



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28号

学会ホームページ <http://www.jsbi.org/> Tel:03-3599-8660 Fax:03-3599-8085 E-mail:jimu@jsbi.org

◆ C O N T E N T S ◆

[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]12
[特集:バイオサイエンスデータベースセンター(NBDC)が 推進するライフサイエンスデータベース統合の取り組み]2	[学会からのお知らせ]13
[研究会・地域部会の活動報告]6	[学会議事録等]14
[年会開催報告]8	[学会の現況]20
[国際会議レポート]11	[編集後記]20

◆ 巻 頭 言 ◆

JSBiは日本のバイオインフォマティクス研究の受け皿として機能しているか？

近年の計測技術の進歩により、分子生命科学の研究から大量かつ異質なデータが生成され、これまで以上に生命科学の中での情報解析の役割は増してきている。その一方、JSBiの会員数は伸び悩んでおり、企業会員も離れていっている。また日本でバイオインフォマティクスに携わっていると見なされる研究者がJSBiの会員でなかったり、会員であっても年会には参加していない人も多い。さらに、NGS現場の会や定量生命科学研究会など、バイオインフォマティクスが必要とされる研究会が設立されているが、JSBiとは直接関係していない(JSBi会員が関与しているケースもあるが)。このような状況を見ると、JSBiが日本のバイオインフォマティクス研究の受け皿として十分に機能できているのかが疑わしく思える。無論、JSBiもこのような状況に手をこまねいていたわけではなく、様々な取り組みが行われてきた。合同年会やバイオインフォマティクス技術者認定試験もそのような取り組みの一つであったが、残念ながら上記の状況に対して功を奏しているようには見えない。現在、JSBi理事会でもワーキンググループを作って、これらの問題が議論されている。これらの問題は互いに関係している部分があり、簡単な解決策を見いだすのは難しいと思われるが、最近考えている

ことなど述べさせていただきたい。

上記の状況が生じた原因の一つは、JSBiが、データを生産する主体である実験系研究者と乖離してきていることにあるように思う。そして、その乖離の原因は、研究の方向性の違いにあると考える。実験研究者は生命の「原理解明」を目指しており、情報解析はその「問題解決」の手段の一つである。JSBiの年会での発表のほとんどは「問題解決」の技術開発についてであり、情報解析によって生命現象の何かを明らかにできたかといった「原理解明」についてはほとんど議論されていない。つまり、JSBiは、その名の通り生命「情報科学」(Bioinformatics)の学会ではあるが、情報「生物学」(Computational Biology)の学会としては機能していない。JSBiに参加していないバイオインフォマティクス系の研究者は、「原理解明」を指向している人たちではないのだろうか?「問題解決」の技術は、実験の現場で実際に使われて「原理解明」に寄与しているのだろうか?実験の現場で要求される情報解析の必要性は、JSBiの指向する技術開発とはまた別のところにもあるように思う。



無論、ここで述べた研究の方向性の違いだけで、冒頭で述べた全ての問題を説明できる訳ではないが、「問題解決」の技術が議論の主たる学会に、実験系研究者や「原理解明」指向のバイオインフォマティクスが参加してこないことをある程度は説明できるのではないだろうか。もし、そうであれば、JSBiが「情報生物学」に門戸を開くことが、これらの問題の幾分かを解消する方策となりうると考える。実験では無理で計算でしかアプローチしえない、あるいは計算がその直接的な原動力となる「原理解明」に向けた研究はありうる。rRNAを用いた分子分類による古細菌の発見はその良い例だろう。計算によって、今後ますます増え続ける生命科学のデータの中から、実験研究者が予想もしなかったような生物学的発見

を行うことで、「問題解決」ばかりでなく「原理解明」においても情報解析の力を示していくことが、JSBiを、ひいては日本のバイオインフォマティクスを発展させるために重要なことであると思う。

ここで述べてきたのは、冒頭で述べた問題に対するある側面からの私の個人的な解釈であり、上で述べたことだけでは説明や解決の困難な問題は多い。先に述べたように、JSBiの抱える問題について理事会の中にワーキンググループが作られ、議論がなされている。若手研究者の参加で理事会も若返っており、どのような大胆な改革案が出てくるのか楽しみにしている。

藤 博幸(産業技術総合研究所・ゲノム情報研究センター)

特集: バイオサイエンスデータベースセンター(NBDC)が推進するライフサイエンスデータベース統合の取り組み

■ ゲノム情報に基づく疾患・医薬品・環境物質データの統合

米納 朋子、金久 實(京都大学化学研究所)

KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes, <http://www.kegg.jp/ja/>) は、1995年より京都大学化学研究所金久研究室が開発・提供を行っているデータベースで、ゲノムのシーケンスデータをはじめとした生命科学のビッグデータを解釈し有効利用するための標準リソースとして国際的に広く利用されてきました。2007年より日本医薬情報センター(JAPIC)との契約のもとに、医薬品添付文書情報の提供サービスをゲノムネットサービス(<http://www.genome.jp/ja/>)の一部として始め、その後、バイオサイエンスデータベースセンター(NBDC)統合化推進プログラムのもと、医薬品・疾患・ゲノム・パスウェイの統合リソース KEGG MEDICUSとして、医薬品・疾患情報を集約した KEGG DRUGと KEGG DISEASE を中核に、日本と米国の医薬品添付文書(JAPIC, DailyMed)やATC分類、KEGG PATHWAY、KEGG BRITE、KEGG GENES など様々なデータベースとの統合化を進めてきました¹⁾。また、2013年よりプログラマー向けのインターフェースとして、KEGG MEDICUS API の提供も開始しています。

KEGG の医薬品情報 (<http://www.kegg.jp/kegg/medicus/>)

KEGG MEDICUSでは、疾患・医薬品・環境物質など社会的ニーズの高いデータをゲノム情報を基盤とした生体システム情報として統合し、研究者コミュニティだけでなく、医療関係従事者や一

般の人々にも有用なリソースとして提供することを目標に、研究者向けには英語版インターフェースを、医療従事者や一般の人々には日本語版インターフェースを開発・運用しています(図1)。日本語版インターフェースには、医薬品情報検索、医薬品相互作用チェック、医薬品成分検索、疾患情報検索、KEGGお薬手帳があり、医療従事者や一般の人々の様々なニーズへ対応できるようになっています。

医薬品間の相互作用チェックや添加物・有効成分での医薬品の検索は、日本の医薬品添付文書から併用禁忌・併用注意に伴う相互作用情報と各商品の添加物情報を網羅的に抽出し、KEGG DRUG情報と対応づけてデータベース化することにより実現しました^{2,3)}。また、KEGG MEDICUSで提供される医薬品情報には、添付文書情報やJAPICのPDFファイルへのリンクの他に、KEGG DRUGへのリンクや同一有効成分の医薬品を表示する「商品一覧」のリンクなど付加情報がつけられており、得られた医薬品情報から、より詳細な情報や関連情報を得ることができます。もちろん、添付文書は毎月更新され、常に最新の情報を提供しています。

今後の取り組みとしては、病原菌の毒性や薬剤耐性などの環境に関する情報や知識のリファレンス化、また、疾患に関する情報を充実させていく予定です。

KEGG お薬手帳 (<http://www.kegg.jp/okusuritecho>)

阪神・淡路大震災で全国的に普及したお薬手帳は、東日本大震災であらためてその有用性が認識され、お薬手帳の電子化など様々な取り組みが進められています。KEGG お薬手帳は、ひとりひとりが「自分の健康は自分で守る」という意識改革を目指した取り組みで、服用している薬をKEGG お薬手帳に登録することにより、KEGG MEDICUSの様々な情報が利用できるようになっています(図2)。また、普通のお薬手帳の機能の他に、副作用歴やアレルギーなどの個人の基本情報、健康診断の検査値、薬物代謝に関与

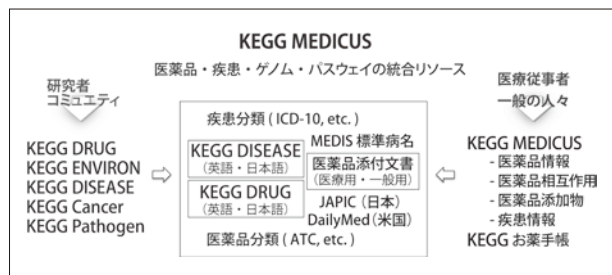


図1. KEGG MEDICUS

する遺伝子多型が記録でき、医療機関と情報を共有できるようになっています²⁾。

社会の変化と共に薬剤師に求められる役割は大きくなっていくと思います。在宅医療・在宅介護、介護施設などで、薬剤師の方々が個人の副作用歴・病歴、生活習慣などとともに服薬管理ができるよう、また、個人も医薬品に関する科学的知識を持ち、医師・薬剤師と連携してより積極的に自分の健康管理に関与できるようになることを期待します。そのための適切なリソースを提供できるよう開発を進めています。

参考文献

- 1) 金久 實「ゲノムと疾患・医薬品の統合データベース」細胞工学 31(3), 374-377 (2012).
- 2) 金久 實「KEGG MEDICUS 医薬品情報サービスと電子お薬手帳」都薬雑誌 36(1), 55-59 (2014).
- 3) Takarabe, M., et al.; Network-based analysis and characterization of adverse drug-drug interactions. J. Chem.

Inf. Model. 51, 2977-2985 (2011).



図2. KEGG お薬手帳の例

■ ヒトゲノムバリエーションデータベースの開発

川嶋 実苗 (東京大学大学院 医学系研究科 人類遺伝学分野)、 小池 麻子 (日立製作所 中央研究所)
徳永 勝士 (東京大学大学院 医学系研究科 人類遺伝学分野)

1. ヒトゲノム解析を取り巻く現状

ヒトゲノムプロジェクトや国際HapMapプロジェクトにより、ヒトの多型・変異とその頻度、連鎖不平衡の状態、ハプロタイプ構造といった情報基盤が整備された。同時に、ハイスループット遺伝子型決定のための技術も急速に発展したため、以前に比べて安価に多くの多型(数十~数百万以上)を一度に解析することが可能となった。これらの相乗効果により、2005年以降、オーダーメイド医療の実現を目指し、ゲノムワイド関連解析(Genome-wide Association Study: GWAS)が様々な疾患・形質について行われてきた。2014年4月9日現在で、1889 publications (13,065 SNPs) が National Human Genome Research InstituteのGWASカタログに登録されている(<http://www.genome.gov/GWASStudies/>)。また、次世代シーケンサーの出現によりヒトの全エクソン領域・全ゲノム領域のシーケンスが可能となり、GWASでは解析対象外であった希少疾患や頻度は低いが高変異を解析対象とすることができるようになったことで、極めて大規模かつ詳細なゲノム多様性情報を得られるようになった。そういった様々な研究から得られる情報の貴重性から、セキュアな環境下でのデータの集約的保管と研究者間でのデータの共有の重要性が認識されるようになった。米国のNational Center for Biotechnology Information (NCBI)、ヨーロッパのThe European Bioinformatics Institute (EBI)、日本のDNA Data Bank of Japan (DDBJ)の三極連携によるデータの集約および研究者間での共有はその代表的な例である¹⁾。

2. ヒトゲノムバリエーションデータベースの構築

日本におけるデータの保管・共有については、新規塩基配列情報・多型情報・next generation sequencing (NGS) データ等についてはDDBJが行ってきたが、GWASデータを共有していくためのdatabase (DB)が存在していなかった。そこで本プロジェクトでは、

日本人を中心としたGWASデータ、NGSによる疾患感受性変異データ、および、日本人の標準配列データを安全に保管・共有するためのHuman Genome Variation Database (HVDB)を構築している(<https://gwas.biosciencedbc.jp/index.Japanese.html>)²⁾。HVDBでは、疾患・変異・臨床情報の関係を整理・体系化し、得られた成果・情報を公開・共有することにより、疾患機序の解明や個別化医療の実現に貢献することを目的とし、1) 半永続的なデータの管理、2) データの再解釈による対象疾患研究の促進、3) 実データを利用することによる遺伝統計学の計算手法研究の促進、を行なっている。1)に関しては、実験担当者の異動等によりデータが散逸しないよう、集約的な保管を目指している。2)に関しては、各疾患の研究者が独自に保有しているデータと、HVDBにおいて公開しているデータや過去の文献情報から収集した多型・変異データを体系的に解釈することで、効率的に新たな疾患候補を探索できるようなシステム構築を目指している。

HVDBは以下7つのDBから構成される(図1)。

- GWAS DB: SNPを用いたゲノムワイド関連解析の結果の公開とデータの共有。各種統計モデルを用いた解析結果、SNP間相互作用、OMIM情報等も表示可能。生データを預けられている研究については、1) SNP毎の品質、2) 検体母との品質、3) 集団としての品質を確認し、データのフィルタリングを行なっている。
- SNP control DB: 日本人健常者の多型・変異の頻度情報、SNPのアノテーション(染色体上の位置、機能、同義/非同義など)、生物種間のゲノムの保存性、ハーディ・ワインベルグ平衡検定などの遺伝統計値の掲載。
- CNV control DB: 日本人健常者のcopy number variation (CNV)情報を登録する。4つの計算手法(DNAcopy/ CGHseg/

PennCNV/Birdsuite)により検出したCNVを同時に表示させることが可能³。

- CNV association DB: CNVを用いたゲノムワイド関連解析の結果の公開とデータの共有。
- HLA DB: 様々な自己免疫疾患や感染症、薬剤応答性などと深く関与しているhuman leukocyte antigen (HLA)のハプロタイプごとの変異情報を掲載。ハプロタイプによる塩基配列の違いや相同性に関する情報を搭載。
- Human Variation DB : NGSやその他の実験手法によって検出された多型・変異情報、アミノ酸置換情報、様々な疾患で報告されている多型情報、日本人のコントロール集団による参照配列 (reference genome) 情報等を掲載。
- Mutation DB: Re-sequencingによって検出された、単一遺伝子疾患や希少疾患に関する多型・変異情報を搭載。

3. 今後の展開

感受性遺伝子変異、薬剤応答性変異の発見がGWAS/NGSにより加速されたとはいえ、関連遺伝子が解明されていない多因子疾患、形質、薬剤応答性、ウィルス耐性はたくさん存在する。今後もゲノム解析の低コスト化と大容量化は続くことは明白であり、新たな Genotype-Phenotype の関連データや知見が相次いで報告されると予想される。医療費軽減やQOL向上のためにも、治療法や薬剤の選択、発症予防は必須であり、そのためには体系化され充実したGenotype-Phenotype情報が重要となるため、今後もデータベースの充実

化を図っていきたい。

1. Kodama Y, Shumway M, Leinonen R. The sequence read archive: explosive growth of sequencing data. *Nucleic Acids Res.* 2012; 40: D54-D56
2. Koike A, Nishida N, Inoue I, Tsuji S, Tokunaga K. Genome-wide association database developed in the Japanese Integrated Database Project. *J Hum Genet.* 2009; 54(9): 543-6
3. Koike A, Nishida N, Yamashita D, Tokunaga K. Comparative analysis of copy number variation detection methods and database construction. *BMC Genet.* 2011;12:29

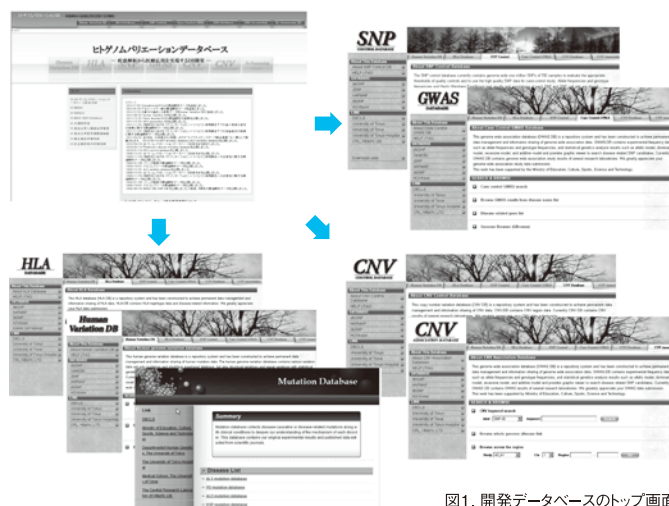


図1. 開発データベースのトップ画面

■ データベース統合に関わる基盤技術開発

片山 俊明、山口 敦子 (大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター)

はじめに

ライフサイエンス統合データベースセンター(DBCLS)では、平成25年度までの3年間「ライフサイエンスデータベース統合推進事業」のなかで研究開発課題「データベース統合に関わる基盤技術開発」として、主にセマンティック・ウェブ技術を用いたデータ統合と検索のための技術開発を行ってきた。セマンティック・ウェブは、オントロジーを利用しデータ形式をResource Description Framework (RDF)を用いて統一することにより、データの意味を明示的に記述しながら多様なデータの統合を実現できるウェブ3.0時代の技術である。本稿では2014年3月にとりまとめた研究開発終了報告書をもとに、DBCLSを中心に取り組んできた成果を紹介する。

1. データベースのRDF による統合化

生命科学DBは世界中の研究機関により開発されており、インターネット上で分散して公開されている。それらのDBや今後産出されるデータをRDFで記述するための技術を開発した。まず、ウェブサービスで取得可能な公共データベースのエントリをRDFに変換する機能をTogoWS (1) に実装した。つぎに、論文のサプリメントや実験データなど、表形式で保持されている有用なデータを容易にデータベース化し公開するシステムTogoDB (2) に対して、データベース化されたデータをRDFに変換する機能を実装した。さらに、TogoDB上でNBDCが管理運用するサービス「生命科学系デー

タベースアーカイブ」に対し、TogoDBのRDF化機能により生成されたRDFに対して、データをつなぐ記述を加え、より高度な検索が可能となることを実証した。

また、RDFデータを適切に格納するため、RDF用のDBMSであるトリプルストアについて、さまざまなサイズの生命科学のRDFデータを用いたベンチマークテストを行った。そして、データのサイズごとに適切なトリプルストアを示した。

さらに、これらの技術で産出され蓄積されたRDFデータはSPARQLというクエリ言語で検索されるが、複雑で記述が一般の生物学者には困難であることが予想されることから、自然文からSPARQLクエリを自動生成するシステムLODQA(3)を作成した。

2. 解析プラットフォームによる統合利用環境の整備

複数のツールを組み合わせた解析をスムーズに行うため、DBCLSで運用中である解析プラットフォームDBCLS Galaxy (4) にRDF入出力のフレームワークSADI機能を追加した。この追加により、CBRCが提供するSADI対応の解析ツール群をはじめとしたSADI対応ツール群をDBCLS Galaxyから利用可能となった。さらに、その有効性を確認するため、京都大学のAPIとも連携し、タンパク質とそのリガンドを入力とし、リガンドの類似化合物群を求め、類似化合物群とタンパク質とのドッキングシミュレーション結果を出力するワークフローをDBCLS Galaxy上で構築した。

3. インターネットを活用した高度検索技術の開発

データベース検索を高度化するため、NBDC・経産省統合DBプロジェクト・BioDBCoreの協力とBioHackathonでの連携をもとに、データベースのメタデータについてIntegbioデータベースカタログのRDF化が行われた。横断検索とDBアーカイブの高機能化を進めるとともに、解析ソフトの出力やエクセルなどで管理されている表形式のデータについて、RDF化されたデータを活用してアノテーション情報を付加するTogoTable (5)を開発した。また、生命科学の基盤となるゲノム情報については、RDFによる情報統合とSPARQL検索結果の可視化を行うための再利用可能なフレームワークTogoStanza (6)を開発し、これを目的別に組み合わせて利用することにより、TogoGenome、MicrobeDB.jp、CyanoBaseなどのゲノムデータベースで活用できるようにした。TogoGenome (7)では配列座標情報のオントロジーFALDOをUniProt等のグループと共に開発し、ゲノム座標という白地図上にアノテーションを集約できるようにしたほか、セマンティック・ウェブを活かしたファセット検索のインターフェイスを提供している。

4. RDF化に資するオントロジー、辞書、コーパスの整備、標準化

生命科学データのRDF化に資する重要な言語資源として、(1)データ分類の基準「オントロジー」、(2)データ表現の語彙「辞書」、(3)文献中の情報「アノテーション」がある。これら言語資源の管理のため、オントロジーについては、世界的に生命科学オントロジーのレポジトリとして認められているBioPortalがより活用しやすくするシステムOntoFinder & OntoFactory (8)、OntoCloud (9)を作成し、辞書と文献アノテーションに対しては、プラットフォームPubDictionaries (10)とPubAnnotation (11)を開発した。

5. 大規模データの利用技術開発

近年、公共データベースに登録される遺伝子発現情報が増加しているが、実験手法や生物種・組織などの違いにより比較することは容易ではなかった。このため、EST、GeneChip、CAGE、RNA-seqの4つの実験手法と、ヒト・マウス・ラットの40の組織別にこれらのデータを整理し、正常組織に特徴的な遺伝子発現パターンを定量的・定性的に比較できるサービスRefEx (12)を構築した。RefExではキーワード、組織、遺伝子オントロジー、遺伝子ファミリー、染色体領域での絞り込み検索に対応しており、実験手法別の発現量が臓器別に比較表示できる。なお、臓器の概念表現とその実体である臓器の空間的領域の対応が自明ではなかったためDBCLSでは人体の3次元解剖地図Bodyparts3D (13)を構築している。RefExではこれを活用し人体モデル上での発現量可視化を行っている。また、次世代シーケンサー(NGS)の膨大なデータを再利用しやすくするため、DBCLS SRA (14)ではNGSの実験目的・測定機器・対象生物種などのメタデータによって分類し、配列データのQC値や関連論文も含めて検索できるようにした。さらに、RefSeqに含まれる遺伝子や転写産物を任意のキーワードから簡便に検索するGGRNA (15)や、ゲノムなど塩基配列の高速検索に特化したGGGenome (16)など、既存のサービスでは困難になっていた大規模化する配列データの高速な検索サービスを実現した。

6. 情報統合化・知識発見のためのキュレーション支援

生命科学分野の略語情報を検索するシステムAllie (17)について、日本語対訳を充実させるとともに、表記上のゆれを吸収して同義表現をまとめる技術を開発した。さらに、収められているデータを、

RDFを用いた表現として生成し、SPARQLエンドポイントを立ち上げ、DBpediaやライフサイエンス辞書などの他のRDF化されているデータベースとのリンクを生成した。

文献情報管理・推薦システムTogoDoc (18)についてはスマートフォンから効率的に推薦文献を確認することが出来るクライアントを作成した。また、国際公共ゲノムデータバンクに新規ゲノム情報を登録する際に必要となるタンパク質名定義を支援するツールTogoAnnotator (19)を、テキスト処理技術を用いて開発した。このツールはDNA Data Bank of Japan (DDBJ)でのアノテーションパイプラインで利用される作業が進められている。

7. 統合DBに関わるコンテンツの作成、整備

生命科学分野のデータベースやツールの数は非常に多く、その内容も複雑化・専門化しているため、初学者がそれらの利用方法を修得することは難しくなっている。このため、使い方を動画で紹介する「統合TV」(20)を作成し、これまで750本以上の番組を公開している。また、トップジャーナルに掲載された日本人を著者とする生命科学分野の論文について、論文の著者自身の執筆による日本語解説を掲載する「ライフサイエンス新着論文レビュー」(21)を600本以上、生命科学において注目される分野・学問領域における最新の研究成果について、第一線の研究者の執筆による日本語の総説「ライフサイエンス領域融合レビュー」(22)を25本以上、これまでに公開してきている。これらはクリエイティブ・コモンズのCC-BYライセンスで公開されており、だれでも自由に閲覧・利用することができる。

まとめ

データベース統合の真価は、単なるデータの寄せ集めではなく、それらのデータを有機的に連携し、必要な場面で再利用できるようにすることにある。これまでライフサイエンスのデータはメタデータに乏しく、作った人にしか分からない暗黙知や特殊なデータ形式に依存していたほか、ライセンスも不明なものが多く利活用が難しかった。RDFの利用により、データ形式の変換といった単純作業から、データの意味の明確化や関連するデータへの適切なリンクといった知的作業に、バイオインフォマティクスのデータ管理がシフトしたといえる。DBCLSではさまざまなサービスと技術開発を進めてきたが、今後これらを一元化して真にライフサイエンスの発展に寄与する統合データベースを構築していきたい。

- (1) TogoWS: <http://togows.org/>
- (2) TogoDB: <http://togodb.org/>
- (3) LODQA: <http://lodqa.org/>
- (4) DBCLS Galaxy: <http://galaxy.dbcls.jp/>
- (5) TogoTable: <http://togotable.dbcls.jp/>
- (6) TogoStanza: <http://togostanza.org/>
- (7) TogoGenome: <http://togogenome.org/>
- (8) OntoFinder&OntoFactory: <http://ontofinder.dbcls.jp/>
- (9) OntoCloud: <http://bionlp.dbcls.jp/ontocloud/>
- (10) PubDictionaries: <http://pubdictionaries.org/>
- (11) PubAnnotation: <http://pubannotation.org/>
- (12) RefEx: <http://refex.dbcls.jp/>
- (13) Bodyparts 3D: <http://lifesciencedb.jp/bp3d/>
- (14) DBCLS SRA: <http://sra.dbcls.jp/>
- (15) GGRNA: <http://ggrna.dbcls.jp/>

(16) GGGenome: <http://gggenome.dbcls.jp/>

(17) Allie: <http://allie.dbcls.jp/>

(18) TogoDoc: https://docman.dbcls.jp/pubmed_recom

(19) TogoAnnotator: <http://events.biosciencedbc.jp/sympo>

/togo2013/poster#pos54

(20) 統合TV: <http://togotv.dbcls.jp/>

(21) 新着論文レビュー: <http://first.lifesciencedb.jp/>

(22) 領域融合レビュー: <http://leading.lifesciencedb.jp/>

研究会・地域部会の活動報告

■ 中国・四国地域部会

妹尾 昌治 (中国・四国地域部会長、岡山大学大学院自然科学研究科)

中国・四国地域部会では、第9回「次世代バイオマーカー研究会」を、平成26年2月7日(金)、岡山大学自然科学研究科棟2階大講義室(岡山市北区津島中3-1-1)において、岡山大学が主催する「第7回高度医療都市を創出する未来技術国際シンポジウム」(右:ポスター)と共催させていただきました。今回の研究会は、「異分野融合によるがん生物学の新展開」をテーマとした話題を中心に、木曾良明 教授(長浜バイオ大学)(左上段)には"Defying difficult diseases: Aspartic protease inhibitors and the click peptide concept using O-acyl isopeptide"とのタイトルで生体タンパク分子の分子認識解析を基にしたリガンドや阻害剤のデザイン合成の研究成果である独自のペプチド合成法「O-アシルイソペプチド法」と疾患関連アスパラギン酸プロテアーゼの阻害剤にも適用できることからその難病治療への応用の可能性について

ご講演を頂き、田原栄俊 教授(広島大学)(左下段)には"Senescence associated microRNA, new concept for cancer therapy"とのタイトルで、生体内に存在するマイクロRNAは老化の機構を調節でき、中でも miR-22 はがん細胞で失われた老化を誘導するプログラムを修復して、がんを抑制できるという画期的な発見についてご講演いただきました。お二方の先生からはケミカルバイオロジーの手法より分子設計にフィードバックを行い、より優れた治療薬の創製を目指すお話から実際の細胞や生体を持つ分子を利用した応用のお話まで幅広い内容となり、約100名の参加者を得ました。

会場からもたくさんの熱心な質問を頂き盛会となりました。今後も継続して研究会を企画して行きますので、今後ともどうぞよろしく御願いたします。

■ 九州地域部会活動報告

倉田 博之 (九州工業大学バイオメディカルインフォマティクス研究開発センター)

会員の皆様には九州地域部会の研究会、シンポジウム等の開催にご協力いただきまして、どうもありがとうございます。山口県を含む九州地域のバイオインフォマティクスの教育研究活動が活性化しますように今後ともどうぞよろしくお願い申し上げます。

さて、2013年度の活動報告を簡単にさせていただきます。第2回九州地域部会セミナーを2013年11月29日、山口大学理学部附属生命パスウェイ解析センターと共同で、山口大学において開催いたしました。「メタボローム解析とメタゲノム解析の医学および食品科学への応用」のタイトルで、富田勝氏(慶應義塾大学先端生命科学研究所所長・教授)に発表いただき、続いて「細胞環境における生化学反応ネットワークのシミュレーション」のタイトルで、高橋恒一氏(理化学研究所生命システム研究センター・チームリーダー)に発表いただきました。第3回九州地域部会セミナーを2013年12月11日、山口大学理学部附属生命パスウェイ解析センターと共同で山口大学において開催しました。「不妊治療のこれから: システムバイオロジーアプローチ」のタイトルで Natalia Polouliakh (ナターリヤ ポリュリャーフ) 氏 (Sony Computer Science Laboratories, Inc.) に発表いただきました。山口大学の松野浩嗣先生には研究会開催で主たる役割を

はたしていただきありがとうございました。

2014年1月29、30日に福岡県の飯塚研究開発センターで、日本バイオインフォマティクス学会と九州工業大学バイオメディカルインフォマティクス研究開発センター(BMIRC)の共同で、国際シンポジウム The Second BMIRC International Symposium on Advances in Bioinformatics and Medical Engineering: In Memory of Professor Akinori Sarai を開催しました。BMIRCでは、ヒトコンピュータモデルの開発を最終目標に据える一方で、情報・工学技術を応用して、創薬、診断、予防、治療、介護、地域医療ネットワーク開発を飯塚病院、飯塚市、医学部、企業と連携して実施しています。シンポジウムでは、National Cancer Institute (USA) の Ruth Nussinov 氏、日本バイオインフォマティクス学会会長の浅井潔氏、インドや台湾で活躍されるバイオインフォマティクスの研究者の方々が発表しました。国内外から82名の参加者がありました。

シンポジウム後、2013年7月17日旅先で急逝された九州工業大学情報工学研究院の皿井明倫先生の追悼会を開きました。皿井研究室に所属しておられた藤井助教から研究室の山登り合宿を含むアウトドア活動の懐かしいできごとを紹介してもらいました。台湾の国立陽明大学の Ueng-Cheng Yang 先生からは、皿井先生と共

同で取り組んでいた日台のバイオインフォマティクス教育研究の協力活動の説明をいただきました。日台の交流を今後とも続けていけるように努力する所存です。追悼会の最後に、飛び入りで駆け付けたプロピアニストとベース奏者にOver the rainbowを含むジャズ3曲披露いただきました。ジャズを愛する皿井先生は、全国のジャズバーを巡り歩き、福岡で演奏プロデュースを手掛けていました。最後に、国際的に活躍をされ、日本バイオインフォマティクス学会を長年にわたり支えてこられた皿井明倫先生の多大な貢献に感謝し、慎んでご冥福をお祈り申し上げます。



■ 生命情報科学若手の会 第5回研究会 開催報告

大上 雅史（東京工業大学 大学院情報理工学研究科）、仲木 竜（東京大学 先端科学技術研究センター）

この度日本バイオインフォマティクス学会の公募研究会制度により、本会第5回目となる生命情報科学若手の会・研究会を、2014年2月17日～19日に東京大学検見川セミナーハウスにて開催いたしました。直前に記録的な大雪が降ったにも関わらず、これまでで最多となる84名の若手研究者が集結しました。また、招待講演者として以下の3テーマに沿った6名の先生方をお呼びし、最新の研究内容の他、独自の研究観やキャリアパス、今後とも研究業界で活躍してゆくための心得など、若手の会だからこそ聞けるお話をいただきました。

テーマ1：大量情報時代に注目される研究者

・江渡 浩一郎 先生（産業技術総合研究所）

「集合知研究からニコニコ学会βへの展開」

・三浦 耕太 先生（EMBL）「生物画像の認識と限界」

テーマ2：先端をゆくバイオインフォ研究者

・瀬々 潤 先生（東京工業大学）

「バイオインフォは最高にセクシーな研究分野である」

・大林 武 先生（東北大学）

「サイエンスとエンジニアリングが織りなす遺伝子共発現」

テーマ3：今を輝く女性研究者

・高橋 文 先生（首都大学東京）

「進化遺伝学研究に熱意をそそぎ続けるために」

・三浦 恭子 先生（慶應義塾大学）

「がん化耐性・老化耐性・社会性げっ歯類ハダカデバネズミの分子生物学的研究の展開」

この他、スパイバー株式会社、株式会社Preferred Infrastructure、フリータイム株式会社、ライフテクノロジーズジャパン株式会社、G&Gサイエンス株式会社、ヤフー株式会社（Yahoo!ヘルスケア）の各社からセミナーを賜りました。それぞれの企業が持つ最先端の技術に触れながら、社会と学術研究の繋がりを考える良い機会になったと思います。また、参加者交流イベントとしてラウンドテーブル方式のディスカッション（ワールドカフェ）を行いました。立場肩書関係なく1人1人が主役となり、自分なりの意見をぶつけ合うことができたように思います。

大変ありがたいことに当会の研究会も5回目を迎え、「生命情報科学若手の会」の名も少しずつではありますが広まってきているのを感じております。今回も約半数は初参加の方であり、大学学部生

から若手准教授まで、wetやdryの垣根を超えて幅広い層の研究者が集まりました。2009年の第1回研究会から変わらず全員が研究発表を行うというポリシーのもとで当研究会は開催されておりますが、最新の研究成果に関する興味深い発表の数々や、休憩時間中もひっきりなしに行われる自由闊達な議論に、運営側としても勿論、バイオインフォマティクスという、まさに「最高にセクシーな研究分野」に身を置く者としても、大変喜ばしく思いました。

現在、研究内容の多様化が進むバイオインフォマティクス・計算生物学の分野において、各専門を隔てて意見を交換できる場は多くはありません。一方で、企業の参入や新しい実験・解析技術の発展に伴い、単に特定の専門・技術に留まった研究には限界が見え始めているのが現状です。そんな中、各分野の次世代を担う若手研究者が集結し、このような意見を交換出来る場を持つことは、革新的な発想を生み出す上で非常に重要かと思います。今回の研究会を通して、参加者の1人1人が意見を持ち寄り議論することで新しいブレイクスルーが生まれ、今後の本分野を新しい方向へと導いていく原動力となることを再確認できたと思います。

最後に、本会開催にあたり公募研究会助成によるご支援・ご協力を賜りました日本バイオインフォマティクス学会と、ご後援をいただきました企業スポンサーの各位に感謝申し上げます。

※招待講演者の所属は研究会開催時のものとなります。



■ 沖縄の微生物とバイオインフォマティクス (BI)

沖縄地域部会長 池松 真也 (沖縄工業高等専門学校生物資源工学科)

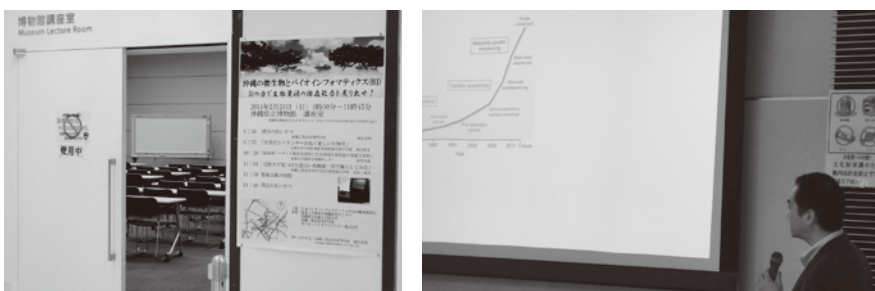
～BI の力で生物資源の潜在能力を炙り出せ！

沖縄地域部会では、平成26年2月23日に、沖縄県立博物館講座室 (沖縄県那覇市おもろまち3-1-1) において、『沖縄の微生物とバイオインフォマティクス (BI) ～BI の力で生物資源の潜在能力を炙り出せ!』を開催いたしました。2月1日のプロ野球キャンプ解禁と共に多くの野球ファン、観光客で賑わう那覇の新都心、そして、来場に際してバス、自家用車やモノレールを利用できる交通の便の良い会場を選び、広く市民の方にバイオインフォマティクスの紹介と沖縄においてもバイオインフォマティクスを利用・応用してできることを知っていただくことを目的とし企画したイベントでした。当日は、3名の先生にご講演いただきました。トップバッター須山幹太教授 (九州大学・生体防御医学研究所・情報生物学分野) には、「次世代シーケンサーが拓く新しい生物学」というタイトルのもと、次世代シーケンサーを使った新しい生物学・医学研究について、エビゲノムとエクソーム解析という研究分野を例に詳しく解説して頂きました。紙面には書くことのできない最新の研究成果も含めて、初心者にも分かり易いご説明でお話ししていただくことができました。地元からの琉球大学熱帯生物圏研究センターの新里尚也先生には、「超並列シーケンス解析を活用した未利用生物資源の発掘と利用」というタイトルにありますように難培養微生物の超並列シーケンス解析を中心に、バイオインフォマティクスの力で生物資源の潜在能力を炙り出す方法について幅広くご講演頂きました。最後に、多田一風太さん (沖縄工業高等専門学校生物資源工学科・学生) は、具体的には沖縄でどのようなことができるのか? を自身の研究をもとに発表しました。最初にゲノム解析の基本的な流れを、次に、「辺

野古で見つけた面白い乳酸菌～BIで裸にしてみた」というタイトルに従い、実際にどのように辺野古で見つけた乳酸菌のゲノム解析を行い、その過程でどのような技術的な問題にぶつかり、どのように解決して、最終的に結果に結びつけたかを高専生レベルの用語で説明していききました。

当日は、プロ野球のオープン戦真ただ中ですぐ近くでは巨人の試合も行われていましたが、参加者は、生物関連企業をはじめとする社会人から高専の学生まで幅広く集まっていたと、各先生の講演後には、例えば、「次世代シーケンサーを使用してRNA (発現解析) シーケンスを行う際に気を付けた方がよいことがあればアドバイスを」など、具体的な質問がいくつも出て、活発な質疑応答があり、今回のイベントの目的であった次世代シーケンサーを用いた研究スタイルやバイオインフォマティクスの力について知って頂くことができたように思いました。また講演会後に集計しましたアンケートの感想欄には、「インフォマティクス解析ソフトやデータベースの例が大変勉強になりました」、「次世代シーケンサーパワーってすごいなと思った」などのご感想を頂きました。

ご講演いただきました先生方、ご参加くださいました方々、並びに関係者の皆様に御礼申し上げます。今後ともどうぞよろしくお願い致します。



年会開催報告

■ 2013年年会・第2回生命医薬情報学連合大会 開催報告

中井 謙太 (東京大学医科学研究所)

平成25年度のJSBi年会は、去る10月29日から31日まで、前年度と同じ東京のタワーホール船堀において開催されました。今回も、CBI学会と日本オミックス医療学会 (10月31日の総会において、研究会から学会に昇格することが決まりました) との合同の、第二回生命医薬情報学連合大会という形で開催されました。統一テーマとして「オミックス・計算そして創薬」を掲げ、全体の大会長は東京大学の長野哲雄先生が、JSBiの年会長は不肖筆者が、務めさせていただきました。JSBiとしての基調講演は、バイオインフォマ

ティクスにも造詣が深い遺伝研元所長の小原雄治先生に「バイオインフォで生命が分かるか?—生命情報科学に期待すること—」と題して、ゲノム科学研究者からバイオインフォマティクス研究者に叱咤激励していただきました。

今回は、前年度の大会がややもすれば学会の垣根を取り払う理想を性急に求め過ぎて、結果的に各学会の会員にこれが自分たちの年会であることを十分認知してもらえなかったという反省から、また考え方や慣習が大きく違う学会同士を無理にまとめようと

すると摩擦が大きいことから、2年前の神戸のときと同様に、たまたま別の学会の年会が同時期に同じ場所で開催されている、という、各学会の独自性を重視したスタイルで開催しました。このスタイルについては、他の学会のプログラムが見にくいなど、ご批判も多々あることと思いますが、学会を準備した当事者としては、今回これ以上の融合は難しかったと言わざるを得ません。実際、事前の調整(JSBi理事会との調整も含む)はかなり紛糾して、一時は連合大会の開催そのものが危ぶまれたほどでした。しかし、最終的には、関係者のご努力により、JSBiからの希望をほぼ受け入れていただけました。

上のような事情で、参加者も3つの学会のどれかに登録するという形式になりましたが、JSBiを通して参加してくださった人数は、191名(うち学生55名)でした。この数は単独で年会を開催していた頃と比べると少なめと思われますが、合同年会という事情を考えると、特に会員の参加が振るわなかったというわけではなさそうです。また、今回は会場予約の制約から日時を選ぶ自由度が少なく、結果的に日本生物物理学会年会の日程と重なってしまったことも反省点の一つです。

一方、JSBiを通してスポンサーになってくださった企業/団体は16団体で、そのうちのいくつかは展示とオーガナイズド・セッションの両方に申し込んでくださいました。また、もしかすると、今回はJSBi年会としてランチョンセミナーを初めて開催したことになるかもしれませんが、オーガナイズド・セッション、ランチョンセミナー共に盛況で、特に次世代シーケンシングやゲノムコホート関係などの企画は立ち見が出るほどでした(写真参照)。それから、緊急企画として、当初プログラム委員長をお願いしていた九工大の皿井明倫先生が7月に急逝されたことを受けて、故皿井先生のメモリアルセッションを開催しました。JSBiからの世話人には、生前の皿井先生と親しかった理研の石井俊輔先生にお引き受けいただきました。あらためて、皿井先生のご冥福をお祈りします。なお、後任のプログラム委員長は、同じく九工大の矢田哲士先生をお願いしました。

今回の年会は、筆者の怠慢で、あまり意欲的な新企画を実行することはできなかったのですが、京大の阿久津達也先生が責任者となられたキャリアセッションと、東大の岩崎渉先生が責任者となられたハilightトラックを設けました。ふたを開けてみると、どちらも盛

況でした。また、ポスター賞については、従来のOxford Journals - JSBi Prizeの位置づけが変わったことにより、今回Best Poster Awardee1名、Excellent Poster Awardeesを7名選出しました(受賞者リストは別掲:受賞者選定には急遽プログラム委員の先生方にご尽力いただきました)。

年会長としてみると、今回の年会は(あまり良い言葉ではないとは思いますが)おおむね大過なく終わったという印象で、正直ほっと胸をなで下ろしております。ただし、年会の収支は別に報告しておりますように、予想以上の大幅な黒字になってしまいました。これは、一つにはCBI学会では年会を学会からの補助に頼らない独立採算を目指しており、連合大会としては登録費用を揃えようということになっていたため、JSBi単独で登録費用を下げるができなかったという事情によります。ただし、筆者としては、年会は学会活動の中でも最重要ですから、当然学会からの補助をつけて、年会参加への会員の負担をできるだけ減らす方向が望ましいと考えます。今回の黒字分は全額学会にお返しして、2014年度年会のバックアップ等に使われることになると思います。

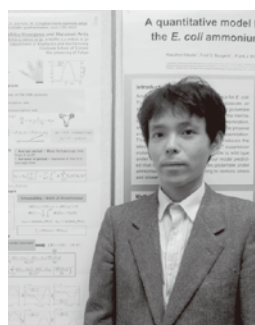
今振り返って見ると、ああすれば良かった、こうすれば良かった、と反省点は尽きませんが、それらはできるだけ来年度の担当者に引き継いでいければと願っています。最後になりましたが、今回の年会の準備にあたって、組織委員・プログラム委員をお引き受けいただいた先生方や、JSBiの執行部、理事の皆様、事務局担当者、裏方として働いてくださった研究室のメンバーなど、多くの皆様の献身的なご貢献をいただきました。この場をお借りして、厚く御礼申し上げますと共に、第3回生命医薬情報学連合大会(JSBi2014)をご担当される皆様方にエールを送りつつ、筆をおくことにします。



白熱するオーガナイズド・セッション

JSBi2013 ポスター賞受賞者一覧

年会の報告記事にもあるように、JSBi2013において発表されたポスターの中から、以下のものが最優秀・優秀ポスターとして表彰されました。受賞者の皆様、おめでとうございます!



ベストポスター賞受賞者の長谷川さん

Best poster:

Yoshihiko Hasegawa and Masanori Arita
"Circadian Clocks are Optimal for Synchronization to Daylight Cycles"

Excellent posters:

1) Poster No. 4

Wataru Iwasaki, Tsukasa Fukunaga, Ryota Isagozawa, Koichiro Yamada, Yasunobu Maeda, Takashi P. Satoh, Tetsuya Sado, Kohji Mabuchi, Hirohiko Takeshima,

Masaki Miya and Mutsumi Nishida "MitoFish and MitoAnnotator: A Mitochondrial Genome Database of Fish with an Accurate and Automatic Annotation Pipeline"

2) Poster No. 16

Kaname Kojima, Naoki Nariai, Takahiro Mimori, Mamoru Takahashi, Yumi Yamaguchi-Kabata, Yukuto Sato and Masao Nagasaki

"Pedigree Caller: a statistical variant calling approach using phase informative reads and pedigree information"

3) Poster No. 20

Wei Zhang, Natsuhiko Ichinose, Takatsune Kumada and Tetsushi Yada
"Identifying Mutations Bringing de novo Gene Birth to Saccharomyces sensu stricto Genomes"

4) Poster No. 24

Ryoichi Kinoshita, Mitsuo Iwadate, Hideaki Umeyama and Y-H. Taguchi

"Genes associated with genotype-specific DNA methylation in squamous cell carcinoma as drug target candidates"

5) Poster No. 51

Sanzo Miyazawa

"Inference of Co-Evolving Site Pairs: An Excellent Predictor of Contact residue Pairs in Protein 3D Structures"

6) Poster No. 52

Kazunori Yamada and Kentaro Tomii

"Development of a novel amino acid substitution matrix for remote homology detection"

7) Poster No. 85

Sayaka Mizutani, Yousuke Noro, Masaaki Kotera and Susumu Goto

"A biclustering approach to associating adverse drug events with the patients' physiological backgrounds"

■ Oxford Journals -- JSBi Prize受賞報告

大林 武 (東北大学大学院情報科学研究科)

「遺伝子共発現法を用いた遺伝子機能予測プラットフォームの開発」

この度、若手研究者を対象とした賞として新しくなったOxford Journals - JSBi Prizeをいただき、大変感激しております。私は植物分子生物学、いわゆるWetのラボ出身であり、Wetのユーザが用いるツールであることを念頭に遺伝子共発現データベースの研究開発を続けてきました(ATTED-II:atted.jp[1], COXPRESdb:coexpresdb.jp[2])。以下、共発現情報をどのように理解するかという視点から、ツール開発について書かせて頂きたいと思います。

1. 重要性の検量線はユーザが作る

サービスとしてのデータベース(もしくはWebツール)の目的は、ユーザの研究の促進に他なりません。Wetの研究者が実験計画を練る段階においては、様々な情報に基づき総合的に仮説を構築していきますが、この過程で最も理解すべきことは、各ツールによって得られた情報がユーザ個人の研究に対してどの程度重要なのかということです。一般のツールでは、出力結果にその統計的有意性が付随しますが(例えば配列類似性検索ツールBLASTを用いた時のe-value)、これはユーザ個人にとっての重要性を直接意味するものではありません。検索結果の「統計的有意性」とユーザ個人の研究に対する「重要性」を繋げる検量線は、当該ユーザにとって重要性が既知である遺伝子群がこのツールではどのような表現されるか、という検討を通じてのみ知ることができます。BLASTには様々な距離行列が用意されていますが、距離行列ごとに重要性の検量線を作成するコストを考えると、多くのユーザが変更しないのは合理的です。開発者の責任において選択肢を一つに絞るか、どうしても絞れない場合には、上級者用選択肢と位置づけた上で利用ガイドラインを用意するなどの工夫が必要だと考えています。

さて、ツールの出力する統計的有意性の絶対的な値は、重要性に変換するための検量線が必要である以上、ユーザサイドから見れば本質的ではありません。帰無分布との比較に基づく統計的有意性よりも、シンプルに遺伝子全体における順位を提示した方が直感

に近いように感じています。私たちの共発現データベースで用いている共発現指標はピアソンの相関係数を順位ベースに変換したものの(MR, Mutual Rank)で、これはマイクロアレイに起因する発現量特異的なノイズの影響を低減する実質的な意味がありますが[3]、同時に順位という直感的な数値になっているのも重要な点です。また、複数のプラットフォーム間で共発現傾向がどの程度一致しているのかという情報の提示は直感的な信頼性の理解に有効であると考えています。図1においてヒトZAP70とLCKの共発現度はMR=2.8(プラットフォーム2ではMR=7.5)であり、約20000遺伝子の中で一桁台に相当する共発現強度であることが分かり、その関係は他の生物種においても大まかに保存されているため、機能的な関係が強く期待できます。一方、図2のヒトPBX4とLPAR2の関係は、ヒトのプラットフォーム1でのみ強い共発現であると判断され、他のプラットフォームでは支持されません。このような関係をユーザ個人の良く知っている遺伝子群について調査することで、共発現が指示する意味を直感的に捉える事ができると考えています。

2. 検量線のあるツールを繋ぐ

基盤となるようなデータベースには、新規開発手法を提供するプラットフォームとしての側面があります。どれほど良い解析手法があったとしても、それを利用するユーザにとっては、サービスの概要を理解し、利用の手順を理解する時間コストが生じてしまいます。既に使い慣れたプラットフォームがあれば、ユーザインターフェイスを工夫することで、容易に新機能を利用することができます。上記の検量線問題は新規ツールには常に付いて回るものの、新規の解析手法を直接にユーザに届けることができるのは大きな強みです、

また、既にユーザが使い慣れているツール同士を繋ぐことは特に有益であると考えます。本データベースでは、アクセスログ、クリックログに基づいて、ダイレクトリンクの対象を定期的に見直すことを行っています。RDFによるデータ提供により他のツールと有機的に繋が

	Gene	Reliability	Hsa MR [*] for ZAP70	Link	Hsa2 MR [*] for ZAP70 [list]	Mcc MR [*] for ZAP70 [list]	Mmu MR [*] for Zap70 [list]	Rno MR [*] for Zap70 [list]	Gga MR [*] for ZAP70 [list]
0	ZAP70	☆☆☆	0.0	Ⓛ	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
1	LCK	☆☆☆	2.8	Ⓛ	7.5		47.8	55.4	
2	SEPT1	☆☆☆	5.2	Ⓛ	7.8	4.9	123.8	170.6	
3	CD247	☆☆☆	5.5	Ⓛ	2.8		47.7	11.2	26.4
4	CD3D	☆☆☆	7.3	Ⓛ	16.2		80.6	17.0	165.3
5	CD6	☆☆☆	7.4	Ⓛ	5.5		53.0	7.9	
6	GZMM	☆☆	7.6	Ⓛ	232.9		663.0	22.7	
7	CD7	☆☆☆	8.7	Ⓛ	14.9	9.6	367.8	214.4	
8	TRBC1	☆☆☆	9.2	Ⓛ	9.5				
9	CD3E	☆☆☆	9.5	Ⓛ	9.2		122.0	13.6	93.5
10	CD5	☆☆☆	11.0	Ⓛ	2.6	53.2	83.3	82.5	17.0

一程度の高いヒトZAP70の共発現遺伝子リスト

	Gene	Reliability	Hsa MR [*] for PBX4	Link	Hsa2 MR [*] for PBX4 [list]	Mmu MR [*] for Pbx4 [list]	Rno MR [*] for Pbx4 [list]	Cfa MR [*] for PBX4 [list]	Gga MR [*] for PBX4 [list]
0	PBX4	☆	0.0	Ⓛ	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
1	LPAR2	☆☆☆	1.7	Ⓛ	186.3	685.2	1938.9	951.7	7313.1
2	CXorf65	☆☆☆	10.5	Ⓛ	1529.1	2371.7			
3	LOC256021		18.7	Ⓛ					
4	CD6	☆☆☆	29.3	Ⓛ	604.0	5496.7	779.9	8673.5	
5	ITK	☆☆☆	34.2	Ⓛ	2348.4	1689.3		12073.2	8602.8
6	PASK	☆☆	35.3	Ⓛ	1022.4	1790.2	397.6	1594.2	457.9
7	TCF7	☆☆☆	37.8	Ⓛ	289.3	4495.6	13031.3	6703.5	3252.3
8	CCR7	☆☆☆	46.1	Ⓛ	1567.2	12281.8		12348.4	5149.8
9	SPOCK2	☆☆☆	47.8	Ⓛ	2468.3	3724.8	2507.4	4380.1	
10	CD247	☆☆☆	53.9	Ⓛ	801.4	1864.3	2458.0		10608.7

一程度の低いヒトPBX4の共発現遺伝子リスト

る可能性にも期待しており[4,5]、どのように重要性の検量線を担保するのかは一つの課題です。

3.サイエンスに基づくサービス

生命情報のデータベースは、複雑な生命現象の一つの写像であると思えることができます。そのため、格納しているデータに生命らしさを感じるか否かはデータベース開発の重要な基盤であると考えています。私自身、上記のようなユーザ重視の発想を持っているものの、役に立つサービスに寄り過ぎてしまい、研究の目標を見失ってしまったこともありました。現在では、遺伝子共発現ネットワークは、タンパク質相互作用ネットワークと並んで、ゲノム情報に最も近い遺伝

子ネットワークであると解釈し、その構造の導出と比較を通じて、ゲノムに基づく生命理解を目指して行きたいと考えています。

最後になりましたが、ポストドク時代からの研究指導ならびに研究室運営でお世話になっております木下賢吾先生ならびに研究室の皆様様に心より感謝いたします。

- [1] Obayashi T et al. (2014) Plant Cell Physiol. 55:e6.
- [2] Obayashi T et al. (2013) Nucleic Acids Res. 41:D1014-1020.
- [3] Obayashi T et al. (2009) DNA Res. 16:249-260.
- [4] <http://coexpresdb.jp/sparql>
- [5] <http://atted.jp/sparql>

国際会議レポート

■ TBC/ISCB-Asia 2013

Paul Horton

(Computational Biology Research Center National Institute of Advanced Industrial Science and Technology)

TBC/ISCB-Asia 2013, co-hosted by the Korean Society of Medical Informatics and ISCB and chaired by Ju Han Kim (金周漢) of the Seoul National University College of Medicine was held at the JW Marriott in the Gangnam (江南) district of Seoul Korea on Oct 2-4, 2013. 273 delegates including 65 international delegates enjoyed 64 scientific presentations, generally with a focus on translational bioinformatics but touching on most aspects of computational biology. Indeed a timely focus as genome sequencing and sequencing based measurement of gene expression -- the data that fuels our field -- makes its way into the clinic.

The keynote speakers included such luminaries as Larry Hunter, Atul Butte, Steven Brenner and the ISCB keynote Terry Speed. ISCB organized a special scientific session with four speakers from Taiwan, Korea, Japan and Australia. Nineteen Highlights track presentations also gave delegates ample opportunity to survey and grasp current trends in translational bioinformatics. On the other hand, graduate students and post-docs were also well represented with 27 proceedings track presentations and 33 poster presentations. This reporter's only complaint (as it were) is that with so many good talks to attend I never found the time to look for Gangnam style elegant coffee sipping ladies.

■ GIW2013

藤田 晶大 (創価大学)

第24回ゲノムインフォマティクス国際学会(GIW2013)が2013年12月16日から18日の日程でシンガポールのバイオポリスで開催されました。42報の論文と44件のポスターが採択され、それぞれ口頭発表とポスター発表が行われました。論文、ポスターのアブストラクトは<http://www.comp.nus.edu.sg/~giw2013/index.html>から読むことができます。GIWは最も歴史が長いバイオインフォマティクスの国際会議です。もともとは日本で日本人が始めた会議であると聞きました。そのためか、日本人の参加者が多く、全体の約1/3を占めるほどでした。内容は情報科学から生物学まで非常に多岐にわたって行われ、招待講演が口頭発表の他にたびたび行われました。著名な研究者の発表では、内容が充実していたことはもちろん大変に理解しやすく説明されたことが印象に残っています。

当日はビザの関係で出席できなくなった参加者もあり、全員が参加できず少し残念でしたが、それでもポスター会場や、会食の場で活発な意見交換や議論が行われていました。私はGIWが初めての国際学会の参加となりましたが、様々な国や地域の方が一同に研究を発表し合う場に圧倒されました。国境を超えて研究を軸に

闊達に意見交換する多数の研究者の姿に感動しました。それは、発表をただ理解するのではなく、どうすれば自分の研究に活かせるのかを自由に議論されていたからだと思います。私は、他者の研究についてただ理解しようとするにとどまっていたましたが、世界の研究者に学び、自分の研究に応用しようと考えた時に、もっと知らなければいけないことや学ばなければいけないことが多くあり、そのことによって自分の研究のフィールドが広く、また可能性が大きくなっていくことを感じました。

発表当日は、私はポスター発表のみでしたが、様々な研究者や学生の方々が来てくださり、ユニークな意見や異なった見地からの意見をいただくことができました。私の英語力はとても十分とは言えない粗末なものでしたが、参加者の研究発表はとても丁寧に作られており、英語の不得手な私にも情熱を持って説明してくださる方が何人もいました。私にとって、おおいに触発を受けた国際学会となりました。

ところで、会場となったバイオポリスへはシンガポールの地下鉄であるMRTを使って滞在先のホテルから向かいしました。チャンギ国際

空港から向かって1時間半ほどの道のりであったかと思います。シンガポールはとても近代的でよく整備された町並みで、それでいて文化の豊かな場所でした。一方で、シンガポールに着いた初日にタクシーを利用したのですが、ホテルの場所が分からず、近くまでいいですと伝えたのにもかかわらず、運賃をサービスしてまで車で探していただいた事がとても印象に残っています。

さて、2014年のGIWは東京で行われるそうです。前回、日本で

行われたのは2009年ですので、5年ぶりになるそうです。パイオインフォマティクスを切り開いてこられた先輩方に敬意を払いつつ、自分と同じ年であるGIWとともにパイオインフォマティクスの発展を歩んでいきたいと思います。今年、私は論文投稿と口頭発表にチャレンジするつもりでいます。海外に行かずとも参加できますので、ぜひ皆さんも参加されてはいかがでしょうか。



リレー紹介:日本のバイオインフォマティクス研究室



■ 慶應義塾大学 理工学研究科 基礎理工学専攻 榊原研究室

青戸 良賢（慶應義塾大学 理工学研究科 基礎理工学専攻 博士課程1年）

私が所属する榊原研究室は、理工学系の学部3、4年生と大学院生が通う矢上キャンパスにあります。都内からも比較的アクセスのしやすい日吉駅から徒歩15分の、山と川に面する自然に囲まれたキャンパスです。学生が学部3年生以上であることに加え、正面の校舎にはグランドピアノが置いてあるなど、隣接する日吉キャンパスと比較して大人びた空間が印象的です。ここに通う理工学部生命情報学科の4年生、及び大学院生が、研究室に配属されることとなります。

榊原研究室では、バイオインフォマティクス技術を用いて生命現象を解き明かすことを目的に日々研究を行っています。発がんマウス実験系や肺がん検体を用いたがんゲノム解析、納豆メーカーとの共同開発研究である納豆菌ゲノム解析など、次世代シーケンサーを用いたゲノム解析を行っている他、遺伝子発現量の網羅的定量を行うトランスクリプトーム解析、RNAの二次構造予測、遺伝子予測、インタラクトーム解析やビッグデータ解析など、研究テーマは多岐に渡り、研究対象もヒトやモデル生物、菌類など様々です。榊原研究室の特徴は、バイオインフォマティクス技術の新規開発だけでなく、生物実験系の構築、解析対象試料からの実験データの取得、計算機解析、検証実験までの一連の流れを、自ら行うことができる点にあります。理工学部生命情報学科では生物学・計算機科学の双方の教育に重点を置いており、プログラミングやアルゴリズム、統計学などの授業だけでなく、分子生物学や細胞生物学、物理化学や有機化学など、複合的な学術領域である生命現象を理解する上で必要な、様々な授業が設置されています。このため、榊原研究室に配属を希望する学生は計算機解析が得意な学生だけでなく、ウェット実験にも興味を持つ学生が少なくありません。実際に、次世代シーケンサーのサンプル調整やタンパク質の単離・精製、ノーザンブロットリングなど、ウェット実験を行う環境は整っており、私自身も実験と解析の両方を行っています。また、各学生に異なるテーマが与えられ、自ら生物実験、解析を行うため、その責任や期待が各人のモチベーションになっていると感じています。

榊原研究室は現在、榊原教授を含めて3名のスタッフと18名の学生が所属しています。研究室内の雰囲気は穏やかでメリハリのある、集中に適した環境と言えます。その一方で上級生と下級生、あるいは学生とスタッフの距離が近いことから、質問や議論もしや

すく、また食事やスポーツを共にするなど、非常にアットホームな研究室です。博士課程の学生は計4名で、そのうち2名はインドとインドネシアからの留学生です。博士課程の留学生が常に出入りしている点も榊原研究室の特徴と言えます。そのため、日常会話だけでなく、後述する大学院生のゼミでは基本的に英語でスライドを作成するなど、日頃から英語に触れる機会に恵まれています。また、所属する学生も意欲的に留学生と英語でコミュニケーションを取り、研究の話だけでなく、日常生活や食文化の違いなどの話題を通じて交流を楽しんでいます。

研究室生活はフレックスタイム制で自分のペースで研究ができる他、木曜日と金曜日に週2日のゼミがあります。木曜日は学部4年生が交代でバイオインフォマティクスに関する教科書を読み、全員の前で発表を行います。これは4年生自身の基礎知識の向上を図るだけでなく、大学院生にとっても知識の確認の場、あるいは異なる分野を知るきっかけの場になっています。金曜日は大学院生が交代で最新の論文2報を紹介します。自身の研究に関わる論文や、他の研究室メンバーに関わる論文、業界の話題として面白いものなど、研究室と関係のあるものであれば自由に選択可能です。アルゴリズムや解析フローなどを中心に、結論を導くまでの全体の流れを2報で計1時間程度を使って説明します。最近はOmics解析ツールや深層学習、がんに関する論文の紹介が多く、最新の話題に触れる良い機会となっています。金曜日はこれに加え、2人が進捗報告を行います。榊原研究室のゼミは全員が必ず最低1回、質問や意見を言う決まりがあるので、輪講や論文紹介だけでなく、進



研究室の様子

抄報告の際も活発に議論がされています。自身が気付かなかった問題点やアイデアなど、他の人の視点から意見を貰い議論することができる貴重な場です。

研究室の年間行事としては、GWに新人である学部4年生の歓迎会を兼ねたBBQがあります。毎年多摩川の河川敷で行っています。夏期休暇中には合宿があり、学部4年生の中間審査の発表練習だけでなく、観光や秋にある学科のソフトボール大会に向けた

練習を行います。学期末や年末、年度末には懇親会も開催され、普段パソコンや実験台に向かい長時間作業する学生達にとって、良いストレス発散の場になっています。

このように榊原研究室は、バイオインフォマティクスを切り口とした様々なアプローチにより生命現象を解き明かす研究を行っており、アットホームな雰囲気のなか研究に集中できる環境の整ったラボです。

学会からのお知らせ

新役員決定

平成26年2月から3月に行われた選挙の結果、平成26年3月17日の総会において、以下の10名の理事が選任されました。

氏 名	所 属
荻島 創一	東北大学 東北メディカルメガバンク機構
門田 幸二	東京大学・大学院農学生命科学研究科
川島 武士	沖縄科学技術大学院大学
木下 賢吾	東北大学大学院情報科学研究科
五斗 進	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
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
白井 剛	長浜バイオ大学 コンピュータバイオサイエンス学科

藤 博幸	産業技術総合研究所 ゲノム情報研究センター
中尾 光輝	イーザイ株式会社 エーザイ・プロダクトクリエーションシステムス
水野 英明	中外製薬株式会社 探索研究部

また、総会において、以下の2名の監事が選任されました。

氏 名	所 属
木下フーラ聖子	創価大学工学部 生命情報工学科
中川 博之	大日本住友製薬株式会社 ゲノム科学研究所

(50音順、敬称略)

生命医薬情報学連合大会2014の開催のお知らせ

～データ駆動型生命情報科学の挑戦～次世代型医療への扉を拓く～

来る2014年10月2日(木曜日)より4日(土曜日)まで、仙台国際センターにて3回目となる生命医薬情報学連合大会2014が開催されます。日本バイオインフォマティクス学会、オミックス医療学会、情報計算法学生物学会が主催する連合大会としては、3回目の開催になりますが、初めての東北での開催になります。東日本大震災から3年以上経ち、仙台の中心部はすっかり落ち着きを取り戻したものの仮設住宅での生活をしている人もまだまだ多いのが現状です。復興支援の一環としても、仙台に来て、町を見て、大会を盛り上げていただければ幸いです。

次世代シーケンス技術が急速に進展し、生命情報ビッグデータ時代に突入しつつあるなか、新しいデータ駆動型生命情報科学の挑戦が始まっています。そして、パーソナルゲノムによる次世代医療である、個別化予防・医療への挑戦も開始されようとしています。こうしたなか、東北メディカル・メガバンク機構は、東日本大震災からの創造的復興に貢献するために、震災復興に取り組みながら未来型医療を築く東北メディカル・メガバンク事業を推進しています。

2013年11月29日にはコホート調査事業に参加した日本人1000人分の全ゲノムを解読し、日本人特有の疾患の原因探索に必須の基盤が整備されつつあります。このような中、個別化予防・個別化医療の実現へ向けた研究推進は待った無しの状態です。このような状態を受けて、この仙台の地で「データ駆動型生命情報科学の挑戦～次世代型医療への扉を拓く」をテーマとして生命医薬情報学連合大会を開催できることを好機だと考え、本大会では、単に最先端の研究発表の場であるだけでなく、究極の個人情報とも言われるパーソナルゲノムを活用した研究における社会との関わりを市民も交えて一緒に考える機会としたいと思っています。

開催、発表申込み、プログラム等の詳細に関しては順次HPにて公開します。今回の連合大会では、口頭発表の厳選、各種賞の新設、地方開催ならではのエクスカージョンの導入、ミキサー形式でのポスター発表など、新機軸を満載して、皆さまの参加をお待ちしています!

JSBi2014年会担当、連合大会実行委員長 木下 賢吾

重要日程／開催日時：2014年10月2日～4日 口頭発表受付：6月1日～7月15日 ポスター発表受付：6月1日～8月15日
参加登録受付：6月1日～8月31日 大会HP：<http://www.biomedpharminfo.org/>

GIW / ISCB-Asia 2014 のお知らせ

日時：2014年12月15日(月)～17日(水) 場所：東京国際交流館 プラザ平成(東京都江東区青海2-2-1) <http://www.jsbi.org/giw2014/>

今年、記念すべき第25回を迎えるGIWが、5年ぶりに日本に帰ってきます。今年のGIWはISCB-Asiaとの共催で、12月にお台場で開催します。JSBiが運営する久しぶりの国際会議です。連合大会のわずか1か月半後の開催ではありますが、多数の会員にご参加いただけますようお願い申し上げます。

Conference Co-chair

浅井 潔(JSBi会長・東京大学大学院 新領域創成科学研究科)
ポール・ホートン(JSBi理事・産総研CBRC研究センター長)

Program Committee Co-chair

渋谷 哲朗(JSBi理事・東京大学医科学研究所)
Chuan Yi Tang (National Tsing Hua University, Taiwan.)

● 発表募集 Call for Papers (Proceeding Tracks) / Posters / Highlight Tracks / Technology Tracks

The following journals have agreed to consider GIW/ISCB-Asia 2014 proceedings track presentations for publication:

- Bioinformatics • IEEE/ACM Transactions on Computational Biology • BMC Genomics • BMC Systems Biology
- Journal of Bioinformatics and Computational Biology

Important Dates for Paper authors

April 7, 2014	Paper submission opens	August 18, 2014	Revision due
July 7, 2014	Paper submission deadline	August 25, 2014	Final notification to the authors
August 11, 2014	First notification to the authors	September 10, 2014	Camera-ready due

Important Dates for Highlight Track authors

April 7, 2014	Highlight abstract submission opens	August 11, 2014	Highlight abstract submission deadline
September 8, 2014	Notification to the authors		

Important Dates for Poster authors

April 14, 2014	Poster abstract submission opens	August 25, 2014	Poster abstract submission deadline
September 15, 2014	Notification to the authors		

● スポンサー募集 くわしくは GIW/ISCB-Asia2014 ホームページよりお問い合わせください。 <http://www.jsbi.org/giw2014/>
Registration (tentative)

	Registration(Early) / Opens on August 25	Registration(Late) / From November 11
SCB/AASBi - Ac/Gov/Non-Profit	¥36,000	¥47,000
ISCB/AASBi - Industry	¥41,000	¥54,000
ISCB/AASBi - Postdoc	¥21,000	¥27,000
ISCB/AASBi - Student	¥19,000	¥24,000
Non-Member - Ac/Gov/Non-Profit	¥59,000	¥70,000
Non-Member - Industry	¥64,000	¥76,000
Non-Member - Postdoc	¥37,000	¥43,000
Non-Member - Student	¥29,000	¥34,000

学会議事録等

第9回理事会議事録

日 時：平成25年10月29日 12時10分～13時25分

場 所：産業技術総合研究所 生命情報工学研究センター 10階会議室(東京都江東区青海2-4-7 産総研臨海副都心センター別館)

出席者：(本人出席) 浅井理事長、清水副理事長、油谷理事、川島理事、木下理事、藤理事、松田理事、水野理事、岩崎理事、大林理事、奥村理事、小森理事、美宅理事

(表決書提出) 佐藤理事、馬見塚理事、関嶋理事 以上16名出席扱

(オブザーバ) 渋谷監事、木下2014年会長／東北地域部会長／認定試験WGメンバー、坂井(事務局、書記)

議長 浅井理事長(定款第35条による)

配布資料

- ・議案書
- ・JSBi年会開催規定
- ・学会会議バイオインフォマティクス分科会からの報告

- ・(2014年年会関係)連合大会第1回ローカルコミティ議事

- ・(2014年年会関係)連合大会第1回ローカルコミティ議事メモ

議事

議事録署名人の選定

議長より議事録署名人を選任したい旨の提案があり、油谷理事

と岩崎理事が全員の賛成により承認された。

審議事項

1. 2013年年会の会計監査選出

年会開催規定により、1名以上の選出が必要とされた。昨年の会計監査だった水野理事が立候補し、全員の賛成により承認された。

2. 学術会議バイオインフォマティクス分科会からの報告

配布資料「学術会議バイオインフォマティクス分科会からの報告報告事項」に基づき、学術会議委員を務める美宅理事より状況が報告された。

報告概要:

(1) 学術会議バイオインフォマティクス分科会は日本学術会議に提言書を提出しようとしている(メ切は2014年4月30日)。提言書は予算や実行権限がともなうものではないが、政府に対し未来のあり方を提言するものである。

(2) 提言に向け、若手による議論を行いたいので、人選などでJSBiに協力をお願いしたい。

(3) 生物物理分科会がバイオイメージング研究所を提案している件では、3月にシンポジウムが行われる予定。バイオインフォマティクス分科会が提案している研究所構想と相補的ともいえるがオーバーラップもあり、現状ではバイオインフォマティクス分科会とはどう連携するか不明確である。

議論:

- ・(2)について、「(「若手」とは?) 未来指向で話をする人、実際に自分で研究をやっている人。(理事会に先立って行われた小原先生の基調講演にあったような) 20年後を考える人(美宅)。
- ・提言書には「JSBiの協力」を明記するのか? 「若手」の定義がどのように曖昧な表記のままならば反対せざるを得ない(川島)。
- ・提出の前にJSBiが提言書の内容について承認するプロセスはある。内容には分科会が責任をもつが、できた提言書に対してJSBiとしてバックアップできるかどうかを議論してほしい。(美宅)
- ・浅井会長の巻頭言(最新のJSBiニュースレター27号)のように、分野を拡大する議論をすべきである。

3. 2014年年会について

配布資料「連合大会第1回ローカルコミティ議事」「同 議事メモ」に基づき、木下賢吾2014年会長より準備状況(ローカルコミティ初期メンバーと役割、日程(2014年10月2~4日)、会場(仙台国際センター)等)が報告され、ローカルコミティメンバーは承認された。CBI学会は別途独自年会を行うことを打ち出しており、これまでの連合大会とは態度が変わったが、昨年・今年と同様に「連合大会」として行う方針。GIWとの共催も検討する。

議論:

会計

- ・会計は連合大会会計として学会からは独立でやってよい(浅井)。

GIW参加者数と広報

- ・GIWの最近の参加者数は200人を切っている(浅井)。やるなら多くの参加者を集めたい(木下)。
- ・12月のシンガポールでのGIWでPRするか?(川島)。状況によってはする(浅井)。

AASBiとの連携関係、AASBi会長

- ・GIWは、AASBi(アジアのバイオインフォマティクス学会連合)のオフィシャルカンファレンスで、日本で次回開催を検討していることはAASBiから励まされている。他国で立候補している国はな

い。各国間で講演者を協力しあうという伝統があり、招待講演者の推薦を頼める(松田)。

・AASBiの運営体制:各国の各学会から代表役員を出している。AASBi会長は、GIW開催国の役員がやることになっているが、会長としてとくに権限があるわけではなく会議の際の議長をする程度である。来年日本でGIWをするなら会長を出さなければならない(松田)。AASBi会長は必ずしもJSBi会長でなくてもよいのか(浅井)。

年会の企画、方向性

- ・GIWとはぜひ一緒にやって、発展していけたらいいと思う(川島)。
- ・NGS現場の会との連携については、年会の企画に応じて検討したい(岩崎)。
- ・医学部とのコネクションを作り、喜ばれたい。現場の会が解析チュートリアルなどやってもらえたらよい(木下賢吾)。
- ・東北メガバンクが表に出て日本語セッションが増えるのは歓迎(浅井)。

学会の方向性について

- ・JSBiを活性化したい。現状は、有名なバイオインフォマティクス研究者の中にもJSBi非会員がいる。NGS現場の会のほうが面白いからJSBiの年会には来ない人もいる(浅井)。
- ・バイオインフォマティクスがメインの新学術は取れていない。ゲノム系の新学術にバイオインフォマティクス担当班がある状態。JSBiの目指す方向は、どちらだろうか?

一まとまって大きい新学術を取りに行く or

一散在している各バイオインフォマティクス班をまとめる「まとめコミッティー」?(川島)

- ・医学関係者は必ずバイオインフォマティクスが大事だというのが必ずしもJSBiとつながっていない。なぜか。バイオインフォマティクスの人が、期待される生命メカニズムの解明をあまりやっていないところに、学術会議の問題意識がある(美宅)。新学術なら、解くべき問題の設定が必要。道具としてのバイオインフォマティクスとはそこがずれている(大林)。
- ・「バイオインフォマティクスをやっているJSBi年会に来ていない人を取り込む」と「裾野を広げる」とは別の問題(岩崎)。
- ・年会に行けば何が得られるかがわかりにくい。アセンブリなどわかりやすいトピックづくりは重要ではないか(岩崎)。
- ・参加してほしい人に参加してもらうためには魅力的な招待講演などのセッションが必要。お金がかかるがスポンサーが取れるか。賛助会員も減っている。学会に入るメリット、と、年会に出るメリットを考え直したい。理事会内にワーキンググループをつくって考えたい(浅井)。
- ・年会は1年前からの準備では遅い。2015年の開催地・年会長をここで決めなくてよいのか?学会のカラーがないのも、これでいいのか?毎年変わってしまうのではなく、長年の積み重ねに、その年のオリジナルが加わるようなのがいいと思う。JSBi年会は、見世物市なのかマッチングなのか、みんなが考えているカラーは何なのだろうか(木下賢吾)。
- ・2015年年会の準備は年内に決めたい。学会改革にむけて、2014年年会にもカラーを出していきたい。ローカルコミティに参加してセッションを考えるなど(浅井)。
- ・3学会連合は、このままではCBIが抜けて行くと思われ、わざわざ連合大会規則をつくってガチガチにやるのではなく、たまたま一緒にできるならやりましょう程度のスタンスか(松田)。
- ・せっかく年会で集まっているので、明日も昼に集まって議論する(浅井)。

審議は以上、予定時刻を過ぎ13:25に閉会となった。

特定非営利活動法人日本バイオインフォマティクス学会

上記の議論を明確にするため、議長及び議事録署名人において次に記名押印する。

平成25年10月29日

議長 浅井 潔 印
議事録署名人 油谷 幸代 印
同 岩崎 渉 印

第10回理事会議事録

日時：平成26年3月17日 13時20分～16時35分

場所：産業技術総合研究所 臨海副都心センター 本館第一会議室（東京都江東区青海2-3-26 産総研臨海副都心センター本館4階）

出席者：（本人出席） 浅井理事長、清水副理事長、油谷理事、川島理事、木下（聖子）理事、藤理事、中井理事、松田理事、水野理事、岩崎理事、大林理事、小森理事、関嶋理事、八谷理事、ホートン理事（表決書提出） 西川理事、奥村理事、瀬々理事 以上18名出席扱

（オブザーバ） 荻島新理事、木下（賢吾）新理事／2014年会長／東北地域部会長、五斗新理事、白井新理事／認定試験委員長、中尾新理事、（門田新理事、渋谷新理事は表決書提出）、水谷（新事務局）、坂井（事務局、書記）

議長 浅井理事長（定款第35条による）

配布資料

- ・議案書
- ・別紙1（第一号議案 平成25年度事業報告および収支決算の承認 関係資料）
 - 別紙1-1 平成25年度事業報告書
 - 別紙1-2 平成25年度財産目録
 - 別紙1-3 平成25年度貸借対照表
 - 別紙1-4 平成25年度活動計算書
 - 別紙1-5 平成25年度計算書類の注記
 - 別紙1-6 平成25年度監査報告書
 - 別紙1-7 監事の監査チェックリスト
 - 別紙1-8 研究会・地域部会収支
- ・別紙2（第二号議案 JSBi2013年会報告 関係資料）
 - 別紙2-1 JSBi2013年会計報告書
 - 別紙2-2 JSBi2013年会計監査報告書
- ・別紙3（第三号議案 平成25年度認定試験報告および平成26年度実施計画 関係資料）
 - 別紙3 平成25年度バイオインフォマティクス技術者認定試験事業報告
- ・別紙5（第五号議案 平成26年度事業計画および収支予算の承認 関係資料）
 - 別紙5-1 平成26年度事業計画（案）
 - 別紙5-2 平成26年度予算（案）
 - 別紙5-3 JSBi年間予定表（事務局マター）
- ・別紙6（第六号議案 生命医薬情報学連合大会2014年大会（JSBi2014年会）関係資料）
 - 別紙6-1 開催趣意書
 - 別紙6-2 プログラム案
 - 別紙6-3 連合大会ローカルコミティ議事録（5回分）
- ・別紙7（第七号議案 GIW / ISCB-Asia 2014 関係資料）
 - 別紙7-1 GIW/ISCB-Asia2014概要（プログラム、フロアプラン、スケジュール、フライヤー）
 - 別紙7-2 GIW Special Issueに関するBioMed Centralとの契約について
 - 別紙7-3 Program Committee member list

- ・別紙9（第九号議案 種々のサポートのあり方 関係資料）
 - 別紙9-1 トラベルアワード（平成27年度に予算確保するかどううか、アワード規定を決めるか）
 - 別紙9-2 国際会議オーガナイズ補助（公募研究会の一環で読むか、募集期間をどうするか）
- ・別紙10（第十号議案 「JSBi講習会」 関係資料）
 - JSBi講習会案
- ・別紙11（第十一号議案 JSBi事務機能の外注化の検討について 関係資料）
- ・別紙 WG議論と現状を踏まえた、論点のまとめ

議事

第一号議案

平成25年度事業報告および収支決算の承認承認された。

議論：

- ・「監事の監査チェックリスト」の位置づけについて。法的、対外的に必須のものではなく、法人業務の向上のため自主的・内部的に行っているものであり、チェックリストは認定特定非営利活動法人NPO会計税務専門家ネットワークのものを使用している旨、事務局より説明があった。

！ 来年は、前年度と比較できる資料を出すことになった。

第二号議案 JSBi2013年会報告

2013年年会長（中井理事）より報告があり、承認された。

議論：

- ・大幅な黒字となったことについて議論された。
- ・主な原因は、スポンサーが順調についたこと、外注費や印刷費などを節約したこと、本来のJSBiらしい運営（CBIに合わせて高額の謝金を払うことがなかったなど）が行われたこと、と分析された。
- ・スポンサーは、JSBiとCBIで分けているが、CBIと組んだから多数のスポンサーがついたのかどうかは不明。ただし民間スポンサーは少なかったと指摘された。
- ・参加人数は、JSBiだけみると、CBIとの合同開催時とJSBi単独開催時で差はないとされた。

第三号議案

平成25年度認定試験報告および平成26年度実施計画（白井）
別紙資料に基づき平成25年度認定試験委員長（白井新理事）

より報告があり、承認された。

今期はじめて事務局担当に人件費を支出したが、この支出がちょうど学会からの支出額に相当し、それ以外は受験料収入でほぼ賄ったこと、合格率の算出方法などが報告された。

議論:

(昨年度分析と今年度計画について)

- ・受験料引下げと参加人数増の関連はおそらくないと思われる。
- ・受験料引下げによる収入減は約3万円であり赤字への影響は小さい。
- ・受験者数は、過去の受験者数の中央値付近であり、とくに増えたとはいえない。
- ・広告費をかけていないが、受験者数に影響はなかったと思われる。
- ・受験者の構成は、社会人2:学生1で、前年の社会人:学生比と逆転した。
- ・TOEIC試験の日程と重ならないよう、試験日を土曜日にする案がある。
- ・東北一北海道、名古屋一長浜はそれぞれペアで隔年開催としている。名古屋と長浜は特例で両方とも実施したが東北一北海道は従来通り交互開催とするので、26年度は、東北はなく北海道である。

(将来計画、WGでの議論について)

- ・認定試験WGで、認定試験を継続するかどうかの議論があったが、WGでは決定権はないので理事会に上げたきり議論が止まっている。継続可否が決まらないうと、次の人に引き継ぎにくいのでなんとかしないといけない。(木下賢、藤、白井)
- ・継続可否の議論が続いていたので、学会としてどうしたいか決めるのに「事業赤字」が影響するのを避けたいと考えた。(白井)
- ・継続しないにしても来年度いきなりやめるのは無理だということではWGでも提案している。ただずるずると続けるべきではないと言っている(川島)。来年やめるのか、10年続けるのか、方向性のコンセンサスがあるのが望ましい。(八谷)
- ・実施体制については、今年は長浜で事務局を雇用し、実行委員は誰でもどこででもできるという形を作った。これからは認定試験委員は、粛々と運営し、改革も少しはやっていく。次年度の委員長は前年度委員長が指名するという慣例になっているのだが、JSBiとして中長期的にどうしていきたいかが反映されるよう、理事会で議論してほしい。(白井)
- ・認定試験に限らず、年会、研究会にも共通する問題。JSBiとして中長期のビジョンを積み上げていかないと。(木下賢)

(その他)

！積み残しの理事会マターをきちんと継続する仕組みが必要である。継続的に理事会で話し合うべき件をケアし、常に、懸案事項をいつまでに決めるかフォローしていく必要がある。

第四号議案 幹事の選任

議案書通り承認された。承認された幹事一覧は以下のとおり。

年会担当(2015年)

五斗進(京都大学化学研究所)

男女共同参画

油谷幸代(産業技術総合研究所生命情報工学研究センター)

ニュースレター

岩崎渉(東京大学大気海洋研究所)

Genome Informatics

佐藤賢二(金沢大学理工研究域電子情報学系)

認定試験

白井剛(長浜バイオ大学バイオサイエンス学部コンピュータバイオサイエンス学科)

ISCB対応

ポール・ホートン(産業技術総合研究所生命情報工学研究センター)

議論:

(幹事の構成について)

！2014年年会担当も幹事に加わるべきである。

→ 追ってメール審議で決議することになった。

(年会について)

- ・2015年年会は連合大会ではなくJSBi単独で行う方向。ただしオミックス医療研究会の態度が明確でないようなので引き続き情報収集する。少なくともCBIとは一緒にはやらない。CBI側の意向も同じで一緒にやる気はない。(浅井、中井、岩崎、荻島、木下賢)
- ・参加者数は、連合大会だと400~500人は集まるのでスポンサーも喜ぶ。単独開催では200人以下程度しか集まらない。JSBiのブランド力低下を危惧する。規模感、オーラルセッションはいくつあればよいかなど、中長期的な視点での議論をしてほしい。(木下賢)
- ・絶えず見直し続けたい。他学会との合同も検討したい。いろいろな学会と連携するのもよい。年会は早めに責任者を決めて動くのがよいだろう。(浅井)

！2016年年会担当は、開催地・他学会との連携も視野に入れ、次回年会中の理事会で決めたい。

第十一号議案 JSBi事務機能の外注化の検討について

第五号議案「平成26年度予算案」のなかに事務局委託費が積み上げられていることから、第五号議案の審議に入る前に、事務局交代の発表と、新事務局担当者(水谷健太郎)紹介、第十一号議案の審議を行った。

議論:

- ・事務局が突然崩れてしまうのは怖い。(川島 他)
- ・事務局が理事長のボランティア頼みだったり、1人におんぶにだっこなのはよくない。(岩崎、木下賢)
- ・進化学会はクバプロに外注している。担当者によって業務クオリティが違う、費用は会員数で決まる部分があるので会員増を躊躇する場面がある、などの短所がある。(川島)
- ・外注先の経営状況にも気を配る必要が出てくるので難しい面もある。(関嶋)
- ・外注するなら26年度予算に積まれた年間60万円ではとてもできない。事務局の強化と安定のためにもっとかけてもいいのではないかと。(木下賢)
- ・運営している人の近くの人に頼むのもよいが、運営が止まらない体制づくりも望まれる。(関嶋)
- ・短期的にはJSBiが困らないよう、次期CBRCも協力する。(ホートン)
- ・長期的には、目指す学会規模とのトレードオフ(会長がやりくりできる程度の小規模 vs 大きな組織)の問題になる。(ホートン)

第五号議案 平成26年度事業計画および収支予算の承認承認された。

第六号議案 生命医薬情報学連合大会2014年大会(JSBi 2014年会)について

別紙資料に基づき2014年年会長(木下賢吾新理事)より報告があり、その内容が承認された。

議論:

(連合大会のあり方について)

- 生命医薬情報学連合大会の命名意図は、2012年の有田年年会長が、3学会の融合を目指し学会別色が出ないようにしたことによる。ところが、学会色がなかったことで、当事者意識を失い参加しなかった会員(とくにCBIで)が多数いた。運営もうまくいかなかったのが、2013年は3学会が、同時に、しかし別々に開催している形になった。(中井)
- 連合大会の内容決定権は誰にあるのか。ローカルコミティの専断 vs 各学会の承認?(木下賢)
各学会の承認プロセスには時間がかかりすぎるのでローカルで決めてもらってよい。ただし連合大会であってもJSBi年会なのでよく考えてほしい。(浅井)

(JSBi年会のあり方について)

- 過去の経緯を積み重ねないといけないと思う。年会は学会の一番大きなアウトプットだ。(木下賢)
- これまでオープンバイオをやってきた経験から、上のほうで引き継ぎがないのは問題。(中尾)
- 使用言語についても意見が割れている。年年会長が好きなようにやるというのがJSBiカラーでは。(中井)
- 参加者が、わざわざ選んで参加してくれるような何かを提供しないといけないのではないか。(木下賢)

(今年の大会の方針、プログラムについて)

- いわゆるJSBiのオーラルセッションが1セッションしかないのは少なすぎる。言語はどうするか。
- 国際会議にチャレンジする人をセレクトするセッションはどこに置くか。トラベラアワードの予算がほしい。
- JSBi枠4枠は大林理事(ローカルコミティ委員)に一任する。1.5をオーラル、0.5を受賞講演?
- 市民公開セッションについて、3日目に2セッションを予定。1つは「プラチナデータ」で講師はローカルコミティメンバーが務める。もう1つは個人ゲノム時代の倫理関連セッション。
- 企業のスポンサードセッションの裏に人が集まるセッションを実施するのは避けるように。今後のスポンサー獲得のため。
- 公募セッションがあるべき。会員から募集すれば必ず応募はある。当事者意識も高められる。
- ポスターセッションが遅い時間だが、昨年までのような細切れでなくまとまった時間を取るため。かつ、懇親会をしない代わりにミキサーとして活用する企画。
- 3日目にexcursionとして東北メガバンク見学ツアーを企画。連合大会長(山本)の意向もあり、観光など遊ぶ時間を入れたい。不参加者にも配慮。
- 講習会も入れたい。

第十号議案 「JSBi講習会」について

年会(連合大会)の中で講習会を行いたいという意向があり、提案者の八谷理事より、別紙資料に基づき企画意図の説明と議論が行われた。10月の大会での実施案と、NBDCとの連携など今後

の方針について話し合われた。実施主体、予算確保、認定試験との関係などが懸案事項と考えられた。

議論:

- (NBDCとの連携について現状の報告) NBDCはバイオインフォマティクスの人材育成も行っているので、その時々不足人材育成で動いている。現在はNGS関連。カリキュラムを作ったが今年は予算がつかなかった。しかし夏ごろに試験的に講義を始める予定。JSTとの打ち合わせの結果、JSBiが講習会をするならNBDCは協力することになっている。(藤)
- 東北大学メディカル・メガバンク医学部学生が連合大会に参加することを期待し、バイオインフォマティクス入門講習会をやってほしいというリクエストがある。(八谷、木下賢)
- CBI学会は、たとえばSNPが目玉されたときに企業向けに研究会をするなど、流行を追ってアピールしている。JSBiで講習会ができればJSBiのプレゼンス向上に役立つ。誰がやるのか。(藤)
- 長期的に実施することを考えると、認定試験と同じ、次の担当者に引き継ぐときに問題になりそうな危惧がある。予算が必要なら請求すればよい。(川島)
- まずは10月の大会で試験的にやってみる段階だと思う。連合大会予算が赤字になったら理事会に助けてほしい。0円でできなければ計上したい。(八谷)
- 講習会の議論はどこですべきか? 連合大会ローカルコミティ vs 理事会?
- 公募研究会に出す? 認定試験との関連、関係は?

第七号議案 GIW/ISCB-Asia 2014 について(浅井・ホートン)

Co-chairの浅井理事長とホートン理事より配布資料に基づいて準備状況の報告があった。GIWと年会の関係、Genome Informatics誌について、Proceedingの掲載論文、ジャーナルとの契約についてが整理され、承認された。

議論:

(GIWと年会の関係)

- GIWはAASBiのオフィシャルconference。今年はAASBiの当番が日本なのでGIW幹事をJSBiが行うという位置づけ。(松田)
- (Proceedingの論文掲載について)
- GIWに採択されると、PCが3誌のどれかに割り振る。BMCはsystems biologyだけでなくgenomicsにも掲載してもらうようにする。Bioinformatics誌も、特別号にはならないが掲載される可能性がある。投稿料は著者が各自で払う。

(Genome Informaticsについて)

- かつてはGIWの論文誌だったが、2010年に中国でGIWを開催したとき、IFがついているジャーナルにProceedingが載らないと意味がないと主張され、GIWとの関係が切れてしまった。いまはJSBi年会の発表から選抜されたものが掲載されている。(松田)

第八号議案 GIW2015のInCoBとの共催案について

ホートン理事より、InCoB(APBioNet主催)のChristian SchöenbachとShoba Ranganathanの2人と、2015年のInCoBとGIWを日本(東京)で9月に共催することを検討中だと報告された。

経緯説明と議論:

- GIW2014の東京開催が決まる前にホートン理事側からAPBioNetに打診した。

- 2014年はGIWとISCB-Asiaを共催するが、2015年はISCB-Asiaは加えない方針。
 - GIWは2年連続日本開催でいいのかという点について；GIWにとって日本は特別なので、よいとのこと。なおGIW2015は上海が立候補しているが、InCoBとの共催であれば上海は2016年に譲るとのこと。GIWを日本(JSBi)に取り戻すよいきっかけ。
 - GIWとInCoBの共同開催実績はない。以前検討したが、流れてしまったことがある。(その経緯はAPBioNet側とAASBiのLimsoon氏(シンガポール)の説明が食い違っており、どちらが断ったのか真相は不明。しこりが残っているもよう。)
 - しかしGIWを2年続けてやるメリットがわからない。なぜそこまでがんばらなければならないか。
- (開催時期について)
- GIWは例年12月開催なので9月は早い印象。InCoBは2014年は7/31～8/2なので9月でOK。JSBiがGIW/InCoB2015に前向きなら開催時期の交渉を行ってもよい。
- (JSBi2015との関係について)
- JSBi2015は五斗年会長のもと京都で開催するが、これはGIW/InCoBとは別に開催する方向。
 - JSBi年会とのリンクの検討は急がないといけない。

(ISCBとの関係、国際関係について)

- 将来的にはISCB-Asiaをなくしたい。(ISCB-USAやISCB-Euroがないように、いずれは米・欧・アジアの三極でISMBが開催されるようになるのを目指す?)
- 2018年から2020年にISMBを日本に誘致しようとしている。アジア圏初ISMBは日本でやりたい。

！日本はどういう立場を目指すか考える。

第九号議案 種々のサポートのあり方について

本件はJSBiの中長期ビジョンと関係するが、その議論が不十分であること、また定刻を過ぎたため、次回以降に持ち越すことになった。

審議は以上、予定時刻を過ぎ16:37に理事会は終了した。

議事録署名人の選定

油谷理事と岩崎理事が指名され、全員が承諾した。

上記の議論を明確にするため、議長及び議事録署名人において次に記名押印する。

平成26年3月18日

特定非営利活動法人日本バイオイノフォーマティクス学会

議 長	浅 井 潔 印
議事録署名人	油 谷 幸 代 印
同	岩 崎 涉 印

平成26年度通常総会議事録

日 時：平成26年3月17日(月) 16時35分～16時45分

場 所：東京都江東区青海二丁目3番26号 産業技術総合研究所臨海副都心センター本館4階第一会議室

正会員総数：436名／出席した会員数：167名／内訳：本人出席／20名／委任状出席：125名／書面による議決権行使：22名

議事録署名人選任の経過

当法人の定款第26条により議長は理事長が務める。議長が定足数を確認した後、議長から、議事に先立ち議事録署名人を指名したい旨を述べたところ、満場異議なく賛成があったので、議長は岩崎 渉 ならびに 油谷 幸代 を議事録署名人に指名した。

議事の経過の概要及び議決の結果

第一号議案 平成25年度事業報告および収支決算の承認

議長は、これを議場に諮ったところ、満場一致をもって異議なく可決決定した。

第二号議案 平成26年度事業計画および収支予算の承認

議長は、これを議場に諮ったところ、満場一致をもって異議なく可決決定した。

第三号議案 役員の選任

議長は、理事10名が平成26年3月31日に任期満了となるため、その改選について議場に諮ったところ、当法人の細則第2条に定める選挙により選出された新理事候補者10名が、満場一致で選任され、被選任者は、いずれもその就任を承諾した。改選される理事氏名は下表にまとめた。

また議長は、監事 市川(渋谷) 哲朗、同 中川 博之が任期満了につきその改選方を議場に諮ったところ満場一致をもって、中川 博之、木下 フローラ 聖子が監事に選任され、被選任者はいずれもその就任を承諾した。

また議長は本総会に先立って本日13:00より本法人の細則第3条に基づく会長選挙、及び同第4条に基づく副会長の指名が行われたことを議場に報告し、その結果、理事長には浅井潔、副理事長には清水謙多郎を選任することを議場に諮ったところ満場一致をもって選任され、被選任者はその就任を承諾した。

以上により議事が終了し、議長は16時45分閉会を宣言した。

上記の議決を明確にするため、議長及び議事録署名人において次に記名押印する。

平成26年3月17日

特定非営利活動法人日本バイオイノフォーマティクス学会

議 長	浅 井 潔 印
議事録署名人	油 谷 幸 代 印
同	岩 崎 涉 印

平成26年3月31日に任期満了となる理事10名					平成26年4月1日に就任する理事10名				
油谷 幸代 (あぶらたに さちよ)	川島 武士 (かわしま たけし)	木下フローラ聖子 (きのした ふろーら せいこ)	佐藤 賢二 (さとう けんじ)	藤 博幸 (とう ひろゆき)	荻島 創一 (おぎしま そういち)	門田 幸二 (かどた こうじ)	川島 武士 (かわしま たけし)	木下 賢吾 (きのした けんご)	五斗 進 (ごとうすすき)
中井 謙太 (なかい けんた)	西川 哲夫 (にしかわ てつお)	松田 秀雄 (まつだ ひでお)	馬見塚 拓 (まみづか ひろし)	水野 英明 (みずの ひであき)	市川(渋谷)哲朗 (いちかわ(しぶや)てつお)	白井 剛 (しらい つよし)	藤 博幸 (とう ひろゆき)	中尾 光輝 (なかお みつてる)	水野 英明 (みずの ひであき)

学会の現況

・有効会員数(平成26年5月20日現在) 正会員:445名 学生会員:66名 賛助会員:22社

・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 平成26年度役員一覧

会 長	浅井 潔	(東京大学大学院新領域創成科学研究科/産総研ゲノム情報研究センター)		
副 会 長	清水謙多郎	(東京大学大学院農学生命科学研究科)		
地域部会長	伊藤 公人	(北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター)	妹尾 昌治	(岡山大学大学院自然科学研究科)
	木下 賢吾	(東北大学大学院情報科学研究科)	倉田 博之	(九州工業大学大学院情報工学府)
	荒木 通啓	(神戸大学自然科学系先端融合研究環)	池松 真也	(沖縄工業高等専門学校生物資源工学科)
理 事	岩崎 渉	(東京大学大学院理学系研究科)	渋谷 哲朗	(東京大学医科学研究所)
	大林 武	(東北大学大学院情報科学研究科)	白井 剛	(長浜バイオ大学 コンピュータバイオサイエンス学科)
	荻島 創一	(東北大学 東北メディカル・メガバンク機構)	関嶋 政和	(東京工業大学学術国際情報センター)
	奥村 利幸	(三井情報株式会社 事業開発部 バイオサイエンス室)	瀬々 潤	(お茶の水女子大学大学院人間文化創成科学研究科)
	門田 幸二	(東京大学・大学院農学生命科学研究科)	藤 博幸	(産業技術総合研究所ゲノム情報研究センター)
	川島 武士	(沖縄科学技術大学院大学)	八谷 剛史	(岩手医科大学 いわて東北メディカル・メガバンク機構)
	木下 賢吾	(東北大学大学院情報科学研究科)	中尾 光輝	(エーザイ株式会社 エーザイ・プロダクトクリエーションシステム)
	五斗 進	(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)	Paul Horton	(産業技術総合研究所ゲノム情報研究センター)
	小森 隆	(株式会社インテック 研究開発部)	水野 英明	(中外製薬株式会社 探索研究部)
	坂田 恒昭	(塩野義製薬株式会社 Global Development Office イノベーションデザイン部門)	美宅 成樹	(豊田理化学研究所)
監 事	木下 フローラ 聖子	(創価大学工学部生命情報工学科)	中川 博之	(大日本住友製薬株式会社)

・賛助会員一覧(平成26年5月20日現在)

- | | | |
|-----------------|------------------------|---------------------|
| ●日本SGI株式会社 | ●日本新薬株式会社 | ●株式会社ナベ インターナショナル |
| ●田辺三菱製薬株式会社 | ●三井情報株式会社 | ●有限会社パスウェイソリューションズ |
| ●大日本住友製薬株式会社 | ●中外製薬株式会社 | ●株式会社理研ジェネシス |
| ●タカラバイオ株式会社 | ●独立行政法人科学技術振興機構 | ●公益財団法人沖縄科学技術振興センター |
| ●塩野義製薬株式会社 | ●株式会社インテック | ●株式会社リバネス |
| ●株式会社富士通九州システムズ | ●株式会社菱化システム | ●ジーンデータ株式会社 |
| ●エーザイ株式会社 | ●一般社団法人バイオ産業情報化コンソーシアム | |
| ●株式会社 日立製作所 | ●アステラス製薬株式会社 | |

編

集

後

記

この度はニュースレター担当として最後の号となりました。今後の日本バイオインフォマティクス学会のありかたも色々検討されて行かれると思われます。ゲノムから更に様々な分野に発展しつつあるバイオインフォマティクス研究に期待しています。

(木下フローラ聖子)

本年度より事務局担当を引き継がせていただきました。NPOの法人運営等については未経験の業務であり、至らぬ点も多いかと存じますが、どうぞよろしくお願い申し上げます。

(事務局)

JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS