



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37号

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

CONTENTS

巻頭言.....1	リレー紹介：日本のバイオインフォマティクス研究室.....24
特集記事.....2	会員による著書紹介.....27
Oxford Journals - JSBi Prize受賞報告.....9	学会からのお知らせ.....28
年会開催報告.....11	学会議事録等.....30
国際会議参加報告.....12	学会の現況.....33
地域部会・公募研究会活動報告.....15	編集後記.....34

巻頭言

これからのバイオインフォマティクス像

近年の情報革命に伴って科学のあり方が大きく変わろうとしているのにお気づきだろうか？少なくとも以下の3つの変革は既に開始されたか身近に迫っている。恐らく、今後ますます顕著になっていくだろうと想像している。

- ・実験のロボット化と情報科学者がリードする研究
- ・オープンサイエンスとポストプライバシーへ突入
- ・科学者フリーエージェントの台頭

最初に「実験のロボット化」だが、産総研の夏目徹さんが高橋政代さんの研究室でロボットを使った細胞を作り、その技術が職人レベルに達したという話は、皆さんは既にご存知かと思う。今では日本各地に共有ロボット拠点なるものを設置して必要に応じて誰でも使用できるようにする計画が進行中らしい（本人談）。この気風は日本よりも米国の方が進んでいて、繰り返し実験のロボット化はどんどん進行している。日本は職人を大事にする文化なので見て見ないふりをしてきた傾向があるような気もする。だが、これは次第にラボのテクニシャンを脅かす種となるかも知れない。または、テクニシャンはロボットをたくさん扱える技術を持つことが望まれるかも知れない。最近、ラスベガスなどではAI化が進

みすぎて従業員が失職しデモ活動をやっていると報道されていた。同じく実験室でもラッダイト運動が起こる可能性も否定できない。

それでロボット化が進むとどうなるか。それは「情報科学者がリードする研究」が増加するはずだ。既にヒトの細胞を100

億個解析する「ヒト細胞アトラス計画」ではかなり自動化が進み、専門家が必要なところは検体を集めるMDとデータ解析ができる情報科学者だけになった。実際、この国際プロジェクトをリードしているのは、米国MITと英国サンガーの2名の女性情報科学者である。しかし、情報科学者は油断してはならない。計算機が普及し過ぎた現在では「オタク」の価値が低くなってきていることに気付いていると思う。これから計算機オタクだけでなく、実験を含めて発案し計画できる情報科学者が必要になってくるだろう。

次に「オープンサイエンスとポストプライバシー」だが、情報の世界ではcopy rightに対抗してcopy leftなるものを提



唱し、ライセンスフリーにすることで技術の普及を促進する傾向があった。これが、サイエンスにも起こりつつある。これまでの実験ラボでは徒弟制度が中心で、実験技術は教えない、プロトコルにも大事な部分は掲載しないなど特別な実験ができることがラボの価値とされていた傾向もあった。現在ではプロトコルはネット上にデータベース化されたり、ロボットを動かすためのプログラムになったりしてシェアする時代になってきた。それに伴い、国際研究を行ってプロトコルのみならずデータをシェアして解析するオープンサイエンス型の共同研究が増えてきた。そうすると益々、情報科学者の需要が高まってくる。データのアクセスに制限をかけない時代が次第に迫っているようだ。そこで見逃せないのがプライバシー問題だが、GAFA(Google・Amazon・Facebook・Apple)には既に我々の個人情報が自動的に抜き取られWebやメールには自分の趣味に合う商品の紹介が増えてきた。これを問題視した欧州のGDPAや米国カリフォルニア州のCCPAなどは抜き取った個人情報を本人の許可なく利用した場合に多額の罰金を果たすことにしたが、面白いことにここにはオープンサイエンス論と同じくオープンプライバシー論も出ている。つまり、我々がGAFA等の情報産業から受ける

恩恵がプライバシー侵害による損失を上回り、各個人が自分の個人情報を「情報通貨」として提供する代わりにビッグデータ情報を活用できるということになるらしい。つまり我々は新しい「ポストプライバシー」の時代に突入したのだ。

最後に今後の大予想であるが、私は「科学者フリーエージェント」なるものが台頭してくると考えている。ノーベル賞を取った山中伸弥先生は京大とグラッドストーンに在籍し研究費を日米の両方から取得している。しかし、今や米国NIHや上述したヒト細胞アトラスなどのオープンサイエンスは世界中からグラント申請を可能にしている。日本も最近は国際共同研究型資金も増えてきた。もはや世界規模で研究費を申請できる時代となってきている。そこで見逃せないのが、野球やサッカーなどスポーツの世界では国籍を問わないフリーエージェント選手が既に活躍していることである。これが科学者に起こらないわけがない。優秀かつ高報酬の契約を結ぶことができれば永久所属を持たない研究者がこれから台頭するのは目に見えている。冗談にならないかも知れないが、場合によっては戦力外通告などもあるかもしれない。

藤 淵 航 (京都大学iPS細胞研究所)

特集「バイオインフォマティクスの教育について」

バイオインフォマティクスの教育のために教育を再考する

森岡 勝樹 (理化学研究所 生命医科学研究センター 予防医療ゲノミクス応用開発ユニット)

私は、アカデミアでの研究活動が続ける中でバイオインフォマティクス (以後、生命情報学) の教育のみならず、一般的な教育についても日頃から考え続けてきましたが、特に教育の方法論については、普遍性がないという結論に達していました。普遍的な方法があるのであれば、皆が一樣に学問に精通することができるはずですが、自らの経験に基づく学習のコツや、アドホックな教育論の解説は数多くありますが、多くの場合、学生や指導者への手助けにはなっていないと日頃から感じていました。その理由は、言わずもがな人の多様性にあります。ここ数年の生命科学は、ゲノムの細かい違いが与える表現系への影響が、いかに重要かを知ることができた上で大きな進展があったといえると思います。教育もこの細かいバリエーションから生まれる個人差の影響を受けざるを得ませんが、一方で、社会における教育の受け皿は一側面に偏りがちです。私は、アカデミアの片隅にいる者としてこの教育における不遇を少しでも減らして、色々な個性を受け入れて、そして科学が発展できる環境が生命情報学において

も根付けばよいと考えていました。そこで、ここでは教育とは何かについて私なりに再考して、まとめたものをお伝えしようと思います。ここでお伝えする内容は、安藤寿康氏の「なぜヒトは学ぶのか」¹⁾を参考にしています。

教育の定義

まず、文部科学省では次のように教育の目的を定めています²⁾。

“教育は、人格の完成を目指し、平和で民主的な国家及び社会の形成者として必要な資質を備えた心身ともに健康な国民の育成を期して行われなければならない。”

このように、人格の完成、社会形成者の資質や健康という言葉が教育の目的として用いられています。しかし、例えば、成人を過ぎた大人に教育によって人格の完成が実現できるのでしょうか。初等教育を前提に考えても、人格の完成という言葉は教育の目標や目的として重すぎる、図々しくないかとすら感じていました。また、辞書にあるような教育の定義に関しても抽象的で実現性を感じない言葉が多く、私の中では現実的で適切な教育の定義の必要性を感じていました。安藤

氏の書籍に紹介されているカロとハウザーの定義は、「すでに知識や技能をもつ者が、その知識や技能を持たない学習者がいるときに特別に行う利他的な行動によって、その学習者に学習が生じること」^{1,3}というもののようですが、この定義は、ヒトやサル、鳥などで教育行動を検証する際に利用される作業仮説から生まれた定義に基づいています。辞書の定義よりも現実的で、教育を考える上で必要な言葉が適切に利用されていると考えて、今回この定義に基づいて教育を考えていきたいと思っています。

学習の様式

学習には大きく分けて二つの様式があります。一つは個体学習とよばれる文字通り他の個体に依存しない学習、そしてもう一つは社会学習です。個体学習には、教科書を読んだり自ら進んで授業をうけたりするものは入らず、自然や社会での純粋な経験に基づいた学習による知識の獲得です。一方、社会学習は非自己の介在によって得られる学習機会から知識を得ること全てになります。この個体学習は多くの生命において観察できる現象です。特に群れをなさない動物においては、生きる上で必要な行動の多くは、個体学習から得ています。一方で社会学習は、群れをなす動物において観られる現象であり、その中には共同学習、模倣学習、そして教育学習などが含まれています¹。

実は、社会学習を細分化したことには大きな理由があります。教育学習以外は、ヒトやチンパンジーをはじめ様々な動物で知られている学習様式であるからです。模倣学習は、たとえば鳥の鳴き声です。ウグイスの鳴き声を真似るカッコウやガビチョウを観ると、その学習を観察することができます。チンパンジーの模倣学習の学習は、結果模倣とよばれる学習に特化しており、いわゆる猿真似をしません。チンパンジーは、木の実を割って食べるまでの様々な行動プロセスを完全に真似るのではなく、木の実を食べるという結果だけを模倣学習します。私は、このようなヒト以外の動物の学習行動にインテリジェンスを感じる機会が頻繁にあるのですが、それは動物それぞれに特化した学習様式を観察中に感じているからだと考えています。実は、ヒトの集団内においても学習様式ごとの能力の個体差が観察されることがあります。俗にいう「勉強ができる人」というのは、誰かに教わらなくてもできる個体学習や模倣学習などの教育学習以外の学習能力が他の人よりも優れている人を指しているのです。

一方で、教育学習を行える動物はほとんどいません。ヒトに近い動物であるチンパンジーは現在のところ教育学習が観察されていないことが知られていますが、南アフリカに住むミーアキャットは、血縁のない個体にサソリを捕まえる方法を教育することが知られています⁴。このように利他的な行動による教育活動は、ごく限られた動物が獲得した学習様式であることがわかります。

では、ヒトはなぜ教育学習が必要なのでしょう。我々は

動物全体から考えるとトリッキーな教育という方法を集団に取り入れて学習をしているわけです。この教育による学習が必然的に必要になるのは、例えば、不透明な情報についての学習を必要とする場合に多いように思います。取り扱う情報が大量化した現代では、学習に教育を用いる必然性が増えていると思います。また、世代を経ることや、集団の数なども影響するかもしれません。ヒトは他の動物に比べて成体になるまでの期間が長い点も教育機会の必要性を示唆しています。少し話題が逸れますが、最近、哺乳類以外ではじめて、ヨウムというアフリカ西海岸の森林地帯に分布する大型インコが利他的な行動をすることが報告されています⁵。利他行動は、カロとハウザーの定義にあるように教育に重要な要素の一つですので、ヨウムは教育学習を行う可能性を秘めているのではないかと、私は密かに期待を膨らませています。もしかすると、利他行動が教育学習の獲得の発端になる可能性もあるかもしれません。このように様々な推測が可能ですが、教育学習の必然性やその発生についてはまだまだ研究の余地がありそうです。

学習の様式からみえてくる教育学習のあり方

動物にはいくつかの学習様式があり、その中の教育学習がヒトの学習様式の一つであることを述べてきました。また、それぞれの学習様式ごとの学習効率の個体差は、我々が教育活動を日々行う中で密接に関係しています。私の少ない経験の中でも、実験、数学、英語、プログラミング、運動、健康状態などさまざまな能力差を観察しましたが、それはいくつかの学習に個性と環境が影響を及ぼしていると考えることができます。既に述べましたが、個体学習が得意な人の中には、特段こちらから教育学習の機会を与えることなく、必要な環境を整えるだけでも良い研究を行える人もいます。模倣学習が得意な傾向にある人は、見えるところに良いロールモデルを沢山つくるのが重要かもしれません。手をとってナビゲートする必要のある人には、他の人よりも教育学習のウェイトを増やす戦略が良いでしょう。このように個人の学習特性は必ず違います。この違いを受け止めることは、教育者にとって実践的で必須であるといえます。

一方で、学生や教員が潜在的にもしくは環境的に向いていない学習様式を必要とする研究を選択することもあります。例えば、プログラミングに不向きな人が生命情報学を選択する場合や、実験に不向きな人が分子生物学を選択する場合など、根本的に個人に合わない学習の選択は敷居が高くなります。これを避けるためには、初等教育から続く勉学の期間中に様々な分野の学問に触れることで、自分の学習傾向をつかみ、自分という最高の相棒の動かし方をしっかりと理解して、自らの能力と向き合った上で才能を開花できるように自己のコントロールを磨く必要があるのだと、私自身の学生時代を振り返って思います。教員はそれを踏まえて、学生に合った学習様式を見極めて、教育学習を用いて導く必要があるのだ

と思います。ではその上で、一旦道を選択して踏み外してしまったと感じた時はどうすればいいでしょうか。大学をはじめとする教育機関は、このような場合に備えてたくさんの選択肢を用意できる体制を整えるべきです。研究室の変更、分野の変更などアプローチを変えて何度も挑戦できる環境があれば、今よりも多くの人がある人にマッチした教育を受けることができるかもしれません。

終わりに

教育の場である研究室は、1日の中で家族よりも長い時間を皆で共有している場所です。学生も教員も全てのスタッフが健康で沢山の知に巡り合えるワクワクした場所であってほしいと願うばかりです。夜寝る前に明日を迎えることが楽しみで、朝起きればワクワクして研究室へ向かう。それが学生時代だけの遠い昔になってはいけなくて、学問に関わる全ての人に受け継がれて欲しいと思います。そしてそのアカデミ

アは、常に利他的に学習を支え、学問の上で中立な議論が成せる場であることを望みます。

1. 安藤寿康 (2018) なぜヒトは学ぶのか 教育を生物学的に考える 講談社現代新書.
2. 教育基本法, 第一章, 教育の目的及び理念
3. Caro T.M. and Hauser M.D. (1992). Is there teaching in nonhuman animals? *The Quarterly Review of Biology*, 67, 151-174.
4. Thornton A. and McAuliffe K. (2006) Teaching in wild meerkats. *Science*, 313, 227-229.
5. Brucks D. and von Bayern AMP. (2020) Parrots Voluntarily Help Each Other to Obtain Food Rewards. *Current Biology* 30, 292-297.

バイオインフォマティクス教育のこれからを考える

由良 敬（お茶の水女子大学・早稲田大学）

私は、バイオインフォマティクスは生物学だと考えている。そのため、バイオインフォマティクスという言葉よりも、計算生物学という言葉をよく使う。バイオインフォマティクスは生物学であると位置づけることをわざわざ強調する理由は、科学界におけるバイオインフォマティクスの立ち位置が、どうしても私にはしっくりこないからである。バイオインフォマティクスの人材不足とともに耳に入ってくる風評として、バイオインフォマティクスをやってくれる方がデータ解析だけをして解釈をしないとか、生物学を知らないから意味のない解析をするとかがある。これらの批判はごもっともなところがないわけではないが、現在の細分化された大学教育において、情報科学を理解し、情報解析技術を身につけ、生命科学を理解している人材を養成することは、土台無理であることに起因する。このことを正面からとらえない限り、次世代のバイオインフォマティシャンは絶滅するかもしれない。そもそも求められているいずれの知識能力も、現在の教育カリキュラムにおいて、独立した分野として大学で4年間かけて教育するところである。すべての分野を足し合わせて、多少圧縮しても10年ぐらいはかかることになってしまう。さらには「生命科学」の理解に必要な知識は、毎年のように増大していることを考えると、そのような人材を大学の4年間で育成することは土台無理な話となる。仮にそのような学部学科を設立したとしても、4年間でやるが多すぎて、高校生が魅力を感じてくれることは到底期待できない。

では4年間の教育カリキュラムにどのようにしておさめればよいのだろうか。バイオインフォマティクスの分野で生きていこうとする人材の育成には、学び続ける意思と力をもってもらい必要がある。大学における基礎教養として、微分積分、線形代数、統計力学、分子生物学、世界の歴史、文学は当然必要であるが（この羅列に異議が聞こえてきそうだが...）、その上で生涯自ら貪欲に学び続けることが楽しいと思う力、つまり学問の壁という幻想にとらわれない進取の精神（他分野への関心）と、他人から情報を吸収し、また情報を提供する意思疎通力が不可欠である。大学において、どの学部学科に所属するか問題ではないと思う。生命科学関連の学科に所属するのがよいであろうが、情報科学でもデータサイエンスでも物理学でも化学でも工学でも心理学でも、問題はないと思う。「生物データは汚いからいやだ」という言葉を、現在のバイオインフォマティシャンから聞くことがある。確かにデータの不均一さにウンザリすることはあるが、それを乗り越えて、汚さの中に生物の本質があることを理解できる人材の育成が必要である。それには、貪欲な知識欲が不可欠であろう。なぜそうなっているのかを深く洞察することで、初めて生命現象の本質が見えてくるに違いない。このような人材が育てば、バイオインフォマティクス人材が与えられたデータの解析に終始するのではなく、新しい生物観を切り拓いていくことになると思う。

化学・生命科学におけるバイオインフォマティクス教育

諏訪 牧子（青山学院大学理工学部化学・生命科学科）

バイオインフォマティクス教育を語る際に、生物学の上に情報学を教えるのが良いとか情報学の上に生物学を教えるのが良いという議論が起こります。では両方の習得が不十分な場合はどう考えたら良いのでしょうか？ 本学、化学・生命科学科は正にこのケースです。学生は、大学入試で化学を選択するため基盤は化学であり、大学では物理、情報、プログラミングは殆ど経験しません。また学科の方針が、物理化学、無機化学、有機化学、生命科学の4本柱の教育を目指すため、生物学に関して学習の絶対量が足りません。

2012年度に計算生物学系の研究室を増設することになり、私が採用されたわけですが、最初のミッションは、選択科目「バイオインフォマティクス入門」を開講することでした。上記のような環境で、広範囲なバイオインフォマティクス分野の「どこからどこまで」、「どのように」教えれば良いのか非常に悩みました（教養として難しい理論を教えても頭に残らないでしょう）。ただ、学生は4年次に化学系と生命系の研究室に分かれることを基にシラバスを考えました。まずは最低限の知識としてデータベース、配列解析、タンパク質立体構造解析の話題を配置しました。そして主に化学系学生向けを意識して化合物関連のケモインフォマティクスや、ドラッグデザインの話題を入れた一方、主に生命系学生向けを意識して将来彼らが配属される研究室で行う様々な解析向けに、膜貫通部位予測、機能部位（モチーフ）検索、遺伝子発現解

析の話などを入れました。両方に共通な応用編として、機械学習の話なども入れました。数式は最小限に止めて直感的に判るように教え、とにかく慣れさせるために前半は概論、後半はそれに関連するWEB実習としました。このやり方が良いか否かは不明ですが数年後、生命系の卒研発表で生化学実験結果の他にバイオインフォマティクス解析を加える学生が増えてきたため、ある程度このやり方は成功したのではと感じています。

次に、バイオインフォマティクス技術を使う私の研究室の話も示します。うちでは選択科目バイオインフォマティクス入門を受けていない学生も結構多いのです。従って学部での講義を前提として、最初からガリガリと理論を教えることは、到底無理です。そこで4～5月の間「諏訪研スタンダード」と称し集中的に研修を行い、生物学とバイオインフォマティクスを再教育し、最低限のプログラミング技術（現在pythonを使用）を身につけさせます。後は各自のテーマを決め、個別に議論しながら徐々に進めて行きます。

さて、以上のような経験談をもしまとめるなら、「バイオインフォマティクスでは明確な標準型は作れない。学部、学科、さらに学生の性格ごとに異なる内容にせざるを得ない」ということになってしまいますが、ただ、やはりそれが効果的であるように思えます。

ドライとウェットを区別せず上手く使いこなせる人材の育成

佐藤 健吾（慶應義塾大学理工学部生命情報学科）

私が所属する慶應義塾大学理工学部生命情報学科は、ヒトゲノム解読完了が間近に迫る2002年に新設されました。この時はまだ「生命情報」という言葉はあまり広く知られておりませんでした。当時の安西祐一郎学部長の強いご意向により「情報」という言葉を学科名に付けたと伺っております。

生命情報学科の新設にあたり掲げられた教育の基本方針は、「生物」「化学」「物理」「情報」を高いレベルで万遍なく習得させることであり、これは現在でも変わっておりません。生命情報学という融合分野を発展に導くためには、これらの学問すべてに精通する人材を育成する必要があると考えているからです。

我々の学科の特長は、分子生物学などのウェット実験とバイオインフォマティクスのためのプログラミングを含むドライ実習を両方とも必ず経験することです。（今ではそれほど珍しことではないかもしれませんが、学科新設当時は画期的

だったと聞いています。）当然、学生たちはこれらの背景となる座学の講義も数多くこなしており、相当ハードな日々を過ごしています。個人個人で得意不得意はあっても、ドライとかウェットとかの区別は彼らの中ではもはや無意味なものとなっています。

我々の学科では、私が所属している情報系研究室も簡便ながらウェットの設備を持ち、次世代シーケンサーを用いた実験をサンプルの調製から行うことができます。逆に、昔ながらの発生生物学を研究している生物系研究室も当然のようにRNA-seqによる遺伝子発現の情報解析をしています。おもしろいのは、それぞれの教員は逆の分野に精通しているわけではなく（情報系の先生はウェット実験技術の細かいところはよくわからないし、生物系の先生はプログラミングとかアルゴリズムとかまったくわからない）、学生が両方を把握して研究を進めていることです。彼らはデータがどのような目

的のためにどのような過程を経て生成されたかなど生物学的な意味を理解し、適切な解析アルゴリズムを選択して正しく結論を導くことができます（もちろん全部を完璧にできるわけではありませんが）。つまり、学問分野の融合という意味では学生たちはそれぞれの指導教員を完全に超えているのです。教育機関としての大学の目標の1つは指導教員を超える

人材を育成することですから（そうでないと学問は発展しませんよね）、冒頭で紹介した我々の学科の教育方針は多分正しく機能していると思っています。そして、彼らのようにドライとウェットを区別せず上手く使いこなせる人たちが今後のバイオインフォマティクスおよび生命科学を支えていくと確信しています。

バイオインフォ教育の実務に携わってきた一兵卒の私見

門田 幸二（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プログラム（通称：アグリバイオ）」は、JSBi元会長である清水謙多郎先生が中心となって2004年に立ち上げた、大学院向けの教育プログラムです。「バイオインフォマティクス教育」でググると、おそらくどの検索エンジンでもトップヒットとなっているようです。これはひとえに、清水先生をはじめとする多くの兼任教員の先生方や常勤教員の寺田透先生らの長年にわたるご尽力の賜物です。バイオインフォ教育には大学院生の研究指導や講義が含まれると思いますが、近年のアグリバイオの活動は後者がメインになっています。これは、全常勤教員数に占める一兵卒である私の割合が相対的に高くなっていることに起因します。

アグリバイオの特色は、100台近く所有するノートPCを貸与して行う大規模なハンズオン講義です。しかしながら、100名を超える受講人数規模（2012年頃～）になると、講義補助や補助要員の確保、持込PC・貸与PC・ネットワークの不具合対応、様々な問い合わせや質問対応などで…疲弊します。この状況は2015年にピークに迎え、それと同時期に積極的な宣伝活動をやめたおかげで、受講人数は抑えられています。アグリバイオの標準授業時間（17：15-20：30）が、2018年に成立した「働き方改革」にそぐわないという側面もあるかと思います。また、時代はハンズオン講義ではなくe-learningだから（ネット上の情報でどうにかなるから）では？という考え方もあるかもしれません。

私は、これまでほぼ全ての講義・講演資料を公開してきました。元々は東京近辺以外の居住者など、講義に出席できな

いヒトに対しても平等に教育機会を与えたいという理由からでした。しかし近年はそのモチベーションが、「わざわざ講義に出席するのがばかばかしいと思えるほど詳細かつ丁寧な講義資料を公開することで受講人数を抑えたい」へと大きく変わっています。受益者にとってのメリットが下がることなく、アグリバイオ本体の安定的な運営にコミットするものであり、2018年より本格的に実践しています。

e-learningは、講義の枠組み（特にアグリバイオの受講人数規模）では実施が極めて困難なLinux環境やクラウド環境でのデータ解析をも可能にします。私主導の他のアウトリーチ活動としては、実践的なデータ解析に関する日本乳酸菌学会誌の連載（2014年～）が挙げられます。これは、上記思想が色濃く反映されたe-learning教材であり、バイオインフォ教育も全体としてはこのような形態に移行していくのがよいと思っています。

しかしながら、現実のハンズオン講義に対する需要は決して少なくありません。2019年2月にRのハンズオン講習会を実施しましたが、希望者が120名に達した段階で申込期限を待たずに打ち切らざるをえませんでした。アグリバイオの実績に対する期待はまだまだ大きいと感じていますが、所有するノートPCの劣化問題や人員不足に対する現実的な対策もとらねばなりません。アグリバイオでは、2018年よりフィールド（圃場）系の教員である大森弘良先生を迎え、活動範囲を広げています。アグリバイオは、実学に重きをおいた実践的な基礎教育を掲げています。これまで同様、可能な範囲で期待に応え続けていくのが我々の使命だと思っています。

イノベーションの共創の場作りを支援する遠隔講義「計算生命科学の基礎」

森 一郎（神戸大学大学院科学技術イノベーション研究科先端医療学分野）

「計算生命科学」は、計算科学（シミュレーション、情報処理、AI、ディープラーニング等）と医農理工分野が融合した学際的研究領域で、多様な異分野研究が混じり合う“学術のつば”とも言える。この領域からアカデミア・産業界のイノベーションが今や次々と起こされている。

バイオインフォマティクスをはじめ、多くの科学分野はますます高度化・精緻化し、個々の研究開発者は深い専門分野の知識を得て理解することが求められる。一方、他分野との接続・融合によってイノベーションを生み出すためには、異分野研究や科学研究分野全体の進展や産業の動向を俯瞰・把

握することも増々求められる。それゆえ、今の時代は一つの専門性を深く熟知するI型人材も必要であるとともに、異分野・異業種の研究開発者とのコミュニケーション・共創活動が円滑に行い、イノベーションの推進力となる専門性と全体俯瞰力を持ち合わせ持つT型、2つの専門分野を合わせ持つ π 型、そして2つの専門分野を紡ぎ合わせるH型等、多様な人材が必要とされる時代となっている。

このような背景から、2014年から神戸大学計算科学教育センターはJSBiを含む関係諸機関と協力して計算生命科学分野人材の底上げを図る目的で、インターネット配信による遠隔講義「計算生命科学の基礎」を入門的・基礎的知識を提供する場として毎年15回の講義プログラムとして無料で配信している。初年度は260名程度であった受講登録者数は、2017年以後は700名前後となり、毎回の講義には150-250名が受講している。配信方法や内容の詳細については「計算生命科学の基礎IV・V」開催報告書 (<http://www.eccse.kobe-u.ac.jp/news/content.html>) をご覧頂きたい。

この遠隔講義では、計算生命科学について研究分野を問わず大学生以上に対してわかりやすく、バイオインフォマティクス、生命科学系データベース、統計学、およびシミュレーション科学、そしてAIやディープラーニングの活用等と多岐にわたる入門的な講義を配信している。異分野の接点や融合研究の面白さを感じ、将来この学際的研究領域で活躍する人材を少しでも増やすことを目的としている。近年では高等専門学校からの受講も増えており、研究開発キャリアの早くからこの領域に関心を持つ若手が増えることは大変うれしいことである。

さらに、企業からの受講者数は全体の5割を超えている。創薬や医療分野の内容に特化し、生命科学分野の最先端で活躍する著名な講師陣による最新の情報を提供、インターネットへの接続環境があれば、オフィスのPCや外出先のスマー

トフォン等で受講可能である。場所にかかわらず、基礎から応用までの幅広い講義内容、研究開発のヒントが得られる研究の最先端の事例、研究現場の生の情報に触れることが出来、仕事に直結する内容が含まれる。このため、学び直しや異分野研究の基礎的理解を目的に、研究者のみならず企業の事業開発担当者も多く受講している。このプログラムに参加した企業に数社面談したところ、都市部からはなれた研究所でも遠隔で多くの研究者の受講が可能であり、またある製薬企業の研究所では、異分野の研究理解を深め企業内での研究者間のコミュニケーションの向上、ひいては業務の効率化につながっている等のコメントも頂いている。

また、遠隔講義「計算生命科学の基礎」は、計算生命科学分野の発展に必要な多様な人材（I、T、 π 、H型人材）の底上げに有効で、AI、ディープラーニングの応用人材の育成にもつながる。LINC(ライフ インテリジェンス コンソーシアム)では、IT系企業と製薬系企業との協業により、AI創薬技術の研究開発が進められているが、そのような場でも両異業種の研究開発担当者同士が専門用語を理解し、コミュニケーションを図るための入門の場としても大いに活用できるプログラムだと考える。

この遠隔人材育成プログラムでは、多くの連携機関そして講師の方々のご理解とご協力により講義内容を多様化し充実することが可能となった。その結果、全国からの多くの多様な受講者の参加に繋がり、バイオインフォマティクス人材のみならず、その人材を取り巻くイノベーションの共創の場作りにも貢献できていると考えている。つまり、多様な機関の連携が功を奏した一つのモデルケースと言える。2020年度も連携機関のご協力を得ながら10月開講の予定で、この遠隔講義プログラムが組織連携型による新しいの教育活動のご参考にもなればと思う。

“バイオインフォマティクス”の普及～KOSENから社会へ～

池松 真也（沖縄工業高等専門学校・JSBi沖縄地域部会長）

【沖縄県とバイオインフォマティクス】

平成20年（2008年）度に沖縄県が他府県に先駆け“次世代シーケンサ”を3台導入した。私も当該事業に参加させていただき、この最先端の機器を沖縄高専の教育にも導入したいと考え、沖縄県や沖縄科学技術大学院大学（OIST）と連携し、超高速シーケンサと連動するバイオインフォマティクス人材育成事業の立ち上げと沖縄高専学生への啓蒙を行った。教育の一つの指標として「バイオインフォマティクス技術者認定試験」があったが、試験会場は全国に5か所ほどしかなく、学会と交渉し沖縄地域部会を新設していただいた。この地域部会新設には沖縄県の多大な支援があった。当初、琉球大学

が試験会場となっていたが受験者の大半が高専生であったことと移動手段が限定されていたという沖縄独特の事由から沖縄高専に試験会場が変更となり、多い年は全国で3番目になるほどの受験者が出るまでになった。（詳細は「BIO GARAGE05～07」参照）

【沖縄高専とバイオインフォマティクス】

沖縄高専では、H20から私の担当する「生化学」、「遺伝子工学」、「バイオテクノロジー」、「代謝生化学」などの授業にバイオインフォマティクスの紹介や説明を導入した。特に「遺伝子工学」で講義したことを「遺伝子工学実験」で実際にマウスから臓器を取り、RNAを抽出し、遺伝子を増幅し、塩

基配列を解読するという授業を実施し、対象を乳酸菌などに変化させながら、40人の学生が一人一人バイオインフォマティクスに触れるように努力した。一方、専攻科全コース対象の「バイオテクノロジー」でも乳酸菌でヨーグルトを作製する中で沖縄の自然界から乳酸菌を単離し、ゲノムを解読するバイオインフォマティクスの過程を説明することで生物資源工学コース以外の学生も生物的情報学の有用性に気づき、興味を持つように努力した。ここで興味深いことは、生物系学生と情報系学生のどちらに教育する方がより早く技術者認定試験に合格するか？ということである。不思議なことに一番早く最年少合格したのは生物系学生であった（高校3年生相当であったが、実は3年次に（高専は5年一貫教育）情報通信システム工学科から生物資源工学科に転科していた！）。情報系学生に尋ねると「もともと生物分野に興味がないから情報通信システム工学科を選んだんです。いくら頑張ってもDNAとか細胞とか頭に入ってこないんです。興味ないから！」グサッと胸に刺さる一言。一方で、生物資源工学科の学生の中には、意外とパソコンおたくが居て、IT系のことを学習するのにストレスがないようであった。高専では全学科で低学年からプログラミングが必修であることも大きかったかも知れません。

【企業人（社会人）とバイオインフォマティクス】

技術者認定試験勉強会が沖縄高専から琉球大学に拡がり、

受講者の中からJSBi2019年会優秀口頭発表賞を受賞する琉大生（琉球新報190923；22面）も出ました。これまでの経験を基に沖縄県から「健康・医療産業における情報技術活用促進事業」を受託し、企業の方々にバイオインフォマティクスを教育していく。リバネスと共に令和元年度から3年間の予定である。ここでの難問は受講される方々の基礎知識がバラバラであること。これをクリアすることの難しさを実感する一年目となった。どのような有効な手段があるのか？“e-Learning”、“基礎テキスト”など思いつくものもあるが、どれも時代の進度に追い抜かれていきそうである。基礎知識の「平準化」が重要なキーワードになりそうである。

【最後に】

最後に「高専＝KOSEN」となり、一つの教育システムとして日本からアジアの国々へ輸出されるようになってきた。ニュースでも取り上げられているように、既にモンゴル、タイ、そして、ベトナムにKOSENがつけられている。これら海外のKOSENでもバイオインフォマティクス教育が求められることは必至であると考えます。今回の事業でJSBiの協力を得て、初歩でも良いので一つの教育システムを作り上げることができれば、それはアジアのスタンダードとして普及していくかもしれない。残り2年間、多くの方々のご意見をいただけますようお願いして筆をおきます。

データベースの「いろは」を知る～AJACS講習会～

箕輪 真理（情報・システム研究機構 データサイエンス共同利用基盤施設 ライフサイエンス統合データベースセンター）

統合データベース講習会AJACS（「あじゃっくす」と読みます）（<https://biosciencedbc.jp/event/ajacs/>）は、これからデータベース（DB）を生命科学の研究に役立てたい、とか、今までなんとなく利用していたけど、もっとDBやツールを上手に使いたい、といったDB初級者向けの無料の講習会です。科学技術振興機構バイオサイエンスデータベースセンター（NBDC）とライフサイエンス統合データベースセンター（DBCLS）が共催して、年4～6回程度、NBDCや全国各地の大学や研究機関を会場として、これまで80回近く開催しています。「統合DB事業」の普及活動の一面もあるので、NBDCやDBCLSの活動内容の紹介や、そもそもDBをどうやって探す、といったイントロから始まり、その他は、受け入れ機関とご相談しながら講習メニューを決めて実施しています。人気があるのは、塩基配列解析ツール、発現データ解析ツール、NGS関連DB（ちょっと解析も）、文献情報サービスといったところですが、パスウェイ解析やメタボローム、メタゲノム解析などにもリクエストがあります。ほとんどの講習の様子は統合TV（http://togotv.dbcls.jp/ajacs_text.html/）で資料とともに公開していますし、講習会の資料も

各回のAJACSのページからまとめて公開されていますので、講習を受けた人は振り返りに、参加できなかった人は自習に使えます。（統合TVについては、講習会以外にウェブサービスやツールの使い方の動画もたくさんあります。）

NBDCやDBCLSでそれぞれのDBやツールを自ら開発している担当者が講習を担当することが多いので、マニアックな解説がある一方で、受講者から開発のヒントをもらうこともあるのが、とてもいい循環を生んでいると個人的には思っています。なので、今後参加してみようかなと思われる方、どんどん質問してください。私自身は講師としては、最初のイントロ部分を担当しています。統合DBの活動そのものの話などは実際のデータ解析とはあまり関係ないようなものと思いますが、これまでのDBがなぜ使いにくかったのか、どういうDBが良い（利用しやすい）DBか、といったことを理解していただくと、のちにDBを作る側になったときに役立つという点で、DBの利活用につながると思っています。

2012年度以降、AJACS講習会では受け入れ機関を募集するようになりました。2020年度の募集も3月8日まで実施していました（<https://biosciencedbc.jp/event/ajacs/application/>）。

AJACS講習会はDB初心者を対象としていることから、おそらくこの記事を読まれる方自身はすでに知っていることばかりかもしれませんが、受け入れ機関となって研究者（の卵）をサポートしていただくことはバイオインフォマティクス分野を育てていくことにつながると思います。次回の応募をご検討ください。

最後に、つい先日公開された「バイオインフォマティクス

関連の無料講習会」というNBDCのブログ (<https://biosciencedbc.jp/blog/20200117-01.html>) では、AJACS講習会以外にも様々な講習会が紹介されています。こちらも参考に、いろいろな機会を活用してスキルアップしていきましょう。その中で、AJACS講習会もお役に立てるよう、これからも工夫していきます。



DBCLSメンバーによる講習の様子



Oxford Journals - JSBi Prize受賞報告



Prediction of regulatory mechanisms of gene expression at the epigenetic, transcriptional and post-transcriptional level

VANDENBON Alexis (Institute for Frontier Life and Medical Sciences, Kyoto University)

First, I would like to express my gratitude to all members involved in the organization of the JSBi. I feel truly honored to receive the Oxford Journals - JSBi Prize for my research of regulatory mechanisms of gene expression. I also want to thank Prof. Kenta Nakai, and my current and former colleagues and collaborators for doing

research together. I would like to use this opportunity to briefly introduce the background of my work, and finish with two important lessons that I learned.

I was already fascinated by the regulation of transcription when I was an undergraduate in Belgium.

Ultimately, all the information needed for regulating gene expression is encoded within the genomic sequence, so - once we crack the sequence's code - we should be able to predict epigenetic, transcriptional, and post-transcriptional regulation simply from sequence. The quest to crack that code always seemed like an attractive challenge to me. This was my research topic as a Ph.D. student in the lab of Prof. Nakai in Tokyo University, as well as when I was working in Osaka University, and now in Kyoto University.

Naturally, some of my attempts were more successful than others. It took me years to realize that the data which we bioinformaticians use to apply our methods on is often strongly flawed by technical biases, so-called batch effects. With the advent of single-cell data analysis, batch effects are getting more attention now, but just a few years ago many bioinformaticians were not familiar with this phenomenon, or were ignoring it (see for example¹²). Now I know that several of my attempts to predict gene expression from sequence failed because of these technical biases in the data. Our lack of attention for batch effects is probably also one cause of the “replication crisis” in science.

One field where the problem of batch effects continues to be ignored is the field of regulatory network prediction. Over the years, an enormous collection of gene expression data has accumulated. This data holds a great promise for the prediction of regulatory networks: more data should result in more accurate gene-to-gene co-expression estimates, which are often a starting point for network inference. However, this data also presents a great challenge: it is very hard to merge large numbers of datasets that were produced by different labs under different conditions, because batch effects are overwhelmingly strong. In one collaboration we showed that batch effects cause extreme correlations to appear in data, resulting in generally low quality of co-expression estimates³. Bioinformaticians should pay more attention to batch effects if they want to leverage the large amounts of data in their future analyses.

Histone modifications are another mystery to me. Since around 2005, ChIP-seq technology has allowed researchers to estimate histone modifications on a genome-wide level. Soon it became widely accepted that genes can only be transcribed when certain activating histone markers are first established in their enhancers, promoters and gene

bodies. But is this view correct⁴? In a recent study, we focused on the rapid changes in transcription and histone modifications in response to a stimulus⁵. We found that stimulus-induced genes can be transcribed even *before* “activating” histone modifications are established at their regulatory regions. Different histone modifications appeared at different specific times after stimulation. There is certainly a correlation between gene expression and histone modifications, but the timing of events suggests that causality is more complicated.

While conducting these and other projects, I certainly learned many things in the fields of bioinformatics, machine learning, statistics, and immunology. But some of the most important lessons were not directly related to science. One is the importance of saying “no” to some collaboration requests. From a bioinformatics viewpoint some projects are more interesting, more stimulating, and more fun than others, and time is limited. If you accept an uninteresting collaboration, it will take away time from other projects. It is better to politely say “no” in the first place.

Secondly, because many of my projects are collaborations with immunologists, I realized the importance of finding good collaborators. Some wet-lab biologists treat bioinformatics as nothing more than a small appendix to add at the end of their paper. Others realize that bioinformatics can play a more crucial and central part in their research. They will contact you early in their project, and want to hear your opinion about experimental design, how to avoid batch effects, what sample size to use, etc. I strongly recommend you work with this latter kind of biologists.

I would like to thank again JSBi and everyone who has contributed to my work.

References:

1. Lin, S. *et al.* Comparison of the transcriptional landscapes between human and mouse tissues. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 111, 17224–17229 (2014).
2. Gilad, Y. & Mizrahi-Man, O. A reanalysis of mouse ENCODE comparative gene expression data. *F1000Research* 4, (2015).
3. Vandenbon, A. *et al.* Immuno-Navigator, a batch-corrected coexpression database, reveals cell type-specific gene networks in the immune system. *Proc.*

- Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 113, E2393-E2402 (2016).
4. Henikoff, S. & Shilatifard, A. Histone modification: Cause or cog? *Trends Genet.* 27, 389-396 (2011).
5. Vandebon, A., Kumagai, Y., Lin, M., Suzuki, Y. & Nakai,

K. Waves of chromatin modifications in mouse dendritic cells in response to LPS stimulation. *Genome Biol.* 19, 138 (2018).



2019年日本バイオインフォマティクス学会年会・第8回生命医薬情報学連合大会 開催報告

大会長 山田 拓司（東京工業大学生命理工学院）

本年度の年会は2019年9月9日から11日まで、東京都目黒区の東京工業大学大岡山キャンパスにて開催されました。

本大会は2012年から生命医薬情報学連合大会として開催されてきました。第8回目となる今回も昨年に引き続き日本バイオインフォマティクス学会（JSBi）と日本オミックス医学会（旧日本オミックス医療学会）の2学会合同大会として共催となりました。初日から大きな台風に見舞われ開催時間が遅れるなどの混乱がありましたが、運営スタッフならびに早くから来場頂いた一般参加者のご協力の元、会をすすめることができました。最終的には410名を超える参加者にご参加いただき、大変盛況な会となりました。また、スポンサー企業として22社様にご参加いただき、そのスポンサー企業からの参加者の方も考えますと、さらに110名ほどが現地にご参加いただけたと考えております。ひとえにプログラム委員をはじめとする運営に関わってくださった皆様、会のスポン

サーとなってくださったさまざまな企業・団体の皆様、そして台風の中足を運んでくださった参加者皆様のおかげです。この場を借りて厚く御礼申し上げます。

本大会はJSBiとしては、20周年の大きな節目でもありました。学会発足から今日までに、バイオインフォマティクスという学問分野は配列解析を礎に多くの領域へと広がっており、今日の生命科学においてバイオインフォマティクスは切り離せない側面になっています。本会でも基礎研究から応用研究まで、配列解析から機械学習、医療分野、質量分析など幅広い分野の発表がありました。

ポスターセッションには89演題が発表されております。例年同様、それぞれのポスターにおいて活発な議論が展開されておりました。口頭発表は16演題であり、こちらも多くの参加者にお集まりいただきました。最終的に優秀口頭発表賞を

4件、優秀ポスター賞を5件、プログラム委員による選考の上、表彰いたしました。

JSBi会員から提案を頂いたBoFセッション6企画は、メディカルインフォマティクス、質量分析データベース、データ解析ワークフロー、そして数理モデル研究とこれまた幅広い分野となりました。

招待講演には初代JSBi大会長の金久實先生より、KEGGデータベースの歴史や今後のさらなる展開をご紹介いただきました。KEGGは2020年で25周年となる世界的にも非常に評価の高いデータベースであり、データベースの価値を継続することの意義と難しさを感じることができました。

また、EMBL HeidelbergのPeer Bork先生は近年研究の盛んな腸内細菌や海洋データに関するメタゲノム解析など、大規模データを共同研究チームで構築し、そして解析を行う数多くのプロジェクトを紹介いただきました。異分野融合が重要視される今日において、それを実践している事例であり、参考にするべき点が多くある質の高い研究でした。また、JSBiおよびバイオインフォマティクス分野に多大な貢献を与えた名誉会員講演として、後藤先生、江口先生にもご講演いただいております。

オミックス医学会との連合セッションでは令和元年度から保険適用が始まったゲノム医療に関連して、非常に重要なゲノムデータの標準化についてセッションが組まれています。BoFにおいてもメディカルゲノム分野は企画されていたように、本分野は実際の医療現場に直接つながる分野であり、バイオインフォマティクスの一つの出口として今後も注目をす

べきです。

本会では「社会と融合する学問」をテーマに挙げていました。バイオインフォマティクスはすなわち生命科学から得られたデータを解析し、解釈する学問です。そこで得られた知見は学術分野にとどまらず様々な分野へと応用が可能です。また、他の分野での知見も貪欲に融合するものです。本会では例年のキャリアパスセッションにくわえ、MeetUp cafeと題して、多くの企業の方と学生・研究者が直接テーブルを挟んでお互いを紹介する機会を作りました。学生からは実際に企業の現場でどのような業務が行われ、どのような人材が求められているのか、企業側は実際に解析ができる人材と直接話しをする機会になったのではないかと考えております。このような機会は今後も学会として提供できるのいいのではないのでしょうか。

毎年恒例の一般公開講座では、「腸内環境に関する通説に科学的根拠はあるのか」というテーマで一般に広く考えられている俗説が学問的に本当になのかを専門家に確認してみる、という試みをしています。学術界と市民がつながる一助になったのではないかと考えております。

最後に、東京工業大学山田研究室のスタッフ・学生の皆様には多大な協力をいただきました。また、素晴らしい発表をしてくださった招待講演の先生方をはじめ、すべての発表者・スポンサーの皆様に、この場を借りて、重ねてお礼申し上げます。

国際会議参加報告

ISMB/ECCB 2019

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

第27回Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology(ISMB)と第18回European Conference on Computational Biology(ECCB)との連合大会ISMB/ECCB2019が2019年7月21日から25日にスイス・バーゼルで開催されました。本連合大会は、2年に1回開催されており、バイオインフォマティクス分野の最高峰の学会となっています。

本連合大会の基調講演は、Nikolaus Rajewsky氏 (Max-Delbrück-Centrum, Germany)、William Stafford Noble氏 (University of Washington, USA)、Alexis Battle氏 (John

Hopkins University, USA)、Christophe Dessimoz氏 (University of Lausanne, Switzerland)、Bonnie Berger氏 (Massachusetts Institute of Technology, USA) という、最前線で活躍する研究者によって行われました。Berger氏の講演では、今後も蓄積していくであろう医学ビッグデータを如何に安全に共有して解析するかという課題について、最新の取り組みが紹介されました。

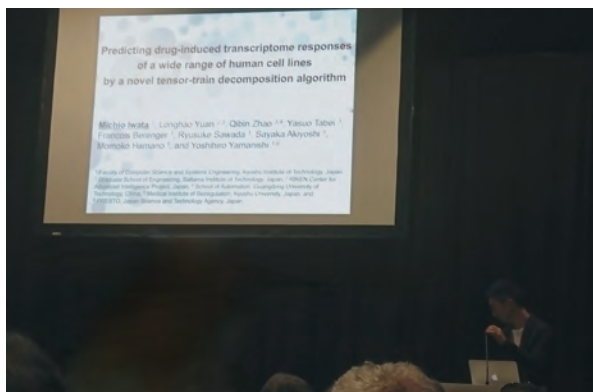
ISMB/ECCBは、これまで、学会全体として研究分野ごとの論文審査が行われてきましたが、近年では、Communities

of Special Interest (COSI) と呼ばれるコミュニティの役割がより重要視されています。COSIとは、共通の研究分野に関心がある研究者が集い、議論を深めるための枠組みであり、COSIが主体となって論文審査、研究発表、およびCOSI内での基調講演が行われます。また、学会参加者は、関心があるCOSIを示すシールを名札に貼ることで、コーヒープレイクなどの間にも、COSIを参考に研究者交流を図ることができるようになっています。

私は、「TransMed」のCOSIにおいて、多様な細胞における薬物応答遺伝子発現を高精度に予測する新技術開発についての口頭発表 (Proceeding Track; Iwata et al., Bioinformatics, 2019) と、生体分子ネットワークの機能モジュールであるパスウェイの制御に着目する新しい創薬手法の発表 (Abstract Track; Iwata et al., J. Med. Chem., 2018) を行いました。

Proceeding Trackは、論文を学会に投稿し、審査を通れば、Bioinformatics誌への論文掲載、および、学会での口頭発表の機会が与えられるというものです (2019年の採択率: 18%)。Abstract Trackは、Highlight Trackの後継に相当し、学術論文誌で最近発表した論文の内容を発表する機会が与えられるシステムです。溢れんばかりの聴衆の前での口頭発表は新鮮で、有意義な意見交換ができる場となりました。一部の口頭発表は、ISCBの公式YouTubeで公開されていますので、是非ご参照ください。

次回のISMBは2020年7月12日から16日にカナダ・モントリオール、ECCBは2020年9月5日から9日にスペイン・バルセロナ、連合大会ISMB/ECCBは2021年7月11日から15日にフランス・リヨンで開催されます。是非この機会にご参加されてみてはいかがでしょうか。



口頭発表の様子



学会の様子

Metabolic Pathway Analysis 2019 (MPA2019)

田村 武幸 (京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター)

2019年8月12日から16日までラトビアの首都リガで開催されたMetabolic Pathway Analysis 2019 (MPA2019) という国際会議に参加してきました。ラトビアという国は日本ではあまり馴染みがないかもしれませんが、リトアニア、エストニアとともにバルト三国と呼ばれ、かつては旧ソビエト連邦の構成国であったものの、今ではEUに加盟して通貨もユーロが使われています。

MPA2019では代謝ネットワークの構造解析、一次代謝と二次代謝のパスウェイ、合成生物学、システム医学を志向した数理アルゴリズムとソフトウェアに焦点を当て、46件の口頭発表と70件ちかいポスター発表が行われました。

この会議の特徴は、ゲノムスケールの代謝ネットワークの数理モデルに流束均衡解析 (Flux Balance Analysis: FBA) や基準モード等のフローモデルを用い、かつ遺伝子、タンパ

ク質、反応の関係はブーリアンモデルを用いて解析することです。研究内容を大別すると、(1) 詳細な生物実験のデータや知見に基づき数理モデルを改良するアプローチ、(2) シミュレーションに基づきシステム医学や代謝工学における新規的な戦略を発見するアプローチ、(3) 効率的なアルゴリズムやソフトウェアの開発により計算可能な範囲を広げるアプローチ等があります。

なおMPAは隔年開催で、同じくFBAに主眼をおくConference on Constraint-Based Reconstruction and Analysis (COBRA) という会議と交互に開催されます。COBRA2020は今年の5月18日から20日までイスラエルのテルアビブで開催されます。直近のMPAとCOBRAでは日本からの参加者は私のみでしたので、JSBi関連の方で御興味があれば是非参加して頂ければと思います。



エクスカージョンではソ連時代の地下核シェルターを見学。ガスマスクを装着した参加者達。



バンケットでの様子。

第68回米国人類遺伝学会年会

清水 厚志（岩手医科大学 医歯薬総合研究所 生体情報解析部門）

日本バイオインフォマティクス学会会員の皆様へ。

少し前の話になりますが、昨年2019年10月15日から19日までの1週間、米国ヒューストンで開催された第68回米国人類遺伝学会（The American Society of Human Genetics; ASHG）年会に参加してきましたのでこの場を借りて報告いたします。

米国人類遺伝学会はヒトの疾患と遺伝を対象とした学会で、年会では遺伝性疾患のケースレポートや、単一遺伝性疾患の連鎖解析、NGSを用いた網羅的ゲノム解析やオミックス解析、多因子疾患を対象とした全ゲノム関連解析（Genome-wide association study; GWAS）、疾患モデル生物の解析、さらには遺伝に関する倫理的な課題、人類史、そして生体情報を対象としたバイオインフォマティクスの手法開発に関する研究についても発表されます。

私は学位取得の後、1990年代の終りごろに慶應義塾大学医学部分子生物学教室の故清水信義先生のラボに所属し、当時最終段階にあったヒトゲノム計画のゲノムデータ解析を担当しました。ヒトゲノム計画（HGP）が終わり、少し落ち着いた2002年の第52回年会から清水信義先生の要請により参加を始めました。当時は遺伝性疾患の原因遺伝子をHGPの成果を利用して連鎖解析により同定する研究が花盛りで、私も日々患者さんと健常対象者さんのゲノム配列をマルチプルアライメントと目grepで比較していました。結局当時は対象疾患の原因を同定することができず、一昨年になって他の研究グループからイントロンの繰り返し配列が原因であるとわ

かったときは悔しい思いと共に当時の解析技術の限界を超えていたと腑に落ちる思いでした。それから20年近く経ち、読者の若い研究者の皆様からすると当たり前かもしれませんが、当時は夢にも思わなかったヒト一人の全ゲノムを解析することが簡単にできる時代がやってきました。そんな時代のレポートです。

ASHG年会の参加者ですが、最近では8千人規模の巨大な年会となり、発表もパラレルで行われるので一人で参加すると興味のある発表を見逃してしまいます。そこで、私の研究室では複数名で参加して、分担聴講し、Google Driveでリアルタイムで書き込みをするという方針にしています。どの発表を担当するかは手揚げ式にしていますが、私は倫理的課題とマルチオミックス解析、polygenic risk score (PRS) の発表を中心に参加・聴講しました。

ASHG年会では毎年倫理的課題のワークショップが設定されています。ワークショップ（WS）では参加者が6、7名ずつラウンドテーブルを囲んで、スタッフから提示される課題について熱く議論し、グループとして意見を取りまとめます。こういう形のWSは日本ではあまり見ませんね。今回は遺伝情報の取り扱いに関するWSで、会社は雇用者の遺伝情報を雇用と決める際に使ってよいのか？治療可能な家族遺伝的リスクを知りたいのか？などの比較的倫理観が固まってきた課題で開始し、その後に女性のアスリートの性染色体検査についての要否、犯罪者を探す際にゲノムデータを使ってよいのか、誘拐された子供がどこかで生んだらしい自身の孫と思われる

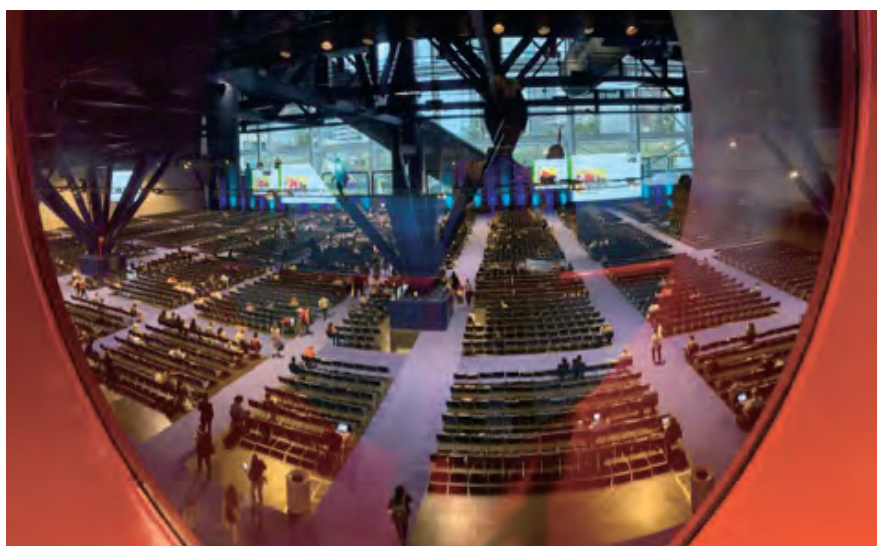
子の遺伝子を自分の孫かどうか確認するために調べて良いか等、すでに目の前に来ているゲノムデータの利活用とハンチントン病で著名なNancy Wexler 博士からの議論である「知らないでいる権利・知らされない権利」について臨床遺伝専門医や遺伝カウンセラーの方々と熱い議論をしました。皆さんもなにかの折に考えてみてください。

マルチオミックス解析では同一個人のゲノム、エピゲノム、トランスクリプトーム、メタボロームを組み合わせた解析研究の報告が多数ありましたが、まだゲノムの座標に基づく一塩基解像度の研究に落とし込むのが主流でデータを活かした研究はこれからという印象を持ちました。僕自身は機械学習は専門ではないのですが、NGSや脳画像データなどの大規模な多層のデータを網羅的に解析するにはハードウェアの方が力不足なのかと感じました。

大規模GWASからPRSへの流れはこの1,2年の主流であり、多数の発表がありました。規模としては数十万人のゲノムデータの発表があってもそろそろ驚かなくなりました。一方

でGWASをしたらPRSだよね、という感じで皆、PRSでリスクモデルを作っていますが、gene regulatory networkやgene ontologyと組み合わせてPRSを解釈する試みや、シミュレーションデータを用いてある2名の組み合わせから生まれてくる子供の表現型の分散を見る研究などがありました。PRSは単一（あるいは少数）の多型から作られたモデルよりも予測精度が高いため、今後多因子疾患なども倫理的課題の検討が必要となりそうです。

最後に。今回のASHG年会では遺伝統計やバイオインフォマティクスが今後の医学研究に必須であると再認識できました。しかし、医学分野でバイオインフォマティクスの素養のある研究者の人材不足が問題となって、そろそろ20年が経ちますが未だに解決されていません。その大きな要因としてキャリアパスの不確実さが挙げられると思いますが、医師やウェットの研究者主導の研究の解析を担当するのではなく、バイオインフォマティクスの知識のある研究者が研究デザインの段階から参加することで活路を見いだせると思います。



地域部会・公募研究会の活動報告

北海道地域部会

遠藤 俊徳（北海道大学 大学院情報科学研究院）

公益財団法人 北海道科学技術総合振興センター（ノーステック財団）医療関連新事業創出プロジェクト運営事業と共催でBI LAB人材育成講座（全5回）を開催した。BI LABは札幌を中心とする産学官連携の試みで、BIOとITの融合による事業創出を目指し、令和元年10月に発足。人材育成講座の概要は以下の通り。日時：11月21日～12月19日の毎週木曜

夕方18：30～20：30、場所：JR札幌駅から徒歩5分ほどのTKP札幌ビジネスセンター赤れんが前「すずらん」（札幌市中央区北4条西6丁目1 毎日札幌会館 5階）。

第1回「SAPPORO BI LAB」が目指すBio×ITの世界
磯 真彦彦（ラボ長・株式会社ノースポイント）・中原 拓（株

株式会社ファストトラックイニシアティブ（ベンチャーパートナー）参加者34名（受講者25名）。「SAPPORO BI LAB」の概要／バイオの市場規模とDNA・IT/AI・ゲノム編集における技術の革新／スタートアップが中心となったイノベーションのトレンド／バイオ×ITで注目する領域と世界と日本の事例（デジタルヘルス、デジタルセラピューティクス、AI創薬、プログラミング医療、農業、福祉）／バイオ×ITの事業を始めるためのチーム作り（HACKER・HIPSTER・HUSTLERの関係構築）と戦略／北海道におけるBIビジネスの振興に向けて札幌におけるエコシステムの形／「SAPPORO BI LAB」の目的。

第2回 個人ゲノム情報の理解に役立つバイオインフォマティクス 遠藤 俊徳（北大）参加者27名（受講者17名）。バイオインフォマティクス技術と守備範囲／次世代シーケンサーとバイオインフォマティクス／ゲノムデータと個人情報・個別医療／比較ゲノム解析。

第3回 ヒトゲノムの多様性をどのように解析するのか 長田直樹（北大）参加者19名（受講者13名）個人差とゲノム情報解析／次世代シーケンサーを使ったゲノム情報の取得と基礎的解析／遺伝統計学・ゲノムワイド解析（GWAS）／遺伝情報のプライバシー、倫理・法律の壁。

第4回 バイオとITの融合で生まれる価値・プラットフォーム技術のビジネスモデルと成功のカギ 「バイオとITの融合で生まれる価値」宇佐美克明（株式会社デジタルガレージ）、「プラットフォーム技術のビジネスモデルと成功のカギ」橋本遙（同）。参加者28名（受講者19名）。「バイオ×IT」の市場規模とイノベーションの起きる背景／バイオヘルス事業の事例紹介／「デジタル×診療」の未来とDigital Therapeutics／バイオテックサービスの進化とキーワード／「ITとバイオの融合」における事例紹介／バイオヘルス事業における「Product Market Fit(PMF)」と「Minimum

Viable Product(MVP)」の重要性。

第5回 バイオビジネスの現状と将来・バイオビジネスにおけるオープンイノベーションの活用～伊藤勝彦（技術戦略マネジメント・オフィス）「バイオビジネスの現状と将来」、「バイオビジネスにおけるオープンイノベーションの活用」飛谷篤実（同）参加者26名（受講者18名）製薬・証券・企業再生における実績事例／バイオ（医薬品）産業とは／バイオ（医薬品）産業×AI／「イノベーション」の概念／クロードとオープンイノベーションにおけるビジネスモデル事例／資金・知財・人材のマネジメント。

以下のような活発な質疑応答があった。Q: ベンチャークラスター成功のカギは？ A: リスクを恐れずにできるかどうか。Q: 学生がスタートアップするには？ A: 知識・思考・経験が重要。博士課程まで進み学んではほしい。Q: 染色体異常のAI診断は可能か？ A: 統計モデル等を含め今後の課題。Q: ビジネスモデルの役割分担は？ A: 様々なパターンがある。シーズ実用化パートナーを積極的に開拓する必要がある。

第1回と第4回の終了後には講師と受講者の交流イベントが開催され、全講義終了後には受講者への修了証書授与式が行われた。



関西地域部会

中川 博之（住友化学株式会社バイオサイエンス研究所）

関西地域部会では、2019年10月18日に第27回バイオメディカル研究会を、「ライフサイエンスで求められる説明可能なAI」というテーマで開催しました。これは、第26回バイオメディカル研究会（2019年4月19日開催「健康・医療のデータサイエンスが乗り越えるべき課題」）において、診断・予測の根拠を説明できるAIの構築が課題であるとの指摘があったことから、テーマとして選択したものです。60名定員の会場はほぼ満席となり、本テーマへの関心が窺えました。4人の講師により、説明可能なAIの必要性と構築の取り組み、課題とその解決方法等について講演頂きました。詳細は、学会のホームページで報告していますのでご覧ください(https://www.jsbi.org/files/9515/7233/5004/191018_report_2019-03.pdf)。

pdf)。

今回は、4人のうち2人は新進気鋭の研究者で、質問し易い雰囲気を醸し出して頂いたこともあり、各講演後および総合討論において活発かつ十分な質疑が行えたことから、参加者から満足と喜びの感想が寄せられました。また、今回はエムスリー株式会社の運営する医療従事者専用サイトm3.comの取材を受けましたが、学会外にも関西地域部会の活動をアピールする機会となりました。今後も、今回のように若手研究者にもスポットライトを当てつつ、バイオインフォマティクスを中心とした異分野交流によるイノベーション促進に貢献していきたいと思っています。



九州地域部会

倉田 博之（九州工業大学）

九州地域部会では、2019年12月10日、長崎大学医学部良順会館において、長崎大学原爆後障害医療研究所の協力を得て、九州地域部会研究セミナーを開催した。JSBi会員3名、17名の非会員が集まった。特別講演では、笠原雅弘様（東京大学大学院 新領域創成科学研究科メディカル情報生命専攻）から「巨大なゲノム配列の決定に挑むアルゴリズム開発」の話題を提供いただいた。長大なスギの反復配列を正確に解読するための情報アルゴリズムの開発研究を紹介いただいた。一般講演では、山西芳裕様（九州工業大学大学院 情報工学研究院生命化学情報工学研究系）から「AI創薬：医薬ビッグデータと機械学習によるヘルスケア」、増本博司様（長崎大学医学部共同利用センター）から、「CRISPR/Transposon gene integration (CRITGI): 新しい遺伝子転写制御システムとそ

の原理の紹介」、三嶋博之様（長崎大学原爆後障害医療研究所 人類遺伝学）から、「希少遺伝疾患のバイオインフォマティクス」の研究を紹介いただいた。顔写真の画像解析から、人種に関わらずに、希少遺伝疾患を非常に正確に診断できることに参加者一同驚いた。最後に、「九州における生物医学と情報科学の教育研究について」をテーマに自由討論の時間を40分間設けた。ゲノム解読技術や希少遺伝疾患診断の医療画像解析技術を組み合わせ、希少遺伝疾患のメカニズムの究明を進めていく方法や、e-learning活用の事例をあげながら、ゲノム解析技術の教育を普及させる戦略や方法について検討した。長崎大学原爆後障害医療研究所とバイオインフォマティクス学会とのゲノム研究の交流を大いに促進することができた。



クリニカル・データ・サイエンティストに期待される専門性、資格、職の機会

中井 謙太（東京大学）、白井 剛（長浜バイオサイエンス大学）、生島 高裕（株式会社 数理先端技術研究所）、神沼 二眞（NPO法人ICA）

ゲノム解読技術や随伴するオミックスなどの急速な進歩と普及によって、基礎研究の進歩を臨床に迅速に移転する橋渡し研究の推進と、産生される膨大なデジタル化されたデータへの対応が、生物医学や薬づくりの喫緊の課題として浮上している。一方でAIとくに機械学習への期待があらゆる領域で高くなっているが、その期待に応えるためには、データを扱う多様な仕組みを整備しなければならない。そこで本研究会では、昨年度の研究会の実施を踏まえ、より視野を広げて、新しい潮流としてのデータサイエンスが生物医学とICTの領域に関わってきたこれまでの専門家の仕事と、どのように違うのか、あるいは同じなのかを、人材養成も念頭に置いて、研究の第一線で活躍されている方々の講演と討議で明らかにすることをめざした。

第一回の研究会は、2019年6月14日（金）午後に、東京大学医科学研究所講堂で開催した。世話人による挨拶と問題提起の後、池田和由（慶應義塾大学）、澤田克彦（大鵬薬品工業株式会社）、白井宏樹（アステラス製薬株式会社）、安藤達哉（武田薬品工業株式会社）、志茂英之（株式会社ブルーボックス）の諸先生からご講演・話題提供をいただき、総合討論を行った。参加者数は106名で、参加希望者多数のため、開

催日の2週間以上前で参加受付を締め切ったほどであった。講師に製薬企業研究者が多かったためか、製薬企業関係からの参加者が多かった。全体に非常に活発な議論と情報交換が行われた。

第二回の研究会は、2019年7月12日（金）午後に、前回と同じく、東京大学医科学研究所講堂で開催した。世話人による挨拶の後、川嶋実苗（JSTバイオサイエンスデータベースセンター）、河添悦昌（東京大学）、小田吉哉（東京大学）、浜本隆二（国立がん研究センター）、多田幸雄（ICA、CBI学会）、泉晃（DigitalBCG Japan、京都大学）の諸先生からご講演・話題提供をいただき、総合討論を行った。今回も参加者数は101名とほぼ満員で、開催日以前に参加受付を締め切った。前回同様、製薬企業関係からの参加者が多かったが、それ以外の企業やアカデミアの関係者も多く、データサイエンスとその人材養成への関心が高まっていることを感じさせた。データサイエンスはバイオインフォマティクスの基本になるが、バイオインフォマティクスへの対象が基礎生物医学から臨床医学、医療サービスの実践に広がるにつれ、データサイエンスへの領域や関心も拡大しているという印象を受けた。

第3回質量分析インフォマティクス・ハッカソン（質量分析インフォマティクス研究会）

守屋 勇樹（ライフサイエンス統合データベースセンター）、吉沢 明康（京都大学大学院薬学研究科）

今年で3回目であり「令和初」である質量分析インフォマティクス・ハッカソン（以下MSHと略記）は、今までと同様、ライフサイエンス統合データベースセンター（DBCLS）の国内版バイオハッカソン（以下BHと略記。7月8日～12日に開催）と共同で、1日早く7月7日から鹿児島県指宿市の休暇村指宿

（旧・国民休暇村）に於いて開催した。

MSH本体の参加人数は14名と減少したが、内訳を見ると“repeater”は増加している。即ち、今回は「初参加者」が少なかったのが参加人数減少の原因であるが、その理由としては、「2週間後の7月24日から、宮崎市で日本プロテオーム

学会年会が予定されていた」ということが主原因のようであった（スケジュールはBHに合わせているが、BHは「60～70人が5日以上合宿可能な期間がある（空き室がある）」という条件で会場を選ぶため、バイオインフォマティクスに直接関係しない学会のスケジュールとは無関係に日時が設定される）。またBH側ではこの5年間で最多数の登録者があったため、全体としては参加者66名と、BH史上第3位の参加者数となった。

昨年までと同様、初日にはミニ・ワークショップを行ったが、今回は「オミクス解析での多重検定、特にFDRの利用」についてテーマを絞った。参加人数は34人（初日からハッカソン会場に到着していた参加者全体の61%）で、講演の後のディスカッションの結果、「質量分析分野で計算しているFDRは、トランスクリプトーム解析などで計算しているFDRとは生物学的な意味が違う」という興味深い結論が得

られた。

また学生に対する旅費補助も引き続き実施したが、今年度はDBCLSも実施したため、DBCLSのご厚意で、両方の補助の付与条件・金額などを一致させることとし、合計で7人に補助を行った（後で1名が辞退）。旅費補助への応募は、第1回1名、第2回2名、今回（MSHへの応募が）3名と増加しており、今後も継続したいとは考えるが、研究会の財政に強く依存するのが悩ましいところである。

参加者の成果はBHと共同でオンライン公開している（<https://tinyurl.com/bh19-7-slides>）。開催にあたっては、加藤記念バイオサイエンス振興財団の学会等開催助成及びデータサイエンス共同利用基盤施設のROIS-DS-JOINT（005RM2019）を取得した。また会場費用は今年度もDBCLSにご負担いただいた。厚く御礼申し上げます。



ハッカソン会場 今回は地下の部屋でした



でも外はこんな素敵な天気



当然外でハックしますよね



足湯に入りながら膝上にPC、なんて無茶なことを!!!...と思ったけど、誰もドボンさせませんでした

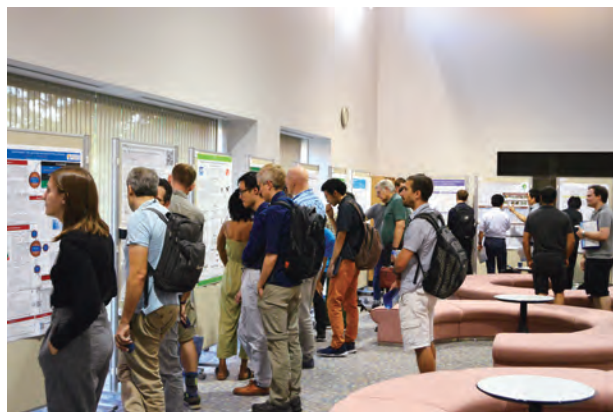
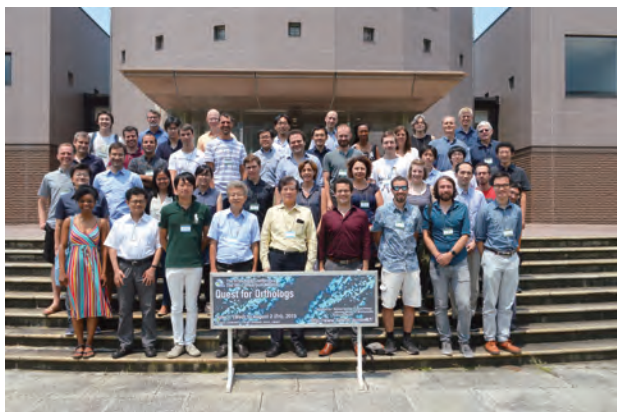
Quest for Orthologs

内山 郁夫（自然科学研究機構 基礎生物学研究所）

本会議は、多様な生物に対象が拡大しているゲノム研究において、それらを種間で比較する際の基盤技術である「オーソログ解析」に焦点をあて、その基礎から応用までを俯瞰することを目指して開催された。本会議の母体は、オーソログ推定の方法論の開発者を中心として形成された国際コンソーシアムQuest for Orthologs会議である。2009年から隔年で開催されており、オーソログ解析にまつわる最新の研究発表や情報交換に加えて、手法評価のためのベンチマークや、入力に用いるリファレンス配列セット、オーソログ関係を表現する共通フォーマットなど、共通の課題について議論を行い成果を挙げてきた。10年目の節目となる本会議は、欧米以外としては初めて日本での開催となり、約半数が日本からの参加者であった。本分野における日本の存在を一定程度アピールできたと思う。また、今回「NIBBコンファレンス」として開催するにあたり、当研究所で行われている多様な生物を用いた研究への応用を念頭に、オーソログ解析手法の遺伝子機能推定や進化学研究への応用にも力点を置いた構成とした。方法論の開発者が中心のコンソーシアムにとっても刺激的な会となったのではないと思う。

会議は、それぞれオーソログ解析の手法やデータベースの開発、機能推定への応用、進化解析への応用、オーソログ解析に関する新たな課題をテーマとした4つのセッションからなり、4件の基調講演を含む招待講演22件に加え、若手研究者による一般口頭発表8件とポスター発表14件が行われた。2日目の最後にはRound table discussionが行われ、オーソログ解析手法を開発する立場と応用する立場の研究者の間で活発な議論が展開された。

全体的に、本会議はオーソログ解析の方法論という分野にフォーカスしつつ、基礎から応用まで幅広い観点からの発表が揃い、ゲノム研究を支える基盤として、本分野の現状と将来を俯瞰する良い機会となったと思う。また、コンソーシアムの意向もあって、若手研究者向けの旅費支援に予算の多くをあて、国内外から多くの若手研究者が参加したことも、議論を活性化する助けとなった。本会議を盛り上げていただいたすべての発表者・参加者の皆様、財政的支援をいただいた日本バイオインフォマティクス学会と大幸財団、並びに会の運営を強力に支援していただいた基礎生物学研究所研究力強化戦略室国際連携グループの皆様に深く感謝します。



RNAフロンティアミーティング2019

尾崎 遼（筑波大学医学医療系バイオインフォマティクス研究室）

RNAフロンティアミーティングは、生命現象を支える最も重要な分子の一つである「RNA」の若手研究者・学生を対象とした、2泊3日の合宿形式の学術集会です。今年は、2019年9月24日～26日に天城ホームステッド（静岡県）にて開催されました。生命科学分野における計測技術の革新とデータ駆動科学の高まりを背景に、今年は「RNA×インフォ」と題し、JSBiとの共催により、JSBi会員を中心にRNAを対象としたバイオインフォマティクス研究にフォーカスした特別セッションを設けるなど、実験生物学者とバイオインフォマティクス研究者との交流を目指しました。

生化学からバイオインフォマティクスまで幅広いバックグラウンドの参加者48名が参加し、33件の口頭発表および参加者全員によるポスター発表が行われました。発表内容も、RNA結合タンパク質の構造生物学・生化学研究、生命現象の新規検出技術研究、ゲノムやトランスクリプトームなどの大規模データ解析研究、配列検索技術や深層学習を応用したRNAインフォマティクス研究など多岐に渡りました。普段なら発表を聞いたとしても質問を躊躇しそうな異分野の参加者同士でも熱い質疑や議論が交わされました。学生発表賞では、非学生参加者の投票の結果、RNA生物学分野から3名、バイオインフォマティクス分野から1名が選ばれました。

RNA生物学分野およびバイオインフォマティクス分野の研究者4名による招待講演も、ウェットからドライまで様々な観点からの質問が飛び交い、大いに盛況となりました。塩見春彦博士（慶應大）からはどのように研究テーマを見つけていくかの研究者のキャリアの話を、浜田道昭博士（早大）からはご自身のRNA研究との出会いから今後のRNAバイオインフォマティクス研究の方向性の話まで、中戸隆一郎博士

（東大）からはエピゲノム研究におけるデータのクオリティや解析のスケラビリティの話を、中川草博士（東海大）からは宿主ゲノムに入り込んだRNAウイルスのバイオインフォマティクス研究の話を、それぞれご講演いただきました。

今回、様々な年齢・分野の参加者間の交流や議論を円滑化するために、(1) 招待講演者も含めて全員「さん」付けで呼び合うルールの導入、(2) 会のオープニングにおける質疑・議論の推奨、(3) 名前順による席順指定、(4) 生命情報科学若手の会の協力によるワールドポスター（A3サイズのポスターを用いたテーブルディスカッション）形式の導入、(5) ワールドポスターのグループでの夕食、といった試みを行いました。これらの甲斐があつてか、アンケートでは、8割近くが初参加にもかかわらず、ほぼ全員満足度が高かったという結果が得られました。

今回、参加者・招待講演者による発表、JSBi公募研究会助成による旅費補助の実施、JSBiの入会案内を通じ、参加者がバイオインフォマティクスやJSBiを身近に感じるきっかけを提供できたと考えています。例えば、口頭・ポスター発表や休憩時間のディスカッションの際に、実験系研究者が問題を提示し、バイオインフォマティクス研究者がどうアプローチができるかを考えるといった場面も見られました。また、「PIがJSBiに所属・参加していない研究室」に所属しつつ、バイオインフォを研究・活用する若手研究者にJSBiへの参加を促すこともできました。本会がバイオインフォマティクスの普及のみにならず、バイオインフォマティクスの潜在層とJSBiとの乖離の解消の一助となり、RNA生物学およびバイオインフォマティクス分野の新たな研究の萌芽を育む場になったと確信しています。



幹細胞情報学イニシアチブ研究会

藤瀧 航（京都大学iPS細胞研究所）

令和元年10月4日に行われた第二回研究会のテーマは「標準細胞とゲノム解析・編集」であり、参加者数78名、意見交換会も20名が参加する非常に活気ある研究会となった。世話人による、「現在、再生医療等幹細胞技術の発展にバイオインフォマティクスの貢献が待ち望まれている」という主旨説明の後、各方面で高名な5名の講師による講演が行われた。まず、京都大学ウイルス・再生医科学研究所の末盛博文先生より「ES細胞バンクと国際標準化の情勢」として背景にある再生医療の規制、臨床グレードのES細胞株樹立法、国際幹細胞イニシアチブによる多能性幹細胞の品質検査法とその問題点である培養法による性質の違いについて講演があった。幹細胞の標準化は課題であり、Pluritestなど情報解析ツールが実際に品質管理に使用されている話が興味深かった。次に広島大学統合生命科学研究科の山本卓先生より「ゲノム編集のコミュニティ形成と細胞医療での可能性」として主にTALENとCRISPR-Cas9によるゲノム編集の違い、iPS細胞治療など疾患への応用、コンソーシアムの紹介、問題点としてゲノム欠失等副作用の説明があった。オフターゲット配列問題についても質問があり活発な議論が展開された。次に東北メディカル・メガバンク機構の木下賢吾先生より「東北メディカル・メガバンク計画での大規模ゲノム解析」として機構に登録している15万人ゲノムの内容、ゲノム解析の種類、個別化医療や世界の関連プロジェクトにおける日本人ゲノムの位置付けなどについてご講演いただいた。現在、企業から提供されているゲノム検査ビジネスは欧米人ゲノムに基づいており、日本人ハプロタイプを十分に反映していないため、

結果の信憑性も低いことは興味深かった。休憩後に理化学研究所生命医科学研究センターのPiero Carninci先生に「Human Cell Atlas and beyond」という演題でCAGE法による1細胞解析、プロモーターやエンハンサー配列の機能解析、FANTOMプロジェクトによる長鎖ノンコーディングRNA解析、Human Cell AtlasやそのAsia版の概要などについて説明があった。5'mRNA配列を解析するユニークなCAGE法の意義や理研が中心となって取り組んできたFANTOM国際プロジェクトについて理解を深めることができた。最後に大阪大学情報科学研究科の松田秀雄先生より「マウス免疫細胞のイメージング解析とシングルセル解析」という演題でライブイメージングへの情報解析の応用、PCA・tSNE・UMAPによる次元削減を用いたクラスタリングの違い、UMAPのMonocle3やSeurat3.1でのバッチ効果の解消、PAGAを取り入れた擬似時間解析手法の紹介などがあった。これまで論文にある1細胞解析のクラスタリングはバッチ効果が大きな問題で、どのクラスタリング法を使用すべきか注意深い検討が必要であることが認識できた。総じて幅広いトピックとなったが非常に充実した内容で「幹細胞情報解析」に重要な知見が幾つも得られた研究会であり、今後の活動の礎としてぜひ活用したいと考えている。また、今回の講師の方々の中にも発起人に加わっていただけることとなり、世話人としては本イニシアチブをさらに発展させる非常によい契機ともなった。忙しい中、ご講演いただいた講師の諸先生並びに参加者の皆様には深く感謝を申し上げたい。



生命情報科学若手の会第11回研究会

平岡 聡史（海洋研究開発機構（JAMSTEC））

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研究者・学生が議論・交流する機会を設けることで、次世代の生命情報科学を担う若手層の育成とネットワーク形成を目的とする研究会です。昨年に引き続き今年度も、第11回研究会として一般財団法人人材開発センター富士研修所（山梨県富士吉田市）にて2019年10月18～20日（2泊3日）の日程で開催しました。本会では不幸にも、開催直前に襲来した台風19号に伴う災害の影響のため、JR中央線や中央自動車道が不通となり、関東圏から開催会場へのアクセスは実質的に東名高速道を迂回した高速バス経由しかない状況となってしまいました。そのため、多くの参加者が直前での経路変更を余儀なくされ、また途中道路の渋滞もあり、予定通りに会場に到着できない参加者も多かったため、急遽開催を1時間遅らせる措置をとりました。

このような悪条件やスケジュール変更がありつつも、第11回研究会は無事開催され、最終的には34名の参加がありました。参加者の6割強が学生であり、分野は医学系から、微生物生態学、進化学、オミックスゲノム科学、情報科学、教育学など、多岐に渡りました。このようなバックグラウンドの多様性にもかかわらず、口頭発表や持ち運びができるA3サイズのポスターを用いたポスター発表では、タイムスケジュールの枠を超えて熱い議論が交わされました。特に、A3サイズのポスターは懇親会でも持ち込まれ、深夜まで研究についてディスカッションが行われていました。

招待講演では、阿久津達也博士に数理生物学による研究成果について、清水佳奈博士にプライバシー保護データマイニングに関わる技術開発について、中川真一博士にlncRNAの機能解析やUPA-seqなどの手法開発について、それぞれ自身の

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頂きました。スポンサードセッションでは、ヤフー株式会社と株式会社MOLCUREより、事業内容や各企業での研究活動、今後の事業展開等に関してご講演頂きました。グループディスカッション（ワールドカフェ）では「ラボやチーム内におけるコミュニケーションの工夫」をテーマに、指導教員とのコミュニケーションやラボ内での交流のあり方、そして人間関係に起因する心理ストレスの軽減の仕方等について、参加者間で活発な意見交換がなされました。

研究会の最後には、参加者投票に基づき、最優秀発表賞の岩井碩慶さん（慶應大）、優秀賞の芝井厚さん（理研）と鈴木創さん（東大院）をはじめ、優秀な発表を行った参加者を表彰しました。メーリングリストへの登録や参加者間の自発的なSNSアカウントの交換を通じ、会の終了後も参加者間でゆるくつながりを保てると期待されます。参加者による参加レポートをHPに掲載していますので、こちらも合わせてぜひご覧ください（<https://www.bioinfowakate.org/meeting11>）。



第2回メタボロミクスソフトウェア講習会（質量分析インフォマティクス研究会）

山本 博之（ヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ株式会社）

昨年に引き続き、第2回メタボロミクスソフトウェア講習会を11月11日に理化学研究所横浜キャンパスにて行ないました。前回は初心者向けでしたが、第2回は発展的な内容に絞り40名程度の講習会として開催しました。前回に引き続き、今回も募集開始から約1ヶ月で定員に達する盛況ぶりでした。

国立遺伝学研究所の多田一風太氏による「Data independent acquisitionを用いたメタボローム解析」では、MS-DIALを用いて参加者自身がハンズオン形式で解析するだけでなく、「CorrDec」の紹介など最新の研究成果も交えて講演して頂きました。また沖縄科学技術大学院大学の早川英介氏による「スペクトルネットワーク解析による代謝物構造アノテーション手法」、理化学研究

所の津川裕司氏による「未知化合物アノテーションのための質量分析データネットワーク解析法」、東フィンランド大学のVille Koistinen氏による「Annotation of phytochemicals in malted cereal grains」の講演を行い、メタボロミクス分野におけるアノテーションに関する非常に濃い内容の講習会となりました。

最後に、理化学研究所、国立遺伝学研究所、ヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ社にご協力頂き、各機関からPC実習のアシスタントメンバーが参加し、講習会をサポートして頂きました。この場を借りてお礼を申し上げます。また本講習会の様子はDBCLSの小野浩雅氏の協力により、DDBJvideoとTogoTVで公開される予定です。



リレー紹介：日本のバイオインフォマティクス研究室

奈良先端科学技術大学院大学 計算システムズ生物学研究室（金谷研究室）

胡 捷滢（奈良先端科学技術大学院大学 先端科学技術研究科 先端科学技術専攻）

A new door to explore the secret of life

Data science is changing the world quietly with its veil of mystery. It can be applied to different industries and when it comes to biology, it changed the traditional way to explore the secret of life. Computational Systems/Synthetic Biology is considered as the most important field to exploit data science. With the advent of the High Throughput Screening (HTS) technology and the advanced computing

technology, we are able to simulate the complicated biological activities supported by a large amount of data using advanced technologies such as machine learning and neural network. Our Lab, the Computational Systems Biology Laboratory, which is located at 34° 43'54.3"N135° 44'02.3"E on the earth, has been one of the laboratories working in this exciting field since 2004.

Don't worry if can't find us by typing in the above

coordinates – I am here to give you an introduction to our laboratory. Computational Systems Biology Laboratory is in the faculty of information science of Nara Institute of Science and Technology, which is led by Professor Kanaya and supported by Affiliate Professor Iida, Associate Professor Amin, Associate Professor Ono, Affiliate Associate Professor Sato, Assistant Professor Huang, our research fellow Mrs. Morita and secretary Mrs. Ohashi. We now have 10 master's students and 14 doctoral students, including 5 international students from China, Philippines and Bangladesh. Students in our laboratory are working on a wide range of research topics related to biology-related analysis, medicine, healthcare or ecology. We also invite postdoctoral fellows and short-term visiting researchers from Japan and other different countries such as Malaysia, Indonesia, France and Brazil frequently to our laboratory for exchanging new ideas and technologies. We respect and value all diversity. Here, you can find someone who worked as a teacher, doctor, banker, or engineer. It would not be surprising if you can hear more than 3 languages in our laboratory and the cross-cultural communication gives us opportunities to share ideas, experiences, and different perspectives and perceptions by interacting with local people from different countries.

We are continuing to contribute to the field of biology, medical science, and health-care with the state of the art information technologies. Our goal is not only to pursue achievements in fundamental research, but also to make significant contributions to the well-being of society. Our research mainly focuses on **microscope** image processing; **medical** image processing by collaborating with local hospitals to develop computer-aided diagnosis assistance system and educational system for radiologist trainings; **sensors** and signal data processing for the blood pressure, heartbeat or deep body thermometer monitoring systems contributing to the healthcare innovations and revolution; **biological** system network architect, omics data analysis for better interpreting gene functions and disease mechanisms. The graph clustering software, DPCLUS, was developed by Associate Professor Amin, assisting us to detect the complexity in protein and protein interaction networks. It is also open source to the public and easy to implement.

Every new idea here is respected and supported. An open environment was developed for academic brainstorming to generate ideas and flourish. Our professors' doors are always open for any questions and

discussions that enable us to receive timely feedback and advice. In addition to the regular laboratory seminars for paper review and research progress reports held twice a week, we can also attend ad hoc study meetings on various interesting and trendy topics such as the latest analytical model programming practice, data science, and chemoinformatics. There are more than 1100 books readily available in our seminar room and the laboratory on such subjects as programming, mathematics, biology, chemistry, pharmacology theory, etc. Various programming languages are being implemented in our laboratory, with Python a popular choice among students, followed by R, Java, MATLAB, and Julia. TensorFlow, Keras, PyTorch, and scikit-learn have been the most frequently used words in our laboratory recently, as we are now focusing on machine learning and neural network architectures as applied to various research topics. To increase research efficiency, we have a high-performance computer server environment which supports big data processing and large-scale simulations.

Where is my data?

"Hey! I have tons of problems to solve, but where is my data?" Have you ever heard something similar? The need for data has risen tremendously in the last decade, whether in companies or in laboratories. People even say that data is the "new electricity" of the Fourth Industrial Revolution and the data quality can make the difference between success and failure to certain researches. To ensure a promising prognosis for metabolomics research, we built an open database — KNApSACk Family Database in 2004, which is consistent, correct, complete and credible. The KNApSACk Family Database is an integrated plant species-metabolite database covering almost all reported metabolite information and revealing the relationships between species and their metabolites. Up until October 16, 2019, a total of 51,179 metabolites and 116,314 species-metabolite relationships have been accumulated after careful curation, and updates are still ongoing.

We ensure that every bit of data published in this database has come from creditable sources that can be referenced. The database stores information about important features in each metabolite record, including its academic name, molecular formula, accurate mass, mass spectra in several ionization modes, and the chemical descriptors (InChIKey, SMILES), as well as information about its metabolic pathways. On the same page, you can also access corresponding information about structurally

similar metabolites (labeled as twins) and worldwide information about where the plants are used, their biological activities, and the formulae of Japanese and Indonesian traditional medicines (Kampo and Jamu, respectively). A search engine was developed and integrated in this database for metabolomics research with a single input of any of the important features mentioned above. The huge amount of species-metabolite data included in this database provides us with a foundation from which we can apply bioinformatics or chemoinformatics technologies to predict unknown metabolic pathways of new species and identify important metabolites.

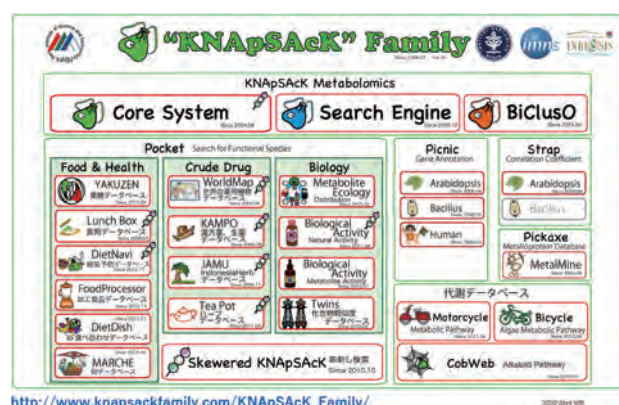
Joys and Challenges

Before I began my master's course, I could not have imagined how my life in research would turn out. The first thing that appealed to me about this laboratory was its relaxing, comfortable atmosphere, which would relieve some of my anxiety before venturing into an unknown area. In our laboratory, we have the freedom to select the research topic that we are passionate about, and every professor and student is very approachable and considerate. We usually work flexible hours, and everyone is responsible for their own research and managing their own schedule. Although our schedule is quite full, we are still able to maintain a work-life balance: on weekends, we would go for parties or travel around the Kansai area of Japan. We can obtain certain financial supports here by receiving a scholarship, working as a research or teaching

assistant, or participating in the experiments of other laboratories. There are many opportunities to exchange research experiences with other professionals or organizations outside the laboratory, such as collaborating on projects with companies, attending local or international conferences, or participating in short-term exchange programs abroad.

The biggest challenge here is that we are working in an interdisciplinary field involving both information technology and bio-medical science. Half of us come from biological, medical, or pharmaceutical backgrounds, the other half from computer science or engineering. All of us need to take in a new academic discipline that is not related to our previous majors. I come from a pharmaceutical background and, like half the students in my laboratory, started programming from scratch when I joined the laboratory. It is tough to learn a brand-new discipline in a short period, and it can be frustrating sometimes if the outcome is not as expected, but there is nothing that has ever brought me such fulfillment as when I finally understand a complicated model or be able to solve problems by myself. I believe that the ability to overcome difficulties and turn them into positivity can also benefit us in other walks of life.

We welcome anyone who is ready to take on the challenges I have described, and want to harvest happiness and fulfillment by discovering the secret of life and unveiling the mystery of data science with us. Let's have fun together!



会員による著書紹介

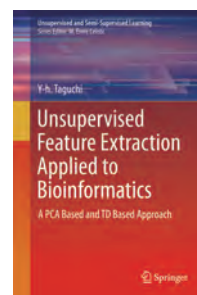
Unsupervised Feature Extraction Applied to Bioinformatics: A PCA Based and TD Based Approach (Y-h. Taguchi)

ここ10年程、僕は「主成分分析やテンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択」という方法を提唱し、バイオインフォマティクスの様々な問題に適用してきた。この本はその集大成の様な本である。本であれば売れないといけないので、線形代数の基礎や行列分解、テンソル分解の紹介にかなりのページ数を割かないといけなかったが、本当に読んで頂きたいのは後半の200頁の4章から7章の部分であり、そこには僕が過去10年くらいの間にやった同手法の応用例を（再解析も含めて）豊富に解説した。計算量も少なく、簡単に使える方法だと自負しているので、この本の出版を機会にもっといろいろな人に試してもらえとうれしいです。

具体的には、遺伝子発現プロファイルやプロモーターメチル化、ヒストン修飾などのオミックスデータのような高次元のデータでサンプル数が少ない場合に、重要な遺伝子を選択することを目的とする。このようなことは従来はt検定やANOVAなどの統計検定や疎性モデリングの様な教師あり学習で実行されるのが通例であったが、僕は教師無し学習こそ採用されるべきだと常々考えていた。それを実際に実行したら結構うまくいったということである。

最後に、英語で単著をだすというのは日本人には荷が重く、僕もすごく苦労した。一方で、僕はいわゆる高IF誌に論文を書いたことはない。ただ、世界中でこれを行っているのは

自分だけという自負はあった。シュプリンガー社はそれを認めてくれたのだと思う。会員諸氏も欧米の後追いでない研究をすれば、流行ではなくても英語の単著を出せるといういい前例になったと思っているので、ぜひ、その方向性で頑張ってみてはいかがだろうか？こういうことは定職（＝期限付きではない職）でないとなかなか難しいことではあるのだけれども。



Unsupervised Feature Extraction Applied to Bioinformatics:
A PCA Based and TD Based Approach
<https://doi.org/10.1007/978-3-030-22456-1>

Y-h. Taguchi (著)

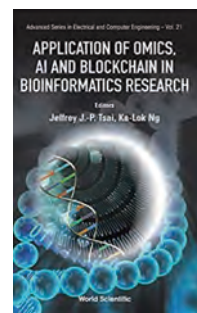
321ページ・定価 16,847円 (電子版) / 21,059円 (ハードカバー)
2019年8月・シュプリンガーインターナショナル

Application of Omics, AI and Blockchain in Bioinformatics Research(阿久津達也・田口善弘ら著)

本書はWorld Scientificから刊行されているAdvanced Series in Electrical and Computer Engineeringというシリーズの第21巻として刊行された、バイオインフォマティクスに関する編著書籍である。編者二名はいずれも台湾の亜州大学に所属し、もともとのバックグラウンドはそれぞれ計算機科学と物理学である。タイトルからも解るように、伝統的なバイオインフォマティクスの手法というより新しい手法に焦点を当てた内容となっている。全十章からなる本書が各章で焦点を当てているのはそれぞれ、Generalized Iterative Modeling (GIM)、Explainable AI、ブロックチェーン、ビッグデータ、ハイパフォーマンスコンピューティング、プーリアンネットワーク、テンソル分解、など、それ自身がバイオインフォマティクスに特化したわけではない、一般的な機械学習・計算機科学の手法であり、それらを個別問題としてバイオインフォマティクスに適用するとどうなるか、という観点から書かれている。その意味では、まず、手法を学ぶ教科書として

使うことができるだろう。焦点が当てられている手法もExplainable AIやブロックチェーンのような比較的新しい手法も含まれており、それらをバイオインフォマティクスにどう適用するか、という観点からも興味深い。この様に内容は多岐に渡るが、ここでは本会の会員である阿久津達也（京大）が担当した9章と、田口善弘（中大）が担当した10章について説明を詳しく加える。9章ではプーリアンネットワークという遺伝子ネットワークの離散モデルの紹介と、細胞分類のために必要なマーカー遺伝子検出問題と代謝ネットワークの頑健性解問題への応用について述べられている。ここでは中国剰余定理というよく知られた定理が動的マーカー遺伝子検出問題の解析に応用できること、整数計画法が代謝ネットワーク解析に応用できることなどが述べられている。一方、10章では、テンソル分解をバイオインフォマティクスに使う方法について述べられている。近年、ゲノム科学の分野ではマルチオミックス計測が可能になったことなどにより、多数

のオミックスデータを統合的に解析する必要に迫られたり、計測の低廉化に伴うサンプル数の増大で、患者×臓器×遺伝子発現プロファイルのような行列では表現しにくい複雑な形式の実験条件のデータの解析に迫られたりしているがその場合、どうテンソルを使えばいいかが述べられている。本書は従来にはなかったような新しいバイオインフォマティクスの手法について学べるという意味で最適な一巻となっている。



タイトル：Application of Omics, AI and Blockchain in Bioinformatics Research

編者：Jeffrey J-P Tsai and Ka-Lok Ng

208頁、10,493円、2019年10月刊行、World Scientific

学会からのお知らせ

2020年日本バイオインフォマティクス学会年会・第9回生命医薬情報学連合大会

開催概要

日 程：2020年9月1日（火）～2020年9月3日（木）
会 場：北九州国際会議場（福岡県北九州市）
大会ホームページ：<https://www.jsbi.org/iibmp2020/>
大 会 長：山西 芳裕（九州工業大学大学院情報工学研究院）
テ ー マ：データ駆動型研究が切り開くヘルスケア：AI・ビッグデータ時代の生命医薬情報学
主 催：日本バイオインフォマティクス学会（JSBi）、日本オミックス医学会
後 援：日本メディカルAI学会、情報計算化学生物学会（CBI学会）
協 賛：九州工業大学
懇 親 会：2日（水）

名誉会員記の授与

2019年9月10日のJSBiタウンホールミーティングにおいて、3名の先生方に、名誉会員記を授与いたしました。
本法人に特に功績があり、名誉会員に就任いただいた以下の



江口至洋 会員



金久 實 会員



後藤 修 会員

バイオインフォマティクス技術者認定試験実施報告

内山 郁夫（基礎生物学研究所）

令和元年度のバイオインフォマティクス技術者認定試験は、12月1日（日）に、仙台、東京、長浜、大阪、福岡、沖縄の6会場で行われました。受験者数（当日欠席者を含む）は537名、合格者数は271名と、いずれも過去最高だった昨年度（受験者数345名、合格者数154名）を大幅に更新しました。会場別で見ると、大阪会場で67名から153名の2.3倍に、東京会場でも184名から276名の1.5倍にと大幅に増加しました。このため、両会場ではあらかじめ確保していた部屋では席数が不足し、急遽会場を増設して対応することとなりました。この緊急の事態に対して、両会場の会場責任者、並びに近隣の学会関係者の皆様には、会場と人員の手配に迅速に協力していただき、無事開催にこぎつけることができました。この場を借りてご協力いただいた関係者の皆様に深く感謝いたします。

今年度の首席合格者は菅波修司さん（大阪大学医学部 4年）で、その得点962.5点（1,000点満点）は、平均点が突出して高かった第1回（平成19年度）を除くと、過去最高でした。また、次点以降にも例年であれば首席合格レベルの成績の方が数名おられました。問題が違っているので一概には言えませんが（ただし平均点はここ数年600点前後で安定しています）、受験者が大きく増えた中で、上位の方のレベルも上がってきていると考えられ、そうだとすれば大変心強いことと思います。一方、ここ2年ほど最年少合格者の記録が更新されてきましたが、昨年度中学生の方が合格されたことでハードルが上がってしまい、今年度は該当者がありませんでした。そこで、今年度からその年の若年合格者若干名に奨励賞を贈ることとし、今年度は高校生の合格者3名に贈られました。

JSBiとしては、こうしたバイオインフォマティクスに関心

を持つ優秀な方々に、学会に関心を持ち、積極的に活動に参加してもらうことが次の目標になります。その促進策として、今年度から認定試験合格者にはJSBiの入会金と初年度の年会費が無料になるという特典がつけました。すでにこの制度を利用して、合格者の方が続々と入会されています。この制度の効果は今後の評価を待たないといけませんが、本制度を通じて将来の学会を支える優れた人材が輩出され、ひいては学会の活性化につながればと願っています。

このように、受験者の増大にともなって本試験の存在意義が高まってきているということは、試験を運営する立場の者としてとても喜ばしいことではありますが、一方で問題も出てきています。上述の通り、受験者が増えるに従って、それを収容する試験会場と、会場ごとの責任者・試験監督者が必要で、その確保が難しくなっています。本試験は、問題作成から実施まで、学会員の方を中心として（若干の謝礼はお支払いしていますが）もっぱら個人的なつながりとボランティア精神に依存した形で運営してきましたが、受験者の増大に伴ってそれも限界に近づいています。幸い収支の方は安定してきているので、それを踏まえてより安定的かつ効果的な運営方式について検討している段階ですが、学会からのより強力なサポートも必要になると感じています。関係者の皆様には、ぜひともご理解とご協力をお願いします。

最後になりましたが、様々な状況の中で、多大なるボランティア精神で本試験を支えて下さった実行委員、会場責任者をはじめとするすべての皆様（お名前を列挙できなくてすみません）、ならびに昨年度に引き続いて、試験運営の全般にわたって実質的に仕切って下さった齊藤友紀さんに深く感謝いたします。



学会議事録等

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 第21回理事会議事録

日 時 2019年9月8日(日)13:00-18:00 (17:00から意見交換会)

場 所 東京工業大学 蔵前会館手島精一記念会議室
(東京都目黒区大岡山2丁目12-1)

出席者 岩崎理事長・幹事、五斗副理事長・幹事、浅井理事・幹事、有田理事・幹事、遠藤理事・地域部会長、長野理事、松田理事・幹事、萩島理事・幹事、尾崎理事、木下理事・幹事・地域部会長、白井理事・幹事、竹本理事・幹事、田村理事、藤渕理事、山西理事・幹事

以上 15名出席扱い

オブザーバ 山田(和)監事、山田(拓)幹事、小寺幹事、八谷幹事、齋藤幹事、池松地域部会長、中川地域部会長、事務局牛山

議 長 岩崎理事長(定款35条による)

配布資料

別紙1(報告事項・年会幹事、次年度年会幹事)

別紙2-1、2-2(報告事項・活性化幹事)

別紙3-1~6(報告事項・研究会幹事)

別紙4(報告事項・認定試験幹事)

別紙5-1~3(報告事項・広報幹事)

別紙9(報告事項・渉外幹事)

別紙13-1~5(報告事項・会計幹事)

別紙15-1~4(報告事項・庶務報告)

別紙16(報告事項・会長からの報告事項)

別紙17(報告事項・北海道地域部会)

別紙22(報告事項・沖縄地域部会)

別紙23(開催報告・3月9日(土)-10日(日)開催:第10回ゲノムグラフ研究会(ゲノムグラフ研究会))

別紙24-1~3(開催報告・3月19日(火)開催:質量分析インフォマティクス研究会・第4回ワークショップ(質量分析インフォマティクス研究会))

別紙25-1、25-2(開催報告・4月19日(金)開催:第26回バイオメディカル研究会「健康・医療のデータサイエンスが乗り越えるべき課題」(関西地域部会))

別紙26(開催報告・5月10日(金)開催:第1回研究会「幹細胞情報学イニシアチブの設立」(幹細胞情報学研究イニシアチブ))

別紙27(開催報告・6月14日(金)開催:第1回「我が国におけるデータサイエンスの現状と課題」(「クリニカル・データ・

サイエンティストに期待される専門性、資格、職の機会」研究会))

別紙28-1、28-2(開催報告・7月7日(日)-12日(金)開催:第3回・質量分析インフォマティクス・ハッカソン)

別紙29(開催報告・7月12日(金)開催:第2回「データサイエンティストが輩出する機会をどうつくるか?」(「クリニカル・データ・サイエンティストに期待される専門性、資格、職の機会」研究会))

別紙30(開催報告・7月31日(水)-8月2日(金)開催:Quest for Orthologs)

岩崎理事長、五斗副理事長・幹事より第21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尾崎理事、五斗副理事長・幹事が指名され、満場一致で承認された。

議案

〈審議事項〉

今回は審議事項がなかった。

〈報告事項〉

【各幹事、会長、庶務からの報告】

1. 年会(五斗副理事長・幹事、山田(拓)幹事)、次年度年会(山西理事・幹事)

山田(拓)幹事より、今年度の年会の報告があった。また、趣意書を開催年度の前年度12月ぐらいまでに準備することがスポンサーの獲得に有効であることが報告された。ドメインの契約期限切れによる他企業によるドメイン転用を防ぐため、JSBiドメインの下に年会ページを作ることになった。年会引き継ぎ事項に関して、参加費無料の対象者を明確にする必要があることが報告された。

岩崎理事長・幹事より別紙16を基に、年会実行委員会への学会からの依頼事項について報告が行われた。合わせて名誉会員推薦について言及があり、夏に推薦を募り、秋の理事会で議論、春の総会で承認、次の秋の年会で名誉会員講演をする流れとすることが報告された。また、名誉会員、賛助会員もオンライン参加登録枠に加えてほしいとの要望が伝えられた。

五斗副理事長・幹事より次回の年会は9/1(火)~3(木)に北九州国際会議場(福岡県北九州市小倉)にて開催予定であり、8/31(月)には理事会会場を押さえていることについて報告された。

2. 活性化（山西理事・幹事）、若手（竹本理事・幹事）

山西理事・幹事より別紙2-1を基に、年会の活性化（発表資格、受賞資格、賞の選考基準、学生向けのセッション、学生会員、賛助会員）について報告が行われ、来年の年会はこれらの提案を元に進めることについて同意がなされた。田村理事よりキャリアパスセッションなどの効果について質問が上がり、山田(拓)幹事からは、企業にとって情報収集・商品紹介に加えてリクルーティングが重要であり、学生および企業の双方にとって効果的な企画であることが述べられた。岩崎理事長・幹事から来年度の年会では、生命情報科学若手の会からも実行委員会に加わっていただければどうかとの提案があった。

3. 研究会（八谷幹事・有田理事・幹事）

八谷幹事より別紙3-1～4を基に、2019年後半に申請された公募研究会について説明が行われ、公募研究会のアンケートの回答の集計結果の報告が行われた。また、別紙3-5を基に公募研究会の今後の運営方針について、メリハリをつけた予算配分に関する提案があった。岩崎理事長・幹事からは、学会会計の問題は急を要する問題である旨が述べられた。木下理事・幹事・地域部会長からは、公募研究会制度にした際に、予算ボリュームを下げなかったのが問題であった旨が指摘された。

4. 認定試験（白井理事・幹事）

白井理事・幹事より別紙4を基に認定試験について報告された。その中で、成績優秀者については年会参加費無料になる特典について提案がなされた。しかし、有田理事・幹事よりバイオインフォマティクスのスキル標準の国家資格として認定してもらうため、BI技術者認定試験を経産省に提案予定であり、それにあたり、学会でBI技術者認定試験を本学会の事業として囲みすぎないことが必要であり、基本的には認定試験との連携は現状程度に留めることが重要であることが述べられた。これを受け、岩崎理事長・幹事より、有田理事・幹事へ状況確認と共有を依頼し、白井理事・幹事から上がった提案については、今年度は見送るよう述べ、白井理事・幹事は承諾した。

続いて、白井理事・幹事より認定試験のオンライン化について報告された。現在は、認定試験の運営が手一杯であり、人員確保が重要であることが述べられた。岩崎理事長・幹事より、認定試験は良い方向に進んでほしいこと、学会の赤字補填にならないように努力すること、現在の運営のボランティア状態を改善するべきであることが述べられた。

5. 広報（八谷幹事、齋藤幹事）

八谷幹事より別紙5-1、5-2を基にホームページのページビュー数について報告され、特に認定試験のページビュー

数が上位であるとのことが述べられた。その他、岩崎理事長・幹事よりJSBiホームページに学会員による論文・著書・受賞等のコーナーを新設し、またtwitterにて、ホームページの更新情報をお知らせしていることが報告された。八谷幹事より、研究室一覧や、動画の掲載については、外注すべきかどうか、予算等も加味し、検討していることが報告され、これに対し、岩崎理事長・幹事より、学会繰越金はまだあるため、必要なことは提案してほしい旨が述べられた。

6. ニュースレター（小寺幹事）

小寺幹事よりニュースレターの現状について報告された。特にニュースレターのデザイン改訂については検討中であることが述べられ、これに対し岩崎理事長・幹事よりこれまでの年会ポスターのデザインの利用についても合わせて検討したらどうかとの提案、および、現状のマイクロアレイのデザインは変えた方がよいと意見が述べられた。木下理事・幹事・地域部会長からは、ニュースレターのデザインは学会の顔であり、広報や、Webデザインにも関連してくるので、重要な内容であることが述べられた。松田幹事からは、ニュースレターの閲覧数について質問が挙がったが、現在は閲覧数が把握できないことがわかった。

7. 人材育成（有田理事・幹事、白井理事・幹事）

有田理事・幹事より、スキル標準について、後日まとめたものをメール審議にはかることが報告された。

8. 連携（荻島理事・幹事）

荻島幹事より、ISO/TC215 Genomics Informatics SCの国内委員会への協力のお願いをメール審議にはかることが報告された。

9. 渉外（松田理事・幹事）

松田理事・幹事より別紙9を基に本年会でキャリアパスセッションを企画し、賛助会員へ講演依頼を行い、開催することが報告された。山田(拓)幹事より、セッション形態が今回はシングルセッションで2つ続きのセッションであることが述べられた。岩崎理事長・幹事より、今回の様子を見て次回に生かしてほしい旨が述べられた。

10. 男女共同参画（油谷幹事）

油谷幹事が欠席のため、報告は行われなかった。長野理事より、男女共同参画は連絡協議会の会議出席などがあり、幹事への負担がかなり大きいことが懸念点として挙げられた。岩崎理事長・幹事より意欲的な人に幹事になってもらうのはどうかとの提案があった。また、木下理事・幹事・地域部会長より男女共同参画より対象をより広げるため、「ダイバーシティ幹事」へ名称変更の提

案があり、今後も議論を進めていくこととなった。

11. Genome Informatics(佐藤幹事)

佐藤幹事は欠席のため、報告は行われなかった。岩崎理事長・幹事より、この幹事のよりよい形態について問題提起があり、有田理事・幹事より、本学会の定期刊行物のGenome Informaticsは現在休刊中であり、廃刊していないことから、幹事は必要である旨が述べられた。今後も議論を進めていくこととなった。

12. 個別化医療推進(木下理事・幹事・地域部会長)

木下理事・幹事・地域部会長より、先に述べられたISO/TC215 Genomics Informatics SCの国内委員会参加について検討している旨が報告された。

13. 会計(大林理事・幹事)

大林理事・幹事は欠席のため、代わりに岩崎理事長・幹事より別紙13-1~5に基づき、会計に関する報告が行われた。年間200万円近くの赤字を埋める対策を早急にする必要があることが述べられた。

14. ISCB(岩崎理事長・幹事)

岩崎理事長・幹事より2023年にアジアでISCB-Asiaと連携した国際会議を開催する計画があることについて報告があった。

15. 庶務報告(事務局)

岩崎理事長・幹事より別紙15-1~4に基づき、会員数(男女別、地域別、年代別、県別)、会費納入率、協賛・後援状況、ML利用状況、年間作業表等の庶務報告が行われた。特に庶務業務を担当する事務局は、外部委託が難しい一方で業務量が多く、多岐に渡ることから、事務局の移転性を確保することが課題である旨が報告された。

16. 会長からの報告事項(岩崎理事長・幹事)

岩崎理事長・幹事より別紙16に基づき、名誉会員推薦の仕組み、シニア賞の必要性、JSBi定款・細則の検討事項、後藤先生の寄付金、学会運営の諸問題、他学会との関係、その他活動について報告された。名誉会員の推薦に関する内規は必要であるとの意見が挙がった。

【地域部会長からの報告】

17. 北海道地域部会(遠藤理事・地域部会長)

遠藤理事・地域部会長より別紙17に基づき、北海道地域部会の活動について報告された。バイオインフォマティクスの推進・普及に関して、情報共有をお願いしたい旨が述べられた。

18. 東北地域部会(木下理事・幹事・地域部会長)

木下理事・幹事・地域部会長より、東北地域部会の活動について報告された。

19. 関西地域部会(中川地域部会長)

中川地域部会長より、関西地域部会の活動について報告された。

20. 中国・四国地域部会(妹尾地域部会長)

妹尾地域部会長は欠席のため、報告はされなかった。

21. 九州地域部会(倉田地域部会長)

倉田地域部会長は欠席のため、報告はされなかった。

22. 沖縄地域部会(池松地域部会長)

池松地域部会長より、別紙22を基に沖縄地域部会の活動について報告された。

【公募研究会代表からの報告】

23. 3月9日(土)~10日(日)開催：第10回ゲノムグラフ研究会(ゲノムグラフ研究会)

片山会員から別紙23に基づき、開催報告が行われた。学生参加者が多く、交通費補助は非常に助かること、今年の12月ごろ、同研究会を開催予定であることが報告された。

24. 3月19日(火)開催：質量分析インフォマティクス研究会・第4回ワークショップ(質量分析インフォマティクス研究会)

吉沢会員の代理で五斗副理事長・幹事より、別紙24に基づき開催報告が行われた。

25. 4月19日(金)開催：第26回バイオメディカル研究会「健康・医療のデータサイエンスが乗り越えるべき課題」(関西地域部会)

中川地域部会長より、別紙25に基づき、開催報告が行われた。今年の10月にも公募研究会を開催予定であることが報告された。

26. 5月10日(金)開催：第1回研究会「幹細胞情報学イニシアチブの設立」(幹細胞情報学研究イニシアチブ)

藤渕理事より、別紙26に基づき、開催報告が行われた。アンケートの結果を受け、研究会開催の意味について言及された。

27. 6月14日(金)開催：第1回「我が国におけるデータサイエンスの現状と課題」(「クリニカル・データ・サイエンティストに期待される専門性、資格、職の機会」研究会)

白井理事・幹事より別紙27に基づき、開催報告が行われた。D2Kについて討論するシリーズについてはこの研究会で終了する旨が述べられた。また、岩崎理事長・幹事より、他NPO法人との連携を公募研究会としてどのよ

うに捉えていくべきか問題提起がなされた。

28. 7月7日(日)~12日(金)開催：第3回・質量分析インフォマティクス・ハッカソン

吉沢会員の代理で五斗副理事長・幹事より、別紙28に基づき開催報告が行われた。

29. 7月12日(金)開催：第2回「データサイエンティストが輩出する機会をどうつくるか?」(「クリニカル・データ・サイエンティストに期待される専門性、資格、職の機会」研究会)

白井理事・幹事より別紙29に基づき、開催報告が行われた。

30. 7月31日(水)~8月2日(金)開催：(内山先生)Quest for Orthologs

内山会員の代理で会に参加した岩崎理事長・幹事から別紙30に基づき開催報告が行われた。

最後に岩崎理事長・幹事より意見交換会は、以後は年会中のお昼などに時間を取って開催するのが良いことが述べられた。

以上

以上により議事が終了し、議長は18時00分閉会を宣言した。

上記の議決を明確にするために、議長および議事録署名人において次に記名押印する。

2019年9月8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	岩 崎 渉	印
議事録署名人	尾 崎 遼	印
議事録署名人	五 斗 進	印

学会の現況

有効会員数(2020年3月現在) 正会員:482名 学生会員:116名 賛助会員:16社 名誉会員:3名
特定非営利活動法人 日本バイオインフォマティクス学会 2019年度役員一覧

会 長	岩 崎 渉	(東京大学大学院理学系研究科)			
副 会 長	五 斗 進	(情報・システム研究機構データサイエンス共同利用基盤施設ライフサイエンス統合データベースセンター)			
地域部会長	遠藤 俊徳	(北海道大学大学院情報科学研究科)	木下 賢吾	(東北大学大学院情報科学研究科)	
	中川 博之	(住友化学株式会社)	妹尾 昌治	(岡山大学大学院自然科学研究科)	
	倉田 博之	(九州工業大学大学院情報工学研究科)	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)	遠藤 俊徳	(北海道大学大学院情報科学研究科)	
	大林 武	(東北大学情報科学研究科)	清水 厚志	(岩手医科大学いわて東北メディカル・メガバンク機構)	
	清水謙多郎	(東京大学大学院農学生命科学研究科)	長野 希美	(産業技術総合研究所人工知能研究センター)	
	松田 秀雄	(大阪大学大学院情報科学研究科)	宮本 真理	(Oxford Nanopore Technologies 社)	
	荻島 創一	(東北大学東北メディカル・メガバンク機構)	尾崎 遼	(筑波大学医学医療系生命医科学域)	
	木下 賢吾	(東北大学大学院情報科学研究科)	五斗 進	(情報・システム研究機構データサイエンス共同利用基盤施設ライフサイエンス統合データベースセンター)	
	白井 剛	(長浜バイオ大学コンピュータバイオサイエンス学科)	竹本 和広	(九州工業大学大学院情報工学研究科)	
	田村 武幸	(京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター)	元池 育子	(東北大学東北メディカル・メガバンク機構)	
	藤 潤 航	(京都大学iPS細胞研究所)	山西 芳裕	(九州工業大学大学院情報工学研究科)	
監 事	山田 和範	(東北大学大学院情報科学研究科)	渋谷 哲朗	(東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター)	

賛助会員一覧(2020年3月現在、賛助会員口数および五十音順)

- ・株式会社日立製作所
- ・株式会社富士通九州システムズ
- ・エーザイ株式会社
- ・公益財団法人沖縄科学技術振興センター
- ・国立研究開発法人科学技術振興機構
- ・カクダス・コミュニケーションズ株式会社
- ・株式会社 クリムゾン インタラクティブジャパン
- ・塩野義製薬株式会社
- ・住友化学株式会社
- ・タカラバイオ株式会社
- ・田辺三菱製薬株式会社
- ・中外製薬株式会社
- ・株式会社ナベ インターナショナル
- ・一般社団法人バイオ産業情報化コンソーシアム
- ・有限会社パスウェイソリューションズ
- ・三井情報株式会社

登録(無料)はこちら ▶ bit.ly/nbdcmimg

データベースを学べる

NBDCメルマガ



生命科学分野におけるデータ/データベースの利活用方法を学べるイベント情報や、研究データの共有をめぐる国際動向など、研究者・技術者・研究管理者の皆様役に役立つ情報をお送りしています。

JST (科学技術振興機構)



バイオサイエンス
データベースセンター

<https://biosciencedbc.jp/>



バイオインフォマティクスの今後を考えるにあたり未来予測も大事ですが、それと同じくらい大事なのが次世代の育成だと思い、今回の特集を組ませていただきました。この特集記事、および他の記事にご協力いただいた先生方、興味深い記事をたくさんありがとうございました。ニュースレター幹事を2年間務めさせていただきまして、その間にお世話になりました諸先生方にも合わせて御礼申し上げます。

(小寺正明)

JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS