



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34号

学会ホームページ <http://www.jsbi.org/> E-mail: jimu@mail.jsbi.org

◆ CONTENTS ◆

巻頭言.....1	リレー紹介.....18
特集「ミュゼオミクス (博物館生物情報学)」.....2	学会からのお知らせ.....20
Oxford Journals-JSBI Prize受賞報告.....12	学会議事録等.....21
国際会議開催報告.....13	学会の現況.....24
地域部会・公募研究会の活動報告.....15	編集後記.....25

◆ 巻 頭 言 ◆

理科離れの理由^{わけ}？

その昔、生物学において情報科学は「便利屋」的な存在だった。しかしオミクス解析技術の急速な発展によって複雑な生命現象をデータ化できるようになり、今や「生物学とはすなわち情報科学である」と私は言い切れる。バイオインフォマティクスやシステムバイオロジーは生命科学の主役となり、ビッグサイエンスの仲間入りをしたのである。

国から大きな研究費をもらうための書類作りは大変だ。

申請書にはまず達成目標を明記して、そのために一年目は何を買って何をして、二年目は何を買って何をして、三年目は何を買って何をして、と五年間の工程表を書かなければならない。しかしよく考えてみよう。五年後までの計画がそれほど綿密に決まっているとしたら、それは研究ではなく「開発」というのではないか？本来、研究は試行錯誤の繰り返し。誰も正解を知らないし、やってみるまで誰も結果はわからない。想定外の結果になるかもしれない。だからサイエンスは楽しいのだ。

達成目標はなるべく具体的に、なるべく数値目標を書くように、とも要求される。そしてその目標を達成したかどうかは、五年後に評価され、もし達成しなければ「税金の無駄遣い」と批判の矢面に立たされることになる。

だから研究者は、なるべく目標を低く設定してそれを高く

見せることに腐心する。一方、研究費を配る側も、達成できないかもしれない高い目標を掲げた申請書の採択には慎重になる。そうすると採択されるのは、誰もが良いと認め、誰もが達成できると思われるような、優等生的な研究だけだ。そしてその

研究室の若手研究者と学生は、組織としての目標達成のために、研究課題の一部を“担当”し、粛々と工程表通り進める。

そんなお寒いことになってしまっていないだろうか？

「小学生男子のなりたい人気職業ランキング2018年版」によれば、一位は「学者・博士」だ（ちなみに二位は野球選手、三位はサッカー選手、四位は医者）。若者の理科離れ、理系離れが問題視されている一方で、意外にも小さな子供たちの多くは理科好きで研究者にあこがれているようだ。それがなぜ学年が上がるにつれて理科嫌いになってしまうのか？

理由の一つは、中学・高校の勉強が楽しくないからであろう。いつの間にか子供たちは試験で点をとることが勉強する目的になる。教科書に載っていないことを追究することがサイエンスの楽しさなのだが、独創性を封印し、教科書をそのまま鵜呑みにする人が勝つ点取りゲームに疲弊してしまう生徒が大半だ。



しかし理科離れのもっと大きな理由は、研究者という職業が、子供の頃イメージしていたほど、楽しく花形の仕事に見えないからではないか。「ネクラ・オタク・3K?」「アカハラ?」「博士難民?」など暗い印象がマスコミを通して植え付けられてしまっているように思える。むしろこれはマスコミのせいというより、実際そのように見られてしまう研究者側の責任だ。だから自分の職業が「楽しくて花形だ」と思っている研究者は、ロールモデルとしてもっともっと前面に出て目立つことが重要である。サイエンスの楽しさをアピールして日本人のマインドを変えることこそが、科学立国ニッポンに必要なことだと思うのである。

そして、楽しさを伝えるためには、何と言ってもまず自分が楽しくないと。

今年の生命医薬情報学連合大会は、慶應大学先端生命科学研究所のある山形県鶴岡市にて開催いたします（9月19日～

21日）。楽しい花形研究者（の卵）が、楽しいサイエンスの会話を通じてますます楽しくなる、そんな大会を目指します。

今年3月オープンしたばかりのピカピカの「荘銀タクト鶴岡」がメイン会場です。今年9月オープン予定の「スイデンテラス」は、鶴岡サイエンスパーク内の水田に浮かぶ木造新築二階建てのホテル、もちろん温泉付きです。そして食事にも乞うご期待。鶴岡市は、世界遺産の食文化版である「UNESCO食文化創造都市」に我が国で唯一登録されています。

海・山・川・平野、自然の恵みで満たされたる鶴岡で、ワクワクするサイエンスの会話が弾みます。「生きててよかった～」と再認識したい方、ぜひご参加ください。

※大会HP <http://iibmp2018.org/wp/>

富田 勝（慶應義塾大学先端生命科学研究所）



図1 メイン会場の荘銀タクト鶴岡（新築）



図2 鶴岡サイエンスパーク内の木造ホテル・スイデンテラス（新築）



図3 鶴岡サイエンスパーク内の温泉リゾート（新築）

特集「ミュゼオミクス(博物館生物情報学)」

■ Museomics研究への誘い～博物館がインフォマティクス研究のメインアリーナとなる日に向けて～

松前 ひろみ（東海大学医学部基礎医学系分子生命科学部門）

Museomics（ミュゼオミクス）とはMuseum+Omicsの造語で、狭義では博物館が保管する標本試料のオミックス解析として使われることが多い。興味深い例では、リンネがアフリカゾウのタイプ標本としたアルコール漬けの象の標本に対してプロテオミクスを行った結果、実はアジアゾウだったことを示した研究がある（Cappellini, E. *et al. Zool. J. Linn. Soc.* 2013）。Museomicsという言葉は、NGS利用を含む標本試料や非モデル生物のオミックス研究の発展に伴ってここ10年くらいで出てきたが、明確な定義ははっきりしない。筆者が観察した限りでは、先進国を中心とした海外の大規模な博物館・動物園・水族館・植物園において、バイオインフォマティクスやNGSを用いた研究室・コアファシリティを設け、

そこでの研究をMuseomicsと呼ぶところもあるようである。博物館資料から分子データを得る試みは比較的新しいが、後述するように博物館の標本資料にはメタデータと呼ばれる生態学・分類学的な情報が大量に付随しており、それらを組み合わせることに大きな可能性と課題が存在する。そこで本稿では、Museomicsを「博物館資料を含めた様々な生物学的情報の集積化・共有化・汎用化に基づく研究と、それを推進する枠組み」として定義し（後述）、主にこれまで我々が日本で行ってきた活動を紹介する。その他の記事では、様々なバックグラウンドを持っている方々がMuseomicsで使われる様々な手法や課題について魅力的な研究事例を展開する。なぜ我々はMuseomicsの定義をオミックスから拡張して

いくのか、その理由について博物館に存在する生物学的情報の例から説明する。まず、博物館標本のメタデータについて考えてみよう。標本の分子情報が利用可能になる遥か以前から、種名や生息地・計測値などの生態学・分類学的なメタデータの収集は博物館の大きな使命の一つであった。それ故に、博物館では生態学・分類学的情報の形式やデータベースの国際規格化が進んでおり、そうした情報を扱う分野を生物多様性情報学/Biodiversity Informaticsと呼んでいる。データベースの規格化にあたっては、GBIFという世界最大の生物多様性情報のデータベースが存在し (<https://www.gbif.org/>)、メタデータはDarwin Core形式で記述する流れが主流のようである。そして分類学・生態学的な立場から、DNAバーコーディングの発展に伴い、Barcode of Life Data Systems (BOLD) <http://www.boldsystems.org/>のようなバーコード配列や分子系統情報との連携を進めていこうとしている。

このバーコード配列から一歩進んで、更により広範囲な分子データ、例えばSRAにアーカイブされているゲノム配列や発現データ等は、非モデル生物でも飛躍的に取得が進んでいるものの、生物多様性情報とのデータ統合は進んでいない。そうしたデータの統合は生物学的に意味を成すだろうか？いくつかの仮想事例を考えてみよう。例えば、博物館にある年代毎の標本から、生息地や生物種間相互作用などの情報とゲノムを合わせて解釈すれば、土地の開発や環境変化に伴う種の分布の変遷を追ったり、ゲノム情報から得られる近親度等を調べることでどの程度の生息域を確保すべきなのか、その種の保護戦略が立てられるかもしれない（中濱・山田・杉田参照）。また従来の乾燥標本に加えて転写産物や代謝産物等を分解させずに冷凍保存等できるような仕組みを作れば、その生物がどのような生態学的パラメータによって環境応答をしているか、といったことが詳細に分かるようになるかもしれない。あるいは、複雑な生物の形質がどのように進化してきたのかといったマクロ進化プロセスを解き明かすことができる（鈴木誉保参照）。それには、生物多様性データベースとSRAの配列データが繋がっていくことが一つの可能性として有り得るだろう。しかし、SRAのデータを調べたことがある人なら分かると思うが、配列データ側のメタデータは統一されていないし、網羅的とも言い難い。例えば、海水のメタゲノムであれば、サンプリングの情報に「sea water」「deep sea ocean」「Enoshima beach, Pacific Ocean」などの曖昧な情報が混在しており、オントロジーの整理は利用者泣かせである（森参照）。こうした問題はDBCLS主催のBiohackathonでも過去に継続的に取り上げたことがある。従って、SRAと生物多様性情報を連携させることだけでも課題は十分にある（仲里参照）。

MuseomicsをOmicsのみならず、博物館の資料データと繋げて考える理由は、両者はデータの質や問題は異なるが、同じ“モノ”から由来しているからだ。同じモノの情報について

てBioinformaticsとBiodiversity Informaticsという二つの情報科学的な解析を組み合わせることにより、両者の間に眠る無数の生物学上のストーリーである“コト”の側面が明らかになることが期待できる。両者は共に博物館の膨大な情報を支える技術であり、それらの統合こそがMuseomicsであると捉えるのが良いのではないだろうか。そしてそこにこそ、情報系分野で取り組むべき課題が存在する。分子生物学における試験管内挙動が細胞内、組織・器官・個体へと階層を繋げていく試みがなされていくのと同様に、博物学的資料についても、個体の配列情報から生態系へと膨大な2種類の生物学的情報が繋がることで、新しい生物学の実体像が見えるのではないだろうか。しかし、日本では生物多様性情報学に関わる人材はバイオインフォマティクスに比べると非常に少なく、今後の発展が期待される分野である。

これまで我々は、Japan Museomics Working Groupを2014年に立ち上げ、メーリングリストでの討論や情報の集約、計8回にわたる研究会（2018年6月現在）などの開催を行ってきた（<https://sites.google.com/site/museumbioinfo/>）。過去の研究会活動については、鈴木治夫さんの記事を参照して頂きたい。

さて、特に私がこのグループを立ち上げたのは個人的な動機が強い。私はそれ以前からancient DNAと呼ばれる、化石や遺跡から出土した骨からDNAを分析する研究で、バイオインフォマティクス解析を担当していた。こうした研究では、特にバイオインフォマティクスの貢献は大きかった：まず数千年前の古いDNAは、保存されていた環境中の影響を強く受けて、断片化・微量化・変性（デアミネーション等）が起きているため、生きた細胞とは違いそのままシーケンスしてもエラーの入った配列情報を取得してしまうことがある。従って、シーケンスから、そうしたDNAの化学的・物理的变化を基礎情報として把握する必要があった。加えて、微量系のDNA抽出手法やライブラリprepは改善の余地があった。そこでNGSで縄文人の骨由来のDNAを読んでは実験系にフィードバックするというプロセスを経た上で、より精度の高いSNPs検出を行い、「最終的には縄文人の起源を明らかにする一翼を担うことができた（McColl et al. Science, 2018）。

こうした研究の中で、私は元来が博物学好きであったので、自ら標本のメタデータを活用した生物学的仮説を立てて、適切な標本を選択して分析したいという思いが強くなった。しかし標本からDNAなどの情報を抽出するには、標本の部分的もしくは完全破壊を意味する。3Dスキャナー等で標本をスキャンしても現時点では内部構造などは完璧に形態的な情報を維持することは出来ないし、展示品としての価値も下がるだろう。果たして、博物館関係者が容易にそれに応じてくれるのだろうか？これはなかなかハードルが高そうに見えた。博物館や生き物が好きなバイオインフォマティクス研究者と話をしていると、同じようにバイオインフォマティクス

を用いて自ら生物学的な研究をしたいというモチベーションを持つ同志がいることが分かった。そうしているうちに、その様子を分類学者で生物多様性情報学の日本における第一人者の1人である、国立科学博物館の神保宇嗣さんにキャッチアップして頂いて、博物館とバイオインフォマティクス研究者のコミュニケーションが始まったのであった。トップダウンでも何でもなく、SNSを通じてボトムアップに異分野コラボレーションが始まった瞬間であった。

ワーキンググループを立ち上げてみると、バイオインフォマティクスと博物館の研究者（本特集では中江・山田・山本参照）の間では、共にサンプルを利用したい・サンプルを利用して欲しい、という問題意識は共通していたものの、お互いのもつ知識は微妙にずれていたことがわかり、互いに持ちうる知識の共有から始まった。そこで参加していたバイオインフォマティクス側の研究者が気づいた博物館利用と生物多様性情報学についてのポイントを雑多ではあるがいくつか紹介する。

- (1) 博物館の使命は資料を半永久的に保管することなので、SRAに登録した配列データの元となる標本の保存を委託できる。むしろ博物館側は証拠標本が欲しいと考えており、また将来Taxaが変更されても分類学者による再同定ができるメリットがある。標本にはIDを振って、SRAや論文に記載することができる。国立科学博物館には受入窓口が存在する。
- (2) 博物館研究者の中には、博物館資料は置いておくだけでなく利用してナンボ、ということで資料の破壊分析に同意的な研究者もいる（もちろん信頼関係が前提）。博物館資料を使うとこんなに新しい事が明らかになる、ということを示すことが大事だ。
- (3) 日本の博物館における生物多様性情報学の取り組みは極めて少なく、統合TVやAJACSのような利用促進に繋がる講習会や統合データベースの仕組み、それを支える人材がいらない。海外の先進的な博物館や動物園のようにバイオインフォマティクスのラボができることはまだ先のようなのである。
- (4) 博物館や生態学的データにも倫理問題は存在する。例えば、希少種の生息地の公開は乱獲に繋がる恐れがあるため、非公開にする流れになっている。こういうところには、ヒトゲノムの制限アクセス付きデータベ

スなどの知見を応用できるかもしれない。

- (5) 国内外とのサンプル収集や分子情報のやり取りには、生物多様性条約に基づいた遺伝子資源の利益分配（ABS）が重要な課題になっており、Museomicsのデータの背景を知る上でも関わりがある。ABSの情勢はかなり動的であるため、最新の情報をABS学術対策チームのサイトやメーリングリスト等を通じて得る必要がある。http://nig-chizai.sakura.ne.jp/abs_tft/（武藤参照）
- (6) どのような分子データを取得できるか。DNAを用いた関連分野としては、meta-barcodingが強く入ってきている印象である。その他、集団遺伝学、conservation genetics, ancient DNA, environmental DNAなどが関連する。DNA以外にも、環境研究や考古学・古生物学などで用いられる安定同位体などの微量物質を使った研究はMuseomicsとの相性は良いだろう（川島参照）。一方、transcriptome, metabolome, proteomeなどは保存性の問題から既存の標本試料からは得られない可能性もあるが、むしろ将来的にこうした情報を残して標本を保管していく方法を博物館の現場では模索している（中江・山田参照）。また標本の微生物のコンタミネーションの問題から、メタゲノムの視点も重要である（森・鈴木治夫・山本参照）。

そこで我々は、日本のMuseomicsとして何が出来るかを考え、下記の実務的課題を克服したいと考えている。

1. Museomicsと関連分野についての研究コミュニティの構築
2. Museomicsを支える関連技術についての情報交換（分子試料の保存方法やデータ形式など）
3. 分子生物学データベースと生物多様性情報データベースの連携
4. 生物多様性情報学への人材供給

膨大な博物館資料を背景に、Museomicsには非常に魅力的な研究事例が既に存在するが、上述のような課題もあり、分野の発展にはコミュニティ形成が欠かせない。特に、これまでデータベースや非モデル生物研究などに関わってきたバイオインフォマティクス研究者がこの分野で活躍できる可能性は大いにある。本特集を読んで興味を持った方は、ぜひワーキンググループのHPにアクセスして頂いてメーリングリストへ参加し、この分野の構築に加わって頂ければ幸いである。

■ 生物多様性情報学でのデータベースとバイオインフォマティクス

仲里 猛留（ライフサイエンス統合データベースセンター）

もはやJSBiのニュースレターにこんなことを書くのは釈迦に説法であるが、バイオインフォマティクスとは（分子）生物学研究に伴うデータを蓄積・解析する分野であって、もっ

ばら遺伝子（配列）情報に関連づいたデータ処理を行う（ことが多い）。一方、生物を個体レベルの「モノ」として扱う分野があり、標本に対して付与された種名、採集年月日、採

集場所などのメタデータと、時に標本（モノ）を観察した形態情報とを合わせて分類学や生態学研究が行われている。たとえば国立科学博物館だけでも400万点を越える資料が収蔵されているとのことで、これらの「モノ」とそれにつけられたメタデータは情報学の解析対象として立派なリソースである。そして、こういった標本に対するメタデータや目撃情報といった、分類学・生態学等に伴うデータを蓄積・解析する分野が生物多様性情報学 (biodiversity informatics) である。

生物多様性情報学分野のデータベースで代表的なものはGBIF (Global Biodiversity Information Facility, <https://www.gbif.org/>) で、いつ・どこに・何がいたか、というようなオカレンス情報を収蔵している (2018年6月現在約10億件)。これを用いると、たとえばある生物が年を追うごとにどう分布を拡大したかであったり、食う側の昆虫と食われる側の食草の分布の比較といったデータの取得が可能となる。GBIFの日本ノードがJBIF (<http://www.gbif.jp/>) で、日本からのデータ登録のとりまとめや日本国内への情報発信を行っている (現在はNBRPが運営)。同様に国内の博物館に所蔵された標本の検索サービスがサイエンスミュージアムネット (通称s-net: <http://science-net.kahaku.go.jp/>) として国立科学博物館を中心として運営されており、たとえば標本を閲覧して表現型を確認したり、分布情報の取得にも活用できる。生物多様性情報学では、各生物そのものの情報もとりまとめられており、EOL (Encyclopedia of Life: <http://eol.org/>) として公開されている。ここには標本や生体の写真、食草情報、別名といった情報まで収蔵され、NCBIにリンクをはることで塩基配列・アミノ酸配列にまで簡便に取得することが可能である。

一方で筆者の所属するライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS) は、バイオインフォマティクス分野でのデータの利用促進をはかるため、データのRDF化やオントロジーの整備を行ってきた。生物多様性情報学の分野ではデータの標準形式として広くDarwinCoreが用いられているが、とりまとめを行うTDWG (Biodiversity Information Standards) のミーティングが8月に開催されるということ

で、バイオインフォマティクスと生物多様性情報学の交流をはかろうという内容でポスター発表の要旨を投稿したところ、RDFやオントロジーについての解説は自明であるとエディターに削られてしまった (学会特集号として雑誌に掲載されるため直しが入ったようだ)。実際にTDWGではDarwinCoreのRDFでのスキーマを公開しているし、過去の参加者によると、当たり前こういった単語が飛び交っているらしい。

バイオインフォマティクスの手法は、統計解析が目的でなく、生物学的な知見の解明・発見であると思う。そのためには生物学的意味にまで落とし込んだ解釈が必要であろう。ミュゼオミックスの一義的な狙いは博物館標本への分子的な (オミックスとしての) アプローチであるが、モノから得られる色や形のような情報を生物学的解釈に使えるような環境になってきた (博物館の役割は集めて展示するだけでなく、研究のために参照して閲覧することもある。つまり、標本は必要に応じて見せてもらえるし貸してもらえる)。近年のNGS利用の高まりにより標本のようなDNAの劣化したサンプルでもシーケンシングを試みる動きが起こっているし、またMinIONの登場によってフィールドでのシーケンシングまで可能になって、(現状はDNAバーコーディングくらいにとどまっているが) 配列情報付きの標本というのも今後増えていくだろう。すると将来的にはモノとデータを統合的に閲覧するしくみ (データベース、Webサービス) が必要になるだろうが、とりあえずは標本データベースとNGSのデータベースであるSRAのIDによる互いのデータベースの相互リンクが最初のステップだろうか。その後、たとえばtaxonomy構造のような複雑怪奇で踏み込んだら抜け出せなくなる部分は生物多様性情報学の方の知見を使わせてもらったり、互いのデータベーススキーマの対応づけ (や統一化) と相互乗り入れできるようになればと期待している。率直に言えば、生物多様性情報学のデータは蓄積はされているが、バイオインフォマティクスのような「がさっと落としてまとめて解析」というような使う部分が見えてこないのが、今度のTDWGではそのあたりを特に探ってみたいと思っている。

■ マクロ進化プロセスを解く ―表現型オミックスと系統樹解析革命―

鈴木 誉保 (農業・食品産業技術総合研究機構)

ミュゼオミックスの取り組みでは、博物館に収蔵されたDNAデータや表現型情報などの“モノ”たちから、その裏にひそむ生物学的な理解を見つけ出す“コト”の探求を目指している。本稿では、コトを探る方向性として「マクロ進化プロセス」の解明を提案する。ミュゼオミックスで何ができるのか、わかるのか。そんな疑問に答える一助となれば幸いである。

1. マクロ進化プロセス (macro-evolutionary processes)

マクロ進化プロセスとは、「複雑な生物の形質や形質群の組み合わせが、どのような順序でできあがってきたのかについての系統レベルでの進化の道筋」を指す。例えば、動物の眼などの進化プロセスが挙げられる。従来は化石を利用して明らかにされてきたが、多くの場合には入手すら難しい。そのため、筆者はマクロ進化プロセスを解くための包括的な数

理解解析手法を開発した (Suzuki, 2017)。本手法は、形質の多要素構造をもとに、系統比較法と組み合わせたものである。

2. 系統比較法 (phylogenetic comparative methods)

系統比較法は、系統樹に沿って走らせた確率過程に基づく統計モデルを実装し、最尤法やベイズ法により様々な推定を可能にする (Ronquist, 2004)。典型的には祖先の状態を推定でき、祖先の花はどのようなものだったかを推定する (Sauquet et al., 2017) などに利用されている。

3. 多要素に基づく系統比較法 (component-based phylogenetic comparative methods)

筆者の開発した方法では、形質を複数の要素の集合へと分解し (形質の多要素構造)、要素ごとに祖先の状態を推定し、推定された要素の祖先状態の総和として形質の祖先状態を再構成する (Suzuki, 2017)。この方法により、葉っぱに擬態した蝶 (コノハチョウ) の模様がどのように進化してきたのかを解明した (Suzuki et al., 2014; 鈴木, 2015a, b)。

4. 表現型オミックス (Phenomics)

形質の多要素構造は、表現型形質データの同定・列挙・集積を必要とする (表現型オミックス; Suzuki, 2017)。多要素に基づく系統比較法は、生活史・行動・生理など広く適用でき、それらを組み合わせた場合にも適用できる。例えば、海と陸のどちらに住むか (生活史)、角が長いかわいいか (形態) を解析し、海から陸に上がった後に角が短くなったのか、あるいはその逆なのか、などがわかるだろう。表現型形質データはただ集めるだけでなく、多くの人が利用できるようにデータのRDF化やオントロジーの整備も必要である (仲里

参照)。

5. 次世代系統樹の作成 (Next Generation Phylogenetics)

系統比較法による解析には、分子系統樹作成のためのDNA・RNA配列情報の集積が必要となる (Suzuki, 2017, pp 317)。計算量の増大にともない数百〜数千種の系統樹上での解析がはじまっている。塩基配列情報として、ゲノム、RNAプロファイル、特定の遺伝子群などが必要であり、そのサンプリング・保存・頒布なども必要となる。

おわりに

本稿では、ミュゼオミックスが目指す方向性のひとつとしてマクロ進化プロセスを紹介した。系統比較法は実装する統計モデルを変えることで、様々なマクロ進化の問題 (形質の鍵革新や進化的袋小路など) に応用されている。いずれにしても、系統樹作成にDNA・RNAのサンプリング・収集・保存、また、表現型形質のデータベース化は必須である。ミュゼオミックスの取り組みが、遺伝子だけでなく表現型形質も含めた生物多様性情報の集積化・共有化・汎用化の大きなうねりに繋がることを期待している。

文献

1. Suzuki TK. (2017) *J Exp Zool B* 328 : 304-320.
2. Ronquist F (2004) *Trends Ecol Evol* 19 : 475-481.
3. Sauquet et al. (2017) *Nat Comm* 8 : 16047.
4. Suzuki TK, Tomita S, Sezutsu H. (2014) *BMC Evol Biol* 14 : 229.
5. 鈴木誉保 (2015a) 現代化学533 : 33-37.
6. 鈴木誉保 (2015a) パリティ30 : 57-61, 69.

■ 保全生態学におけるミュゼオミックスの活用

中濱 直之 (東京大学大学院 総合文化研究科)

生態学的視点から生物多様性の保全を目指す「保全生態学」では、生物多様性喪失の程度やメカニズムの理解が非常に重要である。現在の生息地間比較によるアプローチが主流となっている一方、過去の個体数などのデータが存在する生物はあまり多くなく、生物多様性情報の時間的変化の解明は難しかった。

そこでミュゼオミックスの出番である。国内外の博物館では、非常に多くの生物標本が収蔵されている。これらから遺伝情報を引き出すことができれば、過去から現在までの時間的変化を知ることができ、個体数や多様性がいつ?どのように?減少したかを直接推定できるようになるだろう。筆者自身の研究例では、草原性チョウ類の一種コヒョウモンモドキについて、過去30年間で個体数と遺伝的多様性が減少し、それが生息地である草地の減少によって生じたことを明らかにした。ほかにも、人為的導入による遺伝子汚染の検出や、絶滅危惧種の保全単位の設定にも、標本を用いた過去の遺伝情報

は大きく貢献することが期待される。

しかし、生物標本はそもそも遺伝情報の収集を目的とされており、ほとんどの標本はDNAが劣化している。そのため、従来手法では遺伝解析が非常に難しいという大きな問題があった。近年は様々な遺伝解析手法が開発されたことに伴い、生物標本から遺伝解析をした研究例が徐々に増加してきた。ただし、現在開発されている解析手法はいずれも費用や手間がかかることから、実施するにはハードルが高い。生物標本を今後より一層活用するためには、費用や手間を抑えた新しい手法の開発が必要となるだろう。また、標本も作製・保管方法によっては解析不可能なほどにDNAが劣化しきっていることも少なくない。今後はDNAの劣化を抑制する標本の作製手法の開発にも取り組むことも重要だろう。こうした2点を解決することができれば、ミュゼオミックスは今後より身近なものとなり、生物多様性保全に果たす役割がますます大きくなるだろう。

■ 国立科学博物館所蔵の標本を絶滅危惧種保全に活用する

杉田 典正（国立科学博物館植物研究部多様性解析・保全研究グループ）

国立科学博物館で「博物館標本を絶滅危惧種の保全への活用」を試みる業務に従事している。絶滅危惧種研究に博物館標本を利用することは、その保全管理に大いに役に立つ。博物館標本を活用することで、現在では入手することができない情報、遺伝的多様性と遺伝構造の過去と現在の変化を直接比較できるからである。博物館標本と保全生物学の関係は多岐にわたり、私が業務で取り扱う分類群も多岐にわたる。この記事では国内の鳥類について述べる。

鳥類の絶滅種は、モーリシャス島のドーダーやリョコウバトなどが有名である。国内では、環境省レッドリスト2017年度版では絶滅鳥類は15種（亜種を含む）指定されている。先日公開された（2018年5月）レッドリスト2018年度版では、2種の鳥が絶滅種（亜種）に追加され、17種に増加した。

鳥類の標本は、博物学の伝統のある欧米の博物館には及ばないものの、全国の博物館に比較的多く所蔵されている。絶

滅種や絶滅個体群、絶滅危惧種など、現在では入手不可または採集困難な鳥が保管されている。これらの標本から必要な遺伝情報を取り出すことができれば、絶滅危惧種の保全管理に貢献することができる。

標本からのDNA抽出には、多かれ少なかれ博物館資料の不可逆的な破壊を伴う。絶滅種のような貴重な標本の組織採取は、現在の技術で実験可能な最小限にとどめる必要がある。また、エアコンが完備されていない時代に保管されていた標本は、日本の夏の高温多湿環境に何度も曝されてきた。欧米の博物館よりDNAがより劣化している可能性がある。

博物館標本の保全への活用之际し、これらの問題の解決を試みている。現在、国内の絶滅種を含む、実現性の高い数種の鳥類を中心に分析中である。Museomicsが絶滅危惧種の保全に貢献できるよう、博物館標本の利用が促進するよう、この分野での博物館標本活用の良い例をつくりたいと考えている。

■ 魚類の液浸標本を用いたミュゼオミクスへの期待および課題

中江 雅典（国立科学博物館・動物研究部）

日本国内に存在する魚類標本は少なく見積もっても400万点以上あると考えられ、タイプ標本や絶滅した種・個体群などの古くて貴重な標本（古くは19世紀末に採集・作製）も数多く存在する。これらは分類学や生物地理学的基础情報となるだけでなく、過去の生物多様性や地球環境の変化、物質の蓄積などの情報を取り出せる可能性を秘めており、その潜在的な利用価値が高い。

ミュゼオミクスの発展により、博物館標本がこれまで以上に研究や社会に役立つことは、博物館のキュレーターにとっても非常に喜ばしい。また、魚類学分野においても、同一地域での過去と現在の稚魚のメタゲノムの比較や、絶滅種およびタイプ標本しか存在していない種の実体の把握など、ミュゼオミクスにより解明が期待される研究テーマが多数あり、その期待値は高い。

しかし、博物館などに保管されている魚類標本の大部分は液浸標本であるため、標本から分子生物学的な情報を得る場合には、標本の固定処理などに起因するDNA断片化の問題を解決する必要がある。もちろん、他の分類群の乾燥標本においても断片化の問題はあるが、魚類の液浸標本では断片化の度合いが強い。特に50年前などの古い標本からのDNAデー

タの取り出し・復元は、近年の技術においても非常に困難であり、解析技術の改良や新たな研究手法の開発が待たれる。

博物館の大きな使命のひとつとして、なるべく多くの標本をなるべく良い状態で後世に引き継ぎ、人類全体の宝として様々な事柄に活用することが挙げられる。それ故に、すべての研究ニーズに必ず標本が提供される訳ではない点に理解が必要である。例えば、これまでのDNA解析技術の発展を顧みれば明らかであるが、貴重な標本の破壊を伴う研究では、10～20年後の技術的発展を考慮し、現時点での解析などが許可されない場合もある。博物館の使命と研究ニーズの双方が理解されつつ、ミュゼオミクスの更なる発展が期待される。



図：ウシモツゴ *Pseudorasbora pugnax* のタイプ標本のひとつ（1955年作製の標本）。栗岩薫氏撮影。

■ ミュゼオミクスへの期待～進化・保全研究へのインパクト～

山田 孝幸（国立科学博物館・分子生物多様性研究資料センター）

今年1月に開催された第8回ミュゼオミクス研究会に出席させていただきました。実は私は出席直前まで「ミュゼオミクス」という用語そのものを知らなかったくらいの素人なのですが、研究会では博物館資料を利用した様々な研究に関するお話をうかがうことができ、大いに刺激となりました。そこで、自分の研究分野と関連付けてミュゼオミクスに対する期待を述べたいと思います。

私は伊豆諸島の固有植物を対象としてその種分化過程を研究しており、研究手法としては集団遺伝学的解析や系統地理学的解析など、DNAを用いた解析方法も含まれています。対象種のサンプルは主に自生地で採集して入手するのですが、この入手法には時として限界が生じることがあります。

伊豆諸島の中には近年まで活発な火山活動を繰り返してきた島が存在します。顕著な例としては三宅島がよく知られており、同島では火山活動の結果、過去に存在した植物種の集団が消失した例が知られています。こうした場合においては、伊豆諸島全体をカバーするサンプルを入手できず、データが「穴抜け」状態の不十分な解析しかできないという問題がありました。もし、火山活動前に三宅島で採集された標本が利用できれば、対象種の分布域全体をカバーするサンプルを入

手でき、伊豆諸島における生物研究がより進展することが期待されます。ミュゼオミクスがもたらした利点の一つは、上記のように自然災害や人為的破壊によって消失した生物集団で過去に採集された標本を用いたDNA解析の可能性を開いた、という点ではないかと考えます。

さらに、過去に採集された標本を利用できるもう一つの利点として、同一地点における異なった年代の標本のDNAを比較できることがあげられます。上記の三宅島の場合では、火山活動後に減少したものの、やがて個体数を回復した植物種も存在します。そういった植物種において火山活動前に採集された標本があれば、火山活動の前後でDNAを比較することで、その植物種が攪乱にどう適応していったのかを遺伝子レベルで検証できます。これは島嶼環境における生物の進化機構を解明する強力な手法となります。

ミュゼオミクスは、非モデル生物において大規模DNAデータを過去にさかのぼって収集・比較できる点が画期的であり、生物の進化や保全に関する研究分野への応用が今後急速に進みそうです。私も早く手法を習得し、自分の研究へ応用したいと楽しみにしています。

■ 博物館もフィールドになるのではないかな

山本 謙太郎

2018年1月末、私はとある都内近郊のキャンパスタウンにいた。普段、ほの暗い収蔵庫でひたすら防虫防カビ業務と資料整理を行なっている私には、そのタウンも「第8回ミュゼオミクス研究会」もとても魅力的に見えた。私はその会に、某県立博物館資料保存係の学芸員（第8回参加時）といった立場と、都内某所で開かれている肉を食う会の繋がりから呼ばれた。ちなみに、2018年度現在は某バイオ系企業で働いている。本稿では、その会の話に出たMetaSUB（地下鉄駅の環境DNAの解析）の話と学芸員としての経験から思う、博物館自体をフィールドとして研究する提案について話す。

博物館の収蔵庫はとても特殊な環境である。特に私が勤めていた博物館は自然科学と人文科学の両方の資料を扱っていたため、温度も湿度の管理も様々であった。ホルマリン標本の多い収蔵庫は温湿度より換気に注意を払い、文化財系の収蔵庫は木材から成る資料が多いため、防カビや虫害にとても気を使う。また、積層構造（2階建て）の収蔵庫では湿気が隅と1階にたまりやすく、空気循環が機能していないと、同じ収蔵庫内でも湿度が10%ほど異なることもある。つまり、

収蔵庫は温度、湿度、文化財害虫、そして空気循環をコントロールした空間であるということだ。また博物館の収蔵庫はジャンルごとに分けられているとはいえ、数十年前に使用されていた民具から、数百万年前のゾウの化石まで存在する。同じ空調システムを使用している場合、その設定及び収蔵庫内資料の配置の調整が要求される。時を止め、半永久的に資料を保存していくためには、通常とは異なる空間設計が必要なのである。

このような無機物も有機物も存在する特別な環境（温度、湿度、空気循環）というのは、フィールドと表現しても良いのではないだろうか。フィールドであるということは、環境DNAを調べてそのフィールドの特徴を掴むことが可能だし、そのフィールド特有の生物、文化財害虫（死番虫など）や菌なども存在するのではないのだろうか。そういった研究対象を、既にある自然科学系博物館で連携しているデータベースや、博物館間の資料の行き来の線を繋いで調べれば、新しい発見があると思う。

元資料保存係としては、資料にカビの生えない収蔵庫構築

に寄与する発見があれば現場的に嬉しい人が多いので、まずはそこから取り組みたい。

■ Ancient DNAのメタゲノム解析と博物館資料のメタデータの重要性

森 宙史（国立遺伝学研究所）

筆者は、微生物を対象としたメタゲノムデータの情報解析やツール・データベース開発のかたわら、主に絶滅動物を対象としたancient DNAの情報解析も行っている（例：Yonezawa, T.etal. CurrBiol. 2017; doi: 10. 1016/j. cub. 2016. 10. 029）。両者は一見関係が無いように見えるが、どちらも扱うデータが微生物の配列が大多数を占めるメタゲノムデータである点で共通している。後者の解析の場合は一般的には微生物の配列データは不要なものとして除去されるが、筆者は、除去されるそれら微生物の配列データに注目している。Ancient DNAの解析では、一般的にターゲットの動物のDNAが残しやすい、骨や歯等の硬組織の内部からDNAを抽出してシーケンスする。それらの組織は、動物が感染症にかかっていない場合生前はほぼ無菌状態のはずであるが、死後土等に埋もれ人間に発見され博物館の資料になりDNAが解析されるまでの間に、様々な環境にさらされるため、多様な原核・真核微生物のDNAが見つかる。筆者らは、それら資料の内部および表面のメタゲノムデータから、その資料が解析されるまでに晒された環境を推定できないか、解析を試みている。目的としては、微生物の生態についての興味もある

が、見た目等ではなかなか判断が困難な、ターゲットの動物のDNAの残存量を、資料が保存されていた環境の推定を通して資料表面のメタゲノムデータから非破壊的に推定することを目指している。この解析を行う際には、時間軸的な問題により原核・真核微生物のDNAが資料中に混ざる過程を実験室で再現することが困難であるため、博物館資料の出土場所、来歴、保存方法、燻蒸方法等、資料についてのメタデータの記述が非常に重要になる。他の執筆者の方々も言及しているDarwin Coreは、博物館資料のメタデータの記述項目としてよく考えられて作られているが、ancient DNAや微生物群集のサンプルの記述として見ると、不足している項目が多い。本特集で扱うMuseomicsでは、他のオミックス等統合の対象をさらに広範なものへと広げるため、上述のように博物館資料のメタデータ記述として必要な項目はさらに増えると考えられる。しかしながら、必要な項目を増やしすぎて、メタデータを記述する際の労力が増えすぎるのも問題である。上記のような研究を通して、ある側面から見た場合の、博物館資料のメタデータとして記述すべき項目についての提案ができれば良いと個人的に考えている。

■ みんなのミュージオミクス

津田 和俊（山口情報芸術センター [YCAM]）

山口情報芸術センター [YCAM] では、2015年度から館内にバイオラボを設置し、近年飛躍的に発展するバイオテクノロジーの身近な応用可能性を模索する事業「YCAMバイオ・リサーチ」を展開している。その中の取り組みのひとつに「森のDNA図鑑」がある（dna-of-forests.ycam.jp）。森の中のある地点から撮影した360度の全天球の風景の中に、調査対象の植物や菌類の様々な情報（採集地点、写真、バーコード領域のDNA配列、学名の推定結果など）に加えて、その森の環境、昆虫や野生動物の生態、言い伝えなども併せて掲載している。この図鑑は一般参加者対象のワークショップの成果をアーカイブしたものであり、「蒐集／解析／展開のオープン化（オープンデザイン）」の試みともいえるかもしれない。ワークショップの参加者は、小学生から、高校生、大学生、主婦、高校教諭、博物館学芸員まで、実にさまざま。市内の

身近な森に出掛けて、森に生息する様々な生物について学ぶと同時に、植物や菌類などの生物試料を「蒐集」し、DNAバーコーディング（生物試料からのDNA抽出・PCR増幅・DNAシーケンシング・バイオインフォマティクス）を用いた「解析」をおこなって生物種を推定し、その調査結果を図鑑に「展開」している。ミュージオミクスの試みも、博物館などに「蒐集」されている生物標本も掘り所にして、その博物学および分子生物学データを「解析」し、断片化されていた情報を統合的に「展開」することにより、網羅的に生物や生態系の理解に迫ろうとするものであろう。生物や生態系に関わる知見を豊富にすると同時に、より多くの人が興味を持って参加できるよう、ミュージオミクスのオープンデザインにも関わっていければと思う。

■ オンサイトシーケンシングを可能にするスーツケースラボ

武藤 愛（奈良先端科学技術大学院大学）

DNA解読技術の向上とコストの低減によって、地球上のあらゆる系統群を網羅するゲノム情報リソースが整備される未来はすぐそこまで来ている。世界中から収集された幅広い生物資料を収蔵する博物館の標本資料が利用できれば、ゲノム情報リソース構築は飛躍的に加速すると期待される。しかしながら、1973年のワシントン条約による絶滅危惧種の取引の規制や、1993年の生物多様性条約及び2014年の名古屋議定書の発効に伴う遺伝資源へのアクセスと利益配分（ABS）指針の施行など、生物の多様性の保全に向けた整備が進んだことにより、今後は生物資料の国外からの収集が難しくなっていくものと考えられる。ゲノム情報リソースの拡大には、国家間の連携が必須となっていくだろう。問題は生物多様性の豊富な地域の多くで遺伝情報収集の体制が整っていない点である。その国の研究者が遺伝情報を解読してくれるのを待つよりは、現地でシーケンシングまでを行なってしまいたいところであるが、都合良く利用可能な実験施設を見つけることは容易ではないだろう。そこで期待されるのが、スーツケースラボによるオンサイトシーケンシングである。

スーツケースラボは、京都大学大学院医学研究科の丸山史人准教授、同大学大学院人間・環境学研究科の藤吉奏助教ら

のグループが中心となり、SATREPS「チリにおける持続可能な沿岸漁業及び養殖に資する赤潮早期予測システムの構築と運用」プロジェクトの一環として開発を進めている、ポータブル実験機器一式である。全29のツールがスーツケース（W：47cm, D：39cm, H：90cm）一つに入っており、サンプル採集・DNA抽出・DNA濃度測定・PCR・電気泳動・シーケンシングに必要な機器が一通り揃う（写真はLAMP法向けの一式であるためサーマルサイクラーとシーケンサーは含まれていない）。*de novo*シーケンシング及びメタゲノムシーケンシングであれば温調機能付き吸光度計を用いライブラリ調製が出来、小型サーマルサイクラーを加えればアンブリコンシーケンシングも可能である。現在、スーツケースラボはオンサイト細菌叢解析を目的として開発中であるが、DNA抽出キットと組み合わせることで動植物の*de novo*シーケンシングも可能であると考えている。

なお、国外でのDNA取得については、DNA塩基配列そのものもABSによる移動制限の対象となる可能性があるため、遺伝資源提供国の定めるABS規制の対象に注意する必要があることを書き添えておく。



番号	名前
1	キムワイブ
2	キムタオル
3	200 µl ピペットチップ
4	20 µl ピペットチップ
5	20 µl ピペット
6	200 µl ピペット
7	ビニールテープ
8	マッシャー
9	ホモジナイザーベッセル
10	反応チューブ200 µl
11	スポット
12	ピンセット
13	マジック
14	10 µm 濾過フィルター
15	200 µl エッペン立て
16	1.5 ml エッペン立て
17	MJ-396（顕微鏡）消耗品
18	MJ-396（顕微鏡）パーツ
19	MJ-396（顕微鏡）本体
20	Myabscope
21	グローブ
22	1.5 ml エッペン
23	保冷ボックス
24	Millipore セルカウンター用チップ
25	Millipore セルカウンター
26	Windows Surface Pro
27	Windows Surface Pro用コンセント
28	手つきピーカー
29	海水サンプリング用容器（ロープ付き釣り用のバケツ）

■ Museomicsでも化合物同定と組成分析を

川島 武士（国立遺伝学研究所）

Museomicsでは、生物サンプルが含有する組成や化合物同

定に関する情報収集は行われているのでしょうか？目下積極

的に議論されているのは、博物館に納められている生物資料のDNA解読だと思います。これとは別に、化石や岩石に関する博物館資料については、含有金属を中心とした組成や含有化合物の測定が行われていると思います。マスマススペクトロメトリーを利用した微量成分分析の利用は、物理・化学・地学分野においては大きな発展を遂げており、理科系の中で生物学はむしろ遅れているように思われ、生物系に位置するバイオインフォマティクスも同様だ、というのが現状ではないでしょうか。

最近私は、地球科学系、つまり昔の言い方でいうと地学系、の方々と会って話す機会に恵まれているのですが、岩石等試料についてppb(10-9g/ml) レベルの分析は当たり前、ppt(10-12g/ml) レベルの分析をさらに超えているというので、驚かされます。これは主にレーザーによる観測技術の進展によるもので、また質量分析の技術と相まって、とにかくすごいことになっているんだなあ、という印象を受けています。この技術を生体へ応用する分野もあって、メタロミクス(つまり生体内金属元素の超微量レベルでの検出手法を開発し利用する分野)というのだそうです。

Museomicsの、特に化石標本に対して、メタロミクスの手法を持ち込むことを考えてみましょう。化石中に含まれる

生物は、形だけを残して中の分子は、すべて入れ替わっているというのが定説です。リンや窒素や炭素といった分子のほとんどすべてが、長い年月と強い圧力によって、ゆっくりと他の分子に置き換えられ、完全に石になったもの、それが化石だということです。もしかするとpptレベルの元素なら、化石中にもまだその痕跡が残っているんじゃないかな?などと妄想したくなります。そのようなデータが蓄積されれば、もちろんそれは膨大な量の中にわずかに残された痕跡を高い信頼性で抽出することが必要ですので、情報解析技術の出番です。バイオインフォマティクスがここでも大切になるでしょう。

もちろん対象は化石である必要はありません。数年前に標本にされた生き物についてだって、化合物や含有組成の研究はできるはずです。生体、標本、そして新しい化石から古い化石へと、博物館資料の時系列に沿った成分分析がpptレベルで行われていけば、過去から未来を連続的につなげる新たな知見が得られるでしょう。

これまでに博物館に蓄積された標本データと、今まさに解読されるDNA解読データに、化合物分析と組成分析のデータが揃うことで、ミュゼオミクスは大きな分野となり、またそこでのバイオインフォマティクスの役割は一層大きくなるだろうと想像しています。

■ 第8回研究会2日目の発表やフリーディスカッションの内容

鈴木 治夫(慶應義塾大学先端生命科学研究所)

2018年1月26日に柏のライフサイエンス統合データベースセンター開催された第8回研究会2日目(<https://sites.google.com/site/museumbioinfo/meetings/20180125>)に参加しました。Twitterのハッシュタグは#museomejpです(<https://twitter.com/hashtag/museomejp>)。まず、イントロ・趣旨説明、自己紹介に続いて、キーノートトークとして「動物における標本DNAの利用可能性」(長太伸章氏[科博])、「標本DNAから草食性絶滅危惧チョウ類の減少要因を探る」(中浜直之氏[東大])、「博物館資料のメタゲノム解析」(森宙史氏[遺伝研])などの研究紹介がありました。MicrobeDB.jp(<http://microbedb.jp/MDb/>)などのデータベースや、VITCOMIC2(<http://vitcomic.org>)などのツールが紹介されました。

昼食後のディスカッションでは、4グループに分かれて「今後Museomicsの分野で考えられるテーマ」に関してフリーディスカッションが行われました。例えば、建造環境の微生物群集Microbiome of the Built Environment (MoBE)(<http://nas-sites.org/builtmicrobiome/>)(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK458827/>)の研究を資料の保存に活用させることが提案されました。博物館の環境メタゲノムDNA配列情報に基づいて、博物館資料のコンタミ(標本

から取り除くべき配列)の検出、適切な収蔵庫環境の検討などが実現できると考えられます。

近年、超高速DNAシーケンサーを利用して、ヒトの体内や体表の微生物群集(human gut/oral/skin microbiome)に加え、ヒトの体の外部にいる微生物群集(external microbiome)に関する研究が盛んに行われています(Schmidt C. 2017<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28486462>)。例えば、室内環境(住宅、学校、病院)、大量輸送システム(地下鉄)における微生物群集の研究報告や、ルーブル美術館における空気中の微生物の経時的安定性に関する報告などがあります(Gaüzère C et al. 2014 <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23710880>)。これらの研究により、建造環境の微生物群集Microbiome of the Built Environment (MoBE)は、建造物の表面タイプや材質により異なること、ヒトと野外(土壌)に由来する微生物から構成されること、ヒトの健康に影響を与える可能性が示唆されています。都市の建造環境の微生物群集を研究するMetaSUB国際コンソーシアム(<http://metasub.org>)では、統一されたプロトコルでサンプルのメタデータ収集(<http://metasub.org/2017-sample-map/>)を行っているものの、オントロジーの整理など改善の余地があり、生物多様性情報学の分野で蓄積された手法を積極的に取り入れられる

と良いと考えられます (松前参照)。Japan Museum Bioinformatics (Museomics) Working Groupの皆様との情報交換、ディス

カッションは大変有意義でした。今後の研究会が楽しみです。

Oxford Journals-JSBI Prize受賞報告

竹本 和広 (九州工業大学大学院情報工学研究院)

本学会を代表するこの賞の2017年度受賞者に選んで頂き、身に余る光栄です。受賞の対象となったのは生物学における複雑ネットワーク理論の構築と応用に関する一連の研究です。端的に言えば、アルバート＝ラズロ・バラバシ (Albert-László Barabási) を中心として発展しているネットワーク科学の生物学における展開という位置づけです。ただ、この研究はバイオインフォマティクス (BI) の王道研究というわけではありません。実のところ、受賞の連絡を頂いたときは、喜びや感謝よりも、驚きの方が先でした。なんと寛容な、と。この寛容さが、この学会の素晴らしい点のひとつであり発展の駆動力になっていると考えています。そのような学会に、研究活動を始めた初期の段階で、所属できたことは大変な幸運だったと思います。今日の私があるのもこの学会に所属する多くの寛容な人たちに支えられてきたからです。ただの思い出話になってしまいますが、せっかくの機会ですので、お話しさせてください。若い学会員の方には学会の雰囲気かわかるかもしれませんが、研究を進める上で何か参考になるかもしれません。

この学会に所属する皆さんのことですから数理・情理的な観点からの生物を理解したいと考えているはずです。もちろん私もそのひとりでした。地元の大学 (九州工大) の生物と情報が学べる学科に入りましたが、それらの学問の乖離は大きく感じられ、モヤモヤとしたまま学生生活を送っていました。転機になったのは3年生の時です。新任の先生に色々と相談をしていた時、バラバシらの代謝ネットワークの論文を教えてもらいました。そこでは、データ科学、数理工学、そして生物学が見事に調和していました。バラバシに騙されただけかもしれませんが、その分野に魅了されました。ネットワーク科学の黎明期に研究を始めたことが幸いし、手付かずの問題を解決することで成果を得ることができました。この成果をGIW2003で発表しました。これが次の転機です。同じくネットワーク科学の研究を行っていたホセ・ナチエル先生が発表を聴きに來てくれたのです。当時、ナチエル先生は京大BIセンター (BIC) の阿久津達也先生の研究室に所属していました。博士課程をどうしようかと考えていた時でした。早速、阿久津先生を訪問し、自身の研究を紹介しました。先生は「論文にすれば」と仰ってくれたので論文を書きました。

論文のおかげか、阿久津研に所属することができました。また、手早く論文にしたことは功を奏しました。学振に採択され、研究は軌道にのりました。BICでは新しく代謝ネットワークと環境適応について取り組みました。BICの合同セミナーでゲノム配列と環境適応の話に触発されたからです。「ゲノムからネットワーク」という若気の至りも甚だしいテーマ設計でしたが、幸いなことに、世界的な研究動向にうまく乗りました。次の転機は、GIW2007でこの研究を紹介した時になります。ツンツンしたコメントしてくる瘦身の研究者がいました。そう、有田正規先生です。先生は、昨今のネットワーク研究は全くもっていかな、という論文を書いておられ、とても気になる存在でした。有田先生とは、学位を取得する間にAPBC2008で再会して研究室に誘って頂きました。もちろんふたつ返事でした。研究内容が合致していたこともそうですが、何より、研究に対する誠実さを強く感じていたからです。研究や教育に対する姿勢や考え方は有田先生に強く影響を受けました。研究としては、先生のテーマのひとつである植物二次代謝物研究を通して植物-送粉者相互作用 (広く、生態系) にも注目し始め、現在のテーマである「ゲノムから生態系までをネットワークでつなぐ」研究に着手したのはこの頃です。ネットワーク生態学の始まりの時期と重なったのは幸運でした。JSTさきがけに採択されたことも幸いしました。さきがけの特徴は研究者同士のつながりです。ネットワーク科学や生態学を含む様々な分野の研究者から強い影響を受け、研究を発展させることができました。またこの頃、九州工大で安定したポジションにつくことができました。ある国際会議でたまたま倉田博之先生とお会いして、公募があることを教えて頂いたのです。子供が生まれたばかりでしたので、地元での就職は本当に助かりました。九州工大には、自由に研究できる環境を与えて頂き、本当に感謝しています。

最後になりますが、今回の受賞では、ふたりの先生に支援して頂きました。山西芳裕先生には「九州地域から受賞者を出そう」ということで私の名前を挙げて頂き、岩崎渉先生には実際に推薦して頂きました。おふたりには感謝の言葉しかありません。

寛容さは偉大です。若手を育み、世界そのものを前進させます。BIは様々な研究分野に浸透し、それらの分野に新し

い視点を与え続けています。これは学会の寛容さの賜物だと考えています。皆様と同じように、私も寛容さを持ってBI

の発展に貢献していきたいと考えております。本当にありがとうございました。

国際会議開催報告

■ APBC2018開催報告

佐藤 健吾（慶應義塾大学理工学部）

2018年1月15日から17日まで、横浜市の慶應義塾大学日吉キャンパスにおきまして、Asia Pacific Bioinformatics Conference (APBC) を開催しました。200名を超える国内外の研究者にお集まりいただき、おかげさまで大盛況のうちに終了することができました。この場を借りて御礼申し上げます。

APBCは、2003年にオーストラリア・アデレードで第1回が開催されました。以来、アジア太平洋地区を中心に毎年開催されており、バイオインフォマティクス分野の国際会議としては、長い歴史を持つ会議の一つです。第16回となるAPBC2018は、本学会ともご縁が深い榊原先生（慶大）、宮野先生（東大）、浅井先生（東大）が大会長を務めました。また、山西先生（九大）、Phoebe Chen先生（La Trobe University）と榊原先生がプログラム委員長として、論文採択や招待講演などのプログラム作成に携わりました。私は浜田先生（早大）とともに現地組織委員長を仰せつかり、ホストとして恥ずかしくないよう万全の準備に取り組みました。

現地組織委員長として開催準備に始めるにあたって最大の懸念事項は、開催に必要な資金をどのように確保するかでした。APBCはJSBiのような学会組織が主催する会議ではないため、資金面での保証人となってくれる団体がありません。また、毎年の開催ごとに独立した会計で行なっているため、前年の繰越金もありません。文字通りゼロからのスタートと

なりました。赤字を出したら最悪自腹という状況なので、必死にスポンサー集めをしましたが、APBCの知名度が国内ではそれほど高くないことから、かなり苦戦を強いられました。そのような中、泣きつくような気持ちでJSBiに支援をお願いしたところ、共催という形でご協力いただけることとなり、資金面でのサポートもいただけることとなりました。誠にありがとうございました。このサポートはJSBi会員を対象とした参加費の割引に利用させていただきました。その結果、予想を上回る多くの方々にご参加いただき、最終的には黒字を達成することができました。前述の通り繰越金はありませんので、余剰金はJSBiに寄付させていただきました。今回のような国際会議の開催支援などに役立てていただけると幸いです。

本会議では、インプレッシブな研究を精力的に行なっている4名の研究者を招待し、最先端の研究に関する基調講演を行なっていただきました。1件目は、ETH ZurichのNiko Beerenwinkel博士を迎え、がん進化の確率モデルに関する最新の研究について講演を行なっていただきました。2件目は、インフォマティクスから少し離れ、生殖細胞の発生過程を体外培養系で再構築するシステムについて、九州大学の林克彦教授にご講演いただきました。3件目は、医療の最前線におられる東京大学の東條有伸教授に、NGSを用いたクリニカルシーケンシングとIBM Watsonを組み合わせた人工知



能による診療支援の実際をご紹介いただきました。4件目は、東京大学の上田泰己教授に最先端の細胞イメージング技術である全身・全組織透明化技術CUBICについてご講演いただきました。

口頭発表に対しては146件の投稿があり、うち53件が採択されました（採択率36%）。これらの論文は、特別号としてBMC Bioinformatics, BMC Genomics, BMC Systems Biology, IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics, Computational Biology and Chemistryに掲載されました。ポスターは71件の発表がありました。それぞれのセッションでは非常に活発な議論が展開されました。

またそれ以外にも、コーヒープレークやバンケットなどを通じた参加者同士の交流も盛んに行われ、バイオインフォマ

ティクス分野の国際交流にひと役買うことができたことを主催者として嬉しく思います。

今回のAPBC2019は1月14日から16日の日程で中国・武漢で開催されるとのことです。およそ一月前の12月3日から5日に開催されるGIW2018が同じく中国・昆明ですから中国開催が続きますが、我が国の存在感を示す意味でも日本から一人でも多くの方にご参加いただければと思います。

最後に、多大なる援助をしていただいたスポンサーの皆様、査読を行なっていただいたプログラム委員の皆様、会議を運営していただいた現地組織委員の皆様、運営を補助していただいた早大浜田研、慶大榊原研のスタッフ・学生の皆様、さらには招待講演の先生方をはじめ、全ての発表者・参加者の皆様に、この場を借りて、重ねて御礼申し上げます。

■ AYRCOB2017開催報告

今田 雄太郎、三宅 博史（東大・新領域・メディカル情報生命専攻）

Asian Young Researchers Conference on Computational and Omics Biology (AYRCOB) は、アジアの有志学生が講演者の招待や投稿演題の査読に至る全てを運営する国際会議です。今回は、日本・韓国・台湾から23名のオーガナイザーが集結しました。オーガナイザーの中には、数回にわたるAYRCOBの運営を通じてすでに気心の知れた友達がいいて、私たちにとって楽しい研究会の一つです。過去10回の開催で、延べ250名以上の若手研究者と60名以上の招待講演者が研究成果を発表し、計算生物学とオーミクス科学の発展に貢献してきました。

2017年の第11回AYRCOBは、将来の計算生物学及びオーミクス生物学を牽引するための国際的情報交換基盤の創出をテーマに掲げ、アジアの学生・若手研究者に研究発表の機会を与えると同時に、若手研究者間のネットワークを構築することを目標として、GIW及びBIOINFO 2017と共同で、10月31日にソウルで開催する運びとなりました。

資金調達・プログラム作成・査読などの運営準備は全て、参加国の学生が打ち合わせを重ねることにより行いました。特に資金面でJSBi・BrainKorea 21PLUS・ISCB・ユタ大学からの支援を頂けたことは大きな後押しとなりました。AYRCOBはGIWの特別セッションとして設けられ、学生など若手研究者による研究発表を中心に構成されました。参加者の国籍は多岐にわたり、今後の国際的な情報交換基盤になったと考えます。

招待講演では、オーガナイザーが推挙した14名の候補者の中から投票により選定した、4名の若手PIを招き、これまでの研究の歩みと最新の成果を共有していただきました。韓国延世大学のSangwoo Kim先生には、レアな変異検出のため

のNGS解析ツール開発、台湾国立清華大学のChen Siang Ng先生には、鳥類の羽の表現型および遺伝型の進化解析、台湾Academia SinicaのIsheng Jason Tsai先生には、真核病原菌の比較及び集団ゲノミクス、韓国ソウル大学のMurim Choi先生には、MECP2陰性Rett症候群の関連パスウェイ解析と、広範にわたる分野について興味深い講演を行っていただき、活発な議論が交わされました。

口頭発表枠に対する演題投稿は16名で、AYRCOBオーガナイザーおよびOB/OGが担当した査読の結果、4名が発表を行いました。演題投稿数に対し、発表可能枠を十分に確保できなかったことで厳しい倍率になってしまったことは、若手育成という観点からは要反省点です。ポスター発表では口頭発表者を含め24名が発表を行いました。本研究会では、ポスター発表者全員がポスターの前でLightning Talkを行うという特色があります。参加者全員によるLightning Talkを通じて、参加者と研究内容が対応付けられ、交流の深化に効果的だったと考えます。Lightning Talkは学生及び招待講演者によって採点され、最も優秀と認められた韓国の学生1名に最優秀賞を授与しました。

会を締めくくった招待講演者との座談会では、キャリア構築のための助言や、研究者としての心構えについて、絶え間ない質疑応答がなされました。「研究テーマを選択する際にインパクトとニッチのどちらを重要視するか」という議題に対して、「やりたいことをやるだけだ」という趣旨の力強いメッセージが私たちにとっては特に印象的でした。AYRCOB終了後の会議では、新たなオーガナイザーの獲得、次期チェアの決定がなされ、持続可能な運営の基盤となりました。AYRCOBの会期は1日と短かったものの、全参加者が

GIWにも参加したため、継続的に議論・交流が行われました。会期終了後には、アンケート調査を実施しました。その結果、8割以上の参加者が全体を通して満足と感じたことがわかりました。やはり一方で、運営の円滑さに対しては改善の余地があるという意見も散見され、次回の糧にしたいと考えています。また、今後は、科学研究の進歩が著しい中国・シンガポールからの参加者・オーガナイザーを獲得することが、AYRCOBの発展につながると考えています。

本研究会を通して、学生及び若手研究者を中心とした活発

な議論と交流が印象的であり、成功裏に閉会したことを喜ばしく思います。

末筆ながら、本研究会開催に欠かせないご支援をくださったJSBi、そして運営に関する多くの助言をくださった国立遺伝学研究所有田正規教授および、韓国延世大学InsukLee教授に心より感謝を申し上げます。

* AYRCOBの運営参加に興味をお持ちの方は、info@ayrcob.orgにEメールを頂ければ幸いです。

* これまでに開催したAYRCOB <http://ayrcob.org/>



地域部会・公募研究会の活動報告

■ 関西地域部会

部会長 中川 博之（住友化学株式会社バイオサイエンス研究所）

関西地域部会では、医療・医薬、診断、食品等の研究開発に役立つバイオインフォマティクス技術の普及と、教育・啓発、産官学マッチング、異分野融合によるイノベーション促進を目指して活動しております。発足以来、年2回（春・秋）の頻度でバイオメディカル研究会を開催し、大学・公的研究機関の従事者を始め、ライフサイエンス関連企業、IT企業等の担当者や官公庁関係者など、産官学からの多くの方々にご参加いただきました。春開催の研究会では、本分野に関わる科学技術政策、医療制度、産学連携、人材育成などをテーマに、秋開催の研究会では学術的な研究内容を発表討論するのが通例となっております。平成29年度も2回の研究会（第22回：3月25日、第23回：9月21日）をいずれもグランフロント大阪で開催しました。

第22回バイオメディカル研究会 (<https://www.jsbi.org/>

[news/past/kansai/20170301kansai/](https://www.jsbi.org/news/past/kansai/20170301kansai/)) では、「クリニカルバイオバンク・データベースの現状と将来展望」と題して、千葉大学医学部附属病院診療教授・松下一之先生、北海道大学大学院医学研究科特任教授・西原広史先生、岡山大学大学院医歯薬学総合研究科准教授・森田瑞樹先生、医薬基盤・健康・栄養研究所プロジェクトリーダー・國澤純先生、田辺三菱製薬株式会社・赤塚浩之先生にご講演頂きました。パネルディスカッションでは、日本医療研究開発機構バイオバンク事業部・加藤部長、経済産業省商務情報政策局生物化学産業課・新階産業分析研究官、文部科学省研究振興局ライフサイエンス課・原課長と、大阪大学・坂田先生、京都大学・奥野先生、長浜バイオ大学・白井先生、大日本住友製薬・松本先生を加え、今後のゲノム研究・ゲノム医科学研究の課題・展望について、パネルディスカッションを行いました。研究会を通じ

て、バイオバンクが国として戦略的に整備されつつある状況が理解されました。バイオバンクの活用を一層推進するには、検体情報の充実とその可用性を高めることが重要であり、非構造化データからの情報抽出という課題もあることが示唆されました。土曜日にも関わらず59名の参加があり、活発な議論が行われました。

第23回バイオメディカル研究会 (<https://www.jsbi.org/news/past/kansai/20170828kansai/>) では、「1細胞から多器官ネットワークへ～生命システムの階層縦断的理解への最新アプローチ～」と題して、九州大学生体防御医学研究所教授・中山敬一先生、国立遺伝学研究所教授・大久保公策先生、大阪大学大学院医学研究科講師・藤田和利先生、ATR佐藤匠徳特別研究所特別研究所長・佐藤匠徳先生、東京大学大学院工学系研究科教授・野地博行先生に、遺伝子、蛋白質、代謝反応産物等の一分子から網羅的な解析まで、さらには階層的ネットワーク、多器官ネットワーク、知識の抽出、臨床診断への応用に関する最新研究についてご紹介頂きました。膨大なデータが容易に取得できるものの、データに意味付けするには、生命科学の構造化された知識情報（メタデータ）が不足しているとの課題が指摘されました。奇しくも第22回で挙げられた課題と一致し、重要な課題であるものの、中々解決できないという現状が浮き彫りとなりました。そのため、特

定の現象と分子種（例えばがん細胞の代謝酵素）にフォーカスして検証実験を行う、あるいは多数の遺伝子を1つずつノックアウトして検討するなど、意味付け可能なデータを蓄えていくことで、解釈を可能にした研究事例が強く印象に残りました。パネルディスカッションでも活発な意見交換が行われ、ここ数年で最も盛り上がった研究会となりました。会場の都合により80名で予約を打ち切りましたが、予約受付開始直後に定員を超える参加申し込みがあり、本テーマに対する関心の高さが伺えました。

関西地域部会では引き続き、バイオメディカルイノベーション促進に資するような研究会・講演会を開催していきたいと思います。会員の皆様からの御意見・御希望等をお知らせいただければ幸いです。



九州地域部会報告

倉田 博之（九州工業大学）

九州地域部会では、九州・山口地域を中心に、学術横断的な場を作り、教育・研究活動を活性化すると同時に、研究者間の交流を深め、教育・研究のリアルなネットワークの拡大を目指しています。2018年に、2回の研究セミナー開催を企画しています。5月25日に、「JSBi九州地域部会セミナー鹿児島2018」（生物医学・情報・システム工学の融合分野における交流の加速化）を古川龍彦教授（鹿児島大学大学院医歯学総合研究科）にご協力いただき、鹿児島大学郡元キャンパス（工学部情報生体システム工学科）において開催しました。特別講演1、招待講演4、公募講演4を実施し、30名以上の研究者と学生が参加しました。

「バイオインフォマティクス教育と研究～私の経験談～」のタイトルで、門田幸二先生（東京大学大学院農学生命科学研究科アグリバイオインフォマティクス教育研究ユニット）から、10年以上にわたるバイオインフォマティクス教育活動を体験や裏話を含めて教えていただきました。ホームページに掲載された講義集、ハンズオン演習などの活用法やその効果について勉強しました。「データベースを用いたがんの予後関連分子の探索とその解析」というタイトルで古川龍彦先生、「医学研究におけるバイオインフォマティクス解析の応用」というタイトルで吉野裕史先生（鹿児島大学大学院医歯学総合研究科）から、データベースを活用して、研究対象と

なる遺伝子を絞り込み、分子生物学の新発見ができる実例を紹介していただきました。「次世代シーケンサーを用いた臨床研究の現在」のタイトルで、重水大智先生（国立長寿医療研究センター・メディカルゲノムセンター・遺伝統計解析ユニット）から、NGSの塩基配列データ解析の新規プログラム開発についてお話をいただきました。「高専でのバイオインフォマティクス教育と研究」というタイトルで、池松真也先生（沖縄工業高等専門学校生物資源工学科）から、沖縄に設置されたNGSを用いた乳酸菌ゲノム研究をご紹介いただきました。「癌抑制因子p53を制御する機構の解明と新たな癌治療戦略」というタイトルで、河原康一先生（鹿児島大学大学院医歯学総合研究科）から、核小体ストレスと細胞周期の関係、核小体ストレスを利用した創薬の研究について学びました。「タンパク質分解酵素を中心とした結晶構造解析とデー

タベースの活用」のタイトルで、有馬一成先生（鹿児島大学学術研究院理工学域理学系）から、植物初のセリン型のプロテアーゼクミシンの構造解析について紹介いただきました。「代謝ネットワークのsingle-atomtracingにより計算される経路の働きの指標について」というタイトルで、太田潤先生（岡山大学大学院医歯薬学総合研究科）から、代謝経路探索の新規アルゴリズム開発について、「生物画像解析/医療画像処理への統計的機械学習の応用」のタイトルで、倉重祐也さん（九州工業大学学際情報工学専攻システム）から生物画像解析にDeep Forest法が有効であることを学びました。

セミナーの後、古川龍彦先生のお世話で、舍那（しゃな）において懇親会を開催し、鹿児島の料理を堪能しました。参加者18名鹿児島のを満喫しました。次回のセミナーもご期待ください。



■ 沖縄地域部会

部会長 池松 真也（沖縄工業高等専門学校）

2017年後期から2018年前期までのJSBi沖縄地域部会の活動を紹介させていただきます。

沖縄地域部会では若年層への「バイオインフォマティクス」の啓蒙とバイオインフォマティクス技術者認定試験への挑戦を一つのテーマとして活動を続けています。2017年10月19日に沖縄高専視聴覚ホールを会場としてDDBJ特別講演会を開催致しました。講師には国立遺伝学研究所大量遺伝情報研究室 中村保一先生をお招きし、「次世代シーケンサーデータの登録と解析について」という演題で講演いただきました。沖縄高専の学生、教職員、琉球大学教員をはじめ、県内の企業や公設試の方々100名弱が参加されました。翌日には中村先生に沖縄高専卒業後大学院で遺伝研に所属している学生が加わり、「塩基配列・ゲノム登録」と題して、より若年層を対象に非常に分かり易く「検索・解析ツール」についてご講

義いただきました。両日の参加者のアンケートからは、沖縄ではなかなかこのような機会がないので今後も続けて欲しいという声が多々ありました。

沖縄地域部会では、このようなイベントとは別に毎週水曜日の16時30分から約1時間30分、バイオインフォマティクス技術者認定試験の対策勉強会を開催しています。一般に向けての勉強会ですが、現在のところ参加者の大半は沖縄高専の1年から4年生と琉球大学の工学部の学生です。情報技術の基礎的な部分を琉球大学工学部の宮田龍太先生やその研究室の学生が担当し、生物学的な部分と複合問題部分を沖縄高専の池松研究室のメンバーで担当し、学生達が中心となって自発的に運営しています。5年以上継続した成果が2017年度の「バイオインフォマティクス技術者認定試験」で最年少合格者の再々々更新 (<https://sites.google.com/site/ikmtlab/home>) に

つながっているものと考えています。今後も、沖縄県内の若年層を中心にバイオインフォマティクスの面白さを広めてい

きたいと考えています。



■ 第20回創薬インフォマティクス研究会開催報告

主査 市原 収（シュレーディンガー株式会社）

2017年度は、創薬インフォマティクス研究会では、9月26日に品川インターシティー貸会議室を会場として「GPCR研究の新展開：その機能および構造の理解と創薬への応用」と題し、第20回となる研究講演会を開催した。当日は大学及び公立研究所の研究者だけではなく、製薬・バイオテックとその関連企業などから、60名以上の方々にお集まりをいただいた。幹事、座長は、市原収（シュレーディンガー株式会社）が務めた。演題は以下のとおりであった。

1)「機能性抗体フラグメントを用いたGPCR構造研究」（京都大学大学院医学研究科 岩田想）、2)「視物質に学ぶGPCRの構造ダイナミクス」（名古屋工業大学大学院工学研究科 神取秀樹）、3)「GPCR構造決定後に求められるインシリコ解析について」（産総研創薬分子プロファイリング研究センター 広川貴次）、4)「Advances in structure-based computational approaches to GPCRs: Application of WaterMap and FEP+」（Schrödinger Inc. Ana Negri）

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

1)（岩田）時間分割SFX法による光励起後のバクテリオロドプシンの構造変化の追跡に関する発表に計算化学的手法の応用の可能性を感じた。MDシミュレーションにおいても、プロトン移動のような生物学的に重要な素過程を取り扱う方法の開発の必要を再認識した。2)（神取）GPCRの動的挙動に対する内部構造水の重要性の指摘は非常に重要であるように感じた。実際に、MDシミュレーションにおいても適当量の内部構造水を配置しないシミュレーションでは、GPCRの構造が不安定化することが知られている。3)（広川）metadynamics MDシミュレーションを用いたリガンドのGPCRへの結合経路の推定に関する発表が印象に残った。リガンドの膜タンパクへの結合のメカニズムのみならず、そのキネティクスの解析の可能性についても示唆を与える内容であった。4)（Negri）膜タンパクであるGPCRに対しても通常の可溶性のターゲットと同様に自由エネルギー摂動法を用いたリガンド結合自由エネルギーの推定が可能であることを示す発表であった。ホモロジーモデルの利用の可能性にも触れられていた点が興味深い。

リレー紹介：日本のバイオインフォマティクス研究室

■ 九州工業大学 大学院情報工学研究院 生命情報工学研究系（山西研究室）

岩田 通夫（九州工業大学 大学院情報工学研究院 生命情報工学研究系 博士研究員）

山西研究室は、2018年5月まで福岡市東区の九州大学生体防御医学研究所にありましたが、6月から福岡県飯塚市の九

州工業大学大学院情報工学研究院に移転しました。九州工業大学は、戸畑（福岡県北九州市）、飯塚（福岡県飯塚市）、若

松（福岡県北九州市）にキャンパスを構える国立大学で、飯塚キャンパスには、1986年に日本で初めて創設された情報工学科があります。明治時代に炭鉱産業で栄えた飯塚市の緑豊かなキャンパスに、約2000人の学生、約150人の教職員が通っています。

情報工学科における教育の大きな特徴として、情報工学に関する講義や実習が充実しているということが挙げられます。OSとしてLinuxが搭載されたPCが学内のさまざまな場所に設置されており、講義や実習で使用されます。新入生は、UNIXの基本操作を覚えることから始め、アセンブリ言語やC言語、Java言語などさまざまなプログラミング言語に触れていきます。プログラミング初心者の学生にとっては、講義の単位を取得するのも一苦勞のようで、夜遅くまで学校のPCに向かっている姿が頻繁に見られます。

山西研究室は、移転したばかりということもあり、現在のメンバーは、山西芳裕教授、私を含めた博士研究員3名、技術補佐員2名の計6名です。近いうちに、情報工学科の生命化学情報工学科に所属する、情報工学と生物工学、生命科学に関する基礎教育を受けた学生が配属される予定です。プログラミングの基礎知識を有する学生が配属されることになるので、バイオインフォマティクスの研究室でもスムーズに研究が始められるのではないかと思います。

研究室の主な行事は、週に1回程度、研究の進捗内容などをメンバー全員で共有するミーティングです。各メンバーは、学会発表のスタイルで発表を行います。ミーティングとは別に、学会前になると綿密な発表練習、論文投稿前は校正作業をマンツーマンで行います。プレゼンテーションや論文執筆の技術を身につける絶好の機会となっており、関連学会での各種発表賞など多くの受賞に結びついていると思います。そ

他、さまざまな節目で食事が開かれ、メンバー間の親睦を深めています。

研究室の主な研究テーマは、生命医科学における様々な分子や分子間相互作用ネットワークの解析、疾患の多階層オミクスデータ解析、統計手法や機械学習アルゴリズムの開発など多岐に渡ります。近年は特に医療応用やAI創薬（AI基盤技術である機械学習を駆使した創薬）に力を入れており、創薬標的分子の探索、精密医療、化合物の毒性・副作用の予測、オフターゲット分子の予測、既存薬の適用拡大（ドラッグリポジショニング）に関する研究を行っています。

ドラッグリポジショニングとは、既承認薬や過去に医薬品開発に失敗した化合物の新たな効能を発見し、別の疾患の治療薬として再開発する創薬戦略です。既存薬は、ヒトへの安全性や体内動態、製造工程などについての豊富な情報があるため、高速かつ低コスト、低リスクの医薬品開発が可能になります。例えば、バイアグラとして知られるシルデナフィルは、もともとは狭心症の治療薬として開発が進められていましたが、男性機能障害や肺高血圧症の薬として転用されています。これらの過去の成功例は偶然の発見に依存していたのに対し、我々は論理的かつ網羅的なドラッグリポジショニングを目指しています。これまでに多くの既存薬の新たな効能を見出し、有望な予測結果については共同研究などを通して実験的検証や臨床試験を重ねています。

当研究室は、製薬企業やヘルスケア関連企業など多くの民間企業と共同研究しており、基礎研究だけでなく社会への還元も目標として、研究活動を展開しています。現在、学生だけでなく博士研究員も複数名募集中です。随時見学などを受け付けておりますので、ご興味のある方は是非ご連絡ください。



研究棟



研究室

学会からのお知らせ

生命医薬情報学連合大会2018年大会（日本バイオインフォマティクス学会2018年年会）

大会幹事 荒川 和晴（慶應義塾大学先端生命科学研究所）

生命医薬情報学連合大会の2018年大会を2018年9月19日から21日まで、山形県鶴岡市の荘銀タクト鶴岡及び鶴岡アートフォーラムにて開催いたします。

生命医薬情報学連合大会は2012年から、生命情報科学研究及び生命科学・医学、薬学研究の発展のために、日本バイオインフォマティクス学会、情報計算化学生物学会、日本オミックス医療学会の共催で開催されるようになりました。2012年と2013年は東京、2014年は仙台、その後2015年京都、2016年東京、2017年札幌と続き、次回で7回目となります。例年、生命情報科学をはじめ、情報科学、生命科学、医学、薬学等のさまざまな分野の研究者約400名が参加し、口頭発表、ポスター発表、企業展示・セッション等を通じて活発な議論がなされてきました。2018年は、豊かな自然に囲まれユネスコ食文化創造都市にも認定された山形県鶴岡に場所を移し、慶應義塾大学先端生命科学研究所を中心として、引き続き連合大会として開催することになりました。

いわゆる次世代シーケンサーやメタボロミクスなどのハイスループット測定技術の急速な発展により、情報学的アプローチは生命科学・医学・薬学研究において欠かすことのできない基盤技術となっています。さらに、今後AIやロボティクスの発展により、研究のデザインに段階から情報学的観点でマネジメントを行うことがますます重要になりつつあり、データ駆動型研究とも相まって、情報学が支えるだけでなく先導することこそが生命医薬学の発展における礎となるのではないかと考えられます。

このような生命医薬情報学の次のグランドチャレンジについて、自由な発想から新たな視界を拓く上で、皆様の極めて多様かつ最先端のご研究や技術、また伝統的な叡智を、豊かな自然と食に恵まれた地、鶴岡で一堂に会すことには大きな意義があると確信しております。

また、今回一般公開企画として、神山健治監督をお招きし、「神山健治監督（『攻殻機動隊S.A.C.』シリーズ）と迫る近未来を描く生命情報科学」と題した特別講演を開催します。神山健治監督は『攻殻機動隊S.A.C.』シリーズ、『009RE: CYBORG』、『ひるね姫～知らないワタシの物語～』など多くの大人気作品のアニメーション映画監督として知られ、これまでに手がけた作品はそのどれもが後続の世代に大きな影響を及ぼしています。特に攻殻機動隊S.A.C.シリーズの世界観は綿密な科学考証によって裏打ちされており、現代の生命科学分野が抱える問題と深くつながる点も多く、本作品を題材に思考実験した生命情報学者は少なくありません。本公開企画ではそんな神山健治監督をゲストに迎え、近未来に向けて生命情報科学が担うべき課題や、実現すべき夢についてトークします。

本大会が生命情報科学研究および生命科学・環境科学、医学、薬学研究の発展のための場として、若手の学びや活躍の機会となり、世代や所属を問わない活発かつ刺激的な情報交換・知識交流が行われるよう、関係者一同、尽力して参りますので、この分野に関心をもつ多くの方々に是非ご参加ならびにご支援をお願いできれば幸いです。

開催概要

大会ホームページ：<http://iibmp2018.org>

開 催 日	2018年9月19日(水)～21日(金)
開 催 場 所	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/
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
共 催	慶應義塾大学先端生命科学研究所、鶴岡市
後 援	山形県、情報計算化学生物学会（CBI学会）

学会議事録等

第18回理事会議事録

1 日 時

平成30年3月27日(火) 13:30~15:15

2 場 所

東京大学本郷地区キャンパス(浅野キャンパス)理学部3号館4階412号室

(東京都文京区弥生2-11-16)

3 出席者

木下理事長、岩崎副理事長、白井理事、浅井理事、五斗理事、有田理事、藤渕理事、山口理事、中尾理事、粕川理事、門田理事、元池理事

(表決書提出) 荻島理事、川島理事、関嶋理事

以上15名出席扱

4 オブザーバ 事務局古賀、新事務局牛山、新事務局村上、

5 議 長 木下理事長(定款第35条による)

木下理事長より第18回理事会開催にあたって挨拶があり、議事録署名人として白井理事、元池理事が指名され、全会一致で承認された。

6 議 案

第一号議案

平成29年度事業報告および収支決算の承認

木下理事長より、別紙1を基に平成29年度事業報告および収支決算について以下の説明があった。

- ・決算案について、年会とNGS現場の会を切り離した決算報告であることが説明され、切り離したことで、支出としたことが報告された。
- ・関嶋監事と清水監事から平成29年度会計報告について関係書類とともにその内容を厳正に監査した結果、適正に執行されている旨の報告があったこと。

以上の説明を受け、慎重に審議した結果、平成29年度事業報告および収支決算の承認は全会一致で承認された。

第二号議案

平成30年度事業計画及び収支予算の承認

木下理事長より、別紙2を基に平成30年度事業計画及び収支予算について説明があった。

有田理事より、ニュースレター作成費について、事業計画書案と予算案に記載されている金額が違うことが指摘された。

以上の指摘受け、慎重に審議した結果、事業計画書案のニュースレター作成費を予算案と同じ10万円に修正することで、平成30年度事業計画案及び平成30年度予算案は全会一致で承認された。

第三号議案

定款の改正について

木下理事長より、別紙3を基に定款について以下の通りに改正したい旨が説明された。

【現行】

第16条理事の任期は、2年とする。3期連続して選出されることはできない。

2 理事長並びに副理事長の任期は1年とする。3期連続して選出されることはできない。

3 監事の任期は、1年とする。3期連続して選出されることはできない。

4 前項の規定にかかわらず、後任の役員が選任されていない場合には、任期の末日後最初の総会が終結するまでその任期を伸長する。

5 補欠のため、又は増員によって就任した役員の任期は、それぞれの前任者の任期の残存期間とする。

6 役員は、辞任又は任期満了後においても、後任者が就任するまでは、その職務を行わなければならない。

【変更案】

2 理事長並びに副理事長の任期は2年とし、1回に限り再任を認める。ただし、再任の場合の任期は1年とする。

以上の説明を受け、慎重に審議した結果、全会一致で定款の改正案が承認された。

第四号議案

平成30年度幹事について

木下理事長より、配布資料を基に平成30年度の幹事体制について説明があった。

岩崎副理事長より、資料の記載内容についてISMBをISCBに変更し、担当者をポール・ホートン氏から岩崎副理事長に変更する旨が報告された。

以上の説明を受け、慎重に審議した結果、以下の内容で平成30年度の幹事体制は全会一致で承認された。

会長補佐幹事：五斗進、白井剛、浅井潔、有田正規、清水謙多郎、大林武

活性化：山西芳裕

年会：荒川和晴、五斗進

次年度年会：山田拓司

若手：竹本和広

ニュースレター：小寺正明

広報：八谷剛史・斎藤裕

認定試験：白井剛

連携：荻島創一

渉外：松田秀雄

研究会：有田正規

男女共同参画：油谷幸代

ISCB：岩崎渉

Genome Informatics：佐藤賢二

会計：大林武

ゲノム・個人情報保護：荻島創一

人材育成：有田正規、白井剛

事務局移設：岩崎渉

監事：清水佳奈、山田和範

第五号議案

平成30年度地域部会長について

木下理事長より、配布資料を基に平成30年度の幹事体制について説明があった。

慎重に審議した結果、以下の内容で平成30年度地域部会長が全会一致で承認された。

伊藤公人（北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター）
北海道地域部会

木下賢吾（東北大学大学院情報科学研究科）
東北地域部会

中川博之（住友化学株式会社）
関西地域部会

妹尾昌治（岡山大学大学院自然科学研究科）

中国・四国地域部会

倉田博之（九州工業大学大学院情報工学研究院）

九州地域部会

池松真也（沖縄工業高等専門学校生物資源工学科）

沖縄地域部会

第六号議案

年会について

木下理事長より、別紙6を基に平成29年度年会と平成30年度年会開催計画、平成31年度年会長について報告があった。審議の結果、平成29年度年会、平成30年度年会開催計画、平成31年度年会長は全会一致で承認された。

第七号議案

事務局変更について

岩崎副理事長より、別紙7を基に新事務局体制について説明があり、4月から新事務局に移行することが報告された。審議の結果、新事務局体制について全会一致で承認された。以上

この議事録が正確であることを証します。

平成30年3月27日

特定非営利活動法人日本バイオインフォマティクス学会

理事長 木下賢吾 印

議事録署名人 白井剛 印

議事録署名人 元池育子 印

平成30年度総会議事録

1 日 時

平成30年3月27日（火）16時00分～16時30分

2 場 所

東京大学本郷地区キャンパス（浅野キャンパス）理学部3
号館4階412号室
（東京都文京区弥生2-11-16）

3 正会員総数 444名

出席した会員数 154名

内訳 本人出席 14名

委任状出席 110名

書面による議決権行使 30名

4 議事録署名人選任の経過

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、定款第24条の定めに従い本臨時総会が開催されていることが説明された後、議長が白井剛会員ならびに元池育子会員を議事録署名人に指名したところ、満場異議なくこれを承認した。

5 議事の経過の概要及び議決の結果

第一号議案

平成29年度事業報告および収支決算の承認

議長より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30年度事業計画および収支予算の承認

議長より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、2月に行われた理事選挙の結果を報告し、議場に諮ったところ満場一致をもって、浅井潔、有田正規、岩崎渉、遠藤俊徳、大林武、清水厚志、清水謙多郎、長野希美、松田秀雄、宮本真理が理事に選任され、被選任者は、いずれもその就任を承諾した。また議長は総会に先立って行われた会長選挙の結果として、木下賢吾を理事長に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。木下理事長は副理事長として正会員岩崎渉を指名する旨を議場に諮ったところ満場一致をもって承認され、非選任者はその就任を承諾した。また、議長は、監事清水佳奈、関嶋正和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、清水佳

奈、山田和範が監事に選任され、被選任者はいずれもその就任を承諾した。

第四号議案

定款の変更

議長より、定款の変更について議場に諮ったところ、下記の変更で満場一致をもって異議なく可決決定した。

【変更前】

第16条理事の任期は、2年とする。3期連続して選出されることはできない。

2 理事長並びに副理事長の任期は1年とする。3期連続して選出されることはできない。

3 監事の任期は、1年とする。3期連続して選出されることはできない。

4 前項の規定にかかわらず、後任の役員が選任されていない場合には、任期の末日後最初の総会が終結するまでその任期を伸長する。

5 補欠のため、又は増員によって就任した役員の任期は、それぞれの前任者の任期の残存期間とする。

6 役員は、辞任又は任期満了後においても、後任者が就任するまでは、その職務を行わなければならない。

【変更後】

2 理事長並びに副理事長の任期は2年とし、1回に限り再任を認める。ただし、再任の場合の任期は1年とする。

以上により議事が終了し、議長は16時30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30年3月27日

特定非営利活動法人日本バイオインフォマティクス学会

理 事 長 木 下 賢 吾 印

議事録署名人 白 井 剛 印

議事録署名人 元 池 育 子 印

学会の現況

有効会員数(平成30年7月現在) 正会員:448名 学生会員:64名 賛助会員:15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	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質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 (東京大学大学院工学系研究科)
	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 (東京工業大学生命理工学院)
	浅井 潔 (東京大学大学院新領域創成科学研究科)	有田 正規 (国立遺伝学研究所)
	岩崎 渉 (東京大学大学院理学系研究科)	遠藤 俊徳 (北海道大学大学院情報科学研究科)
	大林 武 (東北大学情報科学研究科)	清水 厚志 (岩手医科大学いわて東北メディカル・メガバンク機構)
	清水謙多郎 (東京大学大学院農学生命科学研究科)	長野 希美 (産業技術総合研究所人工知能研究センター)
	松田 秀雄 (大阪大学大学院情報科学研究科)	宮本 真理 (Oxford Nanopore Technologies社)
監 事	清水 佳奈 (早稲田大学理工学術院)	山田 和範 (東北大学大学院情報科学研究科)

賛助会員一覧(平成30年6月26日現在)

- | | |
|---|--|
| <ul style="list-style-type: none"> • 一般社団法人 バイオ産業情報化コンソーシアム • 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 • 中外製薬株式会社 • 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 • Crimson Interactive Pvt. Ltd. | <ul style="list-style-type: none"> • 日本SGI株式会社 • 田辺三菱製薬株式会社 • 三井情報株式会社 • タカラバイオ株式会社 • 有限会社パスウェイソリューションズ • 国立研究開発法人科学技術振興機構 • 株式会社 日立製作所 |
|---|--|

JSBi



本号よりニュースレターを担当いたします。今回の特集では、私もいくらか関与させていただいております、バイオインフォマティクスと似て非なる分野である生物多様性情報学との間の融合で発展しつつあるミュゼオミクスを取り上げました。特集記事、ならびに数々の記事に執筆いただきました諸先生方に感謝申し上げます。また前号までのニュースレター幹事の岩崎先生や事務局の牛山様には大変お世話になりました。改めて感謝申し上げます。

(小寺)

JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS