



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33号

学会ホームページ <http://www.jsbi.org/> Tel:03-3238-1689 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:他学会・研究会との連携	2	学会からのお知らせ	13
臨海ハッカソン2017開催報告.....	7	学会の現況	14
研究会・地域部会の活動報告	11	編集後記.....	14

◆ 巻 頭 言 ◆

学会の存在意義

学会の存在意義は何でしょうか?これに対する答えは人それぞれだと思いますが、私自身は、似た分野の研究者の交流と分野の発展のための受け皿として、学会活動は重要だと考えています。

「受け皿」という見方に関しては、第28号(2014年5月)の巻頭言で藤先生が「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?」という問いかけを発しています。当時のJSBiの課題として、生命情報科学(Bioinformatics)と情報生物学(Computational Biology)の乖離を挙げ、当時の学会内の改革について触れつつ、若い世代の理事の参入に関連してJSBiの将来への期待を表明して話を締めるという流れになっていますが、素直に読むと、受け皿たり得ていないという強い問題意識の表明だったと思います。

私は、当時の理事の一人として学会運営に参加していましたが、同様の問題意識を持っていました。私の中の学会の存在意義は関連研究者の受け皿になることだと思っています。その意味では、当時のJSBi学会の存在気は薄いと言わざるを得ない状況でしたが、その一方で他の学会に受け皿になる学会が存在しなかったのも確かかと思います。無いなら作るしか無いと思い始めたのが、JSBiの理事になるきっかけでした。

その状況の中で私にできることとして、年会を大きく変えようと意識して実施したのが、2014年9月の仙台での年会です。それまでもJSBi年会にはそれなりに参加していましたが、必ずしも毎年楽しみにする年会ではありませんでした。ちょっと様

子が変わり始めたのは、2012年の医薬情報学連合大会として開催されるようになってからです。この連合大会では、JSBiとCBI、オミックス医療学会が核となって若手も結集する形で開催され、以前とは大きく変わって活気あるものでした。その流れを受けて、第3回となる連合大会では、会員提案の分科会(BoF)を設置すると共に、ポスターを盛り上げるためのミキサーの導入や公開シンポジウムでのTwitter連動など、とにかく元気に楽しくをモットーに開催しました。ミキサーなど個別の試みでは賛否両論な部分もありましたが、全体としては概ね好評だったかと思います。少なくとも、JSBiは変わりつつあることを感じて頂けたのではないかと思います。



その後、2015年と2016年が清水会長の下での副会長、2017年JSBiの会長に就任しました。清水会長は、執行部の刷新として、各種委員会の設置、幹事の役割の明確化を行うなど、着実に執行部の体制強化を進めていました。JSBiのHPの役員ページはほとんど見られてないと思いますが、H27年度から幹事毎の役割が明記されていますので、一度ご覧頂ければと思います。また、会員の皆さまに身近な改革としては、共に歩むことで会員の交流を促進できればと思い、研究会・地域部会の公募制に移行しています。まだ周知が十分でないかもしれませんが、会員でしたら誰でも応募可能で、上限25万

円まで研究会開催に必要な予算をサポートしています。既存の研究会だけでなく、新しい研究会も大歓迎ですので、奮ってご応募ください。

まだ改革は道半ばですし、学会運営体制はまだ未成熟だと思います。しかしながら、似た分野の研究者の交流と分野の発展のための受け皿としての学会になることと、毎年楽しみに

される年會を開催される学会を目指して微力ながら頑張りたいと思いますので、サポート頂ければ幸いです。

JSBi会長 木下 賢吾

(東北大学 大学院情報科学研究科／
東北メディカル・メガバンク機構／加齢医学研究所)

特集「他学会・研究会との連携」

はじめに

荻島 創一（東北大学東北メディカル・メガバンク機構）

バイオインフォマティクスは、分子生物学の実験で解読された遺伝子の塩基配列、タンパク質のアミノ酸配列の情報学的な配列解析に端を発し、分子生物学、進化学から微生物学、動物学、人類遺伝学、ゲノム医療・創薬まで、幅広い分野との学際的な学問として発展してきました。

その意味で、日本バイオインフォマティクス学会にとって、他学会・研究会との連携は本質的な重要性をもっています。本特集では、情報計算化学生物学会、情報処理学会バイオ情報学

研究会(SIG-BIO)、人工知能学会分子生物情報研究会(SIG-MBI)、生命情報科学若手の会、オープンバイオ研究会、NGS現場の会、日本進化学会、日本微生物生態学会、日本動物学会の他学会・研究会との連携を取り上げました。

本特集を通じて、他学会や研究会との連携の状況を情報共有し、今後のさらなる研究活動の発展の参考になればと存じます。

情報計算化学生物学会との連携

荻島 創一（東北大学東北メディカル・メガバンク機構）

情報計算化学生物(CBI)学会は、化学(Chemistry)、生物学(Biology)、情報学(Informatics)という3つの学問分野に関わるケモバイオインフォマティクスの先端的な研究開発の基盤構築をめざす学会です。創薬へ向けて、医薬品のような有用な物質を分子レベルでデザインし、その作用を分子レベルから解明するため、

1. 分子認識と分子計算
2. インシリコ創薬
3. バイオインフォマティクスとその医学応用
4. 医薬品研究とADMET
5. 上記に属さない先進的研究

などの5つの分野での研究交流の場が形成され、年次大会が開催されています。また、研究講演会の開催は400回に迫ろうとしており、延べ参加者は1万人を超えています。多くの製薬会社が法人会員として参加しています。

日本バイオインフォマティクス学会との連携としては、これまでに、日本バイオインフォマティクス学会、情報計算化学生物学会、日本オミックス医療学会により、6回にわたって、生命医薬情報学連合大会を開催しました。第1回、第2回は東京船堀で3学会の年次大会を同時開催しました。第4回は京都

で市民講座「地域医療のイノベーションとICT(情報通信技術)―災害時にも対応できる医療情報を―」のセッションを合同企画しました。第5回は東京お台場で3学会合同企画「ゲノム医療の実現に向けたバイオインフォマティクスのロードマップ」のセッションを合同企画しました。日本医療研究開発機構の末松誠理事長も登壇し、ゲノム医療の実現に向けて、バイオインフォマティクスの研究開発がどうあるべきか、そのロードマップを議論しました。第6回は3学会合同企画として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講演いただきました。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になりました。

情報計算化学生物学会の2018年の年次大会は「創薬と育薬のレギュラトリーサイエンス～AI創薬時代の新展開～」をテーマに、2018年10月9日(火)～10月11日(木)に東京船堀にて開催されます。会員の皆様におかれましては、ぜひ情報計算化学生物学会の活動にも参加し、バイオインフォマティクスの医学・創薬への応用などについて連携することができれば幸いです。

情報処理学会バイオ情報学研究会 (SIG-BIO) との連携

関嶋 政和 (情報処理学会バイオ情報学研究会 前主査、東京工業大学)

この4月に、4年に渡るバイオ情報学研究会の主査としての仕事を終え、現在の主査である奈良先端科学技術大学院大学の吉本潤一郎先生に引き継ぎ、ほっとしているところです。情報処理学会のバイオ情報学研究会は、平成17年(2005年)に会員2万人を超す情報科学、情報技術分野の旗艦学会である情報処理学会においてバイオ情報学の研究者、学生が、その情報処理の側面を中心に研究成果を発表し、切磋琢磨する場を用意して、そこにバイオサイエンス系の研究者も参加するかたちで、この分野の発展に寄与することを目指して設立されました。

バイオ情報学研究会は、年に4回程度の研究会を行うほか、情報処理学会の全国大会やFIT(Forum on Information Technology)にも参加をしています。研究会は年により異なりますが、最近では例年6月にOIST(沖縄科学技術大学院大学)において同じ情報処理学会のMPS研究会、電子情報学会NC研究会、IBISML研究会と共催の研究会を実施し、3月には

JAIST(北陸先端科学技術大学院大学)において人工知能学会分子生物情報研究会、オープンバイオ研究会と連催で研究会を実施するなど、双方に有益となるように共催・連催で研究会を開催しており、2017年はIIBMP2017とも連催の形で北海道大学にて研究会を実施致しました。

バイオインフォマティクスという分野は、手法から応用まで非常に幅広く多くの研究者の協力関係が不可欠であると考えています。バイオ情報学研究会は年に4回の研究会を開催する際には、それぞれ研究報告を発行しており、発表者はロングトークでは6ページ、ショートトークでは2ページの原稿を執筆し、25分間の口頭発表と質疑を行います(ショートは15分)。従って、卒業論文や修士論文の前後に文章を書き、口頭で発表をする訓練の場としても皆様にお使い頂けるとと思っています。

バイオインフォマティクス分野の発展の為に、引き続き相互連携を深めていくことを祈念しています。

人工知能学会 分子生物情報研究会 (SIG-MBI) との連携

佐藤 賢二 (金沢大学 理工研究域 電子情報学系)

分子生物情報研究会は、分子生物学と情報処理技術の融合を目指して1998年に設立された研究会です(同じ年に創業したGoogleが今年の秋に20周年を迎えることを考えると、感慨深いものがあります)。位置づけとしては人工知能学会の第2種研究会にあたり、予算が無い代わりに参加費の支払いや予稿集作成などの義務が無いことを強みとして、これまで生命と情報に関わるさまざまなトピックスについて自由闊達な議論を行ってきました。一時期を除いて、立ち上げから主査を務めておられるのが現在東京工業大学の小長谷教授であることから、近年では分子ロボティクス研究会との連携が盛んに行われました。この分野については今後も分子人工筋肉や分子ロボット倫理など、さまざまな議論が続いて行きそうで楽しみです。一方、研究会の立ち上げと前後して小長谷教授が北陸先端科学技術大学院大学に研究室を構えられた御縁で、年に1回程度は北陸先端科学技術大学院大学で研究会を行うのが通例になりま

した。大体3月にテーマ自由という形で開催しているのですが、近所に温泉がある立地の良さを生かして、学生から大御所までさまざまな参加者がフランクに語り合える場を提供できていると思います。特に2005年からはオープンバイオ研究会との共催が定例化し、夜中に温泉宿でプログラミングした結果を翌日の午前中に発表するなどのハッカソンのような要素が加わった結果、参加者の若返りと刺激的な発表の増加がもたらされました。一方で、情報処理学会バイオ情報学研究会(SIG-BIO)との連続開催も近年定例化しつつあり、参加者にとっては硬軟取り混ぜた幅広いバイオインフォマティクスの話を聞く機会になっていると思います。この20年で参加者の層も移り変わってきましたが、できれば以前参加していた方にも久々に御参加頂いて、過去から未来に至るバイオインフォマティクスの来し方行く末について語り合えれば幸甚です。

生命情報科学若手の会との連携による若手人材のネットワーク形成

尾崎 遼 (理研・情報基盤センター・基礎科学特別研究員)、河野 暢明 (慶大・先端生命研・特任助教)、堀之内 貴明 (理研・QBiC・研究員)

生命情報科学若手の会は、情報学的視点から生命現象を紐解くことを目指す若手の交流推進のために、参加者全員発

表・合宿形式の研究会を開催してきた。特に学生の参加の敷居を下げるため旅費・交通費を補助している。

2017年度は「生命情報の地平を望む」をテーマに第9回研究会を愛知県蒲郡市にて開催した。参加者56名の約7割を学生が占め、ポスドク・教員・技術職員・企業参加者が続いた。分野は再生医療から計算機科学まで多岐に渡り、ドライ系50%強、実験系20%弱、“中間”30%弱というバックグラウンドの多様性にもかかわらず、口頭発表や着座形式のポスター発表では熱い議論が交わされた。招待講演では甘利俊一先生(理研)、浜田道昭先生(早大)、細将貴先生(京大)に、ご自身の研究分野をどのように開拓されてきたかについてご講演いただいた。

研究志向の交流企画として「バイオインフォでの実験ノートの取り方」をテーマにグループディスカッションを行い、参加者間でノウハウの共有を促した。また、今年度は研究提案コンペティションを開催した。予算や時間の制約を設けずに自由な発

想に基づく提案をチームごとに立案・プレゼンし、招待講演者の方々に審査いただいた。斬新なアイデアをぶつけ合うきっかけになったと考えている。研究会の最後には、参加者投票に基づき、優秀な発表者や質疑応答などで議論を盛り上げた参加者を表彰した。こうした機会が若手の一層の活躍の一助になれば幸いである。

同時開催企画「若手の知りたいキャリアパスのホント」では、協賛企業へのアンケートに基づき、バイオインフォ研究者の企業でのキャリアパスについてまとめ、SNSで大きな反響を得た。

JSBiにはこれまで3回後援いただいているが、研究会で初めてJSBiを知った参加者も多かった。今後もJSBiと連携しつつ、生命情報科学を支える人材の育成とネットワーク形成の場となることを期待している。



オープンバイオ研究会との連携

片山 俊明 (ライフサイエンス統合データベースセンター)

バイオインフォマティクスでは、ゲノムプロジェクトの進展とともにオープンソースのソフトウェアが数多く開発され広く使われてきた経緯があります。欧米では非営利団体Open Bioinformatics Foundationが設立され、開発コミュニティの支援やカンファレンスの開催などを行ってきました。オープンバイオ研究会は、国内におけるこれらのソフトウェアの利用や開発者の連携を目的に2004年に有志で結成した研究会です。とくに何かの学会の分科会というわけではありませんが、初回を当時JSBiが年会として主催していたGIW学会の会場をお借りしてBoFセッションとして開催させて頂き、その後も何年にも渡ってご支援を頂いてきました。一方、オープンバイオ研究会は学会や団体の垣根を越えた活動として、講演会やポスターセッションだけでなく、書籍「オープンソースで学ぶバイオインフォマティクス」の出版やハンズオン形式の講習会なども行ってきました。さらに、アップルストア銀座で可視化を中心とした研

究会を開催したり、夕方から軽く飲みながら行う勉強会「ライフサイエンスバー」を開くなど、議論を活性化しより多くの方々と連携するために、普通の学会ではなかなか行わないような新しい試みにも取り組んできました。近年は、バイオインフォマティクスの拡大と普及、関連する他の研究会の台頭、また当初若手だったメンバーが中堅世代になり忙しくなってきたことなどもあって、活動の頻度は少し減ってきています。しかし、毎年一度は年度末に集まって、若手やシニアの研究者とともに日本におけるバイオインフォマティクスの課題などをざっくばらんに議論する会を続けています。発表内容を起承転結に簡潔にまとめたスライドで発表する4コマプレゼンなど、手間をかけずに伝わる仕組みを考えるなど楽しく活動を続けています。これからも名前の通りいつまでもオープンな会でありたいと考えていますので、興味を持たれた方は是非ウェブサイト <http://open-bio.jp> をご参照のうえご参加頂ければと思います。

NGS現場の会との連携

荻島 創一（東北大学東北メディカル・メガバンク機構）

NGS現場の会は、アカデミアと産業界の垣根を越えた、次世代シーケンサー(NGS)に関わる研究者、技術者、医療従事者、企業関係者等の交流を目指して、メーリングリストによる情報交換や研究会の運営を行ってきました。2011年の発足以降、急速に発展を続け、本稿執筆時点で会員数は1,653人となりました。日本バイオインフォマティクス学会の会員は数多く参加しています。2013年9月に神戸で開催した第三回研究会ではおよそ700名の方々に、2015年7月につくばで開催した第四回研究会ではおよそ800名の方々にご参加いただき、第四回研究会からは日本バイオインフォマティクス学会との連携を進めました。

2005年にNGSが登場してまもなく10年になります。NGSは世界中に爆発的に普及し、当初の目標であった1000ドルゲノム時代も到来しました。臨床シーケンスなどゲノム医療の実現へ向けた医療応用も進展しています。こうしたなか、効率的な情報収集、研究成果や技術的な問題に対する率直な議論などを行うための研究者間および企業間の交流の場として、NGS現場の会第五回研究会が2017年5月22日(月)～24日(水)に仙台国際センターで開催されました。第五回研究会では、基礎科学から医学・薬学・農学・工学まで、学術界から産業界までの幅広い分野の方々にフラットにお集まりいただき、(1)NGSの最先端の現場の技術情報共有・研究発表、(2)これからNGSを始めようという人たちへの技術情報提供、(3)NGSが社会のインフラになりつつあるなかでの社会のなかのNGSのありかたの3本柱に取り組みました。参加登録数は868名で、前回つくばでの第四回研究会の700名を超える参加登録数となりました。東北大学東北メディカル・メガバンク機



構のある仙台での開催ということもあり、ゲノム医療に関するセッションも盛りだくさんで、特別企画では松原謙一先生に、基調講演では岡田随象先生と工樂樹洋先生にご講演いただきました。

NGS現場の会は現場の研究者がNGSの最先端の現場の技術情報共有・研究発表をする場で、セッションの会場では盛んな議論が繰り広げられました。また、ポスター会場では、淹れたての美味しいコーヒーやお茶を飲みながら、野点傘のもとで赤い縁台に腰掛けて、参加者間の交流が生まれました。AMED 公開生討論ーゲノム医療実現の見えるる阻害を炙り出す!も開催され、参加者とNGS、そして、ゲノム医療のこれからについて、技術情報共有・研究発表、そして議論をする場となりました。

日本バイオインフォマティクス学会には研究会としてご後援いただいております。会員の皆様におかれましては、ぜひNGS現場の会の活動に参加し、活用していただければ幸いです。

日本進化学会の紹介

中川 草（東海大学医学部 分子生命科学）

日本進化学会はJSBiと同年の平成11年に設立されました。DNAシーケンス技術の発展に伴い分子レベルでの進化研究が盛んになりつつあった当時、分子進化学に加えて、発生学、生態学、人類学など様々な観点から進化学に取り組んでいる研究者が一堂に会して広い視野で進化を論じる場として、本学会が設立されたと聞きます。毎年8月下旬に年大会が開催され、そこではヒトを含めた霊長類から、魚、昆虫、微生物など、様々な生物を対象として(場合によっては様々な言語や文化までも含んだ)進化学研究に取り組んでいる研究者が参加しています。私はこの数年ウイルスと宿主の様々な進化に関連するワークショップなどの運営に携わってきました。

進化学会の特徴として「非モデル生物」を対象とする研究も多く、そのような生物を対象とするためにロングリード配列解

析やメタゲノム・環境DNA解析などの大規模シーケンス解析を行う研究も多いです。このような需要に伴い、「進化学夏の学校」という形で配列解析に関する講習会が年大会と同時にこの数年開催されています。配列データ以外にも、代謝ネットワークなどのデータ、顕微鏡などの二次元画像データや骨格などの三次元画像データなどを研究で扱っている人もいます。第20回年大会が東京大学駒場キャンパスにて2018年8月22～25日に予定されています。加えて、日本進化学会と縁が深い国際分子進化生物学会SMBE(Society for Molecular Biology and Evolution)が今年は日本(パシフィコ横浜)で開催が予定されています(2018年7月8～12日、<http://smbe2018.jp>)。それぞれ間口がとて広い学会ですので、ぜひ気軽にご参加いただければと思います。

日本微生物生態学会との連携

岩崎 渉 (東京大学大学院理学系研究科)

日本微生物生態学会(以下 JSME、<http://www.microbial-ecology.jp/>) は地圏、水圏、大気圏にまたがる地球スケールでの微生物の多様性から物質循環、生命の発生と進化、生物間相互作用、微生物機能テクノロジー、食料生産まで、微生物学の中でも環境微生物学領域の広範な内容を対象として1985年に設立された学会です。JSBiは、ゲノミクス・メタゲノミクスなどの急速な発展を主な背景として、これまでJSMEとの連携を深めてきました。例えば第4回生命医薬情報学連合大会・JSBi 2015年年会(京都府宇治市)にてJSME会長の南澤亮先生を招待講演に迎えたほか、企画セッション「新しい微生物生態像の解明に向けたバイオイノフォーマティクス」をJSMEの協力のもと開催しました。また、同年のJSME 30回大会(茨城県土浦市)では、JSBiとJapanese Consortium for Human Microbiomeの共催によってチュートリアル「細菌群集構造解析のためのバイオイノフォーマティクス実践演習」を開催しました。さらに、昨年2017年に環境微生物学系の多くの学会が合同す

る形で実現した環境微生物系学会合同大会2017(宮城県仙台市)では、JSBiは共催5学会・賛助8学会・後援4学会の中の賛助学会の1つとして参加しました(企画シンポジウム「データベース・カルチャーコレクションの活用が切り開く「複眼的」環境微生物研究」を日本食品微生物学会・日本ゲノム微生物学会・日本土壌微生物学会と共同で、「ゲノムシーケンズ技術・方法論の発展はどのように環境系微生物学分野の未来を変えていくのか?」を日本微生物資源学会・日本ゲノム微生物学会と共同で、「環境微生物ゲノムの見方・ポストゲノム研究」を日本ゲノム微生物学会・日本 Archaea 研究会・極限環境微生物学会・JSMEと共同でそれぞれ企画)。今後はさらに顕微鏡画像データなど新しいタイプの大規模データの情報解析なども視野に、JSMEとの連携によって新たな研究領域が切り開かれていくことが期待されます。会員の皆様にも、ぜひこうした連携に参加したり、あるいは活用していただいたりすれば幸いです。



日本微生物生態学会ウェブサイト

日本動物学会との連携

川島 武士 (国立遺伝学研究所 有田研究室)

私は自分を動物学者だと考えています。この20年ほどは、海産無脊椎動物の進化を対象としながら、片足はバイオイノフォーマティクスに突っ込んで研究を続けてきました。日本国内では残念ながらこの二つの分野の人の交流が少なく、これをいくらでも改善できないものかと考えてきましたが、数年前に大学の学生さん達と開いた科学史に関する勉強会でヒントを見つけることができました。

それはピーター・ギャリソンという著名な科学史研究家の提唱した「トレーディング・ゾーン」という概念です。以下、俄か勉強ではありますが、私の理解する範囲では、「トレーディング・

ゾーン」とは、異なるパラダイムを持つ二つの集団が接触するときにその接点に一時的に作られる交流の場のこと。双方の集団はこの場を通して、相手の集団から新しい価値や概念を取り入れることができる」という考え方です。ギャリソンの指摘で面白いのは、トレーディング・ゾーンを介した交流において、相手のパラダイムを必ずしも正しく理解する必要はないという点です。トレードそのものがスムーズに行われれば、相手の領域でそれがどのように用いられるか、どのように理解されるかはあまり重要ではないということです。

動物学とバイオイノフォーマティクスという幾らか異なるパラダ

イムの二分野の間も、トレーディング・ゾーンをうまく設定してやれば、双方の研究コミュニティに良い刺激が生まれるのではないのでしょうか。トレードするのは、相手の研究を見たり聞いたりして得られるアイデアだというわけです。この考えを実行に移した企画を二つ、この一年に行いましたので、以下に簡単に紹介したいと思います。

一つ目は、今回のニュースレターに別の記事として詳しく紹介した臨海ハッカソンです。これは、動物学研究者の「溜まり場」でもある臨海実験所に動物学者とバイオインフォマティクスをそれぞれ集め、泊りがけの研究を行うというものです。第一回の様子はすでに書いたので省略しますが、好評を受けて、第二回と第三回も行う予定で、計画を進めているところです。

二つ目は、動物学会の2017年大会中に私が企画したシンポジウムです。「動物学と情報学の境界領域を切り開く」と題して六人の講演者の方々にきていただきました。この講演者のうち三人の講師は日本バイオインフォマティクス学会の会員の方で

すし、残りの三人の方もかなり近い分野の研究者の方々です。動物学会でバイオインフォマティクス研究者が自分達の研究を話すという2時間半の企画にどれだけの聴講者が集まるか不安でしたが、当日は朝一の開始であったにもかかわらず、ほとんどの席が埋まり、後半は立ち見も出る人気でした。こちらの企画も、ぜひ続けたいと考えています。次回の鶴岡大会では逆に動物学者数名にバイオインフォマティクス学会の年会に来てもらい、BoFでの講演企画を計画しています。動物学で情報解析が潜在的に強力な力を発揮できそうなのは、シーケンス解読による系統進化学だけではありません。プロテオームやメタボローム、行動や生態、電気生理や内分泌などで、動物学の最先端の成果を発表してもらい、双方が価値や考えについてのトレードできる場を設計したいと考えています。

最後になりましたが、上で述べた二つの企画のいずれについてもJSBiの会員の皆様からたくさんの支援していただき、実現に至りました。改めて御礼申し上げます。

臨海ハッカソン2017開催報告

川島 武士 (国立遺伝学研究所 有田研究室)、瀬々 潤 (産業技術総合研究所 人工知能研究センター)

2017年6月12日から16日にかけての5日間、千葉県館山市にあるお茶の水女子大学湾岸教育センターにおいて、臨海ハッカソン2017と銘打つ泊りがけの実習コースを開催しました。これは情報学分野と動物学分野の交流と発展を目指した研究会「RinkaiHack (臨海ハック)」によって企画されたものです。RinkaiHack 研究会は2016年の末ごろ、JSBi会員である川島が島根大学の隠岐臨海実験所の吉田真明と話す中で持ち上がったアイデアで、すぐに岡山大学牛窓臨海実験所の濱田麻友子や、やはりJSBi会員である瀬々が加わり、最終的に11名のメンバーを発起人としてその年の12月に正式に発足しました。発足の時から、年一回の学生向け実習を、なにか新しい形で企画できないかと話し合ってきたのですが、今回はそれらの議論が初めて具体的な形になったイベントとなりました(図1)。

バイオインフォマティクスと動物学の間にある「ドライとウェットの分断」を乗り越えた人材を少しでも多く生み出すことを、今回の実習コースでは目指しました(図2)。

そのために、我々はいくつかの工夫をしています。その一つは、研究会の人数を絞ることで、当初は30名程度に設定しました。参加者が互いを知り合えるには、このぐらいの人数が限界だと考えたからです。それを見越して実習生を20名として募集したのですが、実際はそれを超える応募があり、うれしい悲鳴をあげながら24名の実習生を受け付け、実行委員と招待講師も含めた総数では38名となりました。

二つ目は、実習を通じて、なんらかの成果物を残すようにすることです。3日間という短い期間ですが、今後の論文に繋がるデータや解析結果を得るようにしました。専門性や経験など

の理由から解析が得意でない人にも、参加した感想などを提出してもらいました。なお、このニュースレターには、それらの感想文のいくつかを掲載してもらっています。

三つ目は開催場所として大学の付属臨海実験所を利用することです。臨海実験所は日本の沿岸部に全国を取り巻くように設置されている歴史ある施設です。海産動物研究者の研究拠点になっており、動物学者同士の交流のハブとして機能してきた特別な場所といえます。所内では様々な動物が飼育されており、大型の実験室内には簡素だがよく使いこなされた研究器具が並べられ、さらに講義室と宿泊施設と食堂があるのが臨海実験所の特徴です。自然の真っ只中にありながら、比較的高速のネットワークインフラが整っているのも研究施設として貴重です。情報学を専攻している学生や研究者にとっては、このような場所に数日滞在するだけで、さまざまな刺激を受けることができ、今後の研究を進める上でのヒントが得られると考えました。

さて期間中の実習内容ですが、Oxford Nanopore社のMinIONシーケンサーを用い、5種類の生物試料についてDNAの配列解析を行いました。対象となった試料は多様で、一つ目は刺胞動物のヒドラ、二つ目は4種類6個体のウニの腸内細菌、さらに参加者が自ら持ち込んだサンプルがハリガネムシなど3種類という内訳です。

ウニについては、今回協力してくれたRhelixa社さんと臨海実験所スタッフの協力を受け、その場で採集したウニを解体して腸を取り出し、配列解析用ライブラリを作成しました。野外でも使えることを目指すシーケンサーMinIONの面目躍如と

いったところ。いずれの解析についても、提案者によって対象生物の学問的な面白さを説明してもらうことで知識が共有され、この後のデータ解析に参加者全員が興味を持って取り組むことに繋がりました。

翌日にはいずれの試料についてもfastqのデータが得られましたので、ひきつづき計算機での解析を行いました。最初の課題として、得られたシーケンスが本当に求めるものであるのかを調べたところ、ハリガネムシから得た配列は分子系統解析によって納得のいく系統的位置が得られるなど、いずれも妥当なデータを得られていることが示されました。

fastqが得られて以降は、パイオインフォマティクスが専門の参加者達が次々に興味深い解析を披露してくれ、その発表のたびになんども歓声が上がりました。その中には、配列のマッピングを高速に行うプログラム「minialign」の速さのデモや、MinIONに特徴的なエラータイプの調査、既存のヒドラゲノムのアセンブリの改良などが試みられました。また面白いものとして、ヒドラの既知配列との比較から、今回得られた配列の中に数%程度アルテミアの配列が混入していることを見つけた方もいました。アルテミアはヒドラに餌として与えている節足動物です。ヒドラのDNA抽出の際に1週間の絶食をさせて体内の餌をなくすようにしていたのですが、1週間程度では体内の餌のDNAが完全にはなくなることが明らかにされたわけですね。ゲノム配列の解析とWet実験を組み合わせた実習形態が活かされた結果となりました。きわめて短い時間だったにもかかわらず、他にもたくさんの解析結果が発表され、参加者の熱意を感じる時間帯でした。

この実習中には、三つの企業による製品やサービスのデモもあり、これも参加者から大変好評でした(図3)。Oxford Nanopore社には実習の直前にMinIONの特徴について簡単な講演をしていただいたのに加え、実習中の細かいティップスの紹介や、解析結果発表の際の解釈を手助けするコメントをくださるなど、大変きめ細やかな対応をしていただきました。また練習用のフローセルやMinION本体を貸していただいたおかげで、実習を実りあるものにすることができました。Rhelix社さんからは社長の仲木さんからベンチャー起業の実体験をまじえた講演のほかに、すでに述べた通り、ウニの腸内細菌叢を調べるためのメタ16Sシーケンスを実施してもらいました。さらに日本ジェネティクス社さんからは、Pippin Pulseというパルスフィールド電気泳動槽を用いて、高分子DNAの泳動デモを行ってもらいました。我々は事前に通常的小型電気泳動機器(Mupid)を用いて、DNAの電気泳動像を取っており、これでは目的の高分子DNAを明確に観察することはできないことを参加者全員で確認していました。その結果と比較することで、Pippin Pulseの示した高分子に対する高い分解能が、これからのゲノム解析には必須であることが参加者にとってよく理解できる結果となりました。

これらのスケジュールの間には加えていくつかの講演があり、中でも慶應大学の河野暢明さんとOISTの渡邊寛さんによる招待講演には参加者から多くの質問が飛びました。河野さんからはクモの糸のタンパク質を対象としMinIONを含むいくつかのシーケンス技術を用いてアミノ酸のリピート配列を多く含むような転写産物をスプライシングのバリエーションも考慮して正しく復元



図1 臨海ハッカソン2017
告知ポスター (左)と最終日の集合写真 (右)



図2 ドライとウェットが入り乱れての実習
みんなで実験 (左)、海辺でハック (中)、ウェット向けコマンドライン講習会 (右)



図3 臨海ハッカソンでの企業デモの様子
12台のMinIONが勢揃い(左上)、Oxford Nanopore社の宮本さんによるMinIONの
使用方法に関するレクチャー(右上)。Rhelixa社の仲木さんによるSkypeでの
講演(左下)。日本ジェネティクス社によるPippin Pulseのデモ(右下)。

する研究成果が講演されました。OISTの渡邊さんは分子系統解析と化石のデータを組み合わせた系統樹の時間軸校正の重要性について講演がありました。その中で「現代の地球に三葉虫を探す」と銘打たれた、意外性に富んだ大変面白いアイデアが発表され、その実現可能性について参加者の間で賑やかに議論が行われました。

参加者からの感想については、4件をこの後掲載いただいています。その他にも「ディスカッションやプレゼンが活発に行える本実習のような機会が重要」「(MinIONの)廃液タンクは恒温動物の腸管のようで美しく、サンプルポートへの滴下は快感ですらありました。」「careerのrangeが非常に広い参加者の間で互いが刺激しあうといった面でも成功した試み」といった声が寄せられ、概ね好評を得ることができ、企画してよかったと感じているところです。

動物学とバイオインフォマティクスを繋げるコミュニティの作成は我々の年来の目標でしたが、今回の研究会ではそれが少し実現に近づいたかなと感じることができました。このような萌芽的な試みに研究会費のサポートをくださった日本バイオインフォマティクス学会の皆様、深く御礼申し上げて、今回の研究会の報告といたします。

参加者感想文①

刺激し深め合った生物学

成塚友佳子(名古屋大学 生命農学研究科 修士課程一年)

臨海ハッカソン2017に参加し、同じ目標に向かってそれぞれ

の専門性から刺激し合い、学びを深め定着させ、真剣に生物学に向き合う楽しさを得られました。

私は現在大学院で魚類の神経生理学について解剖学的に研究をしています。そのため、今回の実習内容であるゲノム解析については、基礎実験や座学でしか学ぶ機会がなく、実際に最先端の機器である携帯型第3世代シーケンサー(MinION)を使って、遺伝子をどの程度読み解くことが出来るのかに純粋な興味がありました。また、今回の実習を通して、異なる分野の方々と生物学について理解を深め合う事を最大の目的として参加しました。

本格的に実習が始まる前日から参加し、ゲノム解析を行う設定などの準備に参加させていただきました。そこで繰り広げられる会話から、ゲノム生物学に関する専門知識が著しく欠けている事を痛感し不安を覚えましたが、参加者の方々に教えていただき、少しずつ専門用語を覚え、実習でどのようにしてゲノム解析を行っていくのかの大きな流れが見えるようになりました。実習が本格的に開始され、動物学者とバイオインフォマティシヤンの融合する5人程度からなるグループで、MinIONによって検出されたゲノムの解析を進めることになりました。解析方法についても全くの経験が無く、初めは何を行っているのが全く分かりませんでした。しかし、グループの方々が実際にパソコンの画面を見ながら詳しく解説をくださったため理解することが出来ました。さらに、その理解できたことを隣に座っている方に教え直すというフィードバックを行えたため、自分の言葉にして定着させることも出来ました。このように、解析するといった同じ目標に向かって、学びを深め合い定着させる事を出来たことが私にとって最大の成果だと思いました。

泊まり込みでのプログラムであり、生物学について朝から晩まで話し合うことができ、異なる専門性の融合によって視野も広がりました。刺激し合い学びを深め、新しい考え方(解析方法)を生み出す瞬間のワクワクする感覚を忘れずに、これからの自分の研究にも発展させていきたいと思いました。

参加者感想文②

衝撃的な経験となった臨海ハッカソン

大平 創(福島大学 博士後期課程三年)

臨海ハッカソンは、分子分類学を専攻している私にとって、とてつもない衝撃でした。今回の臨海ハッカソンでは、第3世代シーケンサーであるMinION(オックスフォードナノポアテクノロジー社)を使用したゲノムシーケンス解析実習が行われると知り、私は話題のMinIONを使った一連のワークフローを窺い知るまたとない機会に飛びつきました。私はこれまで扱ったことがないギガ単位のデータと、そのデータを使って様々な解析が行われる様に驚いたばかりでなく、同時に自身の様々な欠点を思い知るに至りました。

MinIONを使用した解析における一連のワークフローを把握するという目標は、半分程度達成できたものと思っています。特に実験における細やかなテクニックやコツ、作法を学べたことや、デバイスの詳細な仕様を知ることができた点は、実習ならではの成果であろうと思います。一方で、MinIONから出力された膨大なシーケンスデータの解析は、私には戸惑うこと、分からないことばかりでした。しかしながら、実際にバイオインフォマティクスの世界を覗くことができたことは、分からないなりに意味のあることだったと感じています。特に複数の方法によって種の同定を試みるプロセスは、分類学の理想的なアプローチかつ課題のひとつであると思いますが、バイオインフォマティシャンたちの技術によって瞬間に解析されていく様子を目の当たりにして、私は驚愕するとともに感動を覚えました。データ解析については、まるでついていくことができませんでした。このことはまさに「無知の知」であり、これから懸命に勉強しなければならない点であると感じたところです。また、文章作成の技術における指導もあり、こちらにも課題が見えてきました。文章作成の技術は、研究者あるいは社会人として欠かせないので、基礎から学び直したいと思います。このように、目標を達成している部分もありますが、課題や学ぶべき点も多く浮き彫りになった結果です。

臨海ハッカソンを通じ、私自身あるいは私の研究の多くの部分において、既存の枠組みを取り払わなければならないと感じています。私自身が得る部分は多くありましたが、反対に私が寄与した部分はほとんどなかったのではないかと思います。この点は猛省しなければなりません。また、私は自身の研究あるいは研究分野である分類学は、バイオインフォマティクスと手を携えて(あるいは自身がそれに精通して)、真に生物多様性を理解する努力が必要であることを思い知りました。臨海ハッカソンを通じて学んだことや、得たことは、あらゆる面において

衝撃的であり、私にとって忘れられない経験となったことは言うまでもありません。

参加者感想文③

理想と現実から見た自分の課題

野本 昌代(東京大学 大気海洋研究所 生理学分野 修士課程一年)

RinkaiHackathonへの参加してみた実感として、自分の設定していた理想的なレベルに対する達成度は50%程度です。そう感じる要因としては、参加前に漠然と考えていた2つの側面について考慮する必要があります。一つは生体サンプルからそのゲノムを解読するまでの全体的な流れ、もう一つはそれぞれの精密な手技の取得です。

まず、全貌の把握ですが、2日目終わりの現時点で、ゲノミクスと言われる遺伝学的な手法の流れがおおよそ把握できたと感じられました。具体的にはサンプルを生体から採取し、DNAを抽出し、シーケンスのために調整し、シーケンサー(MinION)にかけるという過程の流れやその意味はおおよそ理解できました。さらに、現在主流となっているメタゲノム解析の一端となるコンピューターベースの手法についても、学ぶことができました。全く知識がない状態でのスタートでしたが、本格的な解析についていけない分、基礎的な知識を得る講義や練習の機会が少し与えられました。そのため、実際の解析に貢献することはできなかったものの、自分なりに得たものはあったと感じています。

しかし一方で、もう一つの側面である緻密な手技の全容把握については、各工程でのキットや試薬の意味するところや、複数の調整工程の意味を自分が十分に理解しているとはいえないのが実情です。自らの手で同様の実験を最初から行えるレベルの理解には到達していないと感じています。それぞれの工程が必要である理由やそれぞれの試薬の意味が正確に理解できていないようでは、実際に実験を行う際に僅かな手技の変化で支障をきたす、もしくはサンプルの質的量的変化に対応できません。そういった点で、自分一人で実験を行えるレベルの理解に至れなかったことは残念に思っています。また、今回参加してみてバイオインフォマティクスが実際にどういうことをしているのかを傍目に垣間見ることができましたが、これには驚かされました。いわゆるドライの研究をされている方々の発表にはほとんどついていくことができず、様々な手法が試されていたようですが、全くその差異や達成されていること、逆に困難がある点などについてはほとんど正確には理解できていないというのが実感です。手法のみならず、遺伝学的な知識においても、見て学んだことや端的に説明していただいた内容についても、確固とした自分の知識とした上でこのプロジェクトに参加していない他人に説明できるレベルの理解には至らずという状況で、漠然としたイメージを掴むのに精一杯でした。

以上のことを踏まえ、遺伝学的な基礎知識が不足している自分には内容についていくことも、詳細を明確に把握すること

もできないことが多く、時期尚早であったという思いと、漠然と流れが分かり、ゲノミクスの片鱗を学ぶことができたという小さな達成感と、まだ勉強せねばならないと感じる膨大な基礎知識があることを再認識したという結果となりました。今後自分の研究においてどれほど遺伝学的手法が必要となるかは定かではありませんが、実際に今回見たような技術を活かすには自分の知識と技術では前途多難であると強く感じました。

参加者感想文④

DRYに対する認識が変化したRinkai Hackathon2017

藤吉 奏(京都大学 大学院医学研究科 特定助教)

科学の研究には、「WET」な実験と「DRY」な実験がある。生物や細胞を使った実験は「WET」、コンピューターを用いた解析を行うのは「DRY」と呼んでいる。

私は、臨海ハッカソンに参加する前まで、DRYは迅速性と正確性があると思っていた。

WETでは、実験の準備(サンプリング時期や場所の選定)から始まり、結果が出るまで時間がかかる。実験試薬やサンプル量の物理的な制限もある。DRYを習得すれば、実験の青写真を描くことで、研究の目印をつけ、さらにWETの結果をバックアップできるような研究ができると思っていた。

しかし、実際に臨海ハッカソンにて解析が始まると、パソ

コンの画面に表示されたデータは磨かれる前の原石そのもの。得られたデータの質を保証するための鑑定書をつけるように、「シーケンサーや解析ソフトのversionは一致しているか」、「解析に耐えられるだけのQualityがあるか」、「データに穴はないか」、「どのデータベースを用いるか」。。列挙するだけでも、きめ細かい配慮を必要としていた。

また、解析データを得るまでの戦略、つまり解析方法や使用する解析ソフトの組み合わせ、対象とするデータベースの選択は、個人ないしチームに強烈に依存していた。「スピード重視の解析」、「見た目重視の解析」など、同じ結果を得るにもその戦略は三者三様であった。

DRYは、WETと異なり初日に配られたライブラリ調製のためのキットやプロトコルがあるわけではない。さらに、解析の前のDNA抽出やライブラリ調製の時点で問題がある場合もある。一つ一つの障壁を乗り越えて、DRYの解析結果は磨かれていた。

概して、DRYとWETでは見ている視点が違い、時間の進み方も違うことが多い。そう思っていたが、DRYが原石から解析結果を得るまでの過程は、WETの実験試行錯誤そのものだと感じた。DRYとWETの溝を埋め良好な関係を築くには、お互いがお互いの現場を見せることがバッファーになるのではないと思う。Rinkai Hackathonに参加することで、トライアンドエラーでデータを得る過程がWETとDRYの両方に共通しているということを理解した。

研究会・地域部会の活動報告

九州地域部会

部会長 倉田 博之(九州工業大学)

2017年は、JSBi九州地域部会では、3回の研究会を開催した。初回は、平成29年3月10～11日、生物医学・情報・システム工学の融合分野における交流を加速化するために、九州・山口の16名の大学教員や研究員が、山口県の「海峡メッセ下関」に集まった。幹事は、松野浩嗣(山口大学)、倉田博之(九州工業大学)が務めた。(1)「転写研究におけるウェットとドライの融合」(九州工業大学大学院情報工学研究院・藤井聡)、(2)「DNAの立体構造と遺伝子制御」(九州大学生体防御医学研究所・吉原美奈子)、(3)「バイオイメーजीンフォマティクス分野におけるベイズ統計の応用」(九州工業大学大学院情報工学研究院・徳永旭将)、(4)「HIV-1感染におけるcell-to-cell感染に役割について」(九州大学大学院理学研究院・岩見真吾)、(5)「トランスオミクスデータを用いた代謝システム解析の試み」(九州大学生体防御医学研究所・松崎美奈子)、(6)「PhysioDesigner による多階層モデリングとその応用」(山口大学大学院医学系研究科・浅井義之)、(7)「フリップフロップ



9月19日、九州大学病院キャンパス総合研究棟において

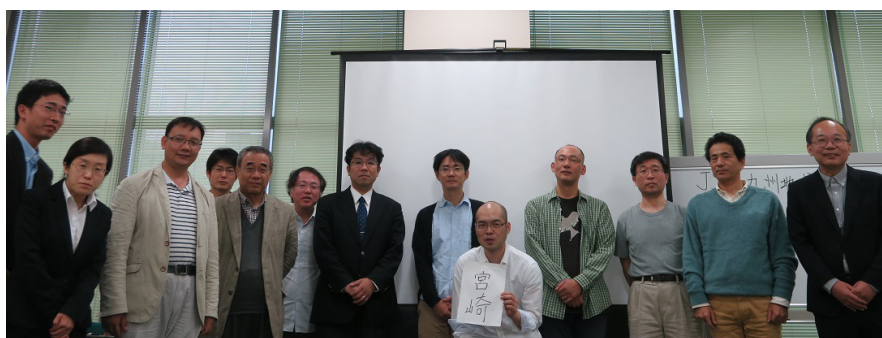
動作を実現する人工遺伝子回路の動態分析」(山口大学国際総合科学部・杉井学)、(8)「シグナル伝達系の数理モデル解析」(宮崎大学工学教育研究部・井上健太郎)、(9)「酸素濃度の

変化が大腸菌の代謝特性に及ぼす影響のモデル化と発酵生産への応用」(九州工業大学大学院情報工学研究院・松岡結)、(10)「代謝ネットワーク：原子ネットワーク構造と化学結合間のつながりによるネットワーク構造」(岡山大学医学部・太田潤)、(11)「現在の術中術後の呼吸監視と新しい呼吸監視機器の開発案～情報・システム工学系の研究者のご協力を求めています～」(九州大学歯学研究院・大内謙太郎)、(12)「Virtual cell metabolismの開発」(九州工業大学大学院情報工学研究院・倉田博之)、(13)「SNP間相互作用探索法」(九州大学システム情報科学研究所・西郷浩人)、(14)「データ駆動型ドラッグリポジショニングによるシステム創薬」(九州大学生体防御医学研究所・山西芳裕)、(15)「シグナル伝達経路の依存関係構造に基づく縮約による反応速度計算」(山口大学大学院創成科学研究科・松野浩嗣)、(16)「ほ乳類の細胞の大きさを調節する遺伝子について」(長崎大学医学部共同利用研究センター・山本一男)の16件の研究発表を行った。

第2回目は、9月19日、九州大学病院キャンパス総合研究棟で開催した。幹事は山西芳裕(九州大学)、西郷浩人(九州大学)が務めた。研究会のテーマは「疾患オミクス研究と治療最適化のための数理的アプローチ」として、世界の最前線で活躍されている3名の研究者を招待した。「疾病の数理解析と個別化・先制医療への応用」(東京大学生産技術研究所・合

原一幸)、「数理システム生物学的手法を用いた未病早期発見システムの設計提案」(九州大学大学院農学研究院・岡本正宏)、「数理解析を駆使した臨床診療における治療最適化の研究」(九州大学大学院理学研究院・岩見真吾)の講演をいただいた。

第3回目は、生命情報学研究に関する情報共有の場を提供し、九州・山口の研究者間の交流を深め、リアルなネットワークを広げていくことを目指して、10月28日、宮崎市民プラザで開催した。幹事は、井上健太郎(宮崎大学)、倉田博之(九州工業大学)が務めた。2件の招待講演「Lotka-Volterra方程式のパーマネンス」(宮崎大学工学教育研究部・今隆助)、「機械学習を利用したヒト多能性幹細胞の特性解析」(宮崎大学農学部・西野光一郎)と、4件の公募講演「正負例配列集合のためのコンセンサス・モチーフによるクラスタリング・アルゴリズム」(九州大学マス・フォア・インダストリ研究所・丸山修)、「Number of infection events per cell during HIV-1 cell-free infection」(九州大学大学院数理生物学研究室・伊藤悠介)、「代謝ネットワークのsingle-atom tracingにより計算される経路の生化学的意味について」(岡山大学大学院医歯薬学総合研究科・太田潤)、「遺伝子発現プロファイルのディジェゾム解析による疾患間の関連性理解と創薬応用」(九州大学生体防御医学研究所・岩田通夫)を実施した。



10月28日、宮崎市民プラザにおいて

リレー紹介：日本のバイオインフォマティクス研究室

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 (二階堂研究室)

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 基礎科学特別研究員)

バイオインフォマティクス研究開発ユニット(BiT)は埼玉県和光市にある理化学研究所 情報基盤センターにあります。理研の和光地区は新元素ニホニウムの発見で有名になった大型加速器で有名ですが、生物・物理・化学・数理・情報系の様々な研究室が集まった、緑豊かなキャンパスです。バスケットボールのコートもあり、週に一度はラボのメンバーと一緒にスポーツを楽しんでいます。

BiTは、一細胞オミクス計測技術と情報解析技術の研究開発をワンルーフで行う、日本では珍しいタイプのラボです。ユニットリーダーの二階堂さんは「インフォマティクスから始まるライフサイエンス」を標榜し、自身も実験とバイオインフォマティクスの両方に精通しています。また、BiTで開発した技術を武器に理研内外の実験系研究者との共同研究も行っています。

現在のメンバー14人の大半が研究員やテクニカルスタッフで、

他に Julia 言語に強い学生さんが一人バイトとして来ています。BiT は、実験技術の開発や運用を行うウェットチーム、ソフトウェア開発やデータ解析を行うドライチーム、計算機環境の整備を行うインフラチームから構成されています。

研究室のメインテーマは、一細胞 RNA-seq を始めとした一細胞オミックス測定のための実験技術および情報解析技術の開発です。一細胞オミックス測定ではいわゆるバルク測定とは異なるデータ解析技術が必要とされます。例えば、ハイスループットな一細胞 RNA-seq ではサンプル数(=細胞数)が数万から数十万にもなることもあります。そのようなデータの膨大さに対応したアルゴリズムの高速化やバッチエフェクトの除去技術の開発が進められています。また、一細胞オミックスデータならではの解析として、個々の細胞の主観的時間を推定して細胞の状態遷移や系譜を推定する「擬時間解析」、細胞が個体・組織の中でどこにいたしていたかを推定する「空間再構築」、さらに再構成した擬時間からの「転写制御ネットワークの推定」といった技術開発も行われています。その他に、エピゲノムデータ解析技術の開発や一細胞生物学への応用にも取り組んでいます。

BiT の良さの一つは充実した計算機環境です。インフラチームは、クラスタマシンの運用のみならず、Galaxy や Docker といった最新のツールを研究に使えるように積極的に情報収集と実装を行っています。例えば、インフラチームのおかげで、Docker を使ったジョブをジョブスケジューラーで大量かつ安全に投げられるようになりました。また、トラブルが起こった時にも、リソースの割り当てやデバッグの相談にまで乗っていただけます。このように、他になかなかない快適な計算機環境で研究ができるのは、研究を進める上で非常に大きなメリットに

なっています。

BiT では、各人が自由に研究を進めつつ、実験系と情報系の垣根なくディスカッションできるよう工夫が施されています。各メンバーが自由な時間配分で研究に集中できるよう、コアタイムはありません。また、週に一度ラボの運営について話すミーティングはありますが、進捗報告や論文紹介のための定期的なラボセミナーはありません。ラボセミナーがない分、研究プロジェクトごとにミーティングをしたり、Slack、Google+、Dropbox、Qiita Team、Backlog、Redmine といった各種 SNS・コラボレーションツールを駆使して、研究のディスカッションや論文紹介などの情報交換をしています。また、半年に一度メンバー全員が自分の研究を発表し合う Profes(Progress festival の略)というイベントをおこない、メンバーが互いに自分のやっていることを発表して理解を深めます。バイオインフォマティクス教育にも力を入れており、バイオインフォマティクスのスキル習得を目指す外部の研究者・インターンを数週間から数ヶ月受け入れることもあります。研究以外でも、ネットにつながる温度湿度計のデータを Grafana で見える化して節電に活かすなど、データに基づいた思考の文化が根付いています。

実験技術の進歩は、バイオインフォマティクスの問題設定を無効化することもあれば、また逆に新規な問題設定を生み出すこともあります。実験技術開発に取り組む人が多い BiT では、今まさに実現されつつある実験技術や海外の実験技術の可能性や実用性についての生の声を間近で聞くことができます。このような環境は、単にデータ解析を行うのみならず、新規な解析技術を開発したい人にはうってつけだと思います。

学会からのお知らせ

第7回生命医薬情報学連合大会 (IIBMP 2018)

生命医薬情報学連合大会(IIBMP)の2018年大会を、日本バイオインフォマティクス学会(JSBi)、日本オミックス医療学会の共催で開催します。会員の皆様には万障お繰り合わせのうえ、ご参加いただけますよう、お願い申し上げます。

開催概要

日 程	2018年9月19日(水)～21日(金)
会 場	荘銀タクト鶴岡、鶴岡アートフォーラム (http://www.city.tsuruoka.lg.jp/bunka/bunka/tact/)
大会長	富田 勝(慶應義塾大学)
テーマ	地球を救う生命医薬情報学
主催(予定)	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
共催(予定)	慶義塾大学先端生命科学研究所、鶴岡市
後援(予定)	山形県、情報計算法学生物学会(CBI学会)
懇親会	20日(木) グランド エル・サン (https://www.el-sun.com)

学会の現況

有効会員数(平成30年3月現在) 正会員:444名 学生会員:62名 賛助会員:16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30年度役員一覧

会 長	木下 賢吾 (東北大学大学院情報科学研究科)	
副会長	岩崎 渉 (東京大学大学院理学系研究科)	
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)	木下 賢吾 (東北大学大学院情報科学研究科)
	中川 博之 (住友化学株式会社)	妹尾 昌治 (岡山大学大学院自然科学研究科)
	倉田 博之 (九州工業大学大学院情報工学研究科)	池松 真也 (沖縄工業高等専門学校生物資源工学科)
理 事	浅井 潔 (東京大学大学院新領域創成科学研究科)	有田 正規 (国立遺伝学研究所)
	岩崎 渉 (東京大学大学院理学系研究科)	荻島 創一 (東北大学東北メディカル・メガバンク機構)
	五斗 進 (ライフサイエンス統合データベースセンター)	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)	富井健太郎 (産業技術総合研究所 人工知能研究センター)
	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・システムズ)	山西 芳裕 (九州大学 生体防御医学研究所・高等研究院)
	粕川 雄也 (理化学研究所ライフサイエンス技術基盤研究センター 大容量データ管理技術開発ユニット)	門田 幸二 (東京大学大学院農学生命科学研究科)
	川島 武士 (国立遺伝学研究所)	川本 祥子 (国立遺伝学研究所)
	倉田 博之 (九州工業大学大学院情報工学研究科生命情報工学系)	小寺 正明 (東京工業大学)
	藤渕 航 (京都大学iPS細胞研究所 増殖分化機構研究部門)	元池 育子 (東北大学 東北メディカル・メガバンク機構)
	山口 敦子 (ライフサイエンス統合データベースセンター)	山田 拓司 (東京工業大学)
監 事	関嶋 政和 (東京工業大学学術国際情報センター)	清水 佳奈 (早稲田大学)

賛助会員一覧(平成30年3月現在)

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

編 集 後 記

本号の巻頭言は木下会長の「学会の存在意義」です。また特集記事はその重要な一つの要素である「他学会・研究会との連携」で、こうした活動も行っていたのかと新たに知っていただく機会になればと思います。なお現在、学会事務局体制の移行が進められています。皆様にはご迷惑をおかけすることもあると思いますが、よろしくお願いいたします。(岩崎 渉)

JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS