

CONTENTS

巻頭言	1	日本のバイオインフォマティクス研究室	18
特集：座談会	2	会員による著者紹介	19
日本バイオインフォマティクス学会賞受賞報告	11	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	20
年会開催報告	13	学会の現況	28
国際会議参加報告	14	編集後記	30
地域部会・公募研究会活動報告	17		

巻頭言

秘めた想いとテイラー展開について

私が大学に入学した頃、同級生との連絡はweb掲示板でおこなっていました。LINEグループの様なものです。そこでやりとりされる内容は、授業の休講情報から飲み会のお誘い、暇つぶしの雑談まで様々でしたが、ある時「一番知性を感じさせる口説き文句をみんなで考えよう」というトピックで盛り上がったことがありました。私はそのやりとりをただぼんやり眺めていましたが、同級生らが色々考え抜いた末に辿り着いた結論は、

「君をテイラー展開したい」

絶句です。これほどまでに相手を困惑させる口説き文句は聞いたことがありませんし、そもそもまさに口説いている真っ最中だという事実すら伝えることができている気がします。その後すぐに、この台詞の意味について“発案者”から解説が加えられました。

「まるでテイラー展開の様に、君のことを少しずつ理解していつてその核心に迫りたい」

という気持ちが込められている。

テイラー展開に関する詳細・正確な解説は然るべき参考書などを参照していただくことにして、ここではテイラー展開が口説き文句として成立するかどうかを考察するのに必要な情報だけに触れます。テイラー展開は、「任意の関数はある点付近において多項式で近似できる」というテイラーの定理に従って、計算しにくい関数をより計算しやすい多項式で表現します。ある範囲内でn回微分できる関数であれば、基本的には0次微分からn次微分までを用いてテイラー展開により多項式で表現することができ、nが十分に大きければうまく近似することが可能です。例えば、 $e^x$ は下記のように多項式で近似することができます。



$$e^x = 1 + \frac{x}{1!} + \frac{x^2}{2!} + \frac{x^3}{3!} + \dots, \quad -\infty < x < \infty$$

イメージとしては、トイレトペーパーを引っ張り出すよ

うに項を次々と足して行って、その芯、トイレットペーパーの中核を成す軸へと近づいていく感じだと言えるかもしれません。nを十分に大きくして近似する、それはまるで、軸に辿り着くまでにまどろっこしいほどトイレットペーパーを引っ張り出し続けるかの様です。その様子に秘めた想いを重ねたのが上記の口説き文句、とでも言えるでしょうか。「人は微分できますか」だとか「近似でもいいのですか」、といった類の質問は一切受け付けません。込められた意図は最低限理解したと思っていますが、それでもこの口説き文句を実践利用した同級生が一人たりもないことを心から祈るばかりです。私自身、この台詞を口にすることは絶対にないと固く信じていましたし、もう思い出すこともないと思っていました。

-----

あれから20年以上の年月が流れ、私は以前から目標としていた研究者になりました。ただ、例え好きなことを仕事にしても、それは当然仕事が楽だという意味ではありません。研究が好きで、研究者として働きたいと願い、それに係る諸々のリスクに対して腹を括った上での選択ですが、だからと言って決心が揺らぐことが全くないとも言えず、自分にとって何が大事なかを改めて見つめ直してしまうような困難な時期を迎えることもあります。今自分がやっていることがどこに向かっているのかを見失ってしまうことも、たまにはあります。一人一人、置かれている環境も人となりも違うので受け止め方はそれぞれでしょうが、研究者に限らず多く

の方が経験するのではないかと思います。

それでも、今何らかの形で研究に携わっている方というのは、研究が好きだという気持ちが多かれ少なかれ支えになっているのではないのでしょうか。自分が何を望んでいるのか、何が好きなのか、何を幸せだと感じるのか。自分のことだというのに意外なほど明確な答えが見つからない、というのも珍しくないかもしれません。そんな中、もし例えば「自分は研究が好き、だから研究に関わる仕事にしたい」と思えるのなら、それ自体が幸せなことではないのでしょうか。自分の中に軸を持ち、まどろっこしいほどに少しずつであったとしても日々前に進み続け、いつかその核心に迫りたい。誰かと競うためではなく、自分の中に既にある秘めた想いときちんと向き合うために。そう思えるような軸こそが、難しい時期を乗り切るための支えになってくれると思うのです。

このニュースレターを読んでもくださった皆さんに僭越ながら私からエールを贈ります。

「君をテイラー展開したい」

誰かに自分のことを理解してもらおうというよりも、自分が自分をより深く理解するために。

自分の軸と向かい合い、追求し続けることを幸せだと思える人生を歩めますように。

夏目 やよい

医薬基盤・健康・栄養研究所 AI健康・医薬研究センター

## 特集「座談会：次世代の生命情報科学に向けて 後編」

荒川 和晴（慶應義塾大学 先端生命科学研究所）

岩崎 渉（東京大学 大学院新領域創成科学研究科）

大上 雅史（東京工業大学 情報理工学院 情報工学系）

尾崎 遼（筑波大学 医学医療系／人工知能科学センター）

小林 徹也（東京大学 生産技術研究所）

福永 津嵩（早稲田大学 高等研究所）

（編集：尾崎・福永）

今から10年前の2012年に、バイオインフォマティクスのあり方について、若手研究者による多様な議論が交わされたことがありました。JSBiニュースレター第25号に「次世代の生命情報科学に向けて—若手研究者からの視点・論点」と題する特集が生まれ、また、同年10月の生命医薬情報学連合大会において、「NGS 現場の会・オープンバイオ研究会・生命情報科学若手の会・定量生物学の会 4会合同シンポジウム『これからの生命科学を考える』」が開催されました。

本特集では、前号に掲載した前編に引き続き、この座談会の後編をお届けいたします。

〔後編〕

実験との距離、人材育成

小林 ちょっとと茶化す感じになりますが、バイオインフォマティシャンや理論研究者が実験を主導したり設計したりするようにこれからなるというのは、実は10年ぐらい前から言

われてましたよね。

岩崎 本当ですよ。

荒川 そのとおりです。

小林 その状況にはなっていないというのは、やはり実験系を持つて人のほうが強いからですかね？あとは、バイオインフォマティクスとか理論系の人、実験のラボを持ちたいと思ったときに、結構ハードル高いですよね。その実験ができる環境、つまり、実験系を作れるようなところでPIにならなきゃいけないとなった時にまず実験系をそろえるのに予算を取らなきゃいけない。けど、共同研究をやったとしても、これまでインフォマティクスとか理論しかやってない人が実験系の分野の予算に出しても通らない、みたいのも結構ありますよね。よっぽど恵まれた状況じゃないと。そういう事情もあるかなと思うんです。

尾崎 そうですね。もっと言うと、20年前も同じことを言ってるっていうのがあります。2000年のbitという雑誌に掲載された座談会です（高木利久，金久實，中井健太，大久保公策，森下真一，宮野悟，座談会「ゲノムデータベースの未来」，bit，2000，Vol. 32，No. 1）。この辺の人たちが座談会をしてるのですが、宮野先生がここで、「情報の研究室にラボを持つ」とか「実験を依頼できるような会社」といった話を書いてるんです。結局、ずっと同じことを言い続けているということですね。

岩崎 そういう意味では、やっぱりバイオインフォから、大きなプロジェクトをリードする人がもうちょっと増える必要があると思います。バイオインフォだと、どうしても、結構お手伝いみたいな感じでもプロジェクトに入れてしまうじゃないですか。そこで研究費も取れてしまうかもしれない。ですが、やっぱり、失敗するかもしれないけど先頭に出てビジョンを示していかないといけないなと思っています。

福永 しかし、先ほどのbitの時代に比べると、荒川さんと岩崎さんがまさにそうですね。実験もバイオインフォもできるっていうラボが徐々に増えてきているとは思いますが。理論生物もそうだと小林先生にこの前伺いました。そうすると、今後は当然どちらもできるということで、もうバイオインフォって言う時代じゃないんだとは思っています。

小林 でも、当然どっちもできるっていうことになってきたときに、どうやって教育するのっていう問題はあるかなと思っています。10年後の話として、これからの期待と懸念という話、どちらかというと懸念の話ですが、やっぱりやる



左上から横に、岩崎、尾崎、荒川、福永、小林、大上

ことが多くなっていて、勉強しなきゃいけないことが増えてると思うんです。それをちゃんと教えて学ぶのも大変だし、教える場所もそんなにないですよね。学科として、実験は全部教えて、かつインフォマティクスもかなり高いレベルで教えて、統計とか数理とかも必要になるからそれも全部教えてという話になってきたときに、やっぱり厳しい部分があると思っています。

ほんの一握りのすごい学生とか、すごい若手研究者とかはできるかもしれないんですけど、業界全体として見たときに、そういう人が増えるかという、増えないんじゃないかなっていうのは気になっています。同時に、僕は数理情報で大学院を担当しているので、数理系とか情報系がやりたいっていう学生が入試で来るんですけど、やっぱり生命系って人気がないんですよね。みんな、他のところに行ってしまう。なんで人気がないかっていうと、まず、生命系の分野はドメイン知識の勉強が大変ですよね。もちろん、ドメイン知識を勉強するという自体は、生命系に限らずいろんな分野でやらないといけないんだけど、生命系の分野は、他の分野と比べてもそこが結構泥臭い。あと、画像データとかに比べると、生命系はデータベースが全然使えるのがなかったりします。あと、論文が出しにくい。学生に言われるのは、画像とか深層学習のラボに行けば、MIでプレプリントを出すとかプロシーディングスを2報出すとか、どんどん論文を出すんだけど、生命系のほうに行くとそのが遅くなっちゃって、相対的にキャリアパスが遅れちゃうみたいになっていう話をされました。

まだ研究を始めたばかりの学生でももちろん全部は勉強できてないわけなんですけど、そういう人が新しい分野から入ってきてやってみようかなと思った時、割と気楽に新しいことや考えたことを試せる環境がどれくらい築けてるかっていうのは気になります。これは別にバイオインフォマティクスのほうじゃなくて、実は定量生物学のほうで自分ももっと気にしてることなんですけど。勉強することも増えてるし、

イメージングとかも高度になり過ぎていて、ちょっとイメージング組んで定量解析しましょうかってのも、なかなか難しくなっている。そういうふうになってくると、分野全体として停滞する。新しい人が、その時の思い付きで研究をやって、新しい方向に進んで行くということがなかなかできなくなっているのではないかと、懸念として思っています。

尾崎 ありがとうございます。実験自動化（ラボラトリーオートメーション）の分野に、理研の神田さんっていう人がいるんですが、彼は「バイオインフォの人材育成は異分野の知識を身につける限界を示してくれた」と言うんですね。つまり、両方分かる人を生み出そうと思っても、そんなにスケールしないよねっていう話です。だから実験自動化のほうでは、ロボットと情報科学とか、ITと生命科学の別々の専門性を持った人同士がどうやって協力するかというほうを考えましょうという方向になっていますね。

今の話で言うと、バイオインフォのアルゴリズムの入門書で、『バイオインフォマティクスのためのアルゴリズム入門』という本がありますが、現在では、あの本より難しい技術やアルゴリズムが、今バイオインフォの様々な分野で使われています。そうすると、新規参入してきた人が技術をキャッチアップするにはどうすればいいんだろうっていうのは、もうよくわからないですね。

### バイオインフォマティクス分野の成熟と変化

岩崎 でもそれは、学問分野が成熟してきたということじゃないんですかね。理論物理学とかも、そんな新しい人がぱつと来て、ぱつとできるようなことはあんまりないじゃないですか。たまにはあるかもしれないけど。バイオインフォマティクスとか理論生物学も、そういうものになってきたんじゃないでしょうか。そういうポジティブな見方じゃ駄目ですか。

小林 物理学で極端な場合だと、素粒子物理学の理論とかは、もうペンペン草も生えないぐらいで、秀才の墓場だって言われるぐらいになりますよね、淘汰圧が強くなり過ぎてるんです。一方で、自分が学生のときにちょうどシステム生物学が始まって何がよかったかっていうと、結局、好き勝手やろうよみたいな感じがよかった。先駆者もほぼいないというか、分子生物学の波で忘れ去られたりとかしてたから、新しい人が入ってきて好き勝手なことをやるということができたのがとてもよかったというふうには思っています。今、そういうことを定量生物でできるかっていうと、圧倒的に敷居が高くなってらなっているのはあります。

岩崎 そうですね。生物学の分野だと、すごい変な現象、分子、生き物を見つけたら、それで一発逆転ということはありそうですが。

小林 あと、大学で教えていると結構お金がかかりますよね。

荒川 お金はかかり過ぎですよ。よく成熟度合いと同じくらい議論されることの一つに、アマチュアをどう育てるか、アマチュアがそもそも育ち得るのかという議論があると思うんですけど、やっぱり生物ってお金かかり過ぎるよねって思います。アメリカとかでは、一部DIYバイオハッカーみたいなアマチュアがぶいぶいわせていますが、彼らの自宅を見ると、マジですごい設備が入っているんで、ちょっとそういうところの参入はしにくいな、とは思っています。若い人たちがアイデア一つで楽しく入ってこれるような環境をつくるためにどうしたらいいのかというのは、成熟している分野でも考えなきゃいけないことですが、なかなかすぐにはいいアイデアないですね。

岩崎 たとえば、ゲノム配列を与えたら生命かどうか判定してくれる手法を作ろうとか、生命をコンピューター上でシミュレーションできるようにしようっていう、わかりやすい大目標を10年後に立てたときに、それをやるのは、個人のアイデアじゃなくて、巨大資本でしょうね。AlphaFold2が、DeepMindから出てきたような。

荒川 あとソフトウェア開発もすごい変わったなと思ってます。10年、20年前とかに皆さんが悩んでいたバイオインフォマティクスのソフトウェア開発の問題で、ビッグジャーナルに載らないっていう話がありましたが、最近はNature Biotechnologyとかにガンガン載るようになってきて。ただ、結果的に、ビッグラボからしかツールはたくさん出なくなっちゃってきていて、細かいツールがあんま出なくなってきたようにも感じます。それはいい面もあるんだけど、参入障壁はやっば上がってるなっていうのは、すごい感じますね。

岩崎 昔はソースコードはちゃんと読めと言われてましたが、ニューラルネットワークとか、もう中身は訳分かりませんし。。。昔は「人の作ったソフトウェアは信用するな」みたいなことをみんな言ってましたが、今はなかなか難しいですよ。

荒川 多分その参入障壁が本質的に下がるような事態は、大きなパラダイムシフトがあって、今まで全然考えてない方向性で動くとか、少なくとも、そういう旗振りをするとこがないと、なかなか難しいんですよ。

大上 競プロみたいな、小さい問題に落とし込めたら、アマチュアもたくさん興味を持って取り組んでくれる可能性はかなりあるんですよ。ただ、小さい問題に落とし込んで何が分かるかっていうところは、出題者に技術が求められるので、

出題者がそういう能力を高めないと、なかなか通用しない話なんですよ。

尾崎 そうですね。また実験自動化の話になっちゃうんですけど、たくさんロボットがいたときに、そこに仕事を割り振るみたいなスケジューリング問題を学生さんにやってもらおうとしたときに、競プロ好きだって言ったから、競プロフォーマットにしたんですよ。そうすると、自分で1回作ってみると分かるんですけど、あれってすごい厳密に定義しないとイケないんですよ。逆に、やっぱりそこまですると、やってくれる人は増えるんだろうと思います。競プロだけでなく、kaggleみたいなデータ解析コンペとかもそうですし、あと最近だと、銀行とかアクチュアリーの人を作るモデリングとかがあるんですけど、それをeスポーツっていう名前でやる大会とかがあったりもします。そうすることで、アマチュアなのかセミプロなのか分からないんですけど、人の参加を増やして、技術的な発展を目指していこうっていうのは今後あるんじゃないかなとは思いましたね。それこそ、この前のIIBMPで、ゲノコン (IIBMP2021での一般公開セッション「〜プログラミングコンテスト〜 DNA配列解析チャレンジ アルゴリズムの力で生命科学の最先端に挑む!」<https://sites.google.com/view/genocon>) をやりましたよね。

荒川 今すぐに見えることっていうのは、異分野の人と簡単に交流できるような場をつくることですかね。勉強しなきゃいけないこともたくさんあるし、結局1個のラボでできる問題っていうのも、生物学では今やほとんどなくなってきちゃったし、いろんな人たちと組まなきゃいけないですよ。だから、たくさんお友達をつくれるスキルっていうところが、結局、一番大事になってきていると思います。だから、ドメインを自分はバイオインフォマティクスだとか何とか縛らないで、岩崎さんのように本当に全く関係ない小説の分野に入り込まれるのも素晴らしいことだと思いますし、そういういろいろなコネクションを持って取り組めるような場をつくるのが、今、僕らに簡単にできることですね。そこで簡単に友達をつくって、自分がない専門知識でも取り組めるんだっていうのが分かって、小説書けるんだってことが分かってくると、それによって本当に参加してみようかなと思ってくる。だから、全部を別に覚えなくても、友達つくればいいんだっていうふうになれば、入ってこれるかなと。

岩崎 一方で、「真のイノベーションは、やっぱり一人が脳みそにいろんな要素を入れないと起こらない」っていう人もいますけど、どう思いますか。

荒川 僕、実際はそっちなんですよ。全部見えてないと駄

目だろうと思うんですけど、結局、一つの深い専門と、浅い幅広い知識を持つっていうのがいいんだろうなと。それこそ1600年ぐらいの時代から言われていることですよ。ハーバード大学とかも、その辺がモットーになってたと思います。だから、そういうサロンのところでいろんな人の話を聞いてるっていうことだけでも、浅く幅広い知識っていうのが持てるわけだし、結局、何か一つ研究していれば、それが今の言葉での学問分野になっているかいないかは別として、軸を持つってということにはなると思うので。大学入ってから、多分、勝手に軸はできるんですよ。だから、それよりも、横の幅広いつながりをなるべく違う分野のところと簡単に交流できるような仕組みっていうのを作るのが、今できるベストなのかなと思ってますけど。

福永 そういう意味で、NGS現場の会みたいなのは、非常に良かったと思います。学生の立場からすると、すごいいい試みだったかなと。私は運営側じゃないんで無責任ですけど、すごい会が大きくなり過ぎると、いろいろ難しいこともあるのかなというふうには思いますが、今ではオンラインでできることもあるかもしれません。

荒川 NGS現場の会について言えば、多分運営に関わるみなさんそれぞれいろんな感想があったと思うんですけど、僕は、もうつまんなくなっちゃったんですよ。どんどん教えてくださいとか、これから始めますっていう人が増えちゃって。最初のころは、よく分からないけど使ってるっていう本当の現場の人たちだけで集まって、それが楽しかったんで。つまらないことを継続するのに労力使うのは、あほらしいじゃないですか。

まあでも、あれもせいぜいシークエンスの現場じゃないですか。もっと広い、音楽やってる人とか、そういう人が入ってきてもいいと思うんですよ。何が役に立つか分からないし。だから、経済やってる人、文学やってる人、音楽やってる人、建築やってる人、何でもいいんですけど、そういう人たちと日常的に話し合える場があるのがいいのかなと思います。

岩崎 そういう意味でSNSも、方向性が大事というか、もっとうまく活用したいですよ。

荒川 やってる人たちが楽しそうだったら、どんなに参入障壁が高かろうが、若い人は入ってくると思うんですよ。論文、別に出なくても、なんか、めっちゃあいつら、超楽しそうなんだけどって思ったら、入ってくると思うんですよ。

小林 楽しいのは大事で、もちろん今でもなんかこの分野好きだっていう人がやっぱり来てくれてると思います。でもマスで見たときに、その分野全体が活性化するかどうかつ

て、そういう本当に情熱がある人だけが入ってくる時じゃないなとも思います。例えば、最近であれば深層学習の分野を見ても、本当に情熱がある人以外の人もわいわい入ってきていて、いろんな方向に進んでいるというところもあると思います。これは、定量生物学のほうで、みんなと話しているときによく言うことです。

定量生物学では、定量生物の年会の企画とかも、自分たちが楽しいように運営しています。それは、さつき荒川さんが言われたみたいに、教えてくれてという人たちにどんどん教えるだけみたいになってきちゃうと、ちょっと違うんじゃないかと。そもそも元は、みんな楽しくやりたいということから始まったところですから。最近の企画でも、自分たちが面白いと思うことをやりましょうというふうにはなっていますが、同時に中年の集まりになっていて、若い人たちに本当に魅力的に思えるのかどうかとかいうのも、ちょっと客観的に見たほうがいいかなと思いついてます。若い人たちから見て入りやすい分野は、どういうふうになっているのかということもちょっと意識したほうがいいのかなと。自分たちが楽しいことをやるというのは、それはそれでやっていくんですけど。

荒川 深層学習とかシステムバイオロジーとか最初は結局金ですよ。業界としてお金があつて、儲かるから人が入ってくるっていうところが大きかったじゃないですか。システムバイオロジーやってれば、グラント取れるみたいな時期が一時あつたし、今も多分、深層学習って言うときゃ取りあえずどこかに論文通るとか、そういうのが、残念ながら社会的にあるので。だから、僕らが楽しつつ、めっちゃでかい金取ることも大事です。金を見る人たちってのは一定以上いるんで。

### 10年後の予想

岩崎 これは、最後に皆さんで10年後の予想をするんですか。

尾崎 しましう。では私からしますね。今シングルセルやってるから思うことなのですが、結局、メタボロームでも、トランスクリプトームでも、プロテオームでも、分子をエンティティーにしたバイオインフォマティクスが、これまでずっとやられてきたなと思います。類似性検索もそうですし、テキストマイニングもそうですし、知識データベースでもそうですし、モデリングでもそうです。もっと細胞とか、細胞集団とか、個体とか、あるいは集団を中心、エンティティーにしたバイオインフォマティクスが、そのままつくれるんじゃないかなと思っています。

例えば、テキストマイニングで言うと、この細胞に何々をかけたら、こうなりましたっていう、知識を抽出する方法は、今、すごい欲しいです。あとは、細胞間相互作用をモデリン

グとか機械学習するっていうのは、データが今後出てくるようになったら、できるんじゃないかなと思うところがあります。その時に必要なのが、今は、分子よりも大きなエンティティーでは計測データの共有が進んでないで、その部分かなと。顕微鏡とか今すごい発展していて、すごいデータを取ってるんですけど、そのデータとか、データの解析結果とかを全部公開する人がNGSとかに比べてたくさんいるかっていうと、全然そんなことはないで、そこがかなり参入障壁になっているっていうのはありますね。だからそこがクリアされてほしいという願望はありますね。

あとは、実験自動化に首突っ込んでるから思うことかもしれないんですが、データの取り方への介入っていうところにももう少し工夫ができないかと思います。今だと、猫も杓子もベイズ最適化みたいになってますけど、そういうブラックボックス最適化とかじゃなくて、生物学とかゲノム科学とか、細胞レベルでもそうですが、生命科学の知識とか蓄積を取り入れたモデリングを利用して、データの取り方へ介入していく、こういうことをバイオインフォの一つの分野にできないかなっていうのを考えています。

小林 今の話で言うと、確かに画像とかイメージング系のデータベースって、あんまり進んでないんですね。また、10年であんまり思った以上に進まなかった、みんなが期待してたほど進んでないなって思うこととして、画像を与えられてそこから細胞とか全部認識して追跡してみたいな方法は、昔からみんな研究していて、みんな欲しいんだけど、なかなか精度が上がらないっていうのがあります。深層学習とかU-Netが出てきて、多少精度が上がってきたところはあるけれども、なかなか進まない。アノテーションとか、ラベルを付けるのが結構難しいし、誰も付けないみたいなのところもあります。

だから、画像をデータベースにしてぼんぼん放り込んだからいいかっていうとそうではなくて、どんな条件でどんな細胞をどう撮ったのかがちゃんと分かんない画像データとかが山のようにあつても、結局あんまり使えないみたいなことになりかねない。もちろん顕微鏡のプロパティぐらいはつくとは思いますが。それでも画像の研究者の方々は頑張ってるんですけど、むしろ逆に、なんでシーケンスがあんなに上手く進んでいるんだと思ってしまう。

尾崎 シーケンサーは、ジャーナルを押さえて、データ共有をさせる仕組みを作ったっていうのと、あとは、みんなイリミナ使ってるからとかっていうのもあるんですかね。最初はNGSも他にいくつかあつたけど、結局寡占になってるから、データ共有しやすい。

荒川 ゲノムって、成長に伴っても変わらないし、状態によつ

でも変わらないので、メタデータが凄いシンプルなんですよ。生物種ぐらいいはみんな書いてくれるんですよ。だけど、それ以外のテンポラルな情報って、本当はどういう条件でどういふふうに観察したかとかを全部書かないと意味ないんだけど、それ全部書くのは結構面倒くさいじゃないですか。何だったら、意識してないこともあるわけですよ。実験的にはほとんどコントロールしてない湿度で、地中海付近でやらなかったら、全然実験が再現しないということもよくあるわけだけど、そういう情報って書いてないことがよくある。だから、そこのメタデータが多分一番のネックですよ。

ゲノムの場合は何だったら生物種すら書かなくて、16Sや18Sを見たら、大体どの辺の生き物が分かるわけだし、つまりゲノムの中に情報が内包されちゃってる。ひょっとすると、ラベルのほうの間違ってることもあるかもしれない。生物種、これだと思ってたけど、実は違うみたい。メタデータが要らない情報だっているところが、出発点としてはすごくいいんだけど、ちょっと特殊なんですよ。

シークエンスの話がちょっと出たので、私の10年間の予測というか、一つ言っておきたいのが、多分10年以内にプロテインシークエンサーが実用化して販売されますよね(図1)。これは相当大きな変革になり得る部分だと思うので、結構、身構えておいたほうがいいのかなと思っています。今、発現の情報って全部トランスクリプトームベースでみんな議論してるけど、タンパク質との発現の相関は、50パーセントとかそんなレベルしかないというのは、生き物とか細胞の種類によってはいくらでも言われてますよね。もちろん相関が高いときもあるけれども。糖鎖付加とか修飾とかに関しては、ほとんどまだ何も分かってない状況なので、これまでRNAでの発現量の変化として議論してたことが、タンパク質で見たら、その議論は全然間違ってたことが、これからいくらでも出てくると思うんですよ。そこは簡単に予測ができる未来だから、10年後に向けて、若い人は特に意識しておくといいのかなと思っています。

## これからの10年

### ・引き続きゲノムと共に生きよ！

- いつ遺伝子が発現するか
- タンパクが何と相互作用するか
- その活性はいつ、どれくらいか
- 1塩基変異の影響はどうか

ゲノムにどう情報が書かれるか

### ・近いうちに確実におきること：プロテインシークエンス

Long DNA Write



図1

あとは全然違う観点からいくと、アカデミアの形はすごい変わってほしいし、変わらなきゃいけないし、変わっているだろうと予測したい。これはちょっと楽観的というか、希望的観測を含めてなんですけど、論文の査読はもう今絶対に機能してないし、やめるべき。あと、評価を全部論文ベースにするっていうのは変わるべきで、特にバイオインフォマティクスなんかで、データベース作るとか、ソフトウェア作ってGitHubで公開することも論文と同じぐらいの評価軸になっていいはず。そういうアカデミア自体の評価基準が、今後10年間ですごく変わり得るとこだなと思うんですよ。もう明らかに査読や今のジャーナルシステムは破綻してますし、一部の出版社が悪どく商売しているのは本当に淘汰されるべきだと、やっとなみんな気付いてきているので、向こう10年間で何も起きないとは思ってないです。だから、そこら辺に結構大きな変革があって、僕らも仕事するときの価値観として、いろいろと変わることがあるかなと期待したいです。これが10年後も同じだったら嫌ですね。

尾崎 教育の話でいうと、たとえば医学系で学生さんたちが製薬に行こうと思った時に、バイオインフォをちゃんとできると、すごい将来が広がるのと思うんですが、なかなかバイオインフォの授業を開けない。学部教育とか大学院教育で、もう少し枠が取れるといいなっていうのは思っています。

あとオンライン授業、もっとあっていいのになって思えますね。例えばNBDCが、AJACSっていつ、NGSだったり、いろんなデータベースの使い方の講習会をやっているんですが、あれはなんで単位認定されないんだろうと。あれを単位認定して、講義としてやってもらったほうが、よっぽど生命科学の人たちの生産性上がるのになって思えます。その辺は、もう少し大学の今の仕組みとか境界があいまいになるといいなと思ってます。

荒川 うちの、その辺オープンにできますよ。結構いろんな大学と単位交換とかもやってるし、全然違う、授業の枠組みに入っていないコースとかで単位認定してるケースとかあります。

岩崎 では、私の10年後の予測ですかね。やはり、ゲノム配列を入れたら、どんな生物か、どんな環境が好きとか、どこに生息してるとか、そういうことが全部ゲノムから分かるようになってほしい。先ほど、実験もできるバイオインフォラボという話がありましたが、もし、そういう風にコンピューターでいろいろと予測できるようになれば、逆に今度は、バイオインフォマティクス主体でいろいろなことが進められるわけですから、情報のラボは情報をやれば良い、という感じにまた戻っていくんでしょうね。ちょっと皮肉っぽい話のような気もしますが、そういう世の中が来てほしいなと思えますね。

荒川 それは本当にいろんな観点から重要で、一つは、ゲノムライト (Genome Write) できるようになったときに、1個の遺伝子入れるとかじゃなくて、もう本当に染色体レベル、サブ染色体レベルで導入するっていうときに、それが予測できないと、実験成立しないんですよ。もうこのパラメーター変えていか分からなくなっちゃうから。だから、ゲノムライトがある時代の実験計画って、そういう汎用細胞シミュレーションみたいな、これを入れたときにどう動くか、あるいはそもそも動くのか動かないかでもいいんだけど、そういうのを予測できないと、実験が出来なくなるっていうのがあります。あと今、ヨーロッパで動物実験に対する制限が強まっていて、食品だったりとか化粧品とかで動物実験できなくなりましたよね。そういう話がどんどん出てくると思うので、動物実験がなくても、できるような時代っていうのをつくらなきゃいけないと。

究極的に言うと、ちょっとぶっ飛んだ話になるんだけど、シンギュラリティーが2045年に起きることがもし仮にあったとしても、生物学ではシンギュラリティーは起きないんですよ。なぜかという、検証を生物でやんなきゃいけないから、大腸菌でやっても、生き物が育つのに半日とかかかっちゃうので。時間がそれよりもミニマムにならないっていう状況があるので、汎用的な細胞シミュレーションがないと、最終的なシンギュラリティーに生物学は到達できないので、そこは絶対に向こう10年というか、50年ぐらいのスパンなのかもしれないですけど、やっていかなきゃいけない。

目の前にある危機としては、ゲノムライトが本当にできるようになったときに、人類がそれをフル活用できない状況でその時代に到達してしまうので、すぐにある程度その部品が動くのか、動かないのかっていうことぐらいは、判定できるようなツールが、もう前提として必要になってくると思います。これができると、結構参入障壁がある意味、下がる部分もあると思うんですよ。簡単にライトできて、簡単に予測もできるんだったら、じゃあ作ってみようっていうのが、比較的難しくなくできる可能性があるかなとちょっと期待しています。

岩崎 物理学みたいに、理論というか情報が先行して、「それは予測したから実験してね」みたいな、そういうふうになるには、もっとゲノムから色々予測できないと、変わらないなとも思います。生物学がそういう学問になってほしいっていうのは、すごいありますね。AlphaFoldがもたらした大きなものとして哲学的にというか、やっぱりゲノムを信じていんだという、精神的な効果は結構あったような気がします。

小林 シミュレーター関係で言うと、わりと僕は悲観的です。ヨーロッパとかで動物実験が出来なくなってきたという流れがあるので、確かにむこうではシミュレーター系のグラント

があって、こっちから見ると「それにこんなにお金ついちゃっていいの？」って思うくらいついでです。ただ、実用になりそうなものができるかっていうと、正直、理論モデルをやっている立場からすると、絶対に無理だよなって思うんですよ。そんな予測ができるようなものができるとは全く思えないです。

あとバイオインフォマティクスだと、ゲノムを起点として何か分かるっていうのはあると思うんですけど、ゲノムが入ってるのは細胞で、細胞が物理的に乗り物として存在しますよね。もちろん細胞もゲノムから作られてるから、究極的には細胞自体もゲノムから予測できていいだろうという考えもあると思いますが、でも、ゲノムに書かれてる部品をばらばらに膜に包んだら、勝手にぐにゃぐにゃしていつか細胞になりましたってわけじゃない部分もあります。

やっぱり、さっきのプロテインシーケンシングみたいなやつでタンパク質を見ていかなきゃいけないっていうのもあると思うし、あともう一つやっぱり足りないと思うのは、特に発生とかやっているとそう思うんですけど、細胞の物理的な特性みたいな情報ってゲノムに一切ないですよ。細胞が動くためには、アクチンとか微小管とかいろんなものが物理的な構造を作っていて、最近だと、物理的な力が逆に生化学的な性質を変えてる、みたいな話もかなりできてます。相分離とかの一部の話は、かなりそこに近い感じにはなってきたと思うんですけど、そういうのが今度もっと入ってくるべきなんじゃないかなと感じています。だから僕は、この10年で思ったよりダイナミクスな話とインフォマティクスがつながる接点が出てきたと思うんですけど、これからの10年で今はまだ接点のないメカニクスとかとインフォマティクスがつながる接点が出てきたら面白いんじゃないかなと思います (図2)。

荒川 1個だけ細かいとこを反論するんですが、僕らはクモの糸の配列のデザインをして、実際に作ってみるんですけど、意外とシミュレーションがうまくいっています。もちろんすごいシンプルだからっていう話ではあるんですけど、ここを

## これからの期待と懸念

### これからの期待

#### シーケンス技術による 多細胞動態の理解

進化・免疫・発生

#### 高度計測技術による 細胞動態の情報物理的理解

ゆらぎ・形態・力・形・運動  
個性・探索・適応・学習 etc

#### 広がる理論の応用

力学系・確率過程・機械学習・最適化  
最適制御・グラフ理論・微分幾何  
最適制御・勾配流・微分代数

より広い分野との接点  
分野としての成熟

### これからの懸念

#### 難しく&多様に なり続ける基礎知識

生物・計算機科学・統計・数学 etc

#### Bigサイエンスに なり続ける生命科学

多数の著者・分業・高価な計測機器

#### 相対的に人気のない 生命科学

他分野・企業への若手人材流出

(まだ未熟な)学生や新参物が自由な発想で  
新しいことのできる分野でいられるか?

図2

変えちゃうともう糸にならないとかこの配列は少なくとも糸にはなるとかっていうイエス・ノー判定って、今、有効に機能してるし、二つ以上の分子がインタラクションするかどうかを、すごい簡単なMDで判定したりしてるんですけど、それも意外と実験に合うんですよ。もちろん間違うことも多いんですけど。だから、100パーセント正解しなくても、実験をデザインしたときに、無駄な労力やお金をちょっと使わなくて済むレベルでのイエス・ノー判定するもので最初はいいと思うので、ある程度妥協したシミュレーションは、結構できるとこあるのかなと期待したいところです。もちろん複雑なシステムでは、すごい難しいと思うんですけど、70%合ってるイエス・ノー判定ぐらいなら。

尾崎 あと細胞は、コンディショナルというか、少し変異が入ったようなデータを取りづらいついていうのがあるのかなと思います。それが、予測とか理論構築自体を妨げてるんじゃないかなと思うんです。

小林 部分を取り出せば、多分できると思うんですよね。だけど、細胞ってなっちゃうと、汎用シミュレーターみたいなってやつは難しいだろうなっていう気がします。アプリケーションの目的に合わせて、その予測が比較的できるようになっていくっていうのはあるとは思いますが。

荒川 多分、無駄なお金使わないとか、無駄な殺生をしないっていうレベルでいいと思います。マウスをちょっと余計に1匹殺さなくて済むようなシミュレーションとか。

尾崎 大上さん、10年後の予測はいかがですか。

大上 シミュレーションと予測の話ですけど、僕も10年後には解像度はもうちょっと上がってるだろうなと思っています。例えば、タンパク質でも、今は1残基の違いで構造がどうなるかとか全然予測できないんですけど、それくらいだったら予測できるようになってるかなと。塩基配列でも、この部分ちょっと違ったらすごい機能が変わるとか、希少疾患でも、ある1残基が変わったら酵素として機能がなくなっちゃうんで重篤な疾患になるみたいな話は、データとしてはたくさん取れてるので。それが表現型とか、タンパク質とかとの紐付きがもっと明確になってきて、予測が解像度よくできるようになる時代は、10年以内には来るだろうなと思っています。

ただ、それは結局今までの流れとあんまり変わってないので、それが何をもちたらかみみたいな話は、ちょっと今は難しいかなと思っています。汎用シミュレーターみたいな話につながりはすると思うんですけど、7割予測が合ったらばOKみたいなところまでいけるのかなというのは、ちょっと悩ましいかなと思います。結局さっき言ったとおり、ケース・

バイ・ケースの沼みたいなのところがありますね。

今でも、特定のタスクだったらそれなりに当たるといえるのはいくらでもあります。特定のタスクをかき集めて、何をもって汎用的だということかというところで、人によって意見が分かれるかもしれません。

尾崎 福永さん、10年後の予測はどうですか。

福永 バイオインフォマティクスのソフトウェアを開発するという意味では、BLASTとAlphaFoldに続く第3のものが出てくるとしたら何かという話になると思うんですけど、それは今まで議論されてたように、シミュレーターだとは思いますが。どの程度のシミュレーターになるのかっていうのは、既に議論されていて特に私が触れることはないんですけども。あえていうなら、小さいことを積み重ねることに悲観的になってはいけないとは思っていて、生物学は本質的にそういう部分もあると思うので、小さいところをこつこつやっていくのが重要だろうとは思っています。

あともう一つ言うと、プロテインシーケンサーに関しては、間違いなく10年以内に実用化されると思います。それを使って、何か新たな生物学的な問いを解くということは、当然考えなきゃいけないことですが、何か新しいソフトウェアをつくろうということは、当然競争が激しいので、安直にそういう方向に走るよりもそこでどうオリジナリティを出すかを、当然考えなきゃいけないなとは思っています。

あとは、シミュレーションを高速化するために機械学習を使うっていう技術が、最近物理シミュレーションとかで盛んですが、そういう機械学習ともっと高次的に組み合わせさせていくのが今後、配列アラインメントとか、もっと単純にアルゴリズムやデータ構造のレベルで今後増えてきて、10年後にはアラインメントをしなくていい時代が来るといいなと思っています。

尾崎 福永さんがやっているような、RNAの相互作用を予測する手法は、今後キラーアプリになったりするんですか。

福永 一番最初の話ですけど、配列類似性で相同配列が引つかからないので機能がよく分からないものの代名詞は、やっぱりlncRNAだろうというふうには思っていて、lncRNAの機能にアプローチする有力な方法がRNAタンパク質相互作用とかRNA-RNA相互作用なのは、間違いないと思います。既に機能推定にも利用されていますし、10年後の話ではないですけど。そういう意味で、lncRNAに着目するのなら、RNAの相互作用予測をすごい高精度化出来ればキラーアプリになると思いますけど、lncRNAとタンパク質だったら、タンパク質に注目する人のほうが断然多いので、BLASTとかAlphaFoldほどの汎用性はないですね。

荒川 BLAST、AlphaFoldの次にシミュレーションっていうのは、ちょっと僕は違う気がしますね。

ちょっと飛び過ぎだし、その前に分かんないやいけなことはすごいいっぱいあるような。取りあえず、転写状況をどんな状況でも予測できるような手法は、結構早く出てくるんじゃないかなと思います。それが結構次の大きな変革になって、例えばなんかの遺伝子をちょっとあげたときに、全体がどう変わるのかとか、そういうのは意外と早くできてくるんじゃないかと。

そうすると、今やっている実験の大部分をすっ飛ばすことができるようになるので、そういうアプローチが先にあって、そういうのがないと、シミュレーションに続かないと思ってる感じですね。

大上 僕はなんとなく情報技術としてのアプリケーションを考えるので、次は、きっと化学物質全体を理解するっていう方法論に行き着くんじゃないかなと思ってる。塩基配列とかタンパク質の残基みたいなビルディングブロックがない、本当に一般的な化合物としての類似性検索とか、そういうことがいろんな意味でできるようになるのも、この10年かなとは思ってます。

小林 それって、そんなに進んでないんですか。化合物系のインフォマティクスって結構やってる人いますよね。

大上 ある側面、例えば、毒性のあるなしとかだったら、こいつは毒性があるねとか、こいつはこれに似てるから毒性はなさそうだねっていうのは言えるんですけど、こういう化学構造を持つてるから、こういう性質を持つてるそうだねっていう予測はあんまりできてないです。

小林 それは、タンパク質は1次元だけど、化学物質は構造自体がかなり複雑で、どうデータ表現するかみたいなのからして難しいからですか。

大上 そうですね。今は、グラフで扱うとか、あるいは構造式を描いた1枚の画像をそのままニューラルネットワークに入力するみたいな話もあるぐらいですけど、あんまり進んでないと思います。

福永 そのDNA配列から転写発現を予測するっていうのは、Enformerみたいなことがやりたいっていう理解でいいんですか。

荒川 何を使うかは分からないんですけど、転写のネットワークってゲノムから再構築できるはずなので、ゲノムがあって、何かを変えたいっていう目的があったときに、ある状態からある状態に変化させる方法はすぐ予測ができるだろうと思うので、そこでどういう方法を使うかどうかは別として、できるんじゃないかなと思ってるってことです。

Enformerでもいいんですけど、この方法じゃなくてもいいかもしれないし、全然配列の情報なくても、ある程度モデル化できることだとも思います。もしたくさん発現データがあって、単純に遺伝子と遺伝子のエンティティーってところだけでモデルが組めるというふうに仮定する、そういう研究って90年代、みんなやりましたよね。S-systemモデルとか使って、発現のネットワークとか、カスケードを予測するみたいな話。だから、どこのレベルで動くは分からないし、別に全部の情報を使ったらいいと思うんですけど、配列から類似配列や機能が予測できたり、配列から構造が予測できるっていうのと同じような感じで、配列から発現状況がどんなときでも予測ができるようになってほしいし、10年あったらなるだろうなと思ってるということです。

尾崎 最後、締め言葉を、荒川さんお願いします。

荒川 今までの10年間で語るのと、今あらためてこれからの10年間で語るのって、気持ち的に結構違います。前は若かったから、こんなことできたらいいとか好き勝手に言えたんですけど、アラン・ケイの「未来を予測する最善の方法は、自らそれを創り出すことである」っていうのもあるんですけど、僕らは言ってるだけじゃなくて、作らなきゃいけない立場になった、もちろん作るし、これまでも作ってきたと思うので、みんなで本当にいい領域と世界をつくっていきましょう。

尾崎 ありがとうございます。すごく締めにあつた言葉もいただいたところで、ちょっとお時間になりましたので、そろそろお開きしたいと思います。皆さん、本当にお忙しい中、貴重な時間を頂き、ありがとうございました。

## 日本バイオインフォマティクス学会賞受賞報告

阿久津 達也（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）

この度、日本バイオインフォマティクス学会賞をいただきました。受賞理由は「生体ネットワークの推定と制御に関する数理的・先駆的研究」となります。推薦・選考して下さった先生方に深く感謝いたします。

バイオインフォマティクスの研究を開始したのは、通商産業省工業技術院機械技術研究所（機械研）に研究員として在籍していた1992年頃でした。博士課程在籍時は人工知能の応用研究を行いましたが、機械研入所後はアルゴリズム理論の研究をしていました。その間、金久實先生率いる「ゲノム情報」プロジェクトに参加する機会を得ました。ヒトゲノムの情報解析は面白そうだと思いますが、最初の1年くらいは何をしてよいかかわからないままに過ぎてしまいました。このままではいけないと思い、書店で生物関係の本を眺めたところ、「タンパク質の構造入門」という本（訳本）を見つけました。図も多く丁寧にかかれた本で、分子生物学の知識のない私でも読み進むことができました。この本をきっかけに、タンパク質の立体構造比較アルゴリズムの開発を行い、バイオインフォマティクス研究のきっかけをつかむことができました。

その後、群馬大学を経て東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センターに赴任しました。そこで上司の宮野悟先生から、遺伝子発現データからの遺伝子ネットワークの推定という問題を研究しないかと誘われました。既存研究もなくとても面白そうに感じましたので、喜んで研究を開始しました。しかし、私には遺伝子発現データに関する知識が全くありませんでしたので、九州大学の久原哲先生に何度か話をうかがいに参りました。そして久原先生から「とりあえずは遺伝子発現量を0、1の二値（ブール値）として扱っても良いのでは」というご示唆を受けました。ブール値であれば計算機屋の私にはなじみやすく、宮野先生、久原先生、および、当時、宮野研の助手であった丸山修先生と共同で、遺伝子破壊と遺伝子強制発現による遺伝子ネットワーク推定の数理解析を行い、その結果を1998年の国際会議で発表しました。その後、遺伝子ネットワークの数理解析にブーリアンネットワーク（BN）というものがあることを知り、上記の研究をもとに、BN上でネットワークを一意に同定するのに必要な発現データ数の理論解析を行いました。その結果、「次数（1個の遺伝子に直接影響を与える遺伝子の個数）に制約がない場合は（遺伝子数の）指数オーダーのデータ数が必要となるが、次数が定数以下であれば対数オーダーのデータ数で済む」とい

う結果を得ました。この成果自体は直接役立つものではありませんが、情報系の多くの研究者が遺伝子ネットワーク推定という研究課題にとりくむきっかけの一つになったのではないかと考えています。

2001年に現在の職場である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に異動し落ち着いた後に、新たな研究を開始すべきと考えました。そこで選択したのが「生体システムの制御理論の構築」というテーマです。線形制御理論は確立し様々なシステムの制御に有効に活用されていますが、生体システムは非線形の要素が多いため、新たな理論を構築する必要があると考えたからです。「制御理論の専門家でもないのに理論を作るなど無謀でおこがましい」というご批判もあるとは思いましたが、生物学の知識がないのにバイオインフォマティクスの研究を始めたくらいですので、無謀なのは望むところです。でも、案の定、理論というほどのものではできませんでした。それでも、いくつかの先駆的成果を得ることができました。まずは、BNは代表的な非線形システムの一つですので、BN上での制御問題の定式化を行い、その問題が計算論的に困難な問題であることを示しました。その成果の国際会議版を2006年にJournal版を2007年に発表しましたが、当初はほとんど引用されませんでした。ところが、2010年頃に制御理論で有名な中国科学院のCheng教授らがセミテンソル積解析という数理解析手法を発明し、それを使うとBNの様々な問題が既存の制御理論の枠組みで取り扱えるようになりました。その後、制御理論の研究者がBNの制御という問題に数多く取り組みようになり、私たちの研究も引用数が増えていきました。一方、複雑ネットワーク分野の第一人者であるBarabási教授らが複雑ネットワークの制御に関する論文を2011年に発表し、ネットワークの制御という問題が関心を集めるようになりました。私は複雑ネットワークについて共同研究を行っていたナチエル・ホセ先生（東邦大学）とその制御の問題に取り組み、グラフ理論における最小支配集合という概念とネットワーク制御の関連性を示しました。この論文をきっかけに、他研究者によっても最小支配集合を用いた生体ネットワーク解析が行われるようになりました。

これまで理論とか数理とか書いてきましたが、私は現代数



学などは（興味はあるものの）全くわからず、高校数学+ $\alpha$ で研究を行ってきました。それでも、様々な面白い理論的性質を導くことができ、先端的な研究ができるのがバイオインフォマティクスの魅力的な側面の一つと考えています。なお、受賞理由ではないですが、BNは多層パーセプトロンの数理モデルでもありますので、それをもとに近年はニューラルネットワークの研究も行っています。特に自己符号化器の層数や頂点数と圧縮率の関係の理論解析を行っています。意外なことにそのような研究がありませんでしたので楽しんで研究しています。

これまでにいくつかの研究機関に所属しましたが、どの機関でも自由に研究を行うことができ、大変感謝しております。特に機械研では、機械の研究所であるにも関わらずアルゴリズム理論やバイオインフォマティクスの研究を行うことができました。機械研は、前年度に同じ賞を受賞された浅井潔先

生が以前に所属されていた電子技術総合研究所と同じ通産省工業技術院傘下の研究所です。浅井先生も書かれていたように、工業技術院傘下の研究所には自由に研究を行うという文化がありました。さらに、当時は研究成果などについても細かいことはいわれず、最初から正職員として採用されましたので、（個人的見解ですが）何年か研究して失敗しても全然大丈夫ですので、安心して新たな分野に取り組むことができました。このような度量の広い研究所があったというのは、とても有難いことであつたと思います。また、バイオインフォマティクスの本流をはずれ、実データ解析がほとんどない理論解析を中心とした私の研究を評価して下さった、選考委員の先生方の度量の広さにも改めて感謝いたします。最後になりましたが、今回受賞対象となった研究やその他の研究のほとんどは様々な研究者や学生との共同研究によるものです。ここに、御礼申し上げます。

## Oxford Journals - JSBi Prize受賞報告

齋藤 裕（産業技術総合研究所 人工知能研究センター）

この度は大変光栄な賞を授与していただき誠にありがとうございます。受賞タイトル「生体分子設計のインフォマティクス」は、私が行ってきたタンパク質や核酸の配列設計のためのバイオインフォマティクス研究に関するものです。これまでの研究でお世話になった方々に心より御礼申し上げます。

私は昔から「生命の情報はどのようにゲノムにコードされているのか」という問いに興味を持っています。ヒトゲノムは3G bp (6G bit) しかありません。実物のヒトはもっと情報ありそうに（私には）見えます。この感覚的なギャップの根はどこにあるのでしょうか。

私がバイオインフォマティクスの研究を始めたのは、学部生のときに慶應義塾大学の榊原康文先生の研究室に入ったことがきっかけでした。当時の榊原研のホームページには「遺伝子言語学」というテーマが紹介されており、その言葉の響きはゲノムの意味論を理解したいという私の興味と近そうに思えたのです。榊原研では、機械学習によるノンコーディングRNAの探索手法を開発しました。本手法の開発では、佐藤健吾先生に機械学習、配列アルゴリズム、プログラミング技法など様々な面で鍛えていただきました。また、本手法を用いて線虫ゲノムからsnoRNA遺伝子を探索して、自分でウェット実験による発現確認も行いました。この研究を通して、ゲノムのノンコーディング領域にも確かに「情報」がコードされているのだと、身をもって経験することができました。しかし、それでゲノムの意味論を理解できたかという、首を捻らざるを得ません。むしろ、高等生物ほどゲノムの色々

な領域からRNAが転写されており、それらは転写領域が部分的に重複していたりプロセシングで小さいRNAが生じたりなど混沌としており、かえってよく分からなくなってきました。

学位取得後、現在の所属である産業技術総合研究所(産総研)に入り、光山統泰チーム長の下

で、エピゲノム解析のためのバイオインフォマティクス手法を開発しました。学生時代とは別のテーマで研究してみただけだったのですが、後から振り返ると、「RNA色んな領域から転写されすぎ問題」に触れた後で、本質的には転写制御の研究であるエピゲノム解析に移ったのは、それなりに合理的だったようにも思います。この研究を通して、転写因子結合配列やヒストン修飾など、ゲノムが持ち得る様々な情報の表現について知ることができました。

2016年、東北大学の梅津光史教授、東京大学の津田宏治教授、産総研の亀田倫史主任研究員(当時)らと、機械学習によるタンパク質設計の研究を始めました。タンパク質は機能性分子として基礎研究から産業応用まで様々な分野で利用されており、バイオ医薬品として利用される抗体、有用物質生産のための酵素、生命科学実験に必要な蛍光タンパク質など、その用途には枚挙にいとまがありません。従来、このようなタンパク質の機能改良は、ランダムな変異導入と



膨大なトライアンドエラーによって行われてきました。私たちは機械学習と実験を組み合わせ、効率的なタンパク質の機能改良が行えることを実証しました。この研究は、これまでゲノム科学の分野で研究していた私にとって、大きな転機となりました。すなわち、生体分子に込められた情報を読み解くだけでなく、自分たちで書いて創ることができたのです。

また、この研究と同時期に、産総研で推進されていたNEDOスマートセル事業の中で、核酸設計の研究も始めました。バイオものづくりでは、異種由来のタンパク質をコードするDNAを大腸菌などの宿主細胞に形質転換して発現させます。その際、発現量の向上のために、プロモータの選択やコード領域の同義置換による設計（コドン最適化）が重要となります。私は、これまでのノンコーディングRNAやエピゲノム解析での研究経験を活かして、mRNAの2次構造に着

目した設計手法や、DNAのヌクレオソーム親和性に着目した設計手法の開発に取り組みました。

「生命の情報はどのようにゲノムにコードされているのか」という問いに、まだ納得できる答えは出ていません。先日の受賞講演では、1つの見方として「Genome as a program (mable) language」という話をしました。このような問いは、ゲノム科学の研究者なら一度は思い浮かぶことかもしれません。本稿を読まれている皆様の目には、どのように映っているのでしょうか。生体分子設計は、理学と工学の境界であり、基礎科学と産業応用の境界であり、「読み解く」バイオインフォと「創る」バイオインフォの境界でもあります。面白くて人の役に立つテーマなので、これからも楽しんで研究していきたいと思っています。

## 年会開催報告

### 2022年日本バイオインフォマティクス学会年会・第11回生命医薬情報学連合大会開催報告

年会長・大会長・実行委員長 水口 賢司 (大阪大学 蛋白質研究所、医薬基盤・健康・栄養研究所 AI健康・医薬研究センター)

本年度の年会は、2022年9月13日から15日まで、例年同様日本オミックス医学会との共催で生命医薬情報学連合大会(IIBMP)として開催されました。本年会の特徴は、何と言っても3年振りにオンサイトでの開催を実現したことでしょう。場所としては、大阪北部で交通アクセスのよい千里ライフサイエンスセンター(大阪府豊中市)を選び、2フロアで比較的コンパクトな開催形態を目指しました。

昨年度のオンラインでの年会終了直後から、大阪での開催に向けて実行委員会での議論を重ねてきましたが、日々変化する新型コロナウイルス感染症の感染状況の下、難しい判断を何度も迫られました。結果的に、オンサイト一本で行くと決断し、その内容をホームページやTwitterなどで発信し続けたお陰で、我々のメッセージを参加者の皆様にも理解頂けたのではないかと感じています。特に、後で述べるポスター会場では白熱した議論が繰り広げられ、対面の良さを感じたという声を多数頂戴しました。また、スポンサー企業様からも対面の出展を望む声は寄せられていて、実際に33社からのご支援を頂き、また企業展示において成果が得られた旨のお言葉も頂きました。

久しぶりのオンサイト開催ということで、実際にどのくらいの参加者が見込めるのか不安でしたが、蓋を開けてみると、参加登録者400名、招待講演者20名、スポンサー75名、賛助会員17名で、合計512名の参加者という大変盛況な会になりました。できる限りの感染症対策を導入し、特にポスター会

場では人数制限を行うことになりました。その場になってみないとうまく回るかどうか読めない状況でしたが、札を配るというアナログな方法が功を奏したのと、参加者の皆様のご理解ご協力を得て、大きな混乱を引き起こすことなく、無事に2日間のポスターセッションを終えることができました。私自身も、ポスター会場で学生や若い研究者と沢山話をするのができて、思わず時間が経つのを忘れてしまうほどでした。

この私の経験が、本年度のもう一つの特徴である参加者の構成比率に繋がります。全参加者のうち、一般会員、一般非会員、学生(会員、非会員、学部生以下)がそれぞれちょうど3分の1程度で、学生が強い存在感を示していました。また、年齢分布についても、中央値は32歳でした。JSBiとしても若い会員が増えているとのことで、学会の将来にとっても非常に頼もしい状況だと思います。

本年度では、「バイオインフォマティクスのフロンティア：環境から健康まで」というテーマを掲げ、「バイオインフォマティクスは学術研究にとどまらず社会基盤を構成する重要な要素になり得る」との認識のもと、幅広い内容のプログラムを企画しました。基調講演では、岡田眞里子先生(大阪大



学蛋白質研究所 所長)、近藤昭彦先生(神戸大学 副学長 科学技術イノベーション研究科 教授)、上田修功先生(理化学研究所 革新知能統合研究センター 副センター長)から、それぞれシステム生物学、合成生物学、機械学習の第一人者として最新的话题を提供頂き、参加者からも好評を頂きました。さらに2つのシンポジウム、企画セッション、キャリアパス/ダイバーシティセッション、6つのワークショップ及び、7つの口頭発表・ハイライト・スポンサーセッションを行いました。スポンサーセッションと口頭発表セッションを同じスロットに入れることで、企業のアピールがより広く伝わることを目指したのは新しい試みです。また、日本バイオインフォマティクス学会・日本オミックス医学会合同シンポジウムでは、「コホート研究から導く健康長寿」という題目で活発な議論が行われました。

口頭発表・ハイライトトラックとポスター発表には、会場キャパシティのほぼ上限に相当する数の応募があり、プログラム委員の審査によりそれぞれ、23演題、125演題の発表を採択しました。機械学習、エピジェネティクスなど時代を反映した演題はもちろん、進化や疾患研究を含む幅広い研究内容が活発に議論される様子は、本年会のテーマとも合致したものでした。ポスター会場の熱気は上で記した通りです。また、JSBi役員・実行委員・プログラム委員からなる受賞審査委員会を設け、厳正な審査の結果、最優秀口頭発表賞1件、優秀口頭発表賞2件、優秀ポスター賞6件を選出しました。



若手の受賞が多く、本分野の未来に向けてよい機会を与えることができたのではと考えます。

一般公開セッションは、「生活・食品・栄養データからひもとく健康習慣」と題して、特に年会開催地である北部大阪に関わりの深い事業者と公的研究機関から、健康と栄養に関わる興味深い話題を提供頂きました。

最後に、本大会の開催にあたっては、実行委員、プログラム委員、現地スタッフを始め、JSBi理事・幹事・監事・事務局の皆様にご多大なるご支援を頂きました。深く感謝申し上げます。また今改めて、スポンサー企業や発表者・参加者の皆様あつての年会であることを強く感じています。全ての関係者の皆様にお礼申し上げると共に、次回以降の年会の成功を強く祈念して、本稿を終えたいと思います。

## 国際会議参加報告

### ISMB2022

難波 里子 (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 博士後期課程1年)

第30回Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB) が2022年7月10日から14日に開催されました。ISMBは毎年多くの国や地域から参加者が集まる、バイオインフォマティクス分野の最高峰の学会で、今年は400を超える口頭発表と700のポスター発表が行われました。ここ2年は新型コロナウイルスの影響によりオンラインで開催されていましたが、今年度はオンサイトとオンラインのハイブリッド形式で開催されました。幸いなことにISMBから旅費の援助を受けることができたため、私はアメリカ・マディソンから現地参加することができました。私にとっては初めての海外渡航、初めての国際学会参加であったため、戸惑うことも多くありましたが大変貴重な経験をすることができました。本稿では、ハイブリッド開催されたISMB2022の様子をお伝えしたいと思います。

ISMB2022では、ハイブリッド開催ということで、オンサイト参加者とオンライン参加者を繋ぐための会議プラットフォームが設けられていました。口頭発表は会議プラットフォームにてライブ配信され、発表終了後にはオンデマンド配信されました。同じ時間帯に聴講したい発表が重なる場合でも、オンデマンド配信で後から聴くことができました。また、英語を聞き取れなかったり、聞き逃してしまったりした場合にも、後からオンデマンド配信で確かめることができ、様々な知識を吸収することができました。また、会議プラットフォームを介してダイレクトメッセージを



送れるようになっていたため、オンライン参加者とも交流することができました。興味のある研究については個人的に連絡を取り、議論を深めることができました。ポスター発表は、会議プラットフォームではショート動画が視聴できるようになっており、現地では発表者と直接議論できるようになっていました。懇親会は屋外で行われ、同年代の海外の研究者と知り合うことができました。ハイブリッド開催は主催者側の負担は大きそうですが、オンデマンド配信や対面でのディスカッションなどオンサイト・オンライン双方の恩恵を受けることができたため、参加者側のメリットは非常に大きいと感じました。

本大会の基調講演は、最前線で活躍するTanya Berger-Wolf氏 (The Ohio State University Director, US)、Po-Ru Loh氏 (Broad Institute of MIT and Harvard, US)、Aïda Ouangraoua氏 (Université de Sherbrooke, Canada)、Ron Shamir氏 (Tel Aviv University, Israel)、Núria López-Bigas氏 (Institute for Research in Biomedicine, Spain) の5名の研究者により行われました。画像データの活用による遺伝子と環境の関連性を明らかにする研究や、オミクスデータの統合により疾患メカニズムの理解に繋げる研究など、非常に興味深い講演を聴くことができました。創薬や疾患、微生物学など様々な分野において、多様なビッグデータを統合し、如何に特徴抽出するかという点が重要になってきていることを改めて実感しました。

本大会で私は、「From drug repositioning to target repositioning: prediction of therapeutic targets using genetically perturbed transcriptomic signatures」というタイトルの論文を投稿し、Proceedings Trackに採択されて口頭発表の機会を得ました (Proceedings Track投稿数243報・採択率19.8%)。ターゲットリポジショニングという概念を提唱し、遺伝子摂動応答トランスクリプトームを用いた治療標的予測の内容です。ISMBでは論文が採択されると、その論文はBioinformatics誌に出版されます (Namba et al., Bioinformatics, 2022)。私は、「TransMed」の



フェローシップを受けたメンバーとの記念撮影。著者は右から3番目。

Communities of Special Interest (COSI) において、口頭発表を行いました (Biomedical informatics area投稿数45報・採択率13.3%)。発表は20分間で、発表の際には会議プラットフォームにてスライドを共有しながら発表を行いました。本番ではスライドの共有ができなかったというトラブルに見舞われ、スタッフの方に助けて頂きました。今までオンライン開催の学会しか参加したことがなかったため、オンサイトでの発表には不安もありましたが、資料の共有を除けば滞りなく発表を終えることができました。発表後には数人の研究者と議論することができ、現地参加ならではの良さを実感しました。

ISMB2022への参加は私にとって、初めての対面での口頭発表、初めての海外、初めての国際学会と初めてのことばかりでしたが、非常に貴重な経験となりました。海外の研究者との交流は非常に刺激的で、今後の励みになりました。一方で、新型コロナウイルスの影響により、出張前には膨大な書類を用意したり、帰国前にはPCR検査が必要だったり、コロナ時代の海外出張の大変さを痛感しました。今後、水際対策や海外出張の規定が緩和され、海外の研究者との議論の場が増えることを期待しています。最後になりましたが、本研究を進めるにあたり、常に熱心なご指導を賜りました山西芳裕教授と岩田通夫准教授にこの場を借りて御礼申し上げます。

## ESEB2022

今野 直輝 (東京大学大学院 理学系研究科 博士課程1年)

2022年8月14日-19日にチェコの首都プラハにて行われた Congress of the European Society for Evolutionary Biology (ESEB2022) に参加してきました。本学会の多くの方には馴染みのない学会かも知れないのですが、コロナ禍に入ってから久々の海外現地開催での国際学会への参加という貴重な経験をさせて頂いたので、本稿にて共有させていただければと思います。

ESEBはヨーロッパでは最大規模の進化生物学の国際学会

であり、隔年で開催されています。今年は1,500名程度の参加者が参加し、40個のシンポジウムが企画され、合計400件以上の口頭発表と約700件のポスター発表からなるかなり大規模な学会でした。進化生物学の幅広い分野がカバーされており、



様々な系統群を対象にした表現型の適応進化や、非モデル生物のゲノミクスなどの研究もあれば、比較ゲノミクスや古代DNA、系統比較法などパイオインフォマティクス技術の利用や、手法開発の研究なども含まれています。特に、日本の学会（進化学会など）に比べると、数理モデルを使った理論研究や系統比較法を用いた統計解析の研究が多かった印象があります。学生・ポスドクの人数も多く、welcome cocktailや最終日のcongress dinnerは大いに盛り上がっていました。

私自身は比較ゲノミクスのシンポジウムにて“Evodictor: Prediction of prokaryotic gene gain/loss evolution”という題目で、遺伝子セットの長期進化を学習・予測する情報解析技術に関する研究（発表当時、論文投稿中）のポスター発表・フラッシュトークを行いました。海外で開催される国際学会に現地参加したのは今回が初めての経験で、学会開始までは少し緊張感もありましたが、現地で知り合った日本人の学生（私含めて3人）とLINEで連絡を取り合うなどしながら、食事やポスター発表の時間を通じて少しずつ海外の学生・博士研究者とも交流を深めていくことができました。特に、Oxford大学の学生の一人と研究の話で意気投合し、口頭発表セッションを聞きに行くのも忘れて2時間くらいポスター会場に座り込んで議論したのは良い思い出です。その彼とは帰国後もZoom・Slackで連絡を取り合い、現在は共同研究を行っています。どんな出会いが待っているか分からないという、現地開催の学会の良さを感じました。一方で、今回の学会参加は私にとってポスドクでの留学先を検討するために海外のPIとコネクションを作るという目的もあったのですが、そちらについては正直上手くいきませんでした。原因としては、(1) 大量の参加者がいる中で著名な先生を捕まえて一対一で話をするのが想像以上に難しかった、(2) 学会前に興味のある先生を十分に下調べできていなかったことが挙げられます。学生の内に海外に行く機会はまだまだ有りそうなので、今後に生かしていきたいと思っています。

このように学会自体は総じて楽しく過ごすことができましたが、コロナ禍での海外渡航ということで多少の苦労もありました。例えば、多くの学会参加者はマスクを着用しておらず、それでもwelcome cocktailやcoffee breakの間は広間に参加者が密集することになるため、感染リスクを考えると少し怖かったです。特に日本への帰国のためには、直前にPCR検査を受けて陰性証明を得られないと飛行機への搭乗ができませんでした（学会当時）。そのため陽性になってしまうとホテルを延泊したり現地の医療機関を受診したりと面倒なことになってしまいます。幸い私を含め現地で知り合った日本人の方は無事帰国できたそうですが、PCR検査を受けてから結果が出るまでの1日はヒヤヒヤしていました。また学会の



写真1 昼食休憩のために広間に集まる学会参加者たち

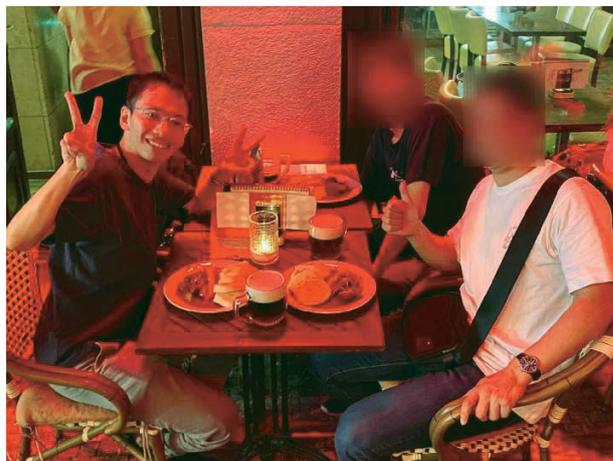


写真2 学会参加者との夕飯風景

懇親会では、常にマスクを着けるべきか、顔を覚えてもらうために多少は外すべきか、など葛藤する場面もありました（名前・連絡先を覚えてもらう意味では名刺が役立ちました）。なお、日本に帰国した際には（渡航先によってルールが異なりますが）今回は空港で抗原検査を受ける必要もなく、着陸後はスムーズに帰路に着くことができました。

最後になりましたが、コロナ禍で海外渡航を躊躇される方も多くなっている昨今、それでも国際学会に現地参加することで得られるものは多いと感じました。特に初対面の海外研究者と学会以降にもつながる人間関係を築くためには、実際に会って会話・食事をして仲良くなるのが一番のように感じます。また今回訪れたチェコ、プラハは街並みが非常に美しく、早朝に人気の少ない街中を散歩したり、毎晩のように知り合った研究者と現地の料理を食べに街に繰り出したり、シンポジウムのない日にはプラハ城や時計台、カレル橋を観光したりと、旅行のような楽しさを感じることもできました。これもまた現地参加の醍醐味だと思います。本稿を通じて、オンサイトの国際学会の雰囲気を感じて頂けたら幸いです。

## 地域部会・公募研究会活動報告

### 質量分析インフォマティクス研究会

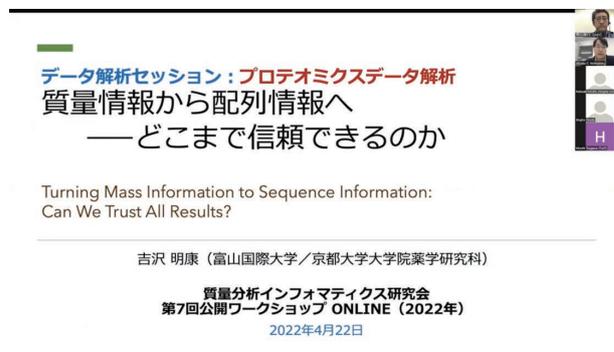
山本 博之 (ヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ株式会社)

質量分析インフォマティクス研究会の第7回公開ワークショップ「質量分析オミクスデータを深く読む」を2022年4月22日に開催しました。昨年度に引き続き今年度もオンラインで開催し約190名の方にご参加頂きました。講演内容は招待講演4件に加え、質量分析インフォマティクスのチュートリアル講演として、データ解析セッション「プロテオミクスデータ解析」を行いました。またパネルディスカッションでは招待講演者の先生方と今後の質量分析インフォマティクスについて議論させて頂き、大変有意義な時間となりました。招待講演は、岩崎未央先生(京都大学 iPS細胞研究)、金澤慎二先生(株式会社 島津製作所)、草野博彰先生(京都大学 生存圏研究所)、金谷重彦先生(奈良先端科学技術大学院大学)と、プロテオミクス、メタボロミクス、AI、ソフトウェア、データベースの各分野において、第一線でご活躍の先生方にご講演頂きました。またデータ解析セッション「プロテ

オミクスデータ解析」では、本研究会の運営メンバーである早川英介(沖縄科学技術大学院大学)、吉沢明康(富山国際大学)に加え、招待講演者として三浦信明先生(新潟大学)、岩崎未央先生、奥田修二郎先生(新潟大学)にご講演頂き、非常に充実した内容になりました。本ワークショップ招待講演の録画は、DBCLSの小野浩雅氏のご協力によりDDBJvideoとTogoTVで公開されています(本研究会のwebページ [https://ms-bio.info/] からリンク済み)。次回の第8回のワークショップは2023年5月12日に理化学研究所横浜キャンパスで開催予定ですので、皆様是非ご参加ください。



画像1



画像2

# 日本のバイオインフォマティクス研究室

## 筑波大学医学医療系 バイオインフォマティクス研究室（尾崎研究室）

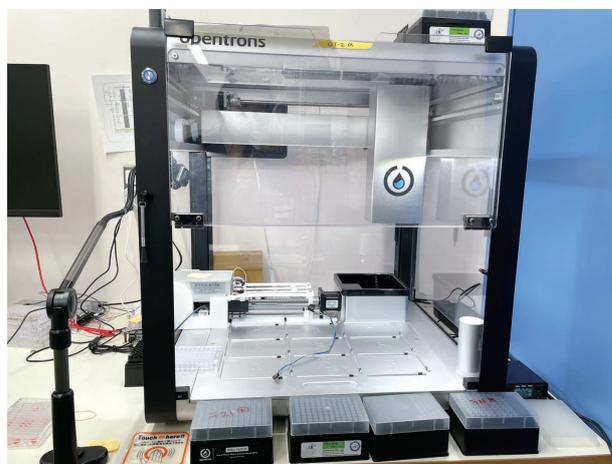
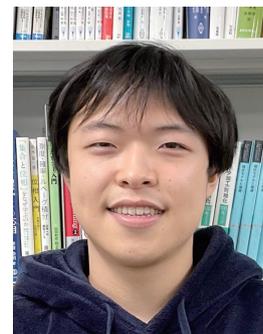
新井 悠也（筑波大学 生命環境学群生物学類 学士4年）

バイオインフォマティクス研究室（尾崎研究室）は、茨城が県南、筑波の中央に位置する、筑波大学筑波キャンパスにあります。研究室は春日エリアと医学エリアにそれぞれ1つずつあり、縦に長い筑波大学に適応した配置になっています。当研究室では、バイオインフォマティクスを人類が生命をみるための眼だと考え、新しいバイオインフォマティクス技術の開拓に取り組んでいます。2018年に始まった比較的若い研究室ではありますが、教員2名、ポスドク1名、院生13名（主専攻7名、副専攻6名）、学部生12名が所属しています。私含め、ウェットの研究室出身のメンバーやプログラミングに触れたことのないメンバーもたくさんおり、一から解析について学んでいき、どんどん成長しています。研究室のメンバーのほとんどは医学生物系の出身であり、興味のある分野や専攻も多岐に渡ります。具体的には、機械学習による塩基配列の機能および変異影響の予測、空間1細胞トランスクリプトームデータからの細胞間相互作用モデルの構築、機械学習による疾患発見モデルの構築、シングルセルオミクスデータ解析、実験自動化、転写因子解析などに取り組んでいます。

当研究室では、週に1回ラボセミナーを開き、各自がスライド1枚でその週の進捗報告を行います。その後、その週の担当が論文紹介やロングスパンの進捗報告を行います。また、輪読会も行っており、NatureのStatistics for Biologistsを毎週読み進めています。学部生や院生、ポスドクなど、在籍や経験にかかわらず毎週基礎的なことから専門的なことまで質問が出ているのはいい雰囲気だと思います。全員参加のセミナーはこの二つですが、外部のセミナーにも多く出席している印象があり、ラボラトリーオートメーション研究会やTsukuba Bioinfo Assemblyなどはその代表です。また、研究室メンバー同士の教え合いも多くみられ、セミナー外のディスカッションなどによって自身の研究への理解が深まったり、思わぬ進捗が生まれたりします。

さて、学生視点でのうちのラボの特色についていくつか紹介します。まず、実験ノートが電子化されている点です。Google docs やesa (<https://esa.io/>) というツールを用いて実験計画や実験記録、ミーティングの議事録やTipsなど、多種多様なラボの情報を1箇所にまとめています。個人個人のディレクトリを作ることができ、ラボメンバーであれば全ての記録にアクセスできるため、重宝しています。次に、ツール作りだけではなく、ロボットも動かしている点です（写真

参照）。先ほど紹介した通り、尾崎研究室は実験自動化という分野にも取り組んでいます。最近では、尾崎先生が副メンターになっている大学院生の田口さんの酵母のスポットアッセイの自動化についての論文が出ました。ウェットの実験は手間や再現性の低さが難点ですが、ロボットはそれらの解決策になり得ます。しかも、動いているロボットを見るのはかっこいいです。少し脱線しましたが、ラボメンバーはそれぞれ自分のペースで自由に研究を行っています。そういう雰囲気のラボです。



## 会員による著者紹介

### バイオインフォマティクスシリーズ (浜田道昭監修、コロナ社)

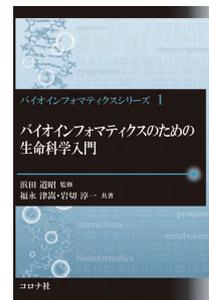
現在の生命科学においては、シーケンサーや質量分析器に代表される計測機器の急速な進歩により、ゲノム、トランスクリプトーム、エピゲノム、プロテオーム、インタラクトーム、メタボロームなどの多種多様・大規模な分子レベルの「情報」が蓄積しています。これらの情報は生物ビッグデータ（あるいはオミクスデータ）と呼ばれ、このようなデータからいかにして新しい生命科学の発見をしていくかが非常に重要となっています。

このような状況の中でその重要性を増しているのが、生命科学と情報科学を融合した学際分野である「バイオインフォマティクス」（生命情報科学、生物情報科学）です。バイオインフォマティクスは、DNAやタンパク質の配列などの、生物の配列情報をデジタル情報として捉え、コンピュータにより解析を行うことを目的として誕生しました。このような、生物の配列情報を解析するバイオインフォマティクスの一分野は「配列解析」と呼ばれます（これは本シリーズでも主要なテーマとなっています）。上述の計測機器の進歩とともに、バイオインフォマティクスはここ数十年で飛躍的に発展し、いまや配列解析にとどまらずに、トランスクリプトーム解析、メタボローム解析、プロテオーム解析、生物ネットワーク解析など多岐にわたってきています。また、必要な知識も、統計学、機械学習、物理学、化学、数学などの多くの分野にまたがっています。しかしながら、これらのバイオインフォマティクスの多岐にわたる分野を、教科書的・体系的に学ぶことができる成書シリーズは、国内外を見てもほとんどありません。

そこで、大学生、大学院生、技術者、研究者などに、バイオインフォマティクスの各分野を体系的に学習することを可能とするための教科書を提供することを目的として本シリー

ズを企画しました。これを実現するために、バイオインフォマティクス分野の最前線で活躍をしている、若手・中堅の研究者に執筆を依頼しております。執筆者の方々には、バイオインフォマティクス研究の基盤となる理論やアルゴリズムを中心に、可能な限り厳密かつ自己完結的に解説を行うようお願いしています。そのため、本シリーズは、大学などにおけるバイオインフォマティクスの講義の教科書として活用可能であるのみならず、読者が独学する場合にも最適な書籍になっていると確信しています。

本シリーズが、今後のバイオインフォマティクス研究さらには生命科学研究の一助となることを切に願います。



<https://www.coronasha.co.jp/bioinformatics/>  
浜田道昭（「バイオインフォマティクスシリーズ」監修）  
シリーズ刊行・コロナ社

## 学会からのお知らせ

### 2023年日本バイオインフォマティクス学会年会・第12回生命医薬情報学連合大会 開催概要

#### 開催概要

2023年日本バイオインフォマティクス学会年会・第12回生命医薬情報学連合大会 (IIBMP2023)  
 日程：2023年9月7日 (木)～9月9日 (土)  
 会場：柏の葉カンファレンスセンター (千葉県柏市)  
 大会ホームページ：<https://www.jsbi.org/iibmp2023/>  
 大会長：鈴木穰 (東京大学新領域創成科学研究科)  
 実行委員長：山下理宇 (国立がん研究センター先端医療開発センター)

## 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 2022年度通常総会議事録

- 日時 2022年3月15日 (火) 17:00～17:30
- 場所 オンライン
- 正会員総数 648名  
 出席した会員数 262名  
 内訳 本人出席 28名  
 委任状出席 234名 (権限を議長に委任219名、議決権行使15名)

#### 4. 議事録署名人選任の経過

定款第26条により議長を五斗進理事長が務めることとなった。議長が定足数を確認し、議長が岩崎渉理事ならびに尾崎遼理事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 2021年度事業報告および収支決算の承認

議長は、これを議事に諮ったところ、満場一致を持って異議なく可決決定した。

##### 第二号議案 2022年度事業計画および収支予算の承認

議長は、これを議事に諮ったところ、満場一致を持って異議なく可決決定した。

##### 第三号議案 役員を選任

- 議長は、理事11名が2022年3月31日に任期満了となるため、その改選について議場に諮ったところ、当

人の細則第2条に定める選挙 (2022年2月1日～2月14日実施) により選出された新理事候補者10名が、出席した会員の議決権の過半数を持って異議なく可決決定され、被選任者は、いずれもその就任 (就任日 2022年4月1日) を承諾した。改選される理事氏名は下表にまとめた。

2022年3月31日に 任期終了となる理事11名		2022年4月1日に 就任する理事10名	
岩崎 渉	大上 雅史	沖真 弥	鎌田真由美
大林 武	鎌田真由美	川上 英良	木下 聖子
木下 聖子	佐藤 健吾	佐藤 健吾	遠里由佳子
清水謙多郎	遠里由佳子	夏目やよい	浜田 道昭
長井 陽子	松田 秀雄	松井 求	山下 理宇
武藤 愛			

- 議長は、監事 松井求、根本航が2022年3月31日で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、河合盛進、根本航が監事に選任され、被選任者はいずれもその就任 (就任日 2022年4月1日) を承諾した。

以上により議事が終了し、議長は17時30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。

2022年3月15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 五斗 進 印  
議事録署名人 岩崎 渉 印  
議事録署名人 尾崎 遼 印

## 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26回理事会議事録

日時 2022年3月15日（火）13：00～17：00  
場所 オンライン  
出席者 五斗進理事長、山西芳裕副理事長、岩崎渉理事・幹事、大上雅史理事・幹事、大林武理事・幹事、木下聖子理事、佐藤健吾理事、清水謙多郎理事、遠里由佳子理事、武藤愛理事・幹事、浅井潔理事、有田正規理事・幹事、荻島創一理事・幹事、尾崎遼理事・幹事、木下賢吾理事・幹事、清水佳奈理事、白井剛理事・幹事、竹本和広理事、福永津高理事  
(表決書提出) 鎌田真由美理事・幹事、松田秀雄理事  
以上 21名出席扱い  
オブザーバ 松井求監事、根本航監事、浜田道昭幹事、笠原浩太幹事、松本拓高幹事、奥田修二郎幹事、水口賢司幹事、遠藤俊徳地域部会長、森田瑞樹地域部会長、沖真弥新理事、川上英良新理事、夏目やよい新理事、山下理宇新理事、事務局総務牛山絵美子  
議長 五斗進理事長（定款35条による）

### 配布資料

#### 議事次第

#### (審議事項参照資料)

- 別紙s1.1 2021年度事業報告書
- 別紙s1.2 2021年度財産目録
- 別紙s1.3 2021年度貸借対照表
- 別紙s1.4 2021年度活動計算書
- 別紙s1.5 2021年度計算書類の注記
- 別紙s1.6 2021年度年会開催報告
- 別紙s2.1 2022年度事業計画案
- 別紙s2.2 2022年度予算案
- 別紙s2.3 2022年度年会開催概要
- 別紙s3 理事会審議事項（第三号議案～六号議案）
- 別紙s6 予算執行に係る内規の承認

#### (報告事項参照資料)

- 別紙h1 年会幹事 2021年度年会開催報告アンケート
- 別紙h2 会計幹事 見積書等についての覚書
- 別紙h3 認定試験幹事 2021年認定試験実施報告\*
- 別紙h4 研究会幹事 公募研究会報告
- 別紙h5 ニュースレター幹事 報告事項\*

- 別紙h8 ISCB幹事 報告事項\*
- 別紙h11 連係幹事 報告事項\*
- 別紙h14.1 活性化幹事 要望書のルール案
- 別紙h14.2 活性化幹事 要望書依頼受付ウェブサイト案
- 別紙h18.1 総務幹事 メール審議議事録
- 別紙h18.2 総務幹事 会員数の推移
- 別紙h18.3 総務幹事 ホームページビュー数
- 別紙h26 公募研究会 第31回バイオメディカル研究会
- \*当日幹事から直接共有された資料

五斗理事長、山西副理事長より第26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岩崎理事、尾崎理事が指名され、満場一致で承認された。

### 議案

#### 〈審議事項〉

#### 第一号議案 2021年度事業報告および収支決算の承認可否

大林理事・幹事より別紙s1.1～s1.5を基に2021年度事業報告および収支決算について報告が行われた。また、浜田幹事より別紙s1.6を基に2021年年会開催報告について報告が行われた。慎重な審議の結果、2021年度事業報告および収支決算は全会一致で可決され、総会に議案として付議することが承認された。特に、大林理事・幹事よりバイオインフォマティクス技術者認定試験について、2020年度開催分が2021年開催にずれこんだことにより2021年の事業として2回開催となっていることが報告された。また、2023年度の課税事業者の判定については、2021年度の課税収入総額が1000万円を超えているかどうかの確認を行い次第、報告することとなった。

#### 第二号議案 2022年度事業計画および収支予算の承認可否

大林理事・幹事より別紙h2.1、h2.2を基に2021年度事業計画および収支予算について報告が行われた。また、水口幹事より別紙h2.3を基に2022年度年会開催計画案について報告が行われた。慎重な審議の結果、2022年度事業計画および収支予算案は全会一致で可決され、総会に議案として付議することが承認された。特に、大林理事・幹事より2022年度から「バイオインフォマティクス入門」の印税について、法人税法施行令が定める34業種の一つの出版業であり、収益事業となったため、法人税・法人住民税の支払いがあることが報告された。また、水口幹事より、ハイブリッド開催は

予算的に高額になるため、オンサイトを前提として準備を進めることが報告された。

### 第三号議案 役員の選任の承認可否（理事・監事）

3.1 五斗理事長は、理事11名が2022年3月31日に任期満了となるため、その改選について議場に諮ったところ、当法人の細則第2条に定める選挙（2022年2月1日～2月14日実施）により選出された新理事候補者10名が全会一致で決定され、被選任者はいずれもその就任（就任日2022年4月1日）を承諾したため、総会に議案として付議することとした。改選される理事氏名は下表にまとめた。

2022年3月31日に 任期終了となる理事11名		2022年4月1日に 就任する理事10名	
岩崎 涉	大上 雅史	沖真 弥	鎌田真由美
大林 武	鎌田真由美	川上 英良	木下 聖子
木下 聖子	佐藤 健吾	佐藤 健吾	遠里由佳子
清水謙多郎	遠里由佳子	夏目やよい	浜田 道昭
長井 陽子	松田 秀雄	松井 求	山下 理宇
武藤 愛			

3.2 五斗理事長は、監事 松井求、根本航が2022年3月31日で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、河合盛進、根本航が監事に選任され、被選任者はいずれもその就任（就任日 2022年4月1日）を承諾したため、総会に議案として付議することとした。

### 第四号議案 幹事の承認

五斗理事長より、2022年度の幹事について以下の提案があり、全会一致で意義なく可決された。

会長補佐：岩崎涉、木下賢吾

総務：岩崎涉

年会：木下賢吾、水口賢司(2022年大会長)、山下理宇(2023年大会長)

会計：大林武、笠原浩太

認定試験：白井剛

研究会：岩崎涉

ニュースレター：尾崎遼、松本拓高

JSBi Bioinformatics Review：松本拓高、尾崎遼

ダイバーシティ推進：武藤愛

ISCB：岩崎涉

若手：大上雅史

渉外：浜田道昭

連携：鎌田真由美

広報：齋藤裕

人材育成：有田正規、白井剛

活性化：奥田修二郎

個別化医療推進：木下賢吾

Genome Informatics：五斗進

### 第五号議案 地域部会部会長の承認

2022年度の地域部会長について五斗理事長から以下の提案があり、全会一致で意義なく可決された。

遠藤俊徳（北海道大学大学院情報科学研究院）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

鎌田真由美（京都大学大学院医学研究科）関西地域部会

森田瑞樹（岡山大学大学院ヘルスシステム統合科学研究科）中国・四国地域部会

山西芳裕（九州工業大学大学院情報工学研究科）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 予算執行に係る内規の承認

大林理事・幹事より別紙s6を基に「予算執行に係る内規」案について説明があった。浅井理事より執行回数の上限がないことについて指摘があり、本指摘を踏まえ、大林理事・幹事より今年度は本家で運用を行い、決算時に利用状況について報告することとし、これを議事に諮ったところ、全会一致で可決決定された。

〈報告事項〉

【各幹事、会長からの報告】

1 年会（木下賢吾理事・幹事、浜田幹事、水口幹事）

木下賢吾理事・幹事より2023年度年会会長は山下理宇新理事・新幹事になることが報告された。山下新理事・新幹事より2023年度9月に開催予定であること、会場は柏の葉カンファレンスセンター（千葉県柏市）を検討していること、現地のお祭りの日程と合わせることで、市民との交流の強化も検討していることが報告された。浜田幹事より別紙h1に基づき、2021年度年会アンケート集計の結果報告があった。

2 会計（大林理事・幹事、笠原幹事）

大林理事・幹事より、別紙h2に基づき、会計業務の公正かつ効率な運用のため、金額に応じて必要な証票（見積書・納品書・請求書）の扱いについて覚書としてまとめた旨が報告された。

3 認定試験（白井理事・幹事）

白井理事・幹事より、別紙h3に基づき、2021年度のバイオインフォマティクス技術者認定試験の開催報告があった。特に、白井幹事からは2021年12月25日にバイオインフォマティクス入門 第2版の出版と、その印税が直接学会に入ることが報告された。

有田理事・幹事より今年度のバイオインフォマティクス技

術者認定試験の開催日程について、2021年会計年度内に終わるように調整したことが報告され、理事会メール審議（審議番号：2022-01）にて可決した認定試験受験料の変更について2022年度は据え置き、2023年度開催分より検討を行うことが報告された。

#### 4 研究会（岩崎理事長・幹事）

岩崎理事長・幹事より、別紙h4に基づき、2021年度公募研究会の開催報告・2022年度公募研究会の採択報告があった。また、公募研究会の採択件数に関して、業務量の兼ね合いから毎回3件までとすることについて提案があった。費用対効果をアンケートなどにより確認し、メール審議にて審議を続けることとなった。

#### 5 ニュースレター（尾崎理事・幹事、松本幹事）

尾崎理事・幹事より、別紙h5に基づき、ニュースレターに関する報告があった。特に、ブログサービスウェブ記事化については現在準備中であることが報告された。

#### 6 JSBi Bioinformatics Review（松本幹事、尾崎幹事・理事）

松本幹事より、JSBi Bioinformatics Reviewに関する報告があった。アクセス数が順調に伸びており、5月末に3巻（2022）の公開を予定していること、11月には4巻（2022）の公開を予定していることが報告された。特に4巻（2022）については、執筆者の推薦をお願いしたい旨の依頼があった。

#### 7 ダイバーシティ推進（武藤理事・幹事）

武藤理事・幹事より、現在オブザーバー加盟学協会として参加している男女共同参画学協会連絡会で行われた大規模アンケートに関して、回答数83、回答率13.72%であったことが報告された。また、有期雇用労働者の育児・介護休業取得要件が緩和されたことが報告された。加えて、2022年IIBMP実行委員会として、今回から行動規範を追記し、差別やハラスメント行為の禁止についても言及したことが報告された。

#### 8 ISCB（岩崎理事長・幹事）

岩崎理事長・幹事より、別紙h8に基づき、ISCBに関する報告があった。特に、JSBi理事会において可決された「2024年拡大版アジアバイオインフォマティクス会議（GIW、InCoB、ISCB-Asia、APBC）構想への協力」について、2024年10月21日～24日「Asia Pacific Bioinformatics Joint Congress」として開催する予定であることが報告された。

#### 9 若手（大上理事・幹事）

大上理事・幹事より、IIBMP2022のキャリアパスセッションについてサポートを進めていることが報告された。

#### 10 渉外（浜田幹事）

浜田幹事より、2022年度より新たにノボザイムジャパン株式会社が賛助会員になったことについて報告があった。

#### 11 連携（荻島理事・幹事）

荻島理事・幹事より、別紙h11に基づき、他学会・研究会との連携について報告があった。

#### 12 広報（齋藤幹事）

欠席のため報告はなかった。

#### 13 人材育成（有田幹事、白井理事・幹事）

報告は特になかった。

#### 14 活性化（奥田幹事）

奥田幹事より、別紙h14に基づき、要望書の依頼への対応ルール案について報告があった。岩崎理事・幹事より内規として文章に残して運用する場合は利益相反について配慮したルールに修正すべきとの意見があり、また、浅井理事からは、利益相反について、対象者が決定に関与しなければ提案のルールのまま問題ないとの意見があった。文章に残す場合は、メール審議で議論を継続することとなった。

#### 15 個別化医療推進（木下賢吾理事・幹事）

特に報告はなかった。

#### 16 Genome Informatics（五斗理事長・幹事）

特に報告はなかった。

#### 17 会長（五斗理事長・幹事）

五斗理事長より、後藤名誉会員からの寄付金の有効活用について、若手幹事・人材育成幹事とよりよい活用方法について検討を続けることとなった。また、アウトリーチの充実についてサブ幹事会などの開催を検討していること、教科書「生命科学」の出版についても需要があるようなのでJSBi Bioinformatics Review幹事に相談予定であることが報告された。

#### 18 総務（岩崎理事・幹事）

岩崎理事・幹事より別紙h18に基づき、会員数等の基本情報について報告があった。

#### 19 会長補佐（木下賢吾理事・幹事、清水理事・幹事）

特に報告はなかった。

## 【地域部会長からの報告】

## 20 北海道地域部会（遠藤地域部会長）

特に報告はなかった。

## 21 東北地域部会（木下地域部会長）

特に報告はなかった。

## 22 関西地域部会（鎌田地域部会長）

特に報告はなかった。

## 23 中国・四国地域部会（森田地域部会長）

特に報告はなかった。

## 24 九州地域部会（山西地域部会長）

特に報告はなかった。

## 25 沖縄地域部会（池松地域部会長）

特に報告はなかった。

## 26 公募研究会 第31回バイオメディカル研究会（鎌田真由美地域部会長）

2021年11月2日（火）に開催された「第31回バイオメディカル研究会「スマートシティ構想で目指す医療、健康長寿のための街づくり」」について2021年度活動予定・活動記録をもとに確認を行った。

以上

以上により議事が終了し、議長は17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。

2022年3月15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	五斗進	印
議事録署名人	岩崎渉	印
議事録署名人	尾崎遼	印

## 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27回理事会議事録

日時 2022年9月12日（月）14：00～18：00  
 場所 千里ライフサイエンスセンター701号室  
 （大阪府豊中市）、オンライン  
 出席者 五斗進理事長、山西芳裕副理事長、浅井潔理事、有田正規理事・幹事、荻島創一理事、尾崎遼理事・幹事、木下賢吾理事・幹事、白井剛理事・幹事、竹本和広理事、福永津嵩理事、沖真弥理事、川上英良理事、木下聖子理事、佐藤健吾理事、夏目やよい理事、松井求理事、山下理宇理事・幹事  
 （表決書提出） 遠里由佳子理事  
 以上 18名出席扱い（全理事数21名）  
 オブザーバ 奥田修二郎幹事、笠原浩太幹事、岩崎渉幹事、水口賢司幹事、大林武幹事、武藤愛幹事、齋藤裕幹事、池松真也地域部会長、根本航監事、河合盛進監事、事務局総務牛山絵美子  
 議長 五斗進理事長（定款35条による）

別紙h2.1 会計幹事 会計中間報告（7月締め）  
 別紙h2.2 会計幹事 2023年度消費税納税について  
 別紙h2.3 会計幹事 インボイス制度について  
 別紙h4 研究会幹事 2022年度公募研究会開催記録  
 別紙h18.1 総務幹事 会員数の推移  
 別紙h18.2 総務幹事 ホームページビュー数  
 別紙h18.3 総務幹事 メール審議議事録  
 別紙h25 沖縄地域部会 バイオインフォマティクス人材育成講座パンフレット  
 別紙h26 公募研究会 2022a-01「質量分析インフォマティクス研究会・第7回ワークショップ ONLINE」  
 別紙h27 公募研究会 2022a-02「第32回バイオメディカル研究会「最先端構造解析の現状と課題」

五斗理事長、山西副理事長より第27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松井理事、尾崎理事が指名され、満場一致で承認された。

## 〈審議事項〉

## 第一号議案 2024年度JSBi年会 年会長の承認可否

木下賢吾理事・幹事より、別紙s1を基に、2024年年会開催について、2024年10月22日から24日の日程でAsia-Pacific Bioinformatics Joint Congress (APBJC) と合同での開催を検討しており、大会長を岩崎渉幹事としたい旨が説明され、これを議事に諮ったところ、全会一致で可決決定された。

## 配布資料

## 議事次第

## （審議事項参照資料）

別紙s1 理事会審議事項（第一号議案～三号議案）

## （報告事項参照資料）

別紙h1.1 年会幹事 2022年年会について

別紙h1.2 年会幹事 2023年年会について

## 第二号議案 Oxford Journals JSBi Prize規定(2)の改定の承認可否

大上幹事より、別紙s1を基に、Oxford Journals - Japanese Society for Bioinformatics Prize 選考規定について以下の通りに改正したい旨が説明され、これを議事に諮ったところ、出席した会員の議決権の過半数を持って異議なく可決決定された。

### 【現行】

(受賞者及び受賞候補者の条件)

第3条 この賞は、以下の各号の全てに該当する者を受賞候補者とする。

- (1)第4条に定める推薦があった者。
- (2)当該年度の4月1日現在において39歳未満の者。
- (3)当該年度においてこの法人の会員である者。
- (4)当該年度の年會に参加することが可能であり、かつ、参加する意思を有している者。
- (5)この賞を以前に受賞したことがなく、かつ、平成24年度以前についてはこの賞またはOxford University Press Bioinformatics Prizeを受賞した研究発表の第一発表者ではない者。

### 【変更後】

(受賞者及び受賞候補者の条件)

第3条 この賞は、以下の各号の全てに該当する者を受賞候補者とする。

- (1)第4条に定める推薦があった者。
- (2)当該年度の4月1日現在において38歳未満の者。ただし、出産・育児により研究に専念できない期間があった場合は、応募要件を40歳未満とする。なお、研究に専念できない期間とは、休暇の取得や休職・離職などその期間が定量的に算定できるものであること。
- (3)当該年度においてこの法人の会員である者。
- (4)当該年度の年會に参加することが可能であり、かつ、参加する意思を有している者。
- (5)この賞を以前に受賞したことがなく、かつ、平成24年度以前についてはこの賞またはOxford University Press Bioinformatics Prizeを受賞した研究発表の第一発表者ではない者。

(推薦様式のwordファイルの最後に1ページ追加し、以下の文言を追加)

研究に専念できない期間があった場合は、以下に研究に専念できない期間を記載するとともに、出産・育児の事実を確認するための最低限の書類(母子手帳の表紙の写等)を貼り付け、または添付すること。

## 第三号議案 ジェンダーバランス調査のための年會開催規定の改定の承認可否

武藤幹事より、別紙s1を基に年會開催規定について以下の通りに改正したい旨が説明され、これを議事に諮ったところ、出席した会員の議決権の過半数を持って異議なく可決決定された。

### 【現行】

第10条 年會開催後、年會長は監査報告書とともに年會開催について理事会に報告し、承認を得なければならない。

### 【変更後】

第10条 年會開催後、年會長は監査報告書とともに年會開催について理事会に報告し、承認を得なければならない。

- 2 年會開催報告には参加者および発表者の性別ごとの人数の調査結果を含めるものとする。ただし、性別の調査においては多様性に配慮した選択肢を設けるとともに、回答を任意とする。

### 〈報告事項〉

#### 【各幹事、会長からの報告】

- 1 年會(木下賢吾理事・幹事、水口幹事、山下理事・幹事) 水口幹事より、別紙h1.1に基づき、2022年度年會準備報告がなされた。2022年年會は、2022年9月13日(火)～9月15日(木)にかけて千里ライフサイエンスセンター(大阪府豊中市)にて開催すること、行動規範を示したこと、会場における新型コロナウイルス感染症対策等について報告された。

山下理事・幹事より、別紙h1.2に基づき、2023年9月7日(木)～9月9日(金)にかけて、柏の葉カンファレンスセンター(千葉県柏市)にて2023年度年會を開催することが報告された。また、大会長を鈴木讓氏、実行委員長を山下理宇理事・幹事とすることが報告された。最終日については、大会開催地周辺で開催される「柏の葉まつり」との連携を打診中であることが報告された。

- 2 會計(大林幹事、笠原幹事)

大林幹事より、別紙h2.1に基づき、會計の中間報告があり、問題なく執行されていることが報告された。また、別紙h2.2に基づき、2023年度は消費税納税年度であることが報告された。加えて、別紙h2.3に基づき、2023年10月開始のインボイス制度への対応方針について、来年度は現状維持(適格請求書発行事業者にならない)とすることが報告された。

- 3 認定試験(白井理事・幹事)

白井理事・幹事より、2022年度のバイオインフォマティクス技術者認定試験に関する報告があった。受験期間は2022年11月12日(土)～2022年12月4日(日)であり、そのうち1回のみ受験可とし、また、2022年11月26日(土)・

27日(日)については、正規のCBT受験会場に加えて沖縄工業高等専門学校(名護市)に特別受験会場(準会場)を設置することになったことが報告された。また、有田理事・幹事より2022年度受験料は据え置きとしていることが確認された。

#### 4 研究会(岩崎幹事)

岩崎幹事より、別紙h4に基づき、2022年度公募研究会の開催状況の報告があった。また、公募研究会の採択件数に関して、業務量の兼ね合いから毎回3件までとすることについて、来年度はそうように運用することとなった。

#### 5 ニュースレター(尾崎理事・幹事、松本幹事)

尾崎理事・幹事より、2022年3月にニュースレター第41号を発行し、次号は2023年1月発行を目指し準備を進めていることが報告された。また、ニュースレターの一部の記事をブログサービスにて記事化することについて、公開直前であることが報告された。

#### 6 JSBi Bioinformatics Review(松本幹事、尾崎理事・幹事)

尾崎理事・幹事より、JSBi Bioinformatics Review3巻(2022)を2022年6月に公開したことが報告された。また、2022年11月には4巻(2022)の公開を予定していることが報告された。

#### 7 ダイバーシティ推進(武藤幹事)

武藤幹事より、男女共同参画学協会連絡会にて2021年に開催された第5回大規模アンケート(第5回 科学技術系専門職の男女共同参画実態調査)報告書のアンケート解析WGに協力したこと、概要版が10月末に公開されるため、閲覧・活用してほしい旨が報告された。加えて、2022年年会実行委員会として行動規範を定めたことに関連し、来年度以降も行動規範を設置してほしい旨の報告があった。また、今回初めてキャリアパス・ダイバーシティ共同セッションを開催したことについても報告された。

#### 8 ISCB(岩崎幹事)

岩崎幹事より、今年度のISMBは2022年7月10日~14日に米国マディソン市とオンラインでのハイブリッドで開催されたことが報告された。また、ECCBは2022年9月12日~21日にスペイン・シッチェスとオンラインでのハイブリッドで開催されたことが報告された。

#### 9 若手(大上幹事)

審議事項に加えての報告事項はなかった。

#### 10 渉外(浜田幹事)

五斗理事長より、2022年度より新たに岩井化学薬品株式会社、株式会社BlueMeme、学校法人滋慶学園東京医薬看護専門学校 バイオデータサイエンス学科、ノボザイムジャパン株式会社の合計4社が賛助会員になったことについて報告があった。岩崎幹事より賛助会員について、各先生から関連会社への声かけの協力について依頼があった。

#### 11 連携(鎌田理事・幹事)

五斗理事長より、本学会は生物科学学会連合に所属しており、鎌田理事・幹事が委員として活動していることが報告された。

#### 12 広報(齋藤幹事)

齋藤幹事より、JSBiホームページのバイオインフォマティクス研究室検索に、現在約40件ほどの掲載があることが報告された。また、ホームページ閲覧数としては、認定試験、年会関連ページが上位にあることが報告された。

#### 13 人材育成(有田理事・幹事、白井理事・幹事)

有田理事・幹事より、現在進めている人材スキル標準と認定試験の連携について、単一学会での運用ではなく、複数学会によるサポート体制による運用を進められるよう検討していること、また、認定試験の運営を自立した形で行うため、まずは受験者数1,000名を超えることを目指すことが報告された。

#### 14 活性化(奥田幹事)

奥田幹事より、前回の理事会で案出した要望書の依頼への対応ルール案について報告があり、利益相反について配慮したルールに修正すべきとの意見について、議論を継続することとなった。

#### 15 個別化医療推進(木下賢吾理事・幹事)

特に報告はなかった。

#### 16 Genome Informatics(五斗理事長・幹事)

特に報告はなかった。

#### 17 会長(五斗理事長・幹事)

五斗理事長より、後藤名誉会員からの寄付金について、よりよい活用方法について検討を続けることとなった。

#### 18 総務(岩崎幹事)

岩崎幹事より、別紙h18.1,2に基づき、会員統計およびホームページビュー数について、報告された。特に会員が1,000名に近づいており、賛助会員も今年度4社加入したことが報告された。また、賛助会員の入会フォームに入会の経緯

の項目を追加することとした。加えて、別紙h18.3に基づき、メール審議議事録について確認がなされた。

19 会長補佐（岩崎幹事・木下賢吾理事・幹事）  
特に報告はなかった。

【地域部会長からの報告】

20 北海道地域部会（遠藤地域部会長）  
特に報告はなかった。

21 東北地域部会（木下賢吾地域部会長）  
特に報告はなかった。

22 関西地域部会（鎌田地域部会長）  
2022年5月20日（金）に開催された「第32回バイオメディカル研究会「最先端構造解析の現状と課題」について、別紙h27を基に、確認を行った。

23 中国・四国地域部会（森田地域部会長）  
特に報告はなかった。

24 九州地域部会（山西地域部会長）

特に報告はなかった。

25 沖縄地域部会（池松地域部会長）  
池松地域部会長より、別紙h25に基づき、バイオインフォマティクス人材育成講座の開催を予定しており、受講登録者数が1,000名を超えていることが報告された。

26 公募研究会 質量分析インフォマティクス研究会・第7回ワークショップ ONLINE（山本博之会員）  
2022年4月22日（金）に開催された「質量分析インフォマティクス研究会・第7回ワークショップ ONLINE」について別紙h26を基に確認を行った。

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。

2022年9月12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	五斗	進	印
議事録署名人	松井	求	印
議事録署名人	尾崎	遼	印

## 学会の現況

有効会員数（2022年12月現在）正会員：706名 学生会員：226名 賛助会員：20社 名誉会員：5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 2022年度役員一覧

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)
副 会 長	山西 芳裕	(九州工業大学大学院情報工学研究院)
地域部会長	遠藤 俊徳	(北海道大学大学院情報科学研究科) 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
	鎌田真由美	(京都大学大学院医学研究科) 関西地域部会
	森田 瑞樹	(岡山大学大学院ヘルスシステム統合科学研究科) 中国・四国地域部会
	山西 芳裕	(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
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 情報研究系)
	荻島 創一	(東北大学 高等研究機構 未来型医療創成センター/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)
	清水 佳奈	(早稲田大学 理工学術院)
	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院)
	福永 津嵩	(早稲田大学高等研究所)
	山西 芳裕	(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)
	沖 真弥	(京都大学大学院医学研究科)
	鎌田真由美	(京都大学大学院医学研究科)
	川上 英良	(理化学研究所先端データサイエンスプロジェクト)
	木下 聖子	(創価大学糖鎖生命システム融合研究所)
	佐藤 健吾	(東京電機大学システムデザイン工学部)
	遠里由佳子	(立命館大学情報理工学部)
	夏目やよい	(医薬基盤・健康・栄養研究所)
	浜田 道昭	(早稲田大学 理工学術院)
	松井 求	(東京大学大学院新領域創成科学研究科)
	山下 理宇	(国立がん研究センター先端医療開発センター)
監 事	根本 航	(東京電機大学理工学部)
	河合 盛進	(トヨタ紡織株式会社)

### 賛助会員一覧

(2022年12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  
 岩井化学製品株式会社  
 富士通株式会社  
 株式会社BlueMeme  
 株式会社アンブラット  
 エーザイ株式会社  
 国立研究開発法人科学技術振興機構 バイオサイエンスデータベースセンター  
 カクタス・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  
 学校法人滋慶学園 東京医薬看護専門学校  
 株式会社ナベ インターナショナル  
 ノボザイムズジャパン株式会社  
 一般社団法人バイオ産業情報化コンソーシアム  
 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

英語論文の校正なら  
 論文添削に特化した エナゴへ

専門家2名による英文校正を、  
 1単語4.5円からご提供します。

REWARDS CLUB  
 たまるポイントをサービスの割引に使える  
 研究者のためのリワーズクラブあり

enago  
 研究支援エナゴ  
 Author First, Quality First

エナゴ で検索

www.enago.jp

## 岩井化学薬品では、積極的にチャレンジすることを楽しめるような人材を待っています。



### 人材募集

- ✓ 基礎研究に携わりたいと考えている方
- ✓ バイオインフォマティクスに興味のある方
- ✓ 統計学や機械学習に興味のある方
- ✓ プログラミングに興味のある方 (R や Python など)
- ✓ 新規事業やサービスを構築する意欲のある方

私たちは、科学技術の進歩に必要な不可欠な「基礎研究」において使用される試薬や実験機器、その他様々な消耗品などを国内外から仕入れ販売をし、研究を効率的に成功に導けるよう尽力しています。

「基礎研究のパートナー」として新たな付加価値を創出し続ける会社であるために、新規事業開発や営業戦略の強化など、日々チャレンジしております。

**IWAI 岩井化学薬品株式会社**

採用詳細は URL よりご確認ください

<https://www.iwai-chem.co.jp/company/recruitment/>



学校法人 滋慶学園

## 東京医薬看護専門学校

★学科ホームページ★



### 常勤講師・非常勤講師募集

2023年4月よりバイオインフォマティクスを学ぶ、バイオデータサイエンス学科を開講いたします。新規学科新設に伴い、常勤職員・非常勤講師を募集しております。

**本校と一緒に人材育成しませんか？**

#### ■ 学習科目

数学、統計学、ITパスポート試験対策、プログラミング基礎 (Python, R)、機械学習、ゲノム解析実習、生物、化学、分子生物学、遺伝子工学、微生物学、バイオテクノロジー関係実習、ITパスポート試験対策、統計検定、基本情報技術者認定試験対策 など

※2023年より随時開講します。開講時期は科目によって異なります。

#### 【人材育成の関わり方】

- 常勤職員  
4年間、学生の成長を一緒に見守る
  - 非常勤講師  
得意な分野で学生の個の力を引き出し伸ばす
- 興味がある方は是非、お問い合わせ下さい！

東京医薬看護専門学校  
バイオデータサイエンス学科 設立準備室  
MAIL: bio@tcm.ac.jp

そろそろ  
あっちこっちで  
「似たようなプログラム」を  
作るのやめませんか？



学生、研究者、PI問わず、  
共感してくれる仲間を  
募集中です。

**ANPLAT**

## タカラバイオ株式会社

情報系技術者を募集しています

タカラバイオは、遺伝子治療、ワクチン製造、ゲノム解析などの革新的なバイオ技術の開発を通じて社会に貢献することを目指しています。情報技術を用いて、新しいことにチャレンジしたい、様々な技術に関わっていきいたい、社会貢献を実感したい、など歓迎します。皆様が活躍できる業務を用意してお待ちしております！

- ・ 遺伝子医療・再生医療デザイン
- ・ PCR・NGS関連新製品開発
- ・ バイオインフォマティクス解析
- ・ シーケンスデータ品質管理
- ・ 業務効率化パイプライン構築
- ・ ネットワークシステム構築



<http://www.takara-bio.co.jp/kaisha/boshu.htm>

## バイオインフォマティクスシリーズ

バイオインフォマティクスの多岐に渡る分野を、  
教科書的・体系的に学べる成書シリーズ



本シリーズの

**特設サイトを開設いたしました。**  
各書籍の詳細や今後の刊行予定などの  
最新情報をご覧いただけます。

<https://www.coronasha.co.jp/bioinformatics/>

バイオインフォマティクスシリーズ



科学技術と共に歩む

**コロナ社**

シリーズ最新4巻  
好評発売中！

## 日本バイオインフォマティクス学会ニュースレター第42号

発行日	2023年1月31日
発行者	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 五斗進)
編集	尾崎遼・松本拓高 (学会幹事)、牛山絵美子 (学会事務局)
デザイン	ウチダヒロコ
組版	勝美印刷株式会社

## 編集後記

今回の特集は前号に引き続き、バイオインフォマティクスの未来についての座談会の記事をお送りいたしました。2022年はバイオインフォマティクス分野では、種々の機械学習技術や大規模言語モデルを用いた生物配列の構造・機能予測や設計に様々なニュースがありました。大規模計測技術についても、NGSを含むオミクス計測の低価格化・高度化やイメージング技術の発展がますます進んでいます。2023年がどのような年になるか楽しみですね。

(尾崎・松本)

こんにちは、事務局の牛山です。2022年9月よりJSBiのnoteアカウント (<https://note.com/jsbi>) を開設しました。本誌と合わせて、noteでもお楽しみいただき、そして、本学会会員以外の方にも、本学会を知っていただくきっかけになれば大変嬉しいです。また、学会へのご意見・ご要望等につきましては、お近くの理事・幹事の先生方、あるいは事務局総務までぜひお寄せください。今後ともより良い学会運営を目指して参ります。

(事務局・牛山)