおけるユーザー管理や使用データベース設定等のIT環境整備などが必要になり、これらに対して情報系の研究者が、解析手法の開発など本来の仕事に加えて責任を持つ場合は多々あります。

一方、データインテンシブなバイオメディカル研究における統合解析ソフトウェアとして知られているGalaxyは、数年来その構築をサポートしてきたナベ インターナショナルにおいて、次世代シーケンスデータ等の解析システム導入に際する構築要望が増えています。これはGalaxyの認知度上昇に加え、研究チームにおける解析方法共有の重要性およびそれに伴うGalaxyの必要性が増したことに起因すると考えられます。

Galaxyは機能拡充やトレーニング資料の充実、コミュニティ活動の拡大など大きく展開しており、組み込み可能なソフトウェアやレファレンスデータベース数の増加、解析履歴マルチビューワーの導入やパブリッククラウドへの対応、使用ソフトウェアを実装するためのツール導入、使い方ツアー動画の増加、開発者チャットの公開など、その展開は多岐に渡っています。オープンに開発、公開されているGalaxyは関連する情報も入手が比較的容易ですが、その分サポートがないため、カスタマイズや問題解決は自力で実施する必要があります。

このGalaxyに、研究室独自解析パイプラインの実装等カスタマイズや、ユーザー管理・共有データ設定等利用技術へのサポートを加えたものが、バイオメディカルデータ解析において異なる背景を持つ研究チームメンバーをつなげる役割を果たす、いわばゲートウェイとなるTakeru Galaxyです。

本セッションではまず、Galaxyに最近追加された新機能や活発な開発コミュニティの活動状況について、開発コミュニティ会議参加の経験から得られたことを含めて紹介します。また、Takeru Galaxyの特長、仕様、計算機と組み合わせた導入例などを説明し、本家Galaxyと何が異なるのかを含め、Takeru Galaxyの概略をお伝えします。

次に、実験系・臨床系研究者を中心とするユーザーの視点から見たTakeru Galaxyを解説します。解説により、Takeru Galaxyの導入により研究チームが解析手法および解析データをどう共有できるかイメージしていただき、データ解析システムAdminの役割を担う場合におけるTakeru Galaxy導入のメリットをご理解いただきます。

さらに、研究室独自の解析パイプラインをDockerにてコンテナ仮想化しTakeru Galaxyへ実装する方法を解説し、Takeru Galaxyで提供可能なGalaxy利用技術の一端を提示します。

Galaxy開発コミュニティの活動状況および Takeru Galaxy の紹介

株式会社 ナベ インターナショナル　マーケティング部　渡辺　理恵

ユーザーから見た Takeru Galaxy と研究チームにおける解析手法および解析データの共有

株式会社 ナベ インターナショナル　技術開発部 技術開発第二グループ　溝谷　浩平

解析パイプラインのDockerコンテナ化とTakeru Galaxyへの実装

株式会社 ナベ インターナショナル　技術開発部 技術開発第一グループ　藤枝　範訓

ランチョンセミナー1

1. PDBjとwwPDBの活動方針について
2. PDBjを利用したデータベース構築の事例紹介

日時・会場	9月27日（水） 12：25 ～ 13：25 A会場
提供スポンサー	日本蛋白質構造データバンク（PDBj）

PDBjとwwPDBの活動方針について

栗栖 源嗣（大阪大学蛋白質研究所）

PDBj (Protein Data Bank Japan, https://pdbj.org/) は、worldwide PDB (wwPDB, https://wwpdb.org/) のメンバーとして国際的な共同作業により、蛋白質等の生体高分子の構造を登録し、PDB (Protein Data Bank) データとして座標と実験データを全世界へ無償で公開しています。今回のセミナーでは、PDBjの新しい体制の紹介と、wwPDBで行ってきた厳しい品質管理についてお話します。関連してPDBjとPDBj-BMRBで進めている構造データに対する検証レポートの充実についても、X線結晶解析、NMR構造解析、電子顕微鏡構造解析の方法論事に今後の計画を紹介します。さらに2016年wwPDB諮問委員会でPDB IDのバージョン化が決定されました。2017年10月に導入予定の新しいPDBIDの詳細を含めて、今後、PDBがどのように変わっていくのかなど最近の活動内容を紹介します。

PDBjを利用したデータベース構築の事例紹介

木下 賢吾（東北大学大学院情報科学研究科）

我々はこれまで、PDBに蓄積されてきたデータを活用した様々な2次データベースの構築を行ってきた。例えばeF-siteは、タンパク質の座標情報を利用し、分子表面を計算し提供するデータベースであり、PiSiteはタンパク質間相互作用面に関するデータベースである。これらは、eF-siteでは分子表面を計算する際に、サブユニット毎に分割して表面を計算し、PiSiteでは生物学的な相互作用面の抽出を行う。これら概念的には単純なことも、当初はPDBの古いフォーマットのためにトラブルも多かったが、最近は、PDB-MLやmmCIFなどの新規フォーマットの策定により2次データベースの構築の効率も段違いに上がってきている。しかし、PDBが本質的に解析者のデータレポジトリであるが故に、利用者から見ると2次データベースを構築する際には未だ扱いが難しい面もある。本公演では、これまで我々が開発をしてきた2次データベースの紹介を行いつつ、PDBの利用者目線での今後の課題を議論したい。

ランチョンセミナー2	
1. 解析・分析業務を支えるDell EMCのソリューション概要 2. スパコンアーキテクトが考える 科学技術計算分野でのクラウド活用	
日時・会場	9月28日（木） 12：25 ～ 13：25 A会場
提供スポンサー	SCSK株式会社

当社では長年にわたり高速化、並列分散処理、可視化、入出力加速化によって計算科学分野の研究開発を支援するための多様な製品、ソリューションをご提供して参りました。

本セミナーでは、最新の技術情報ご提供の観点から以下のふたつのセッションお聞きいただきます。

解析・分析業務を支えるDell EMCのソリューション概要

吉橋　健太（デル株式会社）

昨年9月の Dell と EMC の統合により Dell Technologies が発足し、はば広いIT製品やソリューションを通じてより一層お客様のデジタルトランスフォーメーションをご支援できる体制が整いました。

本セッションでは、Dell Technologies の概要および最新動向をお伝えすると共に、解析・分析の研究領域をささえるGPGPU搭載の次世代サーバ製品「PowerEdge第14世代」、ペタスケールの解析・分析データの格納に対応するスケールアウト型のNASストレージ製品「Isilon」、市場投入から20年の歴史と実績を持ち高くご評価いただくワークステーション製品「Precision」といったエンドツーエンドのソリューションをご紹介いたします。

スパコンアーキテクトが考える 科学技術計算分野でのクラウド活用

柴田　直樹（エクストリームデザイン株式会社）

科学技術計算分野でのクラウド利用が欧米を中心に進んでいます。しかしながらクラウドを科学技術計算分野で活用するにあたり、数々の不安をユーザーは持っています。
コストパフォーマンス、セキュリティ、データの扱い方などの要件に対する最適なクラウドリソースの選択、仮想環境（分散並列環境含む）の構築や従量課金でのシステム管理運用など、クリアにすべき課題が多岐にわたります。

本セッションでは、スパコンアーキテクトの立場からクラウドを活用したHPC環境を実装する中で感じた実態とクラウド活用のあり方、研究開発に集中するためにご提供する クラウドHPC環境構築無人化サービス「XTREME DNA」についてお話いたします。

ハイライトトラック

ハイライトトラック・セッション１

日時・会場	9月28日（木）　10:45 ～ 12:15　B会場

H1-1 **RIblast: an ultrafast RNA–RNA interaction prediction system based on a seed-and-extension approach**
Tsukasa Fukunaga and Michiaki Hamada

H1-2 **Prevention of antipsychotic-induced hyperglycaemia by vitamin D: a data mining prediction followed by experimental exploration of the molecular mechanism**
Takuya Nagashima, Hisashi Shirakawa, Takayuki Nakagawa and Shuji Kaneko

H1-3 **Modeling and simulation of the redox regulation of the metabolism in Escherichia coli at different oxygen concentrations**
Yu Matsuoka and Hiroyuki Kurata

H1-4 **A portable system for rapid bacterial composition analysis using a nanopore-based sequencer and laptop computer**
Satomi Mitsuhashi, Kirill Kryukov, So Nakagawa, Junko S. Takeuchi, Yoshiki Shiraishi, Koichiro Asano, and Tadashi Imanishi

ハイライトトラック・セッション２

日時・会場	9月29日（金）　09:00 ～ 10:30　B会場

H2-1 **Genome sequence and analysis of the Japanese morning glory Ipomoea nil**
Vasanthan Jayakumar, Atsushi Hoshino, Eiji Nitasaka and Yasubumi Sakakibara

H2-2 **Decoding disease-causing mechanisms of missense mutations from supramolecular structures**
Atsushi Hijikata, Toshiyuki Tsuji, Masafumi Shionyu and Tsuyoshi Shirai

H2-3 **Independent evolution of genomic characters during major metazoan transitions**
Oleg Simakov and Takeshi Kawashima

ライトニングトーク＆ポスタープレビュー

日時・会場	9月27日（水） 15：25 ～ 17：40 S会場

15：28 ～ 16：00：セッション1

ライトニングトーク

　日本マイクロソフト株式会社

　株式会社ナベ　インターナショナル

ポスタープレビュー

　P01 ～ P23

16：13 ～ 16：45：セッション2

ライトニングトーク

　株式会社データダイレクト・ネットワークス・ジャパン

　北海道システム・サイエンス株式会社

ポスタープレビュー

　P24 ～ P46

16：58 ～ 17：30：セッション3

ライトニングトーク

　京都大学化学研究所　スーパーコンピュータシステム

　NBDC ／ DBCLS

　SCSK株式会社

ポスタープレビュー

　P47 ～ P69

BoF（企画交流セッション Birds of Feather）	
NGS現場の会セッション「NGSデータをひもとく新しいアプローチ」	
日時・会場	9月27日（水）　15：25 ～ 16：55　B会場
オーガナイザー	岩崎　　渉（東京大学）、河野　暢明（慶應義塾大学）

NGS現場の会はこれまで、ウェットからドライまで、基礎科学から医学･薬学･農学･工学まで、そして学術界から産業界まで、様々な垣根を越えた若手研究者中心のコミュニティとして大きく発展してきました。直近の第五回研究会は2017年5月に仙台国際センターにて開催され、860名の参加者を集めました。今後は生命医薬情報学連合大会とも、さらに連携していきたいと考えています。本セッションでは、NGS現場の会のこれまでとこれからについて紹介するとともに、NGSデータをひもとくための鍵となる新しいアプローチを取り上げます。

ハイブリッドゲノム進化における大規模な遺伝子進化速度の低下
岩崎　　渉（東京大学）

NGS現場の会を研究に生かしてみました
山下　理宇（東北大学東北メディカルメガバンク機構）

一細胞エンハンサーRNA解析による転写制御の理解とそのためのデータ解析技術
尾崎　　遼（理化学研究所情報基盤センターバイオインフォマティクス研究開発ユニット）

Invasive animal genomes with high duplicated gene content
牧野　能士（東北大学大学院生命科学研究科）

非モデル生物における大規模ハイブリッドシーケンシング
河野　暢明（慶應義塾大学）

BoF（企画交流セッション Birds of Feather）	
異分野融合研究によるがんの進化の理解	
日時・会場	9月27日（水）　15：25 ～ 16：55　C会場
オーガナイザー	新井田厚司（東京大学　医科学研究所）、島村　徹平（名古屋大学大学院　医学系研究科）

体細胞変異の獲得および変異を獲得したクローンへの自然選択が段階的に起こることにより、がんは単一の正常な細胞から生じると考えられている。近年、次世代シークエンサーを用いたゲノム解析により、一つの腫瘍のなかにも、がんの進化の過程で生み出された、多数の異なる変異を蓄積するサブクローンが存在することが明らかになっている。この腫瘍内付近性と呼ばれる現象はがんの治療抵抗性の根本的な原因である可能性がある。すなわち、腫瘍内不均一性があると、治療感受性のクローンが大多数をしめる腫瘍が治療により縮小しても、治療抵抗性の少数のクローンが残存する可能性があり、やがて、そのようなクローンが増殖して再発にいたることが考えられる。したがって、腫瘍内不均一性を生じるがんの進化の原理的な理解は臨床的にも重要な問題であるが、その理解のためには、これまでがん研究の主流であった実験科学的アプローチに加えて、大規模ゲノムデータから知識抽出を行う情報・統計解析並びに、データの背後に潜む進化原理を探るための数理モデリング等、様々な角度からの学際的アプローチが必須であると考えられる。本セッションでは、ゲノム解析、シミュレーション、統計学、集団遺伝学を武器にがんの進化の理解を試みている４人の研究者から最新の研究事例を紹介してもらう。本セッションがさらなる異分野融合研究の呼び水となれば幸いである。

ゲノム解析より見えてきた大腸がんの不均一な進化

齋藤　衆子（九州大学病院 別府病院）

がんの進化シミュレーション

新井田厚司（東京大学　医科学研究所）

がん細胞の特性に基づくサブクローン進化構造の統計的推定

松井　佑介（名古屋大学大学院　医学系研究科）

がん細胞集団における集団遺伝理論

印南　秀樹（総合研究大学院大学　先導科学研究科）

BoF（企画交流セッション Birds of Feather）	
セマンティックウェブ時代におけるバイオデータベースとデータ解析の融合	
日時・会場	9月28日（木）　15：25 ～ 16：55　S会場
オーガナイザー	露崎　弘毅（理化学研究所）、大田　達郎（DBCLS）

生命の情報の多様さや、計測技術の違いから、これまで幾つものバイオデータベースが公開・運用されてきた。膨大な数のそれらデータベースを研究者個人が全て把握することは不可能となってきたため、データベースの統合が次の課題になった。
近年、物理的に異なる場所で公開されたデータを相互に参照し、横断的な検索を可能とするセマンティックウェブ技術をバイオデータベースに導入する動きが活発になっている。今後は統合された様々なデータベースを巨大な１つのデータベースとして扱う時代に向かうだろう。

では、データベースが網羅的になることは、生物の情報から知識を抽出するデータ解析において何か変革をもたらすだろうか？本セッションでは、データベースの研究者と、データ解析、機械学習の研究者を交え、Web上のデータベースと手元のデータがシームレスに接続された未来では、どのようなデータ解析が実現可能となるのかを議論したい。

生命医科学データのRDF化の現状と課題

片山　俊明（DBCLS）

生命科学データベース構築におけるRDF化の実践

大田　達郎（DBCLS）

Heterogeneous Information Networks / Meta-pathの紹介

露崎　弘毅（理化学研究所）

Heterogeneousネットワークにおける分類・関係予測

村田　剛志（東工大）

BoF（企画交流セッション Birds of Feather）

質量分析とケモインフォマティクスの実りある連携

日時・会場	9月28日（木）　15：25 ～ 16：55　C会場
オーガナイザー	質量分析インフォマティクス研究会（JSBi公募研究会）
座長	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） 吉沢　明康（京都大学大学院薬学研究科）

各種オミックスの中でも、プロテオミクスやメタボロミクスでは質量分析データの解析が欠かせない。最近、ProteomeXchangeやMetabolomeXchangeといった質量分析データを登録可能なリポジトリが整備されつつあり、バイオインフォマティクス研究者にとっては再解析可能なデータが手に入りやすい状況になってきた。そこで本セッションでは、ゲノム解析など質量分析データに馴染みがないバイオインフォマティクス研究者のために、質量分析インフォマティクスにおける未解決問題と、解析ソフトウェアの紹介を通じて、プロテオミクスやメタボロミクスで得られた質量分析データ解析の現状と、今後解決すべき課題について紹介する。　さらにメタボロミクスでは、疾患関連バイオマーカー探索において、代謝物名が不明な未知ピークがバイオマーカー候補となることがある。化学構造が不明な未知ピークを、ケモインフォマティクスを用いて推定するための方法が最近様々提案されており、メタボロミクス分野においてケモインフォマティクスの重要性が増している。そこで、これまで代謝パスウェイの解析と予測や、構造活性相関のために用いられてきたケモインフォマティクスを、メタボロミクスに導入することを目的として、ケモインフォマティクス研究の最新動向と、その代謝物の構造推定への応用について紹介する。本セッションでの発表を通じて、質量分析インフォマティクスとケモインフォマティクスの実りある連携がなされることを期待している。

質量分析インフォマティクスにおける未解決問題

有田　正規（遺伝学研究所）

質量分析を取り巻くソフトウェアの現状

田中　　聡（Trans-IT）

ケモインフォマティクスによる代謝パスウェイ解析と創薬

山西　芳裕（九州大学生体防御医学研究所）

メタボロミクスにおけるケモインフォマティクス － 代謝物構造推定への応用

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）

BoF（企画交流セッション Birds of Feather）	

東北メディカル・メガバンクでの情報分譲の実用的な紹介と利用者との交流

日時・会場	9月29日（金）　09:00 ～ 10:30　C会場
オーガナイザー	荻島　創一・清水　厚志・木下　賢吾（東北大学東北メディカル・メガバンク）

東北メディカル・メガバンクでは、東北大学と岩手医科大学が共同で15万人規模のゲノムコホートの構築を行った。2017年3月末に第一期が終了し、現在、第二期として追跡調査を進めている。東北メディカル・メガバンクは公的なバンクとして試料・情報の分譲を進めている。このBOFでは、生命医薬情報学連合大会参加者向けに情報利用の具体的な進め方を紹介するとともに、利用者と交流することで今後の課題を検討したい。

最初に、利用事例として産総研の瀬々さんから経験談をご紹介頂く。瀬々さんからは、分譲第一号として、実際の申請からデータの利用までを経験に基づいて、その詳細を紹介頂く。続いて、東北大学からは、既に分譲されているデータの内容や分譲スケジュール、データのセキュリティ区分と利用手続きの概要を紹介する。また、分譲の事前申請後に利用可能となる統合データベースに関しても紹介する。岩手医科大からは、岩手医科大学が担当してリクルートした地域住民コホート 32,919人の生活習慣情報や生理機能検査情報の説明を行うとともに、岩手医科大学が中心に解析を進めているDNAメチル化解析の現状と分譲・共同研究の紹介を行う。　分譲によるデータ利活用は新しい試みでもあり、最初は多くのハードルがあるように感じることかと思うが、本BOFを通じて研究者の生の声を聞くことで、これらハードルを少しでも下げ、オールジャパンでの解析を前に進めることができればと思う。

東北メディカルメガバンクの分譲申請を使ってみた

瀬々　潤（産業技術総合研究所・人工知能研究センター）

共同研究及び分譲申請について

木下　賢吾・荻島　創一（東北大学東北メディカル・メガバンク）

共同研究及び分譲申請について

清水　厚志（岩手医科大学）

BoF（企画交流セッション Birds of Feather）

ゲノム医療の将来構想とAMEDの役割

日時・会場	9月29日（金）　10：45 ～ 12：15　B会場
オーガナイザー	木下　賢吾（東北大学教授 / 日本バイオインフォマティクス学会理事長）

医療分野の研究開発およびその環境整備の中核的な役割を担う機関として日本医療研究開発機構（AMED）が設立されて２年半、基礎から実用化までの一貫した医療研究開発の推進加速等、AMED設立の真価が問われる段階に入った。特にゲノム医療研究においては、がんゲノム医療推進コンソーシアム等、実用化の段階への急速な動きに伴い、研究事業の加速や各種施策の推進が期待されている。それらを受けて、AMEDでは全国規模の先端ゲノム研究事業や臨床ゲノム情報統合データベース整備事業やゲノム創薬基盤研究推進事業等の研究事業の推進とともに、データシェアリングの推進やそれに伴うELSI課題への対応、研究基盤としてのバイオバンクやゲノムデータベースの整備、電算資産の供用サービス等、ゲノム医療研究の各種支援活動を行っている。本セッションでは、医療研究におけるAMEDの役割、研究を行う上で重要なELSI課題への対応、ゲノム医療の将来構想等を紹介し、リアルタイムアンケートやQ&Aによるフロアの参加者を交えた参加型セッションを通じて、バイオインフォマティクスを中心とする今後のゲノム医療研究において、AMEDに期待する役割を浮き彫りにする。

医療研究開発におけるAMEDの役割

田中　康博（日本医療研究開発機構基盤研究事業部）

ゲノム医療研究におけるELSI

勝井　恵子（日本医療研究開発機構基盤研究事業部）

AMEDが考えるゲノム医療の将来構想

藤井　千蔵（日本医療研究開発機構基盤研究事業部）

ゲノム医療研究においてAMEDに期待される役割
（リアルタイムアンケートやQ&A等による参加型セッション）

木下　賢吾（東北大学東北メディカル・メガバンク）
田中　康博・勝井　恵子・藤井　千蔵（日本医療研究開発機構基盤研究事業部）

口頭発表

口頭発表１

日時・会場	9月27日（水）　13:35 ～ 15:05　A会場
オーガナイザー	阿久津達也（京都大学）

O1-1　疾患原因変異発見のための正確な中間サイズインデル検出法の開発
Daichi Shigemizu, Fuyuki Miya, Shintaro Akiyama, Shujiro Okuda, Keith Boroevich, Akihiro Fujimoto, Hidewaki Nakagawa, Kouichi Ozaki, Shumpei Niida, Yonehiro Kanemura, Nobuhiko Okamoto, Shinji Saitoh, Mitsuhiro Kato, Mami Yamasaki, Tatsuo Matsunaga, Hideki Mutai, Kenjiro Kosaki and Tatsuhiko Tsunoda

O1-2　Development of de novo generator of amino acid sequence profile using LSTM framework
Kazunori Yamada and Kengo Kinoshita

O1-3　グラフゲノムブラウザ
Toshiyuki Yokoyama, Yoshitaka Sakamoto, Masahide Seki, Yutaka Suzuki and Masahiro Kasahara

O1-4　Identification of Transposable Elements which contribute to tissue specific expression of lncRNAs
Takafumi Chishima, Junichi Iwakiri and Michiaki Hamada

口頭発表２

日時・会場	9月27日（水）　15:25 ～ 16:55　A会場
オーガナイザー	伊藤　公人（北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター）

O2-1　遺伝子発現プロファイルのディジーゾーム解析による疾患間の関連性理解と創薬応用
Michio Iwata, Ryusuke Sawada, Yasuo Tabei and Yoshihiro Yamanishi

O2-2　Integrative analysis of multiple ribosome profiling datasets reveals widespread lncRNA-ribosome interaction in mammals
Chao Zeng, Tsukasa Fukunaga and Michiaki Hamada

O2-3　MetaVelvet-DL : a MetaVelvet deep learning extension for de novo metagenomics assembly
Kuo-Ching Liang and Yasubumi Sakakibara

O2-4　Inverse prediction for transcription elongation rates with total RNA sequencing
Yumi Kawamura, Shinsuke Koyama and Ryo Yoshida

一般公開講座

見えるものを見るAI　見たいものを見る人間
～機械に「正しく」学習させるには～

日　時	10月1日（日）　14：30 ～ 16：00（開場 14：00）
会　場	紀伊國屋書店札幌本店　１Ｆ　インナーガーデン 北海道札幌市中央区北5条西5-7　sapporo55 １Ｆ
講　演	瀧川　一学（北海道大学大学院　情報科学研究科　准教授）
主　催	北海道大学高等教育推進機構オープンエデュケーションセンター 科学技術コミュニケーション教育研究部門（CoSTEP・コーステップ）
共　催	第６回生命医薬情報学連合大会（IIBMP2017）

参加費：無料　　定員：80名

●概要

今年７月、Googleが人間とAI（人工知能）の共生を考えるプロジェクト「People + AI Research Initiative（PAIR）」を立ち上げました。AIに目覚ましい発展をもたらした技術、それが「機械学習（MachineLearning）」です。これにより、機械が大量のデータの中から、自動的にパターンを見つけて「学習」することが可能となりました。しかし、機械と違い、人間はデータを都合のよいように見てしまいます。偏りのあるデータは、機械にとって適切なデータにはなりません。では一体、機械にとって「正しい」データとは何なのでしょうか。そして、機械がデータから導いた結果を人間はどのように解釈すれば良いのでしょうか。

今回のゲストは機械学習の専門家、瀧川一学さんです。瀧川さんは、機械学習が様々な分野で応用できるように、その技術の進展と問題点の解決に力を入れています。このサイエンス・カフェ札幌では「そもそも機械学習とは？」という問いから、「人間とAIの未来は？」という問いまで、瀧川さんに幅広くお話を伺います。人間がAIとペア（pair）となり、これからの社会を生きるには、どうするべきなのか。この壮大なテーマについて、瀧川さんと一緒にみなさんも考えてみませんか？

（484字）

●瀧川　一学

機械学習研究者。香川で生まれ育つ。父はドイツ文学研究者であり、小学生の頃は１年間ドイツで暮らす。北海道大学工学部を卒業し、工学研究科で博士号を取得。その後京都大学化学研究所にて、遺伝情報や分子レベルのデータを活用した生物学の研究に携わる。その間ボストン大学バイオインフォマティクスプログラムの客員研究員として渡米。現在は、役に立つ化学物質を予測するための機械学習技術の研究を行っている。休日は２歳になった娘と遊び、リフレッシュ。

ポスター

O1-1　**疾患原因変異発見のための正確な中間サイズインデル検出法の開発**
Daichi Shigemizu, Fuyuki Miya, Shintaro Akiyama, Shujiro Okuda, Keith Boroevich, Akihiro Fujimoto, Hidewaki Nakagawa, Kouichi Ozaki, Shumpei Niida, Yonehiro Kanemura, Nobuhiko Okamoto, Shinji Saitoh, Mitsuhiro Kato, Mami Yamasaki,Tatsuo Matsunaga, Hideki Mutai, Kenjiro Kosaki and Tatsuhiko Tsunoda

O1-2　**Development of de novo generator of amino acid sequence profile using LSTM framework**
Kazunori Yamada and Kengo Kinoshita

O1-3　**グラフゲノムブラウザ**
Toshiyuki Yokoyama, Yoshitaka Sakamoto, Masahide Seki, Yutaka Suzuki and Masahiro Kasahara

O1-4　**Identification of Transposable Elements which contribute to tissue specific expression of lncRNAs**
Takafumi Chishima, Junichi Iwakiri and Michiaki Hamada

O2-1　**遺伝子発現プロファイルのディジーゾーム解析による疾患間の関連性理解と創薬応用**
Michio Iwata, Ryusuke Sawada, Yasuo Tabei and Yoshihiro Yamanishi

O2-2　**Integrative analysis of multiple ribosome profiling datasets reveals widespread lncRNA-ribosome interaction in mammals**
Chao Zeng, Tsukasa Fukunaga and Michiaki Hamada

O2-3　**MetaVelvet-DL: a MetaVelvet deep learning extension for de novo metagenomics assembly**
Kuo-Ching Liang and Yasubumi Sakakibara

O2-4　**Inverse prediction for transcription elongation rates with total RNA sequencing**
Yumi Kawamura, Shinsuke Koyama and Ryo Yoshida

P-01 **Additional Effect and Frequecy Spectrum of ResNet and MLP on CNN in Cell Image Analysis**
Toru Nagasaka

P-02 **jPOST : Integrated database for proteomes**
Shujiro Okuda, Yu Watanabe, Yuki Moriya, Shin Kawano, Tadashi Yamamoto, Masaki Matsumoto, Tomoyo Takami, Daiki Kobayashi, Norie Araki, Akiyasu C. Yoshizawa, Tsuyoshi Tabata, Naoyuki Sugiyama, Satoshi Tanaka, Susumu Goto and Yasushi Ishihama

P-03 **A critical evaluation of bioinformatics tools for the prediction of protein succinylation sites**
Md. Mehedi Hasan and Hiroyuki Kurata

P-04 **Computer-Aided Diagnosis Scheme Based on Radiogenomics For the Detection of Alzheimer 's Disease**
Kai Chiharu and Uchiyama Yoshikazu

P-05 **Computer-Aided Treatment Strategy Scheme Based on Radiogenomics For the Prognosis Prediction of Glioblastoma Patient**
Kouno Yumiko and Uchiyama Yoshikazu

P-06 **Variants of uncertain significance of the cancer predisposing genes in two thousand Japanese whole genome sequencing data**
Jun Yasuda, Kazuki Kumada, Soichi Ogishima, Keita Iida, Hideki Tokunaga, Yusuke Shibuya, Nobuo Yaegashi and Masayuki Yamamoto

P-07 **Development of Extension Pathway for Human-Specific Metabolic Reactions**
Teppei Ogawa, Hiroki Makiguchi and Michihiro Araki

P-08 **Estimation of mapping parameters for PAR-CLIP data using LAST-TRAIN**
Mei Takeda, Junichi Iwakiri and Michiaki Hamada

P-09 **Classification of Chromatin States with Hierarchical Hidden Markov Model**
Yuta Arizono, Tsukasa Fukunaga and Michiaki Hamada

P-10 **The first step to the artificial intelligence (AI) diagnosis of skin cancer**
Yuji Ota, Kosuke Shido, Kaname Kojima, Kenshi Yamasaki, Masao Nagasaki and Setsuya Aiba

P-11 **Interactive effects of the VMAT1 genotype with life environments and experience of the Great East Japan Earthquake on mental states**
Daiki Sato and Masakado Kawata

P-12 **Plasma microRNA biomarker detection for mild cognitive impairment using differential correlation analysis**
Mitsunori Kayano, Sayuri Higaki and Shumpei Niida

P-13 **Selection of novel arcRNA candidates from RNA-seq data and search for common local secondary structure motifs**
Wataru Okada, Takeshi Chujo, Tetsuro Hirose and Michiaki Hamada

P-14 **Ensemble multiple molecular fingerprints for improvement of ligand base drug discovery**
Yusuke Matsuyama and Takashi Ishida

P-15 **Biogeography of nucleocytoplasmic large DNA viruses in the ocean**
Romain Blanc-Mathieu, Hisashi Endo, Hiroto Kaneko, Genki Yoshikawa and Hiroyuki Ogata

P-16 **Analysis of histone modifications using latent feature models**
Yuki Takeda and Michiaki Hamada

P-17 **Rebuilding of RINGS to implement microservice architecture**
Shinichi Higashimoto and Kiyoko F. Aoki-Kinoshita

P-18 **The evolution of the noncoding-sequence in the human duplicated regions**
Taisuke Hori, Daiki Sato, Takashi Makino and Masakado Kawata

P-19 **Protein function annotation by hidden Markov model**
Takuya Aramaki, Romain Blanc-Mathieu, Hisashi Endo, Susumu Goto, Minoru Kanehisa and Hiroyuki Ogata

P-20 **Meta-Analysis of Microarrays to Search PEDF-Related Genes**
Tatsuya Sakaguchi and Yuichi Higashimoto

P-21 **Privacy-preserving profile HMM using homomorphic encrypt system toward secure genome analysis**
Ibuki Mishina and Michiaki Hamada

P-22 **Genome analysis of Tepidibacillus sp. HK-1: an arsenic-metabolizing bacterium**
Yuki Mizuochi, Haruo Suzuki, Kohei Ito, Seigo Amachi, Masaru Tomita, Shigeki Yamamura and Nobuyoshi Nakajima

P-23 **Gene evolutionary analysis by use of the genome-wide influenza virus database**
Yosuke Kondo and Satoru Miyazaki

P-24 **The Desktop Application for Gene Analytics on Cloud Computing (AWS)**
Hiromu Ochiai, Kenichi Chiba, Satoru Miyano and Yuichi Shiraishi

P-25 **GlycanBuilder 2.0 to support WURCS and SNFG**
Shinichiro Tsuchiya, Aoki Nobuyuki P, Daisuke Shinmachi, Masaaki Matsubara, Issaku Yamada, Aoki-Kinoshita Kiyoko F and Hisashi Narimatsu

P-26 **Prediction of mRNA m6A sites in the mammalian genome**
Yiqian Zhang and Michiaki Hamada

P-27 **Structural variations in whole genome sequencing data from 1300 disease genomes**
Shunichi Kosugi, Yukihide Momozawa, Michiaki Kubo and Yoichiro Kamatani

P-28 **Cosearge: an exploratory approach reveals spatial gene co-localization beyond topologically associated domains**
Yutaka Saito and Toutai Mituyama

P-29 **A new rotation-translation invariant molecular descriptor for Ligand-Based Virtual Screening and beyond**
Francois Berenger and Yoshihiro Yamanishi

P-30 **Exploratory Factor Analysis Determines Latent Factors Associated with Distinct Sets of Anti-Glycolipid Antibodies in Guillain-Barré Syndrome**
Seiichi Omura, Kazuaki Shimizu, Miyuki Morikawa, Motoi Kuwahara, Takashi Kawamura, Tsutomu Mori, Susumu Kusunoki and Ikuo Tsunoda

P-31 **Metagenomic and metabolomic analysis of human gut microbiota in familial adenomatous polyposis**
Akari Nishii, Hirotsugu Shiroma, Sayaka Mizutani, Keigo Masuda, Pande Putu Erawijantari, Hikaru Watanabe and Takuji Yamada

P-32 **Forecasting coral reef system through multiple-kernel support vector regression**
Ying Chen, Tomoya Mori, Tsuyoshi Kato, Junko Yamane, Yoshikatsu Nakano, Hiroyuki Fujimura, Shoichiro Suda, Toru Maruyama, Michihiro Ito, Haruko Takeyama and Wataru Fujibuchi

P-33 **RNA secondary structure prediction using deep learning**
Manato Akiyama, Yasubumi Sakakibara and Kengo Sato

P-34 **Looking for the global features of DNA sequences -Correlation Coefficient of Oligo-nucleotides**
Hiroshi Dozono

P-35 **The analysis of spatial gene regulation based on reaction-diffusion system in Drosophila early embryogenesis**
Hirotaka Matsumoto, Hisanori Kiryu, Yasuhiro Kojima and Itoshi Nikaido

P-36 **Automatic generation of cancer genome interactive report via paplot**
Ai Okada, Kenichi Chiba, Satoru Miyano and Yuichi Shiraishi

P-37 **Molecular Representation Learning with Graph Neural Networks**
Masashi Tsubaki

P-38 **Physicochemical Prediction of Metabolite Fragmentation in Tandem Mass Spectrometry toward Comprehensive Metabolite Identification**
Wataru Tanaka and Masanori Arita

P-39 **High quality and cost-effective de novo assembly using linked-reads sequencing**
Satoshi Ito, Yasunobu Terabayashi, Ryo Shintani, Takuya Fuchikami, Satoshi Kira, Masamitsu Shimada and Masanari Kitagawa

P-40 **Construction of metabolic model using genomic sequence and reaction database for improving valuable chemical productions by microorganisms**
Yuki Kuriya, Akira Ohyama and Michihiro Araki

P-41 **Microbial communities of university campuses in Japan**
Kohei Ito, Tsubasa Watabe, Masafumi Harada, Ken Kobayashi, Mototsugu Sato, Haruki Ishida, Honami Ando, Shinji Fukuda, Masaru Tomita and Haruo Suzuki

P-42 **Towards detection of human genomes structural variations using long reads**
Harazono Yoritaka and Kasahara Masahiro

P-43 **Molecular analysis suggested that bottle gourds were derived from Asia based on traditionally conserved cultivars by local tribes**
Dai Watabe, Hiroshi Yuasa, Naoki Osada and Toshinori Endo

P-44 **Estimating human-to-human transmissibility of H5N1 influenza A virus using nucleotide sequences**
Wessam Mohamed, Ryosuke Omori and Kimihito Ito

P-45 **Whole genome sequence analysis of liver cancer-derived cell lines HuH-7 and Huh7.5.1-8**
Masaki Kawamoto, Toshinori Endo, Masayoshi Fukasawa, Kentaro Hanada and Naoki Osada

P-46 **Sleeping Beauties in Biomedicine: quantitative publication analysis with citations and words**
Shun Kodate and Kengo Kinoshita

P-47 **Dissimilarity between indegree and outdegree distributions in human gene regulatory networks**
Natsuhiro Ichinose, Tetsushi Yada and Hiroshi Wada

P-48 **Analysis of "uncallable" regions in the human reference genome associated with gene annotation and segmental duplication**
Shu Saikawa and Masahiro Kasahara

P-49 **Characteristics of functional enrichment of human putative transcriptional target genes**
Naoki Osato

P-50 **Determining the key factors for accurate inference of gene co-expression networks**
Alexis Vandenbon

P-51 **Comprehensive search and evolutionary study of simian endogenous retrovirus in the genome sequences of the Old World monkeys**
Masaki Ikeda, Toshinori Endo and Naoki Osada

P-52 **Regularizing protein complexes by mutually exclusive protein-protein interactions**
Osamu Maruyama

P-53 **Platanus2: a de novo haplotype assembler enabling comprehensive accesses to divergent heterozygous region**
Rei Kajitani, Dai Yoshimura, Miki Okuno, Atsushi Toyoda and Takehiko Itoh

P-54 **Energy level statistics and random matrix theory in proteogenesis**
Masanori Yamanaka

P-55 **FuncTree 2: Visualization and Analysis tool for omics data based on Biological Functional Tree**
Yuta Yamate and Takuji Yamada

P-56 **Relationship between Evolutionary Oldness of Protein-coding Gene and Genetic Diversity in Homo sapiens**
Yuichi Aoki, Takeshi Obayashi, Ikuko N Motoike and Kengo Kinoshita

P-57 **MEGADOCK-Web: an integrated database of high-throughput structure-based protein-protein interaction predictions**
Masahito Ohue, Takanori Hayashi, Keisuke Yanagisawa, Yuri Matsuzaki and Yutaka Akiyama

P-58 **Predicting Disease Causality of Mutations in Human Beta Globin Gene**
Sangeetha Ratnayake, Toshinori Endo and Naoki Osada

P-59 **Comparative metagenomic analysis between periodontitis and healthy dental plaque based on taxonomic composition and functional gene categories**
Kazuki Izawa, Marina Yamasawa, Masahito Ohue, Takashi Ishida, Kazuyuki Ishihara and Yutaka Akiyama

P-60 **Exploring the selectivity of inhibitor complexes with Bcl-2 and Bcl-XL : a molecular dynamics simulation approach**
Naoki Wakui, Ryunosuke Yoshino, Nobuaki Yasuo, Masahito Ohue and Masakazu Sekijima

P-61 **Integrated database “dbTMM” for genomic prospective cohort study in Tohoku Medical Megabank for promotion of development of genomic medicine**
Soichi Ogishima, Satoshi Nagaie, Satoshi Mizuno, Keita Iida, Naoko Kasahara, Hiroshi Tanaka and Tommo Dbtmm Project

P-62 **Extrapolation of genes involved in eusociality of Apis mellifera**
Tamami Komatsu, Naoki Osada and Toshinori Endo

P-63 **Conformational difference in drug efficiency on EGFR mutations based on protein structuralanalysis**
Fumie Ono, Shinji Kohsaka, Ryo Kanada, Biao Ma, Mayumi Kamada, Mitsugu Araki, Hiroyuki Mano
and Yasushi Okuno

P-64 **The clustering of G protein coupled receptors using convolutional neural network**
Reika Endo, Naoki Osada and Toshinori Endo

P-65 **Compensatory back mutation in mitochondrial genome of primates**
Kazuhiro Satomura, Naoki Osada and Toshinori Endo

P-66 **Development of a pipeline for predicting new genes encoding for orphan enzymes from metagenomes**
Kensuke Manaka and Takuji Yamada

P-67 **Large-scale analysis of protein pockets using a fast and efficient comparison method with a reduced vector representation**
Tsukasa Nakamura and Kentaro Tomii

P-68 **Towards a more comprehensive interpretations of personal genomes based on structural bioinformatics**
Matsuyuki Shirota

P-69 **Inferring tumor progression process using population genetics model**
Yutaro Konta and Hisanori Kiryu

参加者へのご案内

1. 大会受付と参加登録

◇ 大会受付場所	9月27日（水）　午前：フロンティア応用科学研究棟2F　S会場前 9月27日（水）　午後～29日（金）：情報科学研究科棟1F　クローク前
◇ 参加証（名札）	参加証は会場内では必ず外から見える箇所にご着用ください。参加証のない方のご入場は固くお断り致します。
◇ 領収書	事前登録、当日登録どちらにおいても参加証付き領収証を学会当日、参加受付にてお渡しいたします。 また、会期中は手書きの領収書の発行は原則行いませんのでご了承いただけますようお願い致します。

2. 会場内のサービス・施設

◇ 飲食	情報科学研究科棟2Fにてコーヒーなどの飲料を提供する場を設けました。ご自由にご利用ください。 **※S会場、ポスター会場のあるフロンティア応用科学研究棟での飲食は禁止です。**
◇ 昼食	ランチョンセミナーでお弁当とお茶が無料提供されます。整理券は配布しませんので、セミナー開始時刻に直接会場にお越しください。
◇ インターネット	無線LANがご利用いただけます。事前登録参加者は、参加証と一緒にお渡ししますカードに記載しているIDとパスワードを使って接続してください。当日参加者は参加受付にお申し出ください。
◇ 駐車場	会場内には駐車場はありません。公共交通機関をご利用ください。
◇ クローク	情報科学研究科棟1Fにご用意しております。貴重品等は、必ずご自身でお持ちください。

3. 大会行事・プログラム

◇ 表彰式	大会・JSBi委員会選考の各種表彰式を9月29日（金）13:35からＡ会場にて行います。2017年度のOxford Journal JSBi Prizeを受賞されました竹本　和広 先生（九州工業大学　准教授）のご講演を予定しております。
◇ 公開セッション	10月1日（日）14:30から行われるセッション「見えるものを見るAI 見たいものを見る人間～機械に「正しく」学習させるには～」は一般公開されます。受付なしでどなたでもご自由にご参加いただけます。

4. 禁止事項

◇ 撮影・録音	会場内でのカメラ、ビデオ、携帯電話などによる撮影や講演音声の録音などは禁止します。
◇ 喫煙	会場内は全て禁煙です。必ず所定の喫煙コーナーをご利用ください。

5. 発表者へのご案内

- 使用言語は日本語及び英語です。
- 発表は、液晶プロジェクター1台のみを使用します。音声出力には対応しておりません。
- 会場にはパソコンを用意しておりませんので、ご自身のノートパソコンを必ずお持ちください。
- プロジェクターへのパソコン接続は発表者ご自身でお願い致します。
- プロジェクターにつながるパソコンの映像出力端子は「D-sub」「HDMI」です。端子の形状が異なる場合は、変換アダプターをお持ちください。
- 発表に使用するデータが入ったUSBメモリーを念のためにお持ちください。
- バッテリー切れに備え、必ず充電アダプターをお持ちください。

6. 座長へのご案内

- 座長はセッション開始15分前までに各会場にお越しください。
- セッションの進行と時間管理は座長に一任しますが、終了時刻を超えないようにお願い致します。

7. 演者へのご案内

- 演者はセッション開始の15分前までに講演会場にお越しの上、パソコンの出力をご自身でご確認ください。
- 発表時間は各セッションの座長に一任しておりますので、予定された発表時間を厳守していただきますようお願い致します。

8. ポスター発表のご案内

- ポスターのパネルサイズは幅90㎝×高さ170㎝です。また、画鋲を会場にてご用意しております。
- ポスターは大会初日9月27日（水）9：00より掲出可能です。また、大会2日目9月28日（木）ポスター発表終了後に必ず撤去してください。(撤去日は最終日ではありませんのでご注意ください)撤去時間を過ぎたポスターは事務局で処分させていただきます。
- ポスター賞選考のためプログラム委員が、審査させていただきます。下記の発表時間帯には必ずご自身のポスター前で発表を行っていただくようお願い致します。

奇数番号コアタイム	9月27日（水）17：40 ～ 18：40
偶数番号コアタイム	9月28日（木）17：05 ～ 18：05

9. 懇親会出席者へのご案内

◇ 会　場　　JRタワーホテル日航札幌（札幌駅直結）36F　スカイバンケット「たいよう」
◇ 参加費　　一般：6,000円 ／ 学生：4,000円
※懇親会会場での受付は行っておりません。必ず講演会場にある参加受付で参加費をお支払ください。
※講演会場～懇親会会場までは徒歩で約30分かかります。遅れのないよう、ご参加ください。

Microsoft Surface Pro

法人向け

オフィスの標準機にふさわしい
2 in 1 モバイル PC

Surface Pro 登場

※ Surface Pro タイプ カバー (キーボード)、Surrface ペン は別売りです。

POINT 1	第 7 世代インテル® Core™ プロセッサ搭載
POINT 2	約 13.5 時間の バッテリー駆動時間※1
POINT 3	重さ 約 770 g で 携帯性抜群

Surface Pro 製品ラインアップ

CPU	記憶容量※2	メモリ※3	参考価格 [税別]※4 (製品型番)
第 7 世代 インテル® Core™ m3	128 GB	4 GB	**¥93,800** (FJS-00014)
第 7 世代 インテル® Core™ i5	128 GB	4 GB	**¥114,800** (FJU-00014)
	256 GB	8 GB	**¥134,800** (FJY-00014)
第 7 世代 インテル® Core™ i7	256 GB	8 GB	**¥178,800** (FKG-00014)
	512 GB	16 GB	**¥247,800** (FKJ-00014)
	1 TB	16 GB	**¥303,800** (FKL-00014)

Surface Pro を最大限に活用するアクセサリ

Surface Pro Signature タイプ カバー

¥19,400

- プラチナ FFQ-00019
- コバルトブルー FFQ-00039
- バーガンディー FFQ-00059

Surface Pro タイプ カバー

¥16,400

- ブラック R9Q-00070

Surface ペン

¥11,800

- シルバー EYV-00015

Surface Arc マウス

¥8,980

- グレー FHD-00007
- ブラック FHD-00022

※ 1 : テストは、2017 年 4 月に Microsoft が Intel® Core™ i5 モデル 256 GB、8 GB RAM のデバイスを使って実施しました。テスト内容として、動画再生時に完全なバッテリー放電を行いました。すべての設定は、右記以外は初期設定でした: Wi-Fi がネットワークに接続されていました。バッテリー駆動時間は設定や用途などの要因によって大きく異なります。※ 2 : システム領域として一定の記憶領域を使用します。詳しくは Surface.com/Storage をご確認ください。※ 3 : 増設はできません。※ 4 : 価格は全て参考価格 (税別) のため、実際の販売価格はリセラー各社にお問い合わせください。

● 上記アクセサリはすべて別売りです。

詳細はこちらから

aka.ms/surface-new

第6回生命医薬情報学連合大会（IIBMP2017）実行委員会

実行委員長	遠藤　俊徳	北海道大学大学院情報科学研究科
実行委員	長田　直樹	北海道大学大学院情報科学研究科
	小柳香奈子	北海道大学大学院情報科学研究科
	瀧川　一学	北海道大学大学院情報科学研究科
	廣瀬　哲郎	北海道大学遺伝子病制御研究所
	伊藤　公人	北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター
	五十嵐　学	北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター
	西平　　順	北海道情報大学医療情報学部
	齋藤　静司	北海道情報大学医療情報学部
	荻島　創一	東北大学東北メディカル・メガバンク
	今西　　規	東海大学医学部
	中川　　草	東海大学医学部
	瀬々　　潤	産業技術総合研究所（前学会長）
	五斗　　進	情報・システム研究機構 DBCLS（年会担当理事）
	荒川　和晴	慶應義塾大学先端生命科学研究所
	木下　賢吾	東北大学大学院情報科学研究科（日本バイオインフォマティクス学会理事長）

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　情報計算化学生物学会（CBI学会）

スポンサー一覧

日本マイクロソフト株式会社
第一三共株式会社
株式会社データダイレクト・ネットワークス・ジャパン
東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センタースパコン室
株式会社ナベ　インターナショナル
NPO法人　バイオグリッドセンター関西
日本蛋白質構造データバンク（Protein Data Bank Japan）
ヤフー株式会社
SCSK株式会社
株式会社日立製作所
北海道システム・サイエンス株式会社
株式会社ジーンベイ
大塚ホールディングス株式会社
京都大学化学研究所　スーパーコンピュータシステム
NBDC（バイオサイエンスデータベースセンター）
DBCLS（ライフサイエンス総合データベースセンター）
Wolfram Research
株式会社モルシス
Springer Nature
国立研究開発法人理化学研究所
日本ヒューレット・パッカード株式会社

大会事務局
第６回生命医薬情報学連合大会（IIBMP2017）事務局
〒060-0814 札幌市北区北14条西９丁目 北海道大学大学院情報科学研究科 情報生物学研究室内
TEL　011－706－6547
FAX　011－706－6546
E-mail　iibmp2017@jsbi.org

法人向け

Microsoft Surface Studio

高精細ディスプレイを搭載した
プロフェッショナル仕様のオールインワン デバイス

Surface Studio
登場

Surface Dial
※ Surface Dial は別売りです。

Surface ペン、Surface キーボード、Surface マウス付属

POINT 1　28 インチ PixelSense™ ディスプレイ搭載

POINT 2　NVIDIA® GeForce GPU 搭載

POINT 3　洗練された モダンなデザイン

Surface Studio 製品ラインアップ

CPU	外部 GPU	記憶容量※1	メモリ※2	参考価格 [税別]※3（製品型番）
第 6 世代 インテル® Core™ i5	NVIDIA® GeForce GTX 965 M 2 GB GDDR5	64 GB SSD + 1 TB HDD	8 GB	**¥372,800** (44A-00012)
第 6 世代 インテル® Core™ i7	NVIDIA® GeForce GTX 965 M 2 GB GDDR5	128 GB SSD + 1 TB HDD	16 GB	**¥432,800** (45H-00012)
第 6 世代 インテル® Core™ i7	NVIDIA® GeForce GTX 980 M 4 GB GDDR5	128 GB SSD + 2 TB HDD	32 GB	**¥517,800** (45U-00012)

Surface Studio を最大限に活用するアクセサリ

Surface Dial 	**¥10,800**	2WS-00005

※ 1: システム領域として一定の記憶領域を使用します。詳しくは Surface.com/Storage をご確認ください。※ 2: 増設はできません。※ 3：価格は全て参考価格 (税別) のため、実際の販売価格はリセラー各社にお問い合わせください。● 記載される会社名および製品名は各社の商標および登録商標です。● 製品の仕様は予告なく変更する場合があります。あらかじめご了承ください。● Surface Dial は別売りです。● 掲載の画面、キーボードは英語版です。● 法人用 Surface には Office はインストールされていません。● 使用している画像はイメージです。● 内容は 2017 年 6 月現在のものです。

Microsoft
日本マイクロソフト株式会社
〒108-0075 東京都港区港南 2 - 16 - 3 品川グランドセントラルタワー

カスタマーインフォメーションセンター

0120-41-6755
受付時間: 9:00-17:30
※土日祝、弊社指定休業日を除く

PDBj
Protein Data Bank Japan

Protein Data Bank Japan
日本蛋白質構造データバンク

第 6 回生命医薬情報学連合大会（IIBMP2017）ランチョンセミナー

日　時：　平成 29 年 9 月 27 日（水） 12:25 – 13:25

1. PDBj と wwPDB の活動方針について

◆ 栗栖 源嗣（大阪大学蛋白質研究所）

PDBj (Protein Data Bank Japan, https://pdbj.org/) は，worldwide PDB（wwPDB, https://wwpdb.org/）のメンバーとして国際的な共同作業により，蛋白質等の生体高分子の構造を登録し，PDB（Protein Data Bank）データとして座標と実験データを全世界へ無償で公開しています．今回のセミナーでは，PDBj の新しい体制の紹介と，wwPDB で行ってきた厳しい品質管理についてお話します．関連して PDBj と PDBj-BMRB で進めている構造データに対する検証レポートの充実についても，X 線結晶解析，NMR 構造解析，電子顕微鏡構造解析の方法論事に今後の計画を紹介します．さらに 2016 年 wwPDB 諮問委員会で PDB ID のバージョン化が決定されました．2017 年 10 月に導入予定の新しい PDBID の詳細を含めて，今後，PDB がどのように変わっていくのかなど最近の活動内容を紹介します．

2. PDBj を利用したデータベース構築の事例紹介

◆ 木下 賢吾（東北大学大学院情報科学研究科）

我々はこれまで、PDB に蓄積されてきたデータを活用した様々な 2 次データベースの構築を行ってきた。例えば eF-site は、タンパク質の座標情報を利用し、分子表面を計算し提供するデータベースであり、PiSite はタンパク質間相互作用面に関するデータベースである。これらは、eF-site では分子表面を計算する際に、サブユニット毎に分割して表面を計算し、PiSite では生物学的な相互作用面の抽出を行う。これら概念的には単純なことも、当初は PDB の古いフォーマットのためにトラブルも多かったが、最近は、PDB-ML や mmCIF などの新規フォーマットの策定により 2 次データベースの構築の効率も段違いに上がってきている。しかし、PDB が本質的に解析者のデータレポジトリであるが故に、利用者から見ると 2 次データベースを構築する際には未だ扱いが難しい面もある。本公演では、これまで我々が開発をしてきた 2 次データベースの紹介を行いつつ、PDB の利用者目線での今後の課題を議論したい。

Protein Data Bank Japan
https://pdbj.org/

〒565-0871
大阪府吹田市山田丘 3-2
大阪大学蛋白質研究所
附属蛋白質解析先端研究センター内

PDBj 事務局　tel: (06) 6879-4311, Fax: (06) 6879-8636
PDBj データベース登録事務局　tel: (06) 6879-8634, Fax: (06) 6879-8636

DDN STORAGE

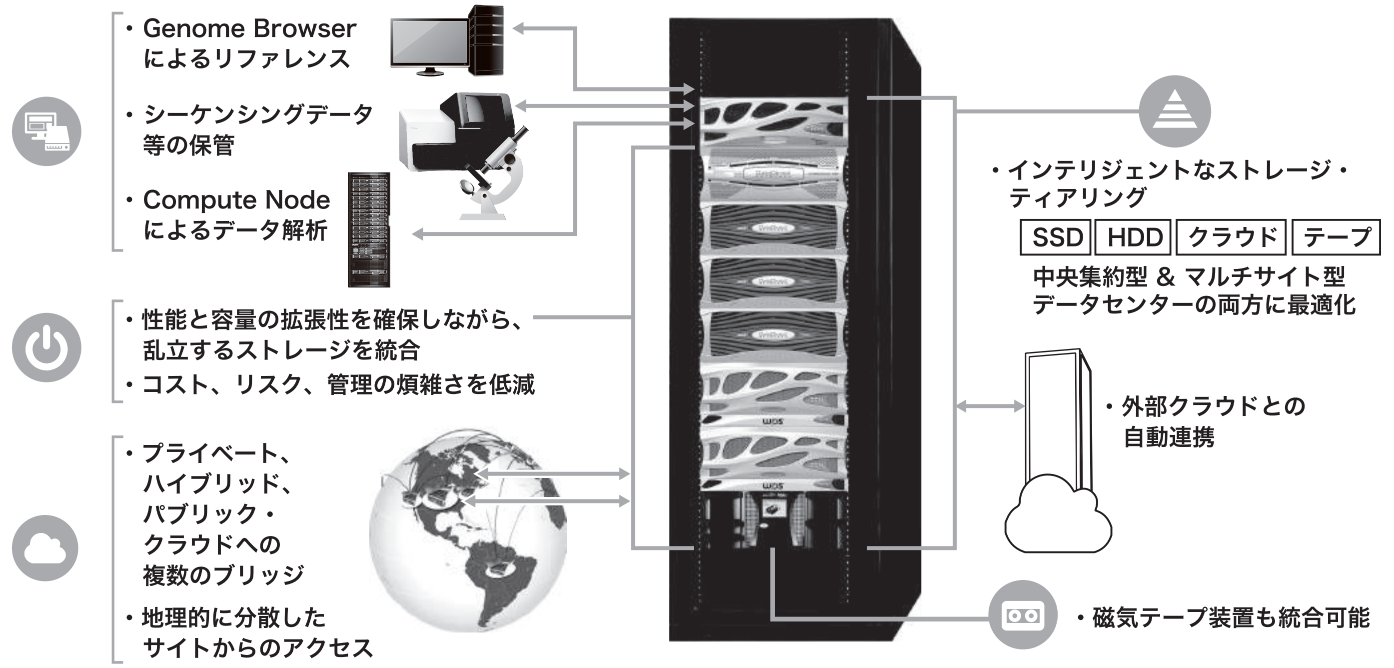
ゲノムシーケンシング

高解像度マイクロスコープ
変異解析｜医薬品モデリング｜臨床研究

ライフサイエンス向けの包括的なデータライフサイクルプラットフォーム

高スループットNGS 分析の高速化 ー 最大15倍

次世代シーケンシング技術の進歩とコスト低下に伴い､ゲノミクスのデータセットは急激に増加しています。NGSビッグデータのリアルタイム処理と保管のためには、計算機、インターコネクトのみならず、ファイルシステムやストレージも最適化され、充分に拡張できるシステムでなければなりません。



DDNの包括的なデータライフサイクルプラットフォームを用いることで、以下のことが可能になります。

分析の高速化 | 大規模データの保管 | 地理的に離れたサイト間でのデータ共有

シーケンシングデータの保管・解析用ストレージとして多くの国立大学、研究所、製薬会社で導入実績があります。

株式会社データダイレクト・ネットワークス・ジャパン

■ 〒102-0081 東京都千代田区四番町6-2 東急番町ビル8F
Tel 03-3261-9101　FAX 03-3261-9140

■ 〒530-0001 大阪市北区梅田2-2-2
ヒルトンプラザウエストオフィスタワー 18F
Tel 06-6133-5655　FAX 06-6133-5658
https://ddn.co.jp/


ゲノム超ビッグデータ時代、到来。
Takeru
Beowulf Cluster Reference System
手元でもデータセンターを構築する。
次世代シーケンサー向けデータ解析システム
Takeru for Sequencerシリーズ
Takeru RAID Server
Takeru for Sequencerシリーズが支えるゲノムビッグデータ処理
データ解析サーバー
NGS解析ツール群
分散ファイルシステム
Gluster, Lustre
高速ローカルストレージ
（RAID装置）
ZFSを用いたバックアップ／スナップショット
Takeru
NABE³ International
株式会社 ナベ インターナショナル
〒300-2635　茨城県つくば市東光台5-9-1
つくばイノベーションベース（TIB）204号室
Tel: 029-886-4181
http://www.nabe-intl.co.jp/

Supported by

Microsoft

Daiichi-Sankyo

Otsuka

SCSK

Hewlett Packard Enterprise

DDN STORAGE

bioGrid

PDBj
Protein Data Bank Japan

the Institute of Medical Science
the University of Tokyo
Human Genome Center

NABE3 International
株式会社 ナベ インターナショナル

YAHOO! JAPAN

HITACHI
Inspire the Next

北海道システム・サイエンス株式会社
Hokkaido System Science Co., Ltd.

GeneBay

京都大学化学研究所
スーパーコンピュータシステム

NBDC
National Bioscience Database Center
合同ブースへようこそ！
DBCLS
Database Center for Life Science

WOLFRAM
COMPUTATION MEETS KNOWLEDGE

MOLSIS

SPRINGER NATURE

GENOME DATA and HEALTH
YOKOHAMA JAPAN Mar 12-15, 2018
hgm 2018