

C O N T E N T S

巻頭言.....1	GIW/ISCB-Asia2023参加報告.....19
特集 IIBMP2023ナイトセッション「君たちはどう生きるか」開催報告...3	地域部会・公募研究会活動報告.....20
特集 IIBMP2023ワークショップ「バイオインフォマティクスの8の問題」開催報告...9	日本のバイオインフォマティクス研究室.....23
日本バイオインフォマティクス学会賞受賞報告.....13	学会からのお知らせ.....24
Oxford Journals-JSBI Prize受賞報告.....14	学会議事録等.....25
日本バイオインフォマティクス学会後藤修賞.....14	学会の現況.....29
第12回生命医薬情報学連合大会・日本バイオインフォマティクス学会年会 (IIBMP2023) の報告...16	編集後記.....31
ISMB/ECCB 2023 参加報告.....17	

巻 頭 言

世の中の役に立つ研究とは？

勤務先や関連する研究機関などから「もっと世の中の役に立つ研究をしてください」と言われた経験がある研究者は少なくないと思います。特許は言うに及ばず、科研費などの研究費の申請でも、研究成果が社会にどのような貢献をするかを記述することが求められます。安くはない研究費を提供する側としては、そういう納得できる説明を求めるのは理解できます。家族や親戚に自分の研究を説明した時にも、「で、どういう風に役に立つの？」と尋ねられることも多いでしょう。しかし、そもそも「世の中の役に立つ研究」とはどんな研究なのでしょうか？

私は学生時代、自然言語処理の研究をしていました。古典的な記号処理による解析から統計情報を用いた手法へと大きく進展し、機械学習を積極的に活用する自然言語処理が定着した時期でした。私も当時は最新手法のサポートベクタマシンを使った研究で学位を取得しました。

文脈自由文法に代表される生成文法理論は自然言語処理分野で長年研究されてきた理論的な成果の一つです。文脈自由文法を用いるとRNAの二次構造をモデル化することができ、

さらにそこに確率情報を付加した確率文脈自由文法を用いるとRNA二次構造予測が可能になります。これを知ったことがきっかけで私はバイオインフォマティクスの研究に興味を持ちました。

当時のバイオインフォマティクスは、DNAやタンパク質の配列解析が主流の一つだったと記憶しています。DNA配列からの遺伝子予測やタンパク質配列の二次構造予測などは、配列長 L に対して $O(L)$ ぐらいの計算量、アラインメントなど二本の配列が絡む解析は $O(L^2)$ ぐらいの計算量です。この周辺の解けそうな問題はすでに解かれていて、新規参入の私は太刀打ちできません。

一方RNAはどうだったかというと、DNAやタンパク質に比べて地味で盛り上がり欠けている印象は否めませんでした。機能を持つRNAの多くは配列そのものと同等あるいは



それ以上に二次構造が重要であることがすでに知られていました。RNA二次構造を考慮した配列解析には $O(L^3)$ の計算量が、アラインメントに至っては $O(L^6)$ の計算量が必要で、DNAやタンパク質に比べると格段に面倒くさくなります。このあたりがいまいち盛り上がり欠けた理由の一つだと思いますが、一応は多項式時間の計算量ですむので絶望的に解けない問題というわけでもありません。情報科学的に工夫の余地が多く残されていて、当時「publish or perish」な身分だった私にとって、簡単すぎず難しすぎない、魅力的な分野に見えました。

このような背景から、現在に至るまでRNA配列解析を主戦場として情報科学的手法開発の研究を中心に行なってきました。しかし、冒頭にも述べたように周囲からは「世の中の役に立つ研究」が求められます。正直に言うと、そのような研究をこれまでに行うことができたかどうかは、全く自信がありませんでした。建前としては「RNA二次構造は機能と相関する」から「計算機によるRNA二次構造予測は重要」であり「世の中の役に立つ」という説明をよくします。しかし、たとえRNAの二次構造を正確に予測できたとしても、その機能までわかるケースは限定的であり、「世の中に役に立つ」にまで至っていないというのが偽らざる本音です。最近でこそ表立って言われなくなりましたが、「バイオインフォの予測は当たらない」「バイオインフォは虚業」「実験屋の下働きをして修行しろ」といった批判は、こういったことの積み重ねに由来しているのだと思います。

ところが、私の悶々とした後ろめたい気持ちはコロナ禍で一変します。

新型コロナウイルスSARS-CoV-2は配列長29.9kbの一本鎖RNAウイルスです。SARS-CoV-2のRNAゲノムはシュードノットと呼ばれるちょっと複雑な部分構造を持っています。このシュードノット構造は、ウイルスの複製・増殖において重要な役割を果たしており、創薬ターゲットとして非常に有望と言われています。実は、これだけ長い配列に対してシュードノットを考慮したRNA二次構造予測を行うことができるツールは、10年以上前に私たちが開発したものを含めて数個しか存在していません。この論文は発表当時からばちばち引用されているのですが、コロナ禍になってからSARS-CoV-2関連の引用が目立つようになり、なんと今年が一番引

用されています。もちろん開発時には、このような形で役に立つ（かもしれない）可能性は考えていませんでした。

ご存じの通り、2020年に実用化されたmRNAワクチンは、コロナ禍を終息へ導くために極めて大きな役割を果たしています。さらには、配列を適切に設計することによってインフルエンザなどの他のウイルスやがんなどの疾患に対するワクチンとしても実用化が期待されています。一方で、mRNAの二次構造はmRNAの翻訳効率や分解耐性に大きな影響を与えることが知られています。このことは、二次構造を考慮した配列設計を行えば、mRNAワクチンの効率を最適化できることを意味しています。身近な例で言えば、mRNAワクチンの効率を最大化して投与量を減らせれば、副反応を最小化できるかもしれません。RNA配列解析がここまでわかりやすく直接的に役に立つ事例はあまりなく、我々が持つRNA二次構造に関する技術の真価が問われます。

私がRNA配列解析の研究を始めた頃は花形とは言い難かったですが、mRNAワクチンのおかげで誰もがRNAという言葉を知るようになり、2023年にはそのmRNAワクチンの開発につながる研究を行なったカリコ博士とワイスマン博士に対してノーベル生理学医学賞が授与されました。RNA研究は今まさに「モテ期」を迎えています。

「世の中の役に立つ研究」とはどのような研究でしょうか？事前にその価値を見極められたら苦労はないでしょう。もし明確に価値が認められる研究テーマが存在するとしても、それは既に多くの人によって探求されているか、非常に難解で手が出せないかのいずれかです。そして、時代が変わると、何が役立つかも大きく変わります。のちにノーベル賞を受賞するカリコ博士らのmRNA研究ですら当初はあまり評価されなかったそうです。いわんや私のような凡人の研究なんて。しかし、当初は世の中に役立つとは考えていなかった研究が、時代の変化とともに価値あるものとなることがあります。私にとってコロナ禍は「災い転じて福となす」そのもので、何が幸いするかわかりません。このような機会が等しく全員に訪れるわけではないと思いますが、その時に備えて研究を続けることの重要性を感じています。幸運の女神には前髪しかないそうですし。

佐藤 健吾
(東京電機大学)

IIBMP2023ナイトセッション「君たちはどう生きるか」開催報告

松井 求（東京大学大学院新領域創成科学研究科・IIBMP2023実行委員）

尾崎 遼（筑波大学医学医療系・JSBi Bioinformatics Review担当幹事）

松本 拡高（長崎大学情報データ科学部・JSBi Bioinformatics Review担当幹事）



君たちはどう生きるか。この普遍的な問いは、スタジオジブリ最新作のタイトルであり、吉野源三郎による名著のタイトルであり、そして我々一人一人に向けた問いかけでもあります。コロナ禍や革新的なソフトウェアの登場などによって我々を取り巻く環境が激変する中で、私たちはどう生きるべきか？—今取り組むべき研究テーマは何か？より良い研究環境をどう構築するか？キャリアパスをどう描くか？分野をどうやって盛り上げるか？—年会はこういった問題について皆で考える貴重な機会です。そこで、私たちは以下の7名の先生方をパネリストとしてご招待し、タウンミーティング形式で自由に意見をぶつけ合うナイトセッションを企画しました：浅井潔先生（東京大学大学院新領域創成科学研究科）、中戸隆一郎先生（東京大学定量生命科学研究所）、松前ひろみ先生（東海大学医学部）、藤澤孝夫先生（国立がん研究センター東病院）、新井悠也さん（筑波大学グローバル教育院）、露崎弘毅先生（千葉大学大学院医学研究院）、川崎純菜先生（早稲田大学理工学術院）。

幸い会場は満員御礼となり、2時間という限られた時間の中ではありましたが、熱気あふれる充実した議論が展開されました。本報告では、その白熱のトークバトルの模様をダイジェスト版の形でお届けいたします。

—

「君たちはどう生きるか？」というテーマで語り合いたいこと

松井求（東京大学） 皆様、本日はお集まりいただきまして、誠にありがとうございます。せっかくのナイトセッションですので、今取り組むべきテーマとは？より良い研究の進め方とは？キャリアパスをどう描くか？どのように分野を盛り上げるか？といった大きな話をできればと思います。具体的には以下の6つのトークテーマを用意しましたので、順に語り合しましょう。

1. 今、BIでは何が問題になっているのか？



図1：パネリストの先生方

2. 医学において、BIが達成すべきゴールはなにか？
3. AIやまほろではなく、人間がすべきことは何か？
4. BIの敷居の高さをどう解消するか？
5. AlphaFoldやChatGPTに匹敵する、次のイノベーションは何か？
6. 「生命とは何か」という問いに、BIはどう答えるか？

今、BIでは何が問題になっているのか？

松井 はじめに自己紹介も兼ねて、各分野におけるグランドチャレンジは何か？BIが分野として抱える問題は何か？という問いについて、一言ずつコメントをお願いします。

川崎純菜先生（早稲田大学） 専門は獣医学・ウイルス学。グランドチャレンジは「ウイルス感染症の制圧」で、具体的には、パンデミック発生前にリスクを把握することと、パンデミック発生後のウイルスの進化・流行の把握を重要視している。BI分野というよりウイルス学の抱える問題になるが、BI分野からウイルス学への新規参加者が少ない、コロナ禍で取得されるようになったビッグデータをうまく活用できていない、異分野融合研究が足りない、などが挙げられる。

露崎弘毅先生（千葉大学） もともとシングルセルをやっていて、他の人もデータ解析ができるようにRパッケージやワークフロー化にも取り組んでいる。そこでの問題は、計測の仕方が多様であることや、データベース・フォーマットが雑多であること。同じ現象をみているとするなら、どうやってデータ統合するかが鍵になる。私は行列・テンソル分解が一つの有力なアプローチだと思っている。

新井悠也さん（筑波大学） 研究自動化分野で研究している。情報でできているものを現実世界でも実現したい。手法とロボットの対応関係がラボによってバラバラなので、プロトコルの統一が課題。BIが分野として抱える問題は、データ解析の結果が大量に生成されている一方で、バイオ（実験）による検証が追いついていないこと。

藤澤孝夫先生（国立がん研究センター） 臨床医（腫瘍内科）としてがん研究に取り組んでいる。グランドチャレンジは病態の解明・診断・予防・治療につくる。がん研究に限ると、2000年代くらいからがんゲノムプロジェクトで遺伝子変異のデータはたまってきたが、空間トランスクリプトームといった微小環境の統合的な理解が遅れている。そして期待したほど、メカニズムの理解につながっていない。BIと臨床科学の統合をどう進め、どう治療に結びついて行くのか？が問題だ。

松前ひろみ先生（東海大学） 進化生物学が専門。恐竜学者になりたい→インフォのラボ→進化のラボという経緯をたどってきた。ツールとしてのインフォを使いこなす・データを作り出す、といったことを日々やっている。進化の問題は「多様性から普遍性をどう見出すか」。そのために、多様性をどう計測するか（現状、欠損値だらけ）が問題だ。

進化学は生物学の中でも理論がしっかりしている一方で、バイオインフォマティクスでは理論がしっかり確立されていないことが多い。進化学を背景に、バイオインフォマティクスの結果を統計で検証できることはあるので（例えばGWASでPCAを使うことは集団遺伝学に照らして整合的である）、そういったことをヒントにもっと理論を突き詰めていくことが必要だ。

中戸隆一郎先生（東京大学） 私はアウトローの道を歩んできた。もともとゲノム配列のアライメントと高速化に取り組み、次にバイオリジストになり（生物学や臨床医学に貢献できるのが面白い）、そしてPIとして再びインフォに戻ってきた（第一目的はバイオリジで、計算効率化とかは第二目標になっている）。今はエピゲノム+single cellをやっている。そこで思ったのが、生物学側でインフォだと競争率が低いということ。インフォの人がバイオリジに飛び込むといいのかもしれない。

分野におけるグランドチャレンジは、ゲノム配列からどれだけ細胞種特異的なエピゲノムやゲノム3次元構造を予測できるか。ゲノム配列から全てを予測するのが世界の流れて、計算資源に限られる人たちは別の道に行く必要がある。

「ウェットの手下になるのが嫌だ」から「ウェットとドライが対等になる」へ行くには？バイオとインフォが融合するには？といったことが大きな問題だと思う。

松井 浅井先生、全体をラップアップしてコメントをお願いします。

浅井潔先生（東京大学） みんな視野が狭い、引いて考えてほしい。昔は役に立つものはBLASTだけだった。今はたくさんの役立つツールがあるが、DNAマイクロアレイが流行ったらそのための手法を考えて、次にNGSが出てきたらそのための手法を考えて、という流れに対して一歩引いて考えたほうがいい。

私は元々音声認識をやっていて、その後、人工知能関連プロジェクトを複数やってきた。昔は「医学はつまらん。人間修理学だ」と。自分の思い通りのものを作って初めて理解するという立場が工学。バイオもリパースエンジニアリングだ。ということで、何か作りたいので最近は配列設計をしている。

医学において、BIが達成すべきゴールは何か？

松井 次に藤澤先生。BIができるはずのこと、達成すべきことは何でしょうか？また、ゲノムを医学・医療へどうつなげるべきでしょうか？

藤澤 医学としてはとにかく病気を直して欲しい。TGGA、ICGCでいい治療法がどんどん見つかってほしいという期待があったが、実際は治療ができる患者は10人に1人。実際に効くのはさらにその半分。どういった治療をしたら良いかというところに至っていない。治療法開発・創薬のさらなる効率化が必要で、病態を絞り込む・絞り込んだ病態への治療法を考えることが鍵になる。結局、「理解」が「病気に治す」に結びついてないのが問題だ。

岩崎渉先生（東京大学） バイオインフォマティクスの力が足りないのか？病気が難しすぎるのか？

藤澤 病気が難しい。たとえば、同じ遺伝子変異を持っているがんであっても入ってくる免疫細胞が異なると病態が異なることも有る。臨床側からの情報ももっと必要。

松井 次に川崎先生。我々はCOVID-19の経験をどう活かすべきでしょうか？

川崎 1つの病原体に対してこれほどまでにゲノムが読まれたことはない。このデータを次のパンデミックにつなげたい。BIには今後のパンデミックでも使えるツールをウイルス学と一緒に作ってほしい。また、約3年にわたってリアルタイムにウイルス進化を観測できているという貴重なデータなので、進化学の発展にも生かせるのではと考えている。

松井 RNAワクチンが医学とBIの関係に及ぼす影響は？

川崎 迅速に対応できることが利点。配列の設計はBIの得意分野であり、オーダーメイド医療に生かせるはず。

松井 オーダーメイド医療ということで、今井さん、コメントいただけますか？

今井淳之介さん 病気が理解できても薬が作れるとは限らない。薬がつくれても病気が理解できるとは限らない。BIには、両者を橋渡しして治療法につなげる役割が期待されている。また、COVID-19を経験してData-drivenに物事を理解することが社会に根付いた、ということも重要な点として指摘しておきたい。

岩崎 「ディープラーニング (DL) がなぜ強力なのか」を理解すべき。論理的にDLを使っていくべき。病気の複雑さが分かれば、そのデータを解析するためにどんなDLのモデルを設計したらいいかを考えたりできるようになるはずだし、すべきだ。昔は、BIはファクトベースのAIに（も）基づいていた。今はBIといえばDLになっている。これまでの知識ベースのAIとDLベースのAIをつなげることが医学とBIの発展に寄与するはず。

松前 職場でMDが9割のところにいると、このクエッションは幼い、夢を見ていると思う。

松井 現実との乖離がある？

松前 医学と医療は別。医学は学問、医療は社会実装。医療は実態として多職種のピラミッドであり、バイオインフォは歯車の1つとして捉えられてしまいがち。

もう一つ指摘しておきたいのが、BIは過去の失敗に学んだ方がいいということ。日本発のGWAS手法・ツールが少ないという話があった。2005年にBI業界に入ったが、たしかにその当時からBIでは、GWASのようにゲノムの個人差の研究はあまりやっていなかった気がする。2008年頃、海外 (JGI) の大物研究者が「NGSが出て、これからはリシーケンスの時代」だと言っていた。そのときに日本のBIのシニアはリシーケンスが重要と気づいていたのか。また（海外ではバイオインフォと統計学がコラボをしてツール開発をしているが）日本は統計学もバイオインフォ同様にコミュニティが小さい（例えば、統計学科がない）。弱みを理解して弱みを克服するなり、強みを伸ばすことをしたほうがいい。

浅井 人数が少ないこともあるが、海外ではMLなど異分野の人間（第一線のコンピュータサイエンティストなど）がバイオインフォに入ってきた。日本はバイオインフォに直接入った人が多く、層が薄い。リシーケンスとGWASが重要というのは個々の分野での話で、それだけのニーズに応える人材が足りなかった。

山田拓司先生（東京工業大学） 医者は患者を直したいというパッションが強い。我々としては、その必死さ、パッションを学ばなくてはならない。インフォマティシャンとしての矜持を持ち、チームのパッションを共有し、その一員として研究を進めていくべきだ。

浅井 ウクライナで美術の予算を削ろうとしたら反対されたという話をアナロジーとして考えてほしい。何に貢献したいかを自分自身の判断できることはもちろん大事だが、何かに貢献したいというだけが学問じゃない。貢献したいだけだと

お助け工学になってしまう。

岩崎 下村脩先生とか大村智先生もそう。

中戸 医者は（いわゆる普通の）研究者とは違う。目の前で患者が亡くなるという経験をしており、困っている人をなんとか助けようと必死だ。でもなかなか思ったような結果が出ない。我々は一步引いた視点を持ちつつ、遠ざけたりもせず、色々な世界を経験しよう。色々やると色んな世界があると分かる。

松井 浅井先生、締めていただけますか？

浅井 人の命は大事ということで。若い頃は医者との共同研究を避けてきたが、もちろん医学への貢献は大事だ。

藤澤 医者の立場からも、医者との共同研究が危険というのは実は感じている。善意と情熱から捏造が生まれてしまう、という事例はたくさん見てきた。徒弟制が元で科学が曲げられるという話もある。捏造などを防ぐためにも、職種間のリスペクトと理解が大事だと思う。

AIやまほろではなく、人間がすべきことは何か？

松井 露崎先生。AIはどう活用すべきでしょうか？また、AI時代の科学者の価値とは何でしょうか？

露崎 人間はしたいことをすればいいと思う。今日のLLMワークショップでは、ドキュメント書きたいけどめんどくさいとか、そういった話が出てきた。主体はあくまで人間。やりたいことをやればいい。

岩崎 「教授」という仕事は将来どうなるだろうか。教授の仕事は論文を書くこと。AIにとってはデータの量が大事で、ネット上には論文=AIの学習データがたくさんある。なので、教授の仕事がなくなるかもしれない。

山田 そのもっと先に来るのは論文の自動生成と自動レビュー。強化学習をして、どんどんよい論文になる。そのときのPIの仕事はなんだろう。テーマを考えるというPIの能力は、学習して得た産物だとも言えるので、AIも容易に習得できるだろう。でも私は「簡単には負けないぞ」とも思っている。

新井 出力や目標に対する価値付けは人間が行うもの。テーマをAIに考えてもらうにしても、AIの出力を「自分より面白い」という判断は自分がしている。人間の好奇心に駆動さ

れるのが研究だと思うので、研究は人間の仕事であり続けると思う。

浅井 過去は自分がやらないと当分進まないであろうテーマに取り組んできた。自分は自分で研究成果を出したいという気持ちはないから、AIがやってくれたら単純に嬉しい。

シンギュラリティはじわじわとそれぞれの分野で来る。でもそれを心配してもしょうがない。「自動車ができたから走るのはいらない」とはならない。今、AIをどう使うかを考えることはいいが、今後のことはどうなるか分からない。先は先で、きつとやりたいことは見つかるはずだ。

松前 人らしきとは好奇心と利他的行動だ。医療はまさに利他性の発露。そして、研究対象は興味本位で選んで良い。（ある問題が解決して）自分がやらなくて良くなったのなら、別のテーマを探せば良い。AIがカバーしきれないものは絶対にある。

BIの敷居の高さをどう解消するか？

松井 松前先生。分野間連携を阻む壁にどう対処するべきか？教育などの連携を進めるには？という問題について、コメントをお願いします。

松前 研究者間のコミュニケーションの密度をいかにあげることができるか、ではないか？

松井 そのためにはドメイン知識や基本的な技術に関する知識の共有が必要になる。どうBI研究者を育成するか、あるいはどう分野外の研究者とBIの前提知識を共有するか、ということで、これは教育の仕組みの話になる？

松前 ツールの使い方はTogo TVなどすぐに使えるものが揃ってきたが、もう1ステップ踏み込もうと思うと、その背景にあるアルゴリズム、関連領域をも含めてBIの全体像は改めて勉強が必要だ。

松井 岩崎先生。参考として、東大生物情報科学科の創成期はどんな雰囲気でしたか？

岩崎 向こう見ずな人が多かった。当時、無法地帯である柏でも来ようとする人が多かった。敷居を越えていく性格は大学の教育で変えられない。チャレンジ精神をどう涵養するか？

山田 チャレンジ精神を与えるには機会を与えるしかないと思う。知らないこと（BI、ベンチャー設立）には情報を与えることで踏み出せる。そのような機会を与えることが現状の

唯一解であり、チャレンジ精神を持っている人を掬い上げる
ことしかできない、とも言える。

中戸 チャレンジ精神のあるひとは何人くらいいるか？

山田 5%くらい。20人に1人を見つけてあげることは大学
教員の責務だ。

川崎 知らないことを知らないということが問題だ。1つの
成功例として、生命情報若手の会とウイルス学若手ネット
ワークの交流会で、個々人が何をできるかについて紹介
あった後で、各分野の抱える課題をどう解決するかを議論
するイベントがあった。もっと若い人がフラットに意見を交換
し、互いのスキルを理解し合える場があるといい。

露崎 これこそAIが参入してほしい。もっと人間関係のト
ラブルをAIが解決してほしい。中央集権型ではなく個別化
されたAIがほしい。一般論を返すのではなく、もっと私自
身のことを理解して身の回りの大変さを解消してほしい。

人間は感情があるからめんどくさいという場面もある。

「AIには心がない」ということには実は利点もある。異分
野の人と話すときは、心理的障壁があるが、AIに話すとき
にはそういった障壁はない。AIが橋渡しの機能して欲しい。

AlphaFoldやChatGPTに匹敵する、次のイノベーションは何か？

松井 中戸先生、BIと定量技術の融合は何を産むでしょ
うか？また、BIがイニシアチブを取るにはどうすれば良いで
しょうか？

中戸 ChatGPTは、自然言語がここまでできてしまうのか
という、AlphaFold2以上のインパクトがあったのではない
か。当初、自分はChatGPTに対してネガティブになった。
ChatGPTは要はTransformerに大規模データを与えただけ
で解決するということだとすると、研究者の工夫はいらな
いということになるのではないかな？アイデアを出す事自体が無
意味なのではないかな？自分は死ぬかもしれない…というよう
に。実際、何も考えずにデータ勝負をするだけだと分が悪い。
遺伝子からタンパク質の三次元立体構造を予測するモデルは
物量で負けちゃうし、どうしてもハードウェアやお金の勝負
になってしまう。ゲノムの三次元立体構造だったら学習デー
タが少なくてより難しいかもしれないが…。例えば、大上雅
史先生（東京工業大学）は「AlphaFold2を使ってどうするか」
へ既に転換している。彼に学んでゲームチェンジが起きたあ
との世界で何をするかを考える必要がある。

関連して、シングルセルの話もしたい。シングルセルの偽
時間推定とRNA velocityはエポックメイキングだった。し

かし、初発の人よりも後発の数理モデルが得意な人の方が、
より精度の良い手法をがんがん出してしまう。一つの素晴ら
しい結果を出す、イノベーションを起こしてもイニシアティ
ブを維持することは難しい。iPS細胞は例外だと言いたいと
ころだけど、日本はすでに沈みがち。イノベーションを起こ
そうという戦略自体が間違っているのかも。エポックメイ
キングの次まで見通すということが大事なんじゃないか。

松井 エポックメイキングの次にやることは？

中戸 バイオインフォマティクスはバイオとインフォ。問題
設定はバイオの側にあることが多い。次々に新しい問題を考
えないといけない。

浅井 若者が何を言っているのか。研究は既発表のものは共
有物。みんなスタートラインは同じ。私がHMMを生物配列
に適用したとき、宮野悟先生から「最初に提案したことは大
事に考えろ」と助言された。新しく考えると次を考えられる。
次から次へとチャレンジしてほしい。

新井 イノベーションは点。イニシアティブは線。イノベー
ションを起こした後、イニシアティブを取るためには、先に
イノベーションを知っているというメリットを活かし続ける
努力をしなければいけない。

松前 JST創発で工学・情報系のパネルにアサインされた。
情報系の研究者はみんな「あなたの研究はGoogleが参入し
たらどうする？」「あなたの技術は実現できたら有用で夢が
あるが、悪用されたらやばいのでは？」と聞かれていた。そ
の波はBIではまだAlpha Foldくらいの影響かもしれないが、
いずれ次々とBIにも来るから考えておいたほうがいい。

岩崎 やはり、なぜAlphaFold2がこんなに精度が良いのか
きちんと調べた方がよい。また、2000年前後の論文を読んで
「これを今やると」というのは考えてやってみるといい。

浅井 その通りで、アイデアが出てもフォローする人口が足
りていない。自然言語処理は今のChatGPTよりももっとす
ごくなるだろう。自然言語処理以外のところでもいろいろ。
でも今はまいちだからプラグインとつなげなければいけな
いし、我々がやれることはある。ChatGPTの現在は過大評
価をされているし、将来は過小評価されている。

田村武幸先生（京都大学） 今出てきた華々しいものを追
かけても意味がない。例えば、山西芳裕先生（名古屋大学）
は機械学習が流行る前からやっていて今活躍されている。

AlphaFoldの前には同じ会社により開発されたAlphaGo

というAIがあり、囲碁、将棋、チェス等で勝つことがAIの目標とされた時代があった。これらの箱庭ゲームでは盤の大きさが固定されており、探索すべき場合の数が限定されるので、計算機の性能向上によりAIが勝てるようになった。その後、深層学習技術も含めた計算機性能のさらなる向上で、AIが対処できる箱庭ゲームのサイズが大きくなった結果がAlphaFoldやChatGPTの登場につながったとも考えられる。計算は現実を計算機に落とし込んでシミュレーションするので、必ず限界はある。どこまでをモデル化するか、扱うことができるかを見極めて研究していくことが必要だし、その時点での限界の外に新たな研究テーマのヒントがあるはずだ。

露崎 AIの画像処理や自然言語処理の能力は人間と変わらないくらい。でも、音声認識はまだまだ。国際学会で、日本語を喋ってリアルタイムで翻訳するということができないかと、今あるツールを片っ端から試したが全然語彙が足りない。こころへんが、今後伸びていく分野なのではないか。現状では、音声認識の論文では英語で精度を示しているが、日本語での性能はイマイチ、特に専門用語が正しく認識されない。（日本語の音声認識の性能が上がったら）「Alexa、データ解析しておいて」ができる時代が来る。また、学会ではお互い母国語同士のままコミュニケーションが取れるようになる。

佐藤健吾先生（東京電機大学） 深層学習を使ったテクノロジーがうまくいっているのは、多パラメタモデルが学習できるようになったことが大きい。データを生成する定量技術と情報学による補完技術が協調してやっていくことが重要。本質的には、定量技術の発展がイノベーションを産むことになるだろう。

松前 現在は人間が認知している問題しかできない。人間が認知できない問題をやればいい。人間が認知できない情報を取ることを考えよう。

浅井 AIのフレーム問題を考えてみよう。これまでの機械学習の研究では、かなりきれいに整えられたデータセットが使われてきた。でも、最近のAIはかなり複雑なことができるようになり、きれいじゃないデータも役に立つようになっている（例えばタンパク質のバックグラウンド）。そのように世の中には使えるデータがたくさんあるから、ChatGPTみたいにどんどん取り込んでいくのがいいだろう。

BIはたこつぽで、BIの人たちはドメインについて深く考える癖がある。でもこれは悪いことじゃない。今まで機械学習の分野からBIにやってきた人たちはヒットアンドアウェイで、ちょっと論文を出したらすぐに立ち去っていつてしまっていた。でも我々は、これまでやってきた通りじっくり考え続けることで、次のテーマを考えられるのではないかな。

「生命とは何か」という問いに、BIはどう答えるか？

松井 時間が来てしまいましたが、最後に新井さん。ゲノムを生命の理解につなげるには？BIは生物の理論化に寄与するか？という究極の問いについて、一言コメントをお願いいたします。

新井 実験自動化の観点から。分かっても再現できないなら、理解できたと言えるのか？世の中の側が高性能なシミュレーターである。でも早送りはできない。生き物の進化は理解するときに再現性を取るのが難しい。PC上で生き物を再現できることが生命の理解の必要条件。そして早送りできれば理解できるのではないか。

クロージング

松井 あと何時間でも続けたいところですが、残念ながら時間が来てしまいました。非常に濃密で有意義な議論ができたのではないかと思います。ぜひ第二弾を企画していきたいと思いますので、今後ともよろしく願いいたします。オーディエンスの皆様、運営のサポートをしていただいた皆様、パネリストの皆様、今日は誠にありがとうございました。

— • — • — • — • — • — • — • — • — • — • — • —

以上、議事録をお送りいたしました。最後になりますが、本企画を進めるにあたっては、IIBMP2023実行委員長の山下理宇先生と齊藤友紀さんには特にお世話になりました。また、運営委員としてサポートいただきました東京大学山下研究室の酒井俊輔さんと野村亮輔さん、早稲田大学浜田研究室の武田淳志さんと柳本香菜美さん、筑波大学尾崎研究室の仮屋山博文さん、松澤亮輔さん、田原沙絵子さん、東京大学岩崎研究室の黄宇翔さん、今野直輝さんに、この場をお借りして心より感謝申し上げます。ありがとうございました。これからも、日本バイオインフォマティクス学会を盛り上げていくために微力を尽くす所存です。引き続き、どうぞよろしく願います。



図2：当日の様子（by 齊藤友紀さん）

IIBMP2023ワークショップ「バイオインフォマティクスの8の問題」開催報告

松井 求（東京大学大学院新領域創成科学研究科・IIBMP2023実行委員）

松本 拡高（長崎大学情報データ科学部・JSBi Bioinformatics Review担当幹事）

尾崎 遼（筑波大学医学医療系・JSBi Bioinformatics Review担当幹事）



JSBi Bioinformatics Review (JBR) は、創刊から4年目に入り、Bioinformatics (BI) 分野を広くカバーする高品質な総説を蓄積したJSBiにとって重要な資産となっています。本ワークショップは、この資産を是非活かしたいという要請からスタートしました。企画にあたって、各分野を広く深く俯瞰するせっかくのチャンスだということで「バイオインフォマティクスの8の問題」という少々野心的なタイトルをつけてみました。このタイトルは「ヒルベルトの23の問題」の本歌取りです。1900年にヒルベルトが提示したこの数学の未解決問題リストは、数学界の発展に大きく寄与しました。本企画は、同じことをBIでもやってみよう—BI版ヒルベルトの23の問題をJBR執筆陣の先生方と一緒に作ろう—という試みになります。

では今、「BIの未解決問題リスト」を作る意義は何でしょうか？ここ数年のBIを取り巻く環境の変化を振り返ってみますと、例えばコロナ禍はウイルス学や進化学のあり方について、AlphaFoldは遺伝子解析や創薬の方法論について、そしてChatGPTは研究の進め方自体について、それぞれ根本的な変革を迫るものでした。こういった状況変化や革新技術がもたらす影響について、幅広い分野の研究者から複眼的視座に立った問題提起をしていただき、整理しておくことは我々にとって有益なはずです。さらに、ValuableかつFeasibleな問題について自らの専門を超えて自由闊達に議論することは分野全体の活性化につながりますし、また、魅力的な未解決問題リストを掲げることができれば、分野外の研究者・企業・一般市民の注目をBIに集めて相互交流へと繋げ

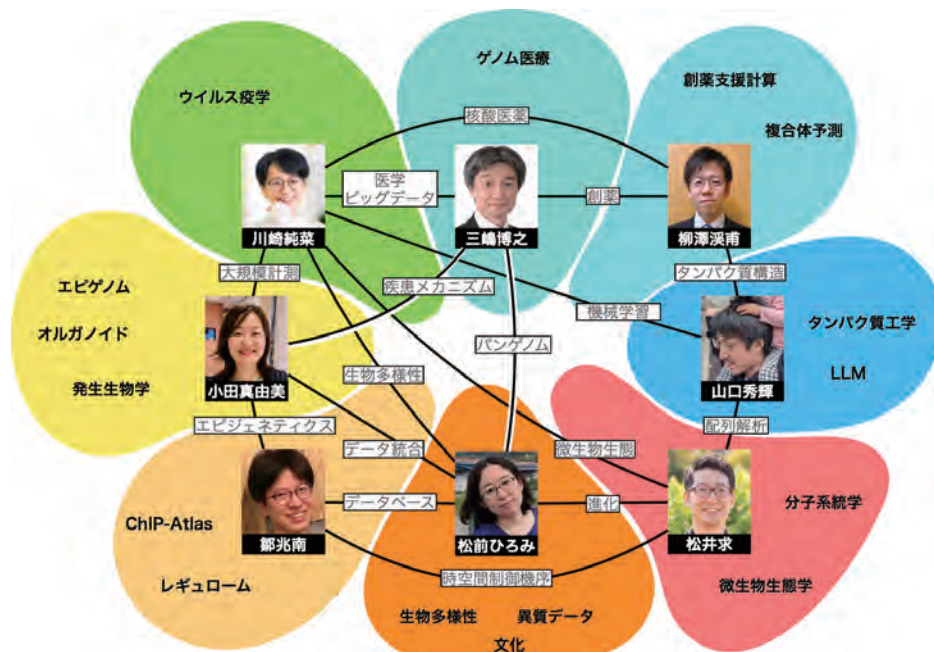


図1：講演者の関連図

ていくといった展開も期待できるでしょう。ただ、企画を練っていく中で気がつき、注意した点があります。それは、本企画では、「選択と集中」を目的とするのではなく、「ピーク作りとすそ野拡大 (by先進ゲノム支援)」を目指すべきだ、ということでした。未解決問題リストを作ることで分野全体を照らし、分野間のコミュニケーション密度を増し、個々の研究の新たな価値の発見に繋げ、学際研究の後押しする、といったことを真に意図し企画を構成しました。

本報告では、本企画で集めた未解決問題のリストを講演のサマリーとともにお送りいたします。上記の壮大な目標がどの程度達成できたのか批評していただきつつ、新たな問題を発見するきっかけとして本リストが少しでも役立つことができましたら幸いです。

— —

問題1「ウイルス感染症の制圧はなぜ難しいか？」

川崎純菜 (早稲田大学)

グランドチャレンジ=ネクストパンデミック予測とウイルス進化予測

現体制では、ウイルス感染症が発生するまでリスクとなるウイルスの存在は把握できないので事前対策はほぼ不可能である。また、いったん感染症が発生してしまうと、多くのウイルスは対策の網をかいくぐるように進化するので対策が後手にまわってしまう。つまり、パンデミックに発展する前は、ウイルスの多様性を解明し、さらに各ウイルスによる感染症発生リスクを評価することで、ネクストパンデミック予測の基盤を構築することが重要なテーマである。一方で、パンデミックに発展してしまった後は、リスクの高いウイルスへの対策や創薬への応用に向けて、ウイルス進化の方向性を予測することが優先すべき課題となる。これらの課題解決のためには、公共のデータベースに蓄積してきたデータを最大限に活用するようなウイルスゲノム疫学ツールが必要であり、分野を超えた協力体制の構築が求められている。

問題2「診断率5割の壁の克服：難病ゲノム医療における挑戦」

三嶋博之 (長崎大学)

グランドチャレンジ=ヒトにおいてPangenomeとPanphenomeの関係性を明らかにすること

ゲノム医療の両輪のひとつが難病ゲノム医療である。難病 (遺伝性の希少疾患) は、試算によっては10,000種類以上存在すると考えられており、決して「難病=まれな疾患」ではない。その診断には、全ゲノム/エクソーム解析といったゲノム網羅的な手法が力を発揮しているものの、難病の診断成功率は未だ40%台に留まっているのが現状である。本邦では37,000人以上が遺伝性難病と推定されながら未診断の状態にあると推計されており、この状況は患者とその家族に

にとってまさに「診断を求める苦難の旅 (Diagnostic Odyssey)」である。この「5割の壁」を克服するためには (1) 個人と集団の全遺伝型 (Pangenome) の解明、(2) 個人と集団の全表現型 (Panphenome) の解明、(3) これら2つの関係の徹底的かつ全人類規模での解明、を全て達成することが必要不可欠である。この究極の夢の実現はBIの力なくしては不可能である。ぜひ多様なBIコミュニティとともに、挑戦を続けたいと考えている。

問題3「薬剤設計のためにはAlphaFoldはまだまだ足りない」

柳澤溪甫 (東京工業大学)

グランドチャレンジ=いかなる病気に対してもそれを根治する薬剤を設計できるようになること

この実現には数十年単位の時間が必要であると思われる。少なくともAlphaFoldによって単体のタンパク質立体構造を高精度に予測できるだけでは全く足りないだろう。病気の発症機序の理解、創薬標的タンパク質の選定、標的タンパク質に対する薬剤候補分子の設計、薬剤候補分子の容易な合成経路の発見、薬剤候補分子の副作用の推定など、改良しなければならぬ点は薬学・生理学・生物学・化学にわたって広く存在する。また、従来の低分子創薬 (分子量~500程度の分子) では薬剤設計が困難な標的も存在するため、抗体医薬・ペプチド医薬・核酸医薬など新たな方向性 (モダリティ) についても技術革新が求められる。AlphaFoldの改良による標的タンパク質に対する薬剤候補分子の設計効率向上はもとより、比較的データが公開されにくい薬剤化合物などのケモインフォマティクスの情報を、よりオープンサイエンスが進んでいるBI的な情報によって強化することが、大きな研究の方向性の1つになるのではないだろうか。

問題4「自然言語によるタンパク質設計は可能か？」

山口秀輝 (東京大学)

グランドチャレンジ=自然言語文 (プロンプト) を入力とし、所望のタンパク質配列を出力とする配列生成アルゴリズムの構築

(1) プロンプトに応じ 大規模言語モデル (LLM) が自律的に外部ツールと連携してタスク処理するエージェント機能は注目に値する。ここでBI研究として重要なのは、エージェントがその「手足」として活用するタンパク質関連アルゴリズムを高度に洗練させることである。(2) タンパク質のデータ表現を得るための汎用技術であるタンパク質言語モデル (pLMs) の高機能化は一つのキーである。LLM 分野の知見であるスケールング則 (計算量・モデルサイズ・データ量に対するモデル性能のべき乗則) を踏まえると、pLMs の大規模化は検討すべき課題の一つであろう。(3) 一方、実用上は巨大すぎる言語モデルの取り回しには困難が付きまとう。したがって、生物特有の情報をより効率的に取り込み、小規模だが高機能を実現する新規モデル・学習方法開発も必要である。(4) pLMs 研究は急激に拡

大しており、その有用性に関する地に足ついた検討はまだ道半ばであると言わざるを得ない。したがって、既存の優れたBI手法との比較や、実務的な状況を勘案した適切なデータセットやベンチマーク系の構築は急務である。

問題5「転写制御アイデンティティに迫る」

鄒兆南（京都大学）

グランドチャレンジ＝組織局所領域固有の遺伝子転写制御機構の理解

多細胞生物の遺伝子発現は時空間的に厳密に制御されている。この制御機構を理解するために、バルクのChIP-SeqやATAC-Seq実験が広く行われてきたが、そこからどのように精巧なインフォマティクス手法を用いても、細胞集団で平均化されたエピゲノム情報から細胞単体の個性を抽出することは困難だった。この問題を解決するために、近年、一細胞レベルで転写因子結合やヒストン修飾、クロマチンアクセシビリティなどのレギュローム／エピゲノムを計測する手法が数多く開発されてきた。これにより、組織を構成する細胞型が網羅的に同定されつつある。一方で、特定の細胞型をもつ組織は、周囲の環境に応答して多様な細胞状態となる。組織の恒常性や機能維持を担う細胞の「個性」を明らかにするためには、従来行われてきた細胞型の決定に加えて、細胞状態の動態を明らかにする空間情報を保持したオミクス解析が求められている。そこで我々はPhoto-Isolation Chemistry (PIC) に基づく、微小領域に局限した高深度エピゲノミクス法を開発しており、原理証明実験には既に成功している。ChIP-Atlasをはじめとする既存のエピゲノムデータベースのみでは、これまでゲノム上という一次元のエピゲノムランドスケープしか理解できなかった。空間情報を保持した新規計測手法によるオミクスデータが蓄積していけば、将来的に四次元の時空間場における組織／細胞の転写制御アイデンティティの解明につながると信じている。

問題6「エピゲノムは細胞の何を守っているのか？」

小田真由美（慶應義塾大学）

グランドチャレンジ＝試験管内における成体細胞の成熟状態の獲得

エピゲノムは細胞分裂を超えて複製され細胞の性状を保つDNAメチル化やヒストン修飾などの分子機構の集合体を指す。生体、特に多細胞生物においてエピゲノムが重要なのは、それが様々な細胞性状の基盤となり、組織や器官の機能、体の形成と機能のルールを規定しているからである。細胞成熟に伴う増殖-機能シフトの制御はエピゲノムの変容と複製制御とも密接に関わっており、細胞機能および組織の恒常性維持や修復様式の違い、その破綻による疾患の原因ともなっている。本問題の解決のためには成体由来オルガノイドのような成熟細胞状態の細胞モデルが生体内細胞状態を反映するかどうか

の定量的な評価がそもそも必要であり、このこと自体が細胞のアイデンティティに対する問いとなる。多細胞生物に起こるマルチモーダルイベントを通して細胞機能の秩序を理解するためには、シングルセル解析や空間解析を含む多次元でのデータとシグナル伝達、分子相互作用、代謝カスケードなどの機能に直結する分子イベントを繋ぐ統合解析スキームが必要とされており、これは生物学と情報科学の熱い接点になるはずだ。

問題7「バイオインフォにまだ種や種名は必要なのか？」

松前ひろみ（東海大学）

グランドチャレンジ＝多種多様なデータを種名に依存せず集積・利用する方法の確立

塩基配列データは「地球の全生物の実体を理解する」という生物学の究極の目標を達成する上で欠かせない要素である。昨今のシーケンス技術の（いい意味での）陳腐化は、生物としての実態や形質が未知であってもその塩基配列を手軽に取得し、全球規模での分布や系統関係を推定することを既に可能にしている。そして、生物多様性情報学（自然史博物館の標本・観察データなどを扱う学問分野）をはじめとする様々な周辺分野の発展を後押しし、その成果の一つとしてバーコード配列に特化したデータベース (BOLDやUNITE) が整備され、さらにそれらのデータベースを基盤として生物多様性情報とNCBIの統合が試みられている。しかし、データ形式や収集しているメタデータの違いが統合作業の重大な障害となっており、データ収集技術の向上や収集データからの知識発見などといった課題と合わせ、冒頭の究極の目標を達成するためにBIに課せられたタスクは重大かつ困難である。例えば、主要な問題の一例として（多くのBI研究者にとって不慣れであろう）種問題がある。塩基配列の元となった生物の個体に紐づく種名は、名寄せのキーとして便利で、多くの研究者が利用している。しかし非モデル生物の多くは分類情報が曖昧で、複数種とされたものがのちに一種に纏められること（あるいはその逆）も少なくない。つまり種というラベルは静的ではなく動的なラベルである。BIでも非モデル生物の塩基配列が飛躍的に増加する中で、固定された種名に依存しないデータの集積や利用法が必要になるだろう。例えば生物多様性情報学では、バーコード配列の類似性に基づいて種の範囲を研究者側が任意に指定できるシステム (BOLDのBINやUNITEのSH) を導入している。BIとしてもそれらの手順を詳細に検討し、動的なラベルに基づくデータ集積の基盤技術として成熟させ、データベース構築に取り入れていくべきではないだろうか。

問題8「Tree of Lifeは完成できるか？」

松井求（東京大学）

グランドチャレンジ＝Tree of Lifeの完成

進化学の究極の目標の一つは、地球上のすべての生物を含む系統樹Tree of Life (ToL) の完成である。ToLには進化学

者が知りたいことの全てが詰まっている。例えば、ToLの根は、最初の生命は何か（我々はどこから来たのか）？という問いに答えるための出発点である。あるいは、人類を壮大な進化史の中にどのように位置付けるか（我々は何者か）？普遍的な進化のルールとは何か（我々はどこへ行くのか）？といった問いに答えるためにもToLは欠かせない。以下、ToLを完成するために解決しなければならない重要な課題を列挙する。

(1) まず問題になるのは、もちろん全生物種の塩基配列情報の取得である。10¹²種存在するとも言われている全生物種の塩基配列情報を全て収集するのはほとんど不可能のようにも思えるが、最近のメタゲノム・eDNA解析技術の向上は環境に存在する種のカタログ化を強力に推し進めており、十～数十年後には、我々はほぼすべての生物種カタログを手に入れているかもしれない。むしろ「配列は取得できたが依然として難培養な微生物」などが増えることによる塩基配列情報と実体の乖離が、ToLを解釈していく上での本質的なボトルネックになるだろう。(2) もう一つの重要な課題は、COVID-19も一つの契機となった系統樹推定の標準的手順の見直しであり、この一連の議論はしばらく続くと思われる。また、「シングルセル解析による細胞系譜の構築」に代表される超巨大系統樹推定の需要はますます高まり、その解決には機械学習の導入といった新たな技術革新が必要になるだろう。一方で、この流れと一見矛盾するようだが、ToLの受け皿として、GTDBのような標準系統樹データベースの拡充がますます進み、それに伴って個別の問題における系統樹推定の必要性は著しく下がるかもしれない。将来的には、ユーザが一から系統樹を推定するのではなく、データベースに登録されている系統樹をそのまま利用する、あるいは必要な部分だけ抽出する、逆に任意の配列を系統樹に追加するPhylogenetic placementを行う、といったアプローチがより標準的な方法になるかもしれない。その場合は、データベースに登録されている系統樹の評価と品質管理が解析の確らしさを担保するための鍵となる。データベースにおける系統樹の自動更新技術の確立も重要なテーマになるだろう。(3) 進化のルールの理解に関連した重要なトレンドの一つは、系統比較法関連のソフトウェアの著しい高速化・普遍化である。昨今の解析ツールの発展によって、複雑なシステムの進化を大規模な系統樹上で推定することが可能になっており、ToLの完成が近づくにつれてこの解析スキームはますます一般化するだろう。(4) その他の関連する重要なトピックとして、立体構造ベースの分子系統学（初期進化やtwilight zone問題への寄与が期待される）、天然変性タンパク質やncRNAの分子系統学、進化可能性の進化、微生物生態学との統合、を挙げておきたい。

.....

まとめ：8つの問題提起を受けて

以上、バイオインフォマティクスの8の問題でした。冒頭に壮大な目標を掲げたものの、結論から申し上げますと、そもそも未解決問題を網羅すること自体、90分という限られた時間では困難でした。そこで、我々は今回のリストを「BIの〇〇の問題 version 0.1」と位置付け、アップデートするための企画提案を今後も継続し、さらにその一環としてJBRを皆様と共にますます盛り上げていければと決意を新たにしたところです。先生方の積極的なご参画をお待ちしております！

さて、今回の企画は、各々の専門分野における未解決問題を提起するものでしたが、実は企画準備の中で、BI分野自体が抱える問題についても登壇者間で活発な議論がありました。せっかくですので、その中でも重要だと思われる二つの論点をここで紹介させていただき、開催報告のまとめにかえたいと思います。一点目は「足りないデータをどう取得するか・多すぎるデータをどう管理するか」です。(1) AIや自動化の技術をどう活用するか、(2) 欠損値やバイアスの問題をどう解決するか、(3) ドライとウェットの協力関係をどう構築するか、(4) データベースの整備・保守・普及にかかるインセンティブを分野としてどう確保するか、といった様々な視点から問題を捉え、取り組んでいく必要があるのではないかと、といった議論がありました。二点目は「他分野との連携においてBIはどのようにすればイニシアチブをとれるのか」です。ここで鍵になるのは我々が得意とする能力—『データを読み・伝える力』と、『一步引いた客観的視点から（特にサイエンスとエンジニアリングを区別して）問題を整理する力』—を如何に発揮するかだ、という意見がありました。そして、この一連の議論を通して「こういった普段はなかなか議論することのない大きなテーマについて、若手とシニアが垣根を越えて自由に議論することが分野全体を盛り上げるためには欠かせない。そのために学会という場をもっと活用していきたい」と強く思いました。

最後になりましたが、会場運営に関わられた皆様、IIBMP2023実行委員の先生方、おいでいただいた聴衆の皆様、ご登壇いただいた講演者の皆様に心より感謝申し上げます。



図2：当日の様子

日本バイオインフォマティクス学会賞受賞報告

榊原 康文（慶應義塾大学 理工学部 生命情報学科）

はじめに、日本バイオインフォマティクス学会賞という名誉ある賞を受賞させていただきましたこと、大きな喜びと感謝の気持ちでいっぱいしております。この賞を推薦し、授与してくださった学会関係者の皆様、そしてこれまで支えてくださった多くの方々に深く深くお礼申し上げます。受賞理由は、「生物配列情報解析と創薬支援における先進的なバイオインフォマティクス研究」となります。受賞講演の際にも述べさせていただきましたが、これまで正式な学会賞を受賞した経験がなかったため、研究者としての人生で最初で最後の大きな賞をいただけたと感じています。

第二次AIブームと言われる1980年代に第5世代コンピュータの開発事業に携わり、その後、当時は計算論的学習理論の第一人者であったカリフォルニア大学サンタクルーズ校のDavid Haussler教授の門をたたき、一年間のポスドク生活を送ったことが、バイオインフォマティクス研究に携わるきっかけとなりました。ヒトゲノム解読計画も進む中、バイオインフォマティクスの研究は黎明期ではありませんでしたが、ある種の熱を帯びた活気がありました。そして、バイオインフォマティクス研究の人生においてかけがえのない財産となる多くの研究者との出会いがありました。配列解析のバイブルとなったBiological Sequence Analysisの著者でもあるAnders KroghはUCSC時代の同僚であり、Sean EddyはRNA二次構造をモデル化する確率的文脈自由文法のモデルを私たちと同時に発表し、RNA配列解析で交流をつづけることになりました。日本に戻ってきてから、東京大学の浅井潔先生や宮野悟先生、森下真一先生、高木利久先生、京都大学の阿久津達也先生など日本のバイオインフォマティクス研究を牽引する先生方と出会い、多くを学びました。面白いことに、宮野先生や森下先生、阿久津先生とはバイオインフォマティクス研究以前から機械学習理論の研究において旧知の仲で、人工知能研究で活躍された研究者の多くが日本のバイオインフォマティクス研究の黎明期をけん引していったと思います。浅井先生には第5世代コンピュータプロジェクトの中の委員会に誘って頂き、AIを分子生物学に应用する日本の研究コミュニティの仲間に入れて頂きました。当時は、隠れマルコフモデルを遺伝子発見や配列アライメントに應用

する研究が盛んで、分子生物学の解析に適用する様々なアルゴリズムを考案することに楽しさを感じていました。

日本バイオインフォマティクス学会への私の貢献は大きなものではありませんが、日本発のバイオインフォマティクスの国際会議であるGIWの日本での開催をお手伝いさせていただきました。当時は、宮野先生がGIWシリーズの継続に尽力されており、その手作り感が楽しい経験でした。慶應義塾大学の現在のポジションへの移動後は、バイオインフォマティクス研究をさらに深めることになりましたが、移動して間もなく科学技術振興調整費の人材養成プログラムが始まり、東工大の秋山泰先生（当時は産総研）と共に、バイオインフォマティクス春の学校などの啓蒙活動で全国を行脚した思い出もあります。その後、日本におけるバイオインフォマティクス分野は多少なりとも盛衰があったと感じています。バイオインフォマティクス技術が真に求められる転機となったのは、次世代シーケンサーの登場だと考えています。それまでとは比較にならない大量のデータが生成されることになり、生命科学にもビッグデータの時代がおとずれ、現在のバイオインフォマティクス学会の中心となっている若い優秀な方々が登場されてきたように思えます。そして第三次AIブームの到来と医療分野へのその応用の拡大により、生命科学分野での主導的役割を果たすようになってきたと思います。生成AIに関連する研究論文がNature系列を含むトップジャーナルで注目され、資金力を背景にした大手IT企業の研究も増加しています。そのような中、引退に近い年齢になりながらも、生成AIの加速的な進展にしがみつきながら、生命科学に应用する研究を楽しんでいます。近い将来、バイオインフォマティクスの研究者がトップジャーナルの論文でlast authorかつcorresponding authorとして名を連ねることが一般的になる日が来ると直感しています。もしかすると、その状況は既に始まっているのかもしれない。



Oxford Journals - JSBi Prize受賞報告

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）

この度は、大変栄誉ある賞を授与していただき、誠にありがとうございます。本賞は、現在、バイオインフォマティクス分野で精力的に活躍されている方々がこれまで受賞されており、本賞の重みを感じております。これまでお世話になった先生や研究員、スタッフ、学生、学会・年会関係者の方々など、全ての方に感謝いたします。

私は、福岡県飯塚市にある九州工業大学情報工学部を卒業した後、九州大学大学院生物資源環境科学府で博士課程を修了しました。学部頃から「ウェット研究とドライ研究の組み合わせ」に興味を持っており、卒業研究で配属された研究室では、大腸菌の遺伝子組み換え実験による有用物質生産とその計算機的予測に触れました。研究室に泊まり込みで微生物を観察する楽しさや大変さを感じるとともに、数値計算シミュレーションで結果を一瞬で予測できることに魅了されました。そこで、大学院では、バイオケミカルシステム理論として体系化されている代謝反応解析を学び、代謝物濃度の時間変化データから数理モデルを予測し、数値計算シミュレーションをする技術開発に取り組みました。学位取得後、代謝物だけではなく多様なオミクスデータ（遺伝子やタンパク質、パスウェイ、転写因子など）を駆使した研究がしたいという考えに至り、九州大学の生体防御医学研究所にあった研究室に博士研究員として着任しました。

今回の受賞タイトル「トランスクリプトームに基づく創薬」は、学位取得後8年ほど取り組んできた研究です。創薬における最重要課題「化合物（薬を含む）の標的タンパク質や効

能の予測」に対して、さまざまな組織由来のヒト細胞株に、さまざまな化合物を添加したときに観測される化合物応答トランスクリプトームデータを用いることは有用な手段の一つです。例えば、トランスクリプトームデータによれば、化合物の化学構造に依存しない予測ができます。

私は、化合物応答トランスクリプトームを基にして、化合物の作用パスウェイや遺伝子発現制御因子（転写因子）を同定し、さまざまな疾患に対する治療候補薬の予測に有用であることを明らかにしました (Iwata et al., J. Med. Chem., 2018; Iwata et al., NPJ Syst. Biol. Appl., 2022)。また、近年観測できるようになってきた1細胞化合物応答トランスクリプトームを用いて、化合物の作用メカニズムを1細胞レベルで明らかにするための技術開発を行いました (Iwata et al., Nat. Comput. Sci., 2022)。今後も、創薬に資する情報技術の開発に取り組んでいきたいと思っています。

現在、わたしは母校である九州工業大学に戻り研究室を主宰し、特にバイオインフォマティクスの教育、研究を行っています。将来、指導した学生がバイオインフォマティクス分野やその関連領域を盛り上げていけるように、日々の活動に取り組んでいきたいと思っています。今後とも、どうぞよろしくお願い致します。



日本バイオインフォマティクス学会 後藤修賞受賞報告

日本バイオインフォマティクス学会 後藤修賞（最優秀口頭発表賞）

野村 怜史（名古屋大学医学部医学科5年・名古屋大学大学院医学系研究科システム生物学分野）

この度は、第12回生命医薬情報学連合大会にて後藤修賞（最優秀口頭発表賞）という栄誉ある賞を頂戴し、大変光栄に存じます。審査頂いた先生方をはじめ、本大会を運営くださった関係者の皆様方に厚く御礼申し上げます。また、平素より活発なディスカッション及びご指導をいただいている指導教員の小嶋泰弘先生、島村徹平先生をはじめ、研究室の皆様に深く感謝申し上げます。

今回、私は「シングルセルマルチオミクスデータを用いたマルチモーダル速度推定のための深層生成モデル」というタイトルで発表させていただきました。近年、シングルセル計測技術の分野では、シングルセルマルチオミクスと呼ばれる、単一細胞から複数モダリティを同時に計測することが可能な技術の開発が進展しています。しかしながら、計測時に細胞を壊してしまうため、得られるデータが一時刻におけるス

ナップショットとなってしまうという課題があります。この問題を解決するため、遺伝子発現の転写調節の過程に対して数理モデルを仮定することで、遺伝子発現レベルの時間変化を推定する方法は提案されていますが、その他のモダリティにおける時間変化を推定することは困難な課題でした。本研究では、混合エキスパート変分オートエンコーダと呼ばれる枠組みを拡張することで、他モダリティにおける時間変化の推定を可能とする深層生成モデルを提案いたしました。シングルセル ATAC-seq により計測されるクロマチンアクセシビリティ（細胞内のクロマチン構造による DNA 配列への分子アクセス性）を対象モダリティとし、本モデルにより時間

変化の推定が正しく行えること、そして推定した時間変化を活用することで、分化・発生を駆動するエピゲノム制御機構の詳細な解明が可能となることを示しました。

今回の受賞を励みとし、より一層研究に精進していく所存です。まだまだ浅学非才の身ではございますが、今後ともご指導ご鞭撻のほどよろしくお願い申し上げます。



日本バイオインフォマティクス学会 後藤修賞（最優秀ポスター賞）

奈良 拓也（広島大学大学院統合生命科学研究科）

この度、「JSBI後藤修賞」をいただきました。私にとって有意義な本賞を創設された後藤修先生に、心からの敬意と感謝とを申し上げます。受賞した際の演題は「ゲノム配列はクロマチン動態と関連する」です。今回選考して下さった諸先生方には深く感謝いたします。また、本賞を受けるのは私が初めてであるにも関わらず授賞式に出席できなかった事を、この場を借りて重ねて深謝いたします。

晴天の霹靂とは、私にとって今回の受賞の事でした。なぜならば、現在所属している研究室（菊池研究室）は主に細胞生物学的・分子生物学的手法（WET）を用いた研究をオペレーションしてきており、私はいわば「新参者」としてバイオインフォマティクスに明け暮れていたためです。この事を、受賞後の挨拶の中で後藤修先生に打ち明けると、先生も30代半ばまではWETな生物物理学的研究に従事されていたと返していただきました。黎明期ではない現在であっても、ネイティブでないプレイヤーを受容しているバイオインフォマティクスは裾野が広いと言えます。柏市で開催された今回のIIBMP2023においても、このような方を幾人かお見かけいたしました。バイオインフォマティクスに携わるのかを迷われている方々におかれましては、私のような者がいたという事を思い出していただければ幸いです。ぜひ、参加されてみてはいかがでしょうか。

このような私が研究に関心を持ったのは、高校生の頃に生物部をドロップアウトしたときでした。世の中には研究のプロが数多いなか、何か有意義な研究を作るためのメソッドがあるはずだ、当時の私の研究がうまくいっていなかったのにはどのような原因があったのかを明らかにしたい、というのがプリミティブな欲求でした。その後、エピジェネティクスに関心を持つようになったことから、バイオインフォマティクスに携わり始めました。これは私が菊池研究室に参加し始めた頃、エピジェネティクスを議論する上で有用な、DNA-タンパク質相互作用やDNAメチル化などの分布を格納

したデータの需要や蓄積量が年々高まっていたからでした。果断にも、研究室内では全ゲノムのメチロームデータなどを自前で取得している中、私はPythonの発音も知らないまま、現代の情報学の基幹技術であるプログラミングを初歩から身につけていきました。

このようにして情報学的なアプローチによってエピジェネティクスを深めていくうちに、エピジェネティックな現象も生命現象の中の一個の結節点でしかない事から、それ以外の生命現象との繋がりに関して検討を深めたい、と指向し始めました。また、私たちが研究している現代は、多様なコンセプトに基づいた一細胞データを検討できるようになった時代です。この状況を活用して、「一細胞データに基づいて生命現象の新たな側面を照らしたい」というのが受賞研究課題の根源的なモチベーションになりました。そこで私が取り組み始めた課題は、「細胞核内における染色体の物性の三次元分布にどのような生物学的な意義があるのか？」でした。この観点で研究を進めるものの、唸るほどの結果を出せないでいたなか、私の副指導教官である栗津暁紀先生と議論をする機会を得ました。この議論の中で彼は、「一細胞データを振動解析によって眺める」という着想を提案しました。コロンブスの卵を間近で見たかのような衝撃に、私はしばらく立ち尽くしていました。私はこの着想を受けて目下の研究をピボットさせ、以前から抱いていた「ゲノム配列の機能・効果は一体どのような生命現象にまで波及しているのか？」という素朴な疑問に答えることにしました。その結果、今回の受賞に至りました。

現在、バイオインフォマティクスにおける一個の潮流は、「核酸配列やアミノ酸配列が持つ機能のデコーディング」で



す。これは、高品質のゲノム配列データや大規模言語モデルの登場を背景に、生命が備える配列情報にアプローチがしやすくなったためです。菊池研究室においても、この種の情報を題材にした研究がスタートしました。一方で現在学生である私は、今回の受賞研究課題を通じて、純粋な情報学的アプローチ（自前でWETな手法を一切使用しない研究）は、解析用データを取得する際のWETな実験手法に大きくリミテーションを負っている事を痛感しました。私の関心は、この「生命が備える配列情報のデコーディング」に移りつつあ

りますが、有意義な知見をどのように抽出するのかに関して、情報学的な手法だけでなく、WETなアプローチも柔軟に組み合わせられる人でありたいと考えています。

最後に、研究の右も左も分からなかった頃から暖かく導いてくださっている菊池裕先生・高橋治子先生、生命数理学的研究のメンターをしてくださっている栗津暁紀先生に並び、私を支えてくださっているすべての方にこの場を借りて感謝申し上げます。

第12回生命医薬情報学連合大会・日本バイオインフォマティクス学会年会 (IIBMP2023) の報告

大会長 鈴木 穰（東京大学大学院 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）

2023年9月7日から9月9日までの日程で、柏の葉カンファレンスセンター（千葉県柏市）にて第12回生命医薬情報学連合大会・日本バイオインフォマティクス学会年会（IIBMP 2023）を開催いたしました。おかげさまで、736名（登録参加者562名、登録スポンサー参加者144名、賛助会員参加者15名、招待講演参加者15名）の方々にご参加頂き、現地開催としては過去最大の登録参加者を記録する会とすることができました。まずは、ご参加いただいた皆様、サポートいただいた43社の協賛企業の皆様に感謝申し上げます。

本大会では、ポスターに144演題の登録があり、このうち24演題を口頭発表として採択いたしました。口頭発表はどの会場も熱気に包まれており、また今回実施された6演題のワークショップではどれも活発な議論が飛び交って、立ち見が多く出たばかりでなく、聴衆が会場内におさまりきらず外にはみ出しているワークショップもありました。2セッション行われた大会企画のうち生命情報若手の会主催による「研究室マネジメントについて話し合おう！」というセッションでは、若手とPIによるパネルディスカッションが行われ、学生・ポスドク・教員それぞれの立場から、より良い研究室の環境を作るノウハウの共有を行いました。また、もう一つのキャリアパスセッションでは、卒業後のキャリアにフォーカスするだけではなく、沖縄高専の学生、および同校教授の池松真也先生（沖縄地域部会長）にもご協力いただき、キャリアのスタート地点ともいえるバイオインフォマティクス教育をどのように開始されているかをご紹介します。

ポスターセッションは、上記の口頭セッションをそのままポスター会場に移したような大熱気のうちに行われましたが、運営側としては想定外の大混雑で非常に焦りました。急遽初日の夜にレイアウトを変更して混雑緩和に努めました。ご参加いただいた皆様にはご不便をおかけしましたこと



を深くお詫びいたします。

今年度よりJSBi学会では、名誉会員の後藤修先生からの寄付金から成る基金に由来した「後藤修賞」の授与を行うこととなりました。栄えある初代の受賞者として最優秀口頭発表賞奈良拓也さん（広島大学）と最優秀ポスター発表賞野村怜史さんを選出し、授賞式では後藤修先生から直接授与をしていただきました。IIBMP2023の口頭発表・ポスター発表の各賞については、大会最優秀ポスター発表賞の伊藤緑風さん（九州工業大学）をはじめ、優秀ポスター賞7名、優秀口頭発表賞2名を表彰いたしました。

ところで今回の大会では、大会テーマである「人工知能技術（AI）とバイオインフォマティクス（BI）融合によりがん医療インフォマティクス（CI）へ繋ぐ未来」に関連した特筆すべきセッションがいくつかありました。そのうち、最終日に行われたJSBi学会・日本オミックス医学会合同シンポジウムではテーマを「日本のデータベースの未来を語る」とし、内閣府・AMEDからもご登壇いただきまして日本の代表的なデータベースを管理している方々とのパネルディスカッションを行いました。これは今後の日本のデータベースをどうしていくのかということを官・学と一般の参加者が対等に議論する場を設けることができたという非常に大きな



一步であったと思っております。

最終日には「住んでいるだけで健康になる街“柏”」というタイトルで一般公開セッションを行いました。こちらは太田和美柏市長のビデオレターに始まり、街作りに関わっている不動産会社、柏市役所、東京大学、国立がん研究センター、地域の病院の方々にパネリストとしてご登壇いただき、生命情報学を使ってどのように健康的な街を作っていくかということを議論いたしました。一般の方にもご参加いただくことで、学会がその地域に貢献するという場を設けることができたのは一つの重要な成果だと考えております。

今回はコロナ明けの開催ということもあり、日中のプログラムの他初日はナイトセッション、2日目は懇親会を開催いたしました。ナイトセッションでは、ヘテロなバックグラウンドを持つパネリスト7名を含む64名の方に参加いただき、「君たちはどう生きるか？」というタイトルでBIの未来について熱い議論を繰り広げました。2日目夜の懇親会では、普段話さない方々との積極的な交流をコンセプトとし、学生・

教員・企業参加者を混ぜたグループに加え、一部の先生にはリーダー役をやっていただくというmeet the professor形式を取りました。あえて普通の居酒屋で開催することで色々な方に参加しやすい設計にした結果、101名もの参加者がありました。このうち7割超の方が引き続き行われた二次会に残っていたことから、ひとまずの成功を取めたと思っております。

以上のように、皆様の多くのご参加とご協力のうちに、IIBMP2023大会は大成りに終えることができました。また、研究者のみならず地域の皆様にもご参加いただき、最先端の研究情報の共有だけでなく学問と社会との関係性について議論ができた大会だったと思っております。さて、2024年は、1st Asia & Pacific Bioinformatics Joint Conferenceとして10月22日-25日の間沖縄県那覇市のなは一とで行われます。暑い太陽の日差しの下、来年もまた皆様と一緒に熱い議論ができることを楽しみにしております！！

ISMB/ECCB 2023参加報告

間島 滉一郎（名古屋大学医学部医学科5年/名古屋大学大学院医学系研究科システム生物学分野）

2023年7月23日から7月27日にかけて、フランス・リヨンで開催されたThe 31st Annual Intelligent Systems For Molecular Biology (ISMB) およびThe 22nd Annual European Conference on Computational Biology (ECCB) の合同大会である ISMB/ECCB 2023 に参加させていただきました。ISMBは北米とヨーロッパで交互に開催され、隔年でヨーロッパ開催される際にはECCBと合同開催されることから本大会は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。

本大会は私にとって初めての国際学会参加だったこともあり、最初は気が滅入っていましたが、リヨンの駅に着いて目に入った美しい街並みに感動し、前向きに挑戦することができました。リyonは絹織物の生産地や金融・交易の中心地として発展してきたということで、今でも街の至る所に中世や古代ローマの遺跡が残り、歴史的建造物と現代的な街並みが

調和し、街並みはまるで絵画のようでした。公共交通機関にISMB/ECCB 2023 の張り紙があったり、現地の方が有名な食事を紹介してくださったりと、街全体が参加者を歓迎する雰囲気に包まれていました。この温かい歓迎のおかげで、自分の準備を安心して行うことができ、また各国の研究者のアイデアに触れることができました。

本大会の Distinguished Keynote Presentations（基調講演）は Janet Kelso 氏、Dana Pe'er 氏、Jingyi Jessica Li 氏、Hanah Margalit 氏、Mark Gerstein 氏と最前線で活躍する研究者によって行われました。生体内での現象すべてを計算



するようなマスターモデルや、データドリブンなモデルから得られる出力の意義や解釈について熱い議論が展開されました。最新の取り組みの紹介だけでなく、バイオインフォマティクス分野の意義や目標についても考えさせられる貴重な時間となりました。研究そのものの意義に加えて、転換期を迎つつある世の中の役に立つためにどうしたらいいかも考えていきたいです。

本大会は Communities of Special Interest (COSIs) ごとの学会運営がなされていました。COSI とは共通の研究関心を持つ研究者の専門分野ごとのコミュニティであり、学会の採択や当日の運営も COSI ごとに行われました。私は HiTSeq というシーケンシング技術を中心にゲノム配列決定から変異解析、オミクス解析、ロングリードや新しいモダリティの技術によりデータを取得し、生物学的な解析を行うアルゴリズム開発に主眼をおいたトラックにて“Variational Inference for Single-Cell Transcriptome with DNA Barcoding Reconstructs Unobserved Cell States and Differentiation Trajectories”というタイトルで口頭およびポスターでの発表をさせていただきました。口頭発表、ポスター発表ともに現地での発表に加えてオンラインでのライブ配信や事前録画など、多彩な学会参加の形式が可能となっていく姿を経験することができました。私自身も現地での発表後にオンラインで質問をいただきました。現地でのテンポの

はよいディスカッションと詳細な意見を述べられるメッセージ形式での質疑応答を組み合わせることで、学問はより良い形へと向かっていきそうです。

自分の発表以外にもたくさんの学びがありました。グラフニューラルネットワークを使って細胞や遺伝子の関係を捉えるモデルや、GPT などの大規模言語モデルを用いて遺伝子の配列情報を解析する研究など、バイオインフォマティクスの世界でも最先端の技術が活用されていることを知りました。これらの情報技術の進化によって、私たちの研究にも新たな可能性が広がっていることを実感しました。特に自分が主に研究を行なっている single cell sequencing の分野の発展はめざましく、大量のデータが取得可能になったことで、その解釈を行うための手法開発が強く求められていることを実感しました。空間トランスクリプトームやロングリードシーケンシングを始めとして、高い解像度でより大量のデータが取得可能となってきたため、細胞の中で起きている現象をより良く解釈することで、これまでの測定技術では見つけられなかった現象の制御因子について議論できるようになってきていると感じました。医学分野への応用も次々と進んできている一方で、激しい競争が繰り広げられている分野のため、自分自身も計画的に研究を進めなくては今回発表させていただいた研究は陳腐化してしまうとも感じました。精力的に研究に励んで、篩い落とされないようにしたいです。



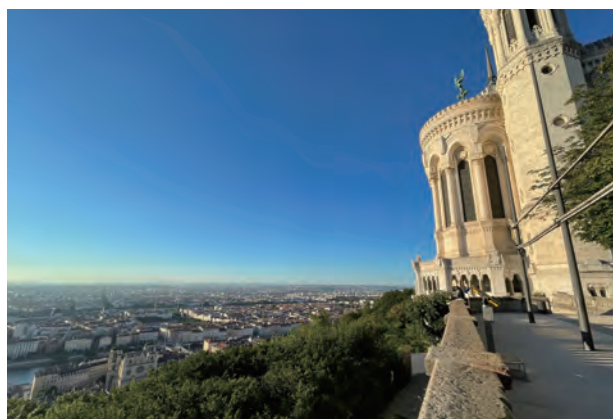
talk会場の様子



poster会場の様子



Lyonの街並み



Colline de Fourvièreからの景色

ISMB/ECCB 2023 への参加は私にとって大きな意義を持つものとなりました。分野最大の学会で口頭発表を行ったという経験に加えて、リヨンの素晴らしい文化、温かい歓迎、そして最新の動向や先端技術の発展に触れることができたことは、私の研究者としてのモチベーションを一層高めるものとなりました。今後もこのような国際学会への参加を積極的に希望し、発表・論文文化につながる研究を続けられるように、

さらなる成長を目指していきたいと思います。このように刺激的な経験をすることができたのは、いつも和気藹々と指導してくださる東京医科歯科大学・計算システム生物学/名古屋大学・システム生物学の島村先生、小嶋先生をはじめとするスタッフの先生方、そしてサポートしてくれるラボメイトや家族のおかげです。この場を借りて御礼申し上げ、本稿の結びとさせていただきます。

GIW/ISCB-Asia2023参加報告

有田 正規 (国立遺伝学研究所・GIW/ISCB-Asia2023 Steering Committee Member)

2023年のゲノム情報ワークショップ (GIW) はシンガポールの南洋理工工科大学において開催された (11月18~21日)。例年通り国際情報生物学会 (ISCB) との合同開催である。これまでと変わったのは発表希望者に4ページ以内の原稿を自由形式で提出させ、口頭発表に選ばれた場合のみ学術誌の特集号に推薦するという方針である。形式を指定しないという点に実行委員としては当初たいへん気を揉んだ。予稿集の編集は誰がするのか、外注するにもフォーマットは揃えるべきではないかと。しかし要するに予稿集を作らない方針なのだと後でわかった (このデメリットは後述)。つまり会議を学術誌に投稿する前の「打診」 (pre-submission inquiry) という位置づけにしたのである。

会場は目立たぬ医学系の建物で、これもまた気を揉ませるところであった。大学キャンパス内の建物を上手に探すのはとりわけ海外の人には難しい。また会場設備はどうなのだろう。ウェブサイトには簡単な地図しか載っていなかったし、参加費の支払いも当初は銀行振込のみ。リクエストしてPayPal支払いを加えてもらったものの、十分な参加者が見込めるか心配していた。11月に入ってようやくプログラムが確定。投稿数は82件でそのうち51件を口頭に採択、ポスター発表は49件となった。参加者は193人と少なめだが、コロナ後初めての本格開催としては上々である。

会議直前にはサテライト・イベントへの招待や会場までの案内がメールで届き、大変気の利いた対応だった。しかも会場の立派さときたら日本には思い当たる所がないほどである。クッションの効いた座りやすい椅子に電源コンセントまで備えてある。もちろん高速インターネット完備でトイレもきれい。日本の一般大学をイメージして会場を心配していた自分が情けない。さすがはシンガポール、いまや南洋理工工科大学のほうが日本のどの大学よりも世界大学ランキングでは上位なのだ。

当日の受付や会場進行も非常にスムーズで、会議は十分な成功と言えるだろう。昼食には会場にスパイシーな料理が並

んでいるし、ブレイクに出てくるコーヒーや紅茶はやたらに濃い。シンガポールらしさを十分に楽しめた。日が経つにつれて会場から人が減ったのは残念だが、そういう自分も最終日は出られなかったため人のことは言えない。招待講演者はキーノートとアジア・バイオインフォマ



ティクス連合 (AAABi) 選出をあわせて8名もおり、日本からはJSBiの会長も務めた岩崎渉教授 (東京大学) が入った。岩崎さんはタイからこちらに直行とのこと、さすが国際人は違う。招待メンバー陣は話も面白いし時間の使い方も上手なのでとても勉強になった。難を言うとするればやはり一般口頭発表である。プレゼンテーションが上手な人もいるのだが、アジア系が集まる会議なので欧米人のように派手な発表はない。内容が分かりにくいときに頼りになるのが予稿集なのだが、非常に短い概要がオンラインで提供されるのみ。しかも載せていない人もいる。オンライン機能はISCBの設備を利用しているのだが、フォントがやたらに小さい。講演を聞きながらPCで概要を見るなど老眼の身には不可能である。結果として内容がわからない講演もあり、昔の予稿集は良かったなあと思われた。会議が終われば重くて持ち帰るのが大変なのだがやはり冊子があるほうがよい。

口頭発表の内容はヒトゲノムや一細胞解析が多かったものの、タンパク質から深層学習まであってバランスは良かった。特に女性研究者をテーマにパネルディスカッションを組み入れたセッションや最終日の若手フラッシュトークは、開催地の地域色を出すことに貢献できている。オンライン併用が当たり前になった今、地域色で現地参加を促す企画は重要に思われた。ポスターセッションは2日に分けて実施されたが、掲示板の間隔が狭く大変混雑した。発表者の中から6名の優秀ポスター賞を委員および参加者からの投票で選んだ



来年度GIWと合同大会となるAPBJC2024（JSBi年会も合同開催）の紹介（p. 24参照）

が、日本からはバンデンボン・アレクシス准教授（京都大学）が入選。同氏は口頭発表にも選ばれており質問者が行列するほど好評だったから当然の受賞だろう。

来年のGIWはいよいよ沖縄開催である（10月22～25日）。場所は2021年にできたばかりの那覇文化芸術劇場「なはー

と」（那覇とアートのもじり）。岩崎教授が中心になってAPBC、InCoBといった他のアジア圏会議とも合同のため盛り上がることは間違いない。今回の教訓やノウハウも活かしたイベントになるだろう。

地域部会・公募研究会活動報告

北海道地域部会

遠藤 俊徳（北海道大学情報科学研究院）

今期の活動としては、第1回北海道バイオ“Mix up”が2023年8月8-9日に北大農学部にて農学研究院の佐藤昌直准教授を世話人として開催しました。大林武教授（東北大）、長田直樹准教授（北大）の基調・特別講演のほか、共催各社のテクニカルセミナー、および9件の一般口演とポスター発表が行われ、活発な議論と意見交換の場となりました。一般口演は必ずしもバイオインフォマティクス分野ではなかったものの、分野への関心は高く、今後の活動への期待が寄せられたように思います。その後、情報交換の場として佐藤さ

んがSlackのワークスペースを開設してくれました。原稿時点ではシーケンサデータ処理に関するハードウェアやソフトウェア等について、活発に情報交換がなされています。参加希望の方は佐藤さん（satou@agr.hokudai.ac.jp）に知らせてほしいとのことです。



関西地域部会

小川 哲平（三井情報株式会社・JSBI関西地域部会長）

本年10月より、前任の鎌田真由美先生（京都大学大学院医学研究科）より関西地域部会の部会長を引き継がせていただきました。関西地域部会ではこれまでバイオメディカルにおける教育・啓発、産官学マッチングや異分野融合によるイノベーション促進を目的に年2回バイオメディカル研究会を実施しており、活発なディスカッションを行ってきました。コロナ禍もありオンライン中心だった当研究会も、コロナ前の状態に戻すべく、次回からはオンサイト開催も復活させたいと考えております。

今年度は8月3日に「配列を超えたゲノム構造解析の最前線」というテーマで第34回バイオメディカル研究会を開催いたしました。国立国際医療研究センターの河合洋介先生には難病を対象とした全ゲノム解析の取り組みの現状を、国立がん研究センターの白石友一先生にはロングリードシーケンスを用いたがんゲノムの後天的構造異常検出についてご講演いただきました。また民間企業からも、株式会社日立ハイ

テクの永井健夫先生にヒトゲノム構造変異解析ソフトHuman Chromosome Explorer™（HCE）を事例にしたゲノム構造解析に関して、日本新薬株式会社の高垣和史先生にはアンチセンス核酸によるDMD治療薬ビルトラルセンについてそれぞれご講演いただきました。

本研究会には大勢の方にご参加いただき、「非常に満足だった」、「勉強になった」とのお声を頂きました。快くご講演を引き受けて下さった講師の先生とご参加くださった皆様、運営委員と事務局の皆様、心から感謝申し上げます。

今後も最新のトピックを中心に研究会を開催して参りますので、会員の皆様のご参加をお待ちしております。



質量分析インフォマティクス研究会

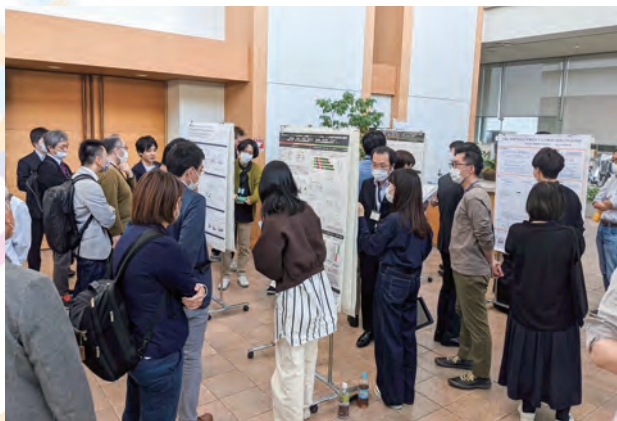
山本 博之（ヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ株式会社）

質量分析インフォマティクス研究会の第8回公開ワークショップ「構造生物学に質量分析で挑む」を2023年5月12日に理化学研究所横浜事業所で開催しました。昨年度まではオンラインでの開催でしたが、今年度の第8回はオンサイトで開催し、約70名の方にご参加頂きました。講演内容は、特別講演として理化学研究所 環境資源科学研究センター センター長の斉藤和季先生より「質量分析による植物メタボロミクスの開拓」というタイトルでご講演頂き、招待講演として足達俊吾先生（国立がん研究センター）、井内仁志先生（早稲田大学）、松原正陽先生（野口研究所）、研究会メンバーである

津川裕司（東京農工大学）より、プロテオミクス、バイオインフォマティクス、グライコミクス、メタボロミクスの各分野において、第一線で活躍の先生方にご講演頂きました。

また今回から新たな試みとしてポスターセッションを開催し、11件のポスター応募を頂きました。ポスター発表の中からベストプレゼンテーション賞として、





時吉花菜子さん（東京農工大学）の「DIA/DDAハイブリッドMSを用いた高速リビドミクス手法による加齢代謝変容の解析」が満場一致で選ばれました。第8回のワークショップは、斉藤和季先生の特別講演から、ベテラン、中堅の研究者を中心とした招待講演、若手を中心としたポスター発表とバランスも良く、ポスターセッションも非常に活発にディスカッションが行われていたことも印象的でした。本研究会は質量分析



インフォマティクスという分野が限定されていることが、結果的により深い議論の場になっているのかもしれませんが。

次回の第9回のワークショップは2024年5月頃に東京都内で開催予定です。今後も質量分析インフォマティクス研究会の活動を継続して行ければと思いますので、引き続きよろしくお願いいたします。

生命情報科学若手の会

今野 直輝（東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻博士課程2年 生命情報科学若手の会・代表）

2023年10月7日から9日、千葉県長生郡にて生命情報科学若手の会・第15回年会を開催致しました。今年の年会はコロナ禍以来4年ぶりの現地開催となり、スポンサーの募集・助成金の申請・会場探しなど様々な面でノウハウが途切れかけていた中での企画となりました。特にスポンサー企業の募集をほぼゼロから始めるのは難しく、私自身も当初は「昨年と同様にオンライン開催がいいのではないか」と考えたこともありました。しかし最終的に、共催させていただいたJSBiや多くのスポンサー企業・助成金関係の皆様のご支援を賜り、現地開催を実現することができました。実際に現地開催して

みると、コーヒープレイクの時間のちょっとした雑談から研究の議論に発展したり、ほとんどの参加者と顔馴染みになったり、夜遅くまで研究を始め色々な話で盛り上がりたりなど、オンラインでは難しかった形の交流を生むことができました。さらに今年は東京大学の岡田随象



先生、京都大学の河口理紗先生に招待講演をして頂きました。講演後も、スタッフがタイムキープを悩むほどに質問が次々に出続け、活発な議論を行うことができました。本会の開催にあたりお世話になった全ての皆様、そして全ての参加者の皆様に、心より感謝申し上げます。

生命情報科学若手の会では、年会だけでなく1-2ヶ月に1度のオンラインセミナー、IIBMP2023での企画セッションなど新たな活動にも取り組み始めました。今後も、バイオインフォマティクスに興味がある若手研究者の交流の場を広げていきたいと思っていますので、ぜひよろしくお願い申し上げます。そして若手研究者の皆さまの企画へのご参加、さらには若手の会スタッフへのご参加を大歓迎いたします！



第15回年会の様子

日本のバイオインフォマティクス研究室

早稲田大学 基幹理工学研究科

岩月 悠真（早稲田大学 基幹理工学研究科 情報理工・情報通信専攻 修士2年）

清水研究室は早稲田大学の西早稲田キャンパスにあります。2016年に始まった研究室で、現在のメンバーは教授1人、学生12人（博士1、修士8、学部3）です。比較的少人数の研究室ということもあり、基本的に一人一つ座席とPCが割り当てられてのびのびと研究できる環境にあります。近年はコロナの影響で研究室内に閑散とすることも多かったですが、徐々に人が増えて活気を取り戻しつつあります。当研究室は早稲田大学の情報理工学科にある研究室で、ドライであることはもとより、その中でも情報工学に寄っています。情報理工学科ということでバイオインフォマティクスになじみがない状態で研究室に入る人がほとんどですが、本の輪読などを通して勉強し、力をつけています。主たる研究テーマとしてはゲノム配列解析のアルゴリズムやゲノム情報のプライバシー保護、機械学習を用いた人工ゲノム生成があります。いずれの分野でも、ツールを使う側ではなく作る側の人が多いことが特徴です。各メンバーが自分の興味をもとに研究テーマを選定しており、週1回のゼミでは互いの研究について理解を深め、議論する場となっています。ゼミを行っている部屋はカジュアルな雰囲気です。時には先生や学生が持ち寄ったお菓子を食べながら議論していることもあります。コーヒーマシンも完備されていて、リラックスできる環境が整っています。また研究室の壁がホワイトボードになっており、気軽に書きながら議論をしやすい場所として活用することができます。

私はゲノム配列解析アルゴリズムに取り組んでいて、現在はcolored de Bruijn graphというデータ構造の圧縮に関する研究を行っています。ゲノム配列解析にかかるメモリ使用量や計算時間を減らすことを目的とし、どのようなデータの持ち方をすると効率が良いかということの研究をしています。理論と実装に乖離があったり、実装を伴う試行錯誤が多く必要になったりする大変さがありますが、実際に性能が向上した時には達成感があります。私が研究室内で行っている取り組みとして「アルゴリズム勉強会」があります。ゲノム配列解析にまつわるアルゴリズムやデータ構造を習得することを目的とし、興味のある人たちが集まって基本的なアルゴリズム・データ構造を勉強したり論文読み会を行ったりしています。スライドを作って発表してもらったり、読みながら話し合ったりするなど、様々な形式で行っています。最初は特に一つ一つの手順の理解が難しくハードルが高くなり

ちな分野だと感じているため、なるべく全体の理解度を見つづ慎重に進めることを心がけています。また研究室配属前の学部3年の方が仮配属のような形で来てもらった時には、「高速文字列解析の世界」という本の輪読を通して文字列解析に関する種々のデータ構造に触れてもらっています。

当研究室では外部の方々と協力して、アルゴリズムがバイオインフォマティクスにとって有用であることを広く知ってもらうべく、2021年に「ゲノコン」というプログラミングコンテストを開催しました。私も運営メンバーとして携わっていました。ゲノコンではリードの情報からなるべく正確に父由来、母由来のDNA配列をそれぞれ推定するという問題を出題しました。問題に使用するデータセットとして、Oxford Nanopore Technologies社の協力をいただき未公開の実データを用いるという試みを行いました。AtCoderというプラットフォーム上で実施し、ゲノム配列解析の専門家だけでなく競技プログラミングに親しんでいる非専門家の方にも参加してもらおうと呼びかけていました。実際多くの非専門家の方に参加していただき、優勝者も非専門家の方となりました。結果発表や優勝者の講演はIIBMP2021の一般公開セッション「DNA配列解析チャレンジ」で行われました。現在も動画のアーカイブが残っておりますので、興味がおあ



りの方はぜひご覧ください（リンク: https://www.youtube.com/watch?v=6HI2Isbr4iA&t=3349s&ab_channel=IIBMP2021）。優勝者が実装したアルゴリズムが最先端のゲノム配列解析ツールと同様のものだったということで大変興味深い結果が得られたほか、ゲノム配列解析に対して興味を持ってもらえた参加者を見かけることができて開催の甲斐があったと感じています。

また似た取り組みが、清水先生が担当されている「アルゴリズムとデータ構造B」という授業で行われています。情報理工学科学部2年の必修授業となっており、前半はデータ構造について学習し、後半はアルゴリズムやデータ構造を活用できるようなグループワークを行ってもらおうという流れです。グループワークではゲノム配列解析周辺の話題を含む課題を出題します。それに対して各グループがそれぞれプログラムを作成し、精度、速度、メモリ使用量などの性能を評価します。昨年度は新しい試みとして、当研究室の学生メンバーで作問を行いました。最終発表会ではどのようなアルゴリズム

ムを用いたり工夫を行ったりしたかを発表してもらいつつ、出題者側の当研究室メンバーと議論しました。どのグループも真剣に考え、使えるようなアルゴリズムを出し合って評価・実装・成果の発表を行ってくれていました。グループによってユニークな案が多々あり、想定した解法もそうでない解法も様々聞くことができて出題者側としても勉強になりました。この授業を通じてアルゴリズムの面白さ・難しさを感じてもらえたように思います。

ゲノム配列解析のアルゴリズムやゲノム情報保護技術に関する研究は実際のゲノム配列解析現場に携わる方々にとって少し遠いところにあるかもしれませんが、ぜひこうした研究があることを知っていただければと思います。当研究室はメンバーの希望によってテーマが増えることも珍しくなく、最近では機械学習を本格的に扱うメンバーが出てきています。それにとまって研究室にGPU環境が整えられました。このように気軽に新しい研究テーマが生まれ、その環境が作られていくのも当研究室の魅力の一つです。

学会からのお知らせ

APBJC2024 開催概要

1st Asia & Pacific Bioinformatics Joint Conference (APBJC2024) ~JSBi, GIW, InCoB, APBC, and ISCB-Asia~

日 程：2024年10月22日（火）～10月25日（金）

会 場：那覇文化芸術劇場 なはーと（沖縄県那覇市）

大会ホームページ：<https://www.apbjc.asia/>

現地組織委員長：岩崎 渉（東京大学）

国際運営委員長：木下 聖子（創価大学）

テーマ：Creating bioinformatics synergy across the Asia & Pacific regions

主 催：Japanese Society for Bioinformatics (JSBi), The Asia Pacific Bioinformatics Network (APBioNET), International Society for Computational Biology (ISCB)

共 催：那覇市

後 援：Association of Asian Societies for Bioinformatics (AASBi), Global Organisation for Bioinformatics Learning, Education and Training (GOBLET), BIOinformatics CLUbe for Experimenting Scientists (BioClues), Masyarakat Bioinformatika Dan Biodiversitas Indonesia (MABBI), Taiwan Bioinformatics and Systems Biology Society (TBSB), Korean Society for Bioinformatics (KSBI), Australian Bioinformatics and Computational Biology Society (ABACBS), Asia Pacific Bioinformatics Conference (APBC)

開催支援：日本分子生物学会



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29回理事会議事録

日時 2023年9月6日（水）14：00～17：30
場所 東京大学柏の葉キャンパス 駅前サテライト6階605（千葉県柏市）、オンライン
出席者 山西芳裕理事長、浜田道昭副理事長、沖真弥理事、鎌田真由美理事・幹事・地域部会長、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、浅井潔理事、岩崎渉理事・幹事、大上雅史理事・幹事、河口理紗理事、小寺正明理事、水谷紗弥佳理事
（表決書提出） 川上英良理事、木下聖子理事、清水佳奈理事、松田秀雄理事、松本拓高理事・幹事
以上19名出席扱い
オブザーバ 五斗進幹事、白井剛幹事、尾崎遼幹事、武藤愛幹事、齋藤裕幹事、奥田修二郎幹事、西村陽介監事、河合盛進監事、池松真也地域部会長、事務局総務牛山絵美子
議長 山西芳裕理事長（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 理事会審議事項（第一号議案～第二号議案）

（報告事項参照資料）

別紙h1.1 年会幹事 2023年度年会について

別紙h1.2 年会幹事 2024年度年会について

別紙h2 会計幹事 会計中間報告（7月締め・未完成）

別紙h5 研究会幹事 2023年公募研究会開催記録

別紙h7 JSBi Bioinformatics Review幹事 活動報告

別紙h8 ダイバーシティ幹事 活動報告

別紙h9 ISCB幹事 活動報告

別紙h14 活性化幹事 活動報告

別紙h17.1 総務幹事 メール審議議事録

別紙h17.2 総務幹事 会員数の推移

別紙h17.3 総務幹事 ホームページビュー数

別紙h18.1 会長報告 要望書のルール

別紙h18.2 会長報告 後藤修先生からの寄付金

別紙h18.3 会長報告 賛助会員の特典について

別紙h20 北海道地域部会 2023b-03 第1回北海道バイオ
Mix-up

別紙h22 関西地域部会 2023a-02 第34回バイオメディ
カル研究会「配列を超えたゲノム構造解析の

最前線」

別紙h26 公募研究会 2023a-01 質量分析インフォマ
ティクス研究会「構造生物学に質量分析で挑む」

山西理事長、浜田副理事長より第29回理事会開催にあつて挨拶があり、議事録署名人として岩崎渉理事、松井求理事が指名され、満場異議なくこれを承認した。

議案

〈審議事項〉

第一号議案 名誉会員の推薦の承認可否

山西理事長より、名誉会員推薦に関する覚書に基づき、別紙s01を基に、新規名誉会員として冨田勝会員・清水謙多郎会員を理事会として推薦したい旨が説明された。慎重に審議した結果、満場一致で可決され、2024年3月の総会に議案として付議することが承認された。

第二号議案 関西地域部会長の交代についての承認可否

山西理事長より、別紙s01を基に、2023年10月より関西地域部会会長を鎌田真由美幹事・地域部会長から小川哲平会員へと変更したい旨が説明され、満場一致で異議なく可決された。

〈報告事項〉

【各幹事、会長からの報告】

1 年会（木下賢吾幹事・地域部会長、山下理事・幹事、岩崎理事・幹事）

2023年年会長の山下理事・幹事より、年会の準備報告があった。特に、予定をかなり上回る540名という参加登録者数となったことが報告された。2024年年会長の岩崎理事・幹事より、別紙h01に基づき年会開催準備の進捗報告があった。特に、2024年10月22日～25日に那覇文化芸術劇場なはーと（沖縄県那覇市）で開催されること、アジアパシフィック地域のバイオインフォマティクス関連学会・団体が合同で開催するアジア初の共同国際会議となる旨が報告された。

木下賢吾幹事・地域部会長は欠席であったため、山西会長より代わりに2025年年会について説明があった。場所は愛知県名古屋市の大会場は白井剛会員を予定している旨が報告された。これらの承認については、後日メール審議にて行うこととなった。

2 会計（大林幹事）

大林幹事が欠席であったため、山西会長より代わりの報告があった。今回、学会支援機構による会計入力作業が間に合わず、結果として、2023年1月1日から7月31日を対象とする中間決算を確定させることができなかったことが報告された。学会支援機構には、会計スケジュールの確実な履行を求めていくこと、また、最終決算では、学会支援機構が円滑に会計業務を実施するとともに、年会と認定試験の会計情報を早期に学会支援機構に送ることが重要であり、年会と認定試験の会計担当の協力が必要な旨を確認した。中間会計報告については、後日理事幹事MLにて回覧することとなった。

3 認定試験（白井理事・幹事）

白井理事・幹事が発話できない状況であったため、山西会長より報告があった。パイオインフォマティクス技術者認定試験については、本年より年2回の実施となったことが報告された。また、第1回を7/1（土）～8/6（日）に実施し、受験者164名・合格者85名（合格率59.4%）であったことが報告された。第2回については、11/11（土）～12/10（日）に実施予定であり、現在、出題の査読作業中であることが報告された。

4 人材育成（有田理事・幹事、白井幹事）

報告事項は特になかった。

5 研究会（岩崎幹事）

岩崎理事・幹事より、別紙h4に基づき、2023年度公募研究会の開催報告があった。

6 ニュースレター（尾崎幹事、松本理事・幹事）

尾崎幹事より、ニュースレター第42号・第43号の発行報告と次回の発行予告があった。また、今回の年会に合わせて、紙媒体の冊子を印刷し、配布する旨の報告があった。

7 JSBi Bioinformatics Review（松本理事・幹事、尾崎幹事）

尾崎幹事より、別紙h7に基づき、JSBi Bioinformatics Reviewに関する報告があった。アクセス数は順調に伸びており、次号（4巻2号）は11月に発行予定である旨が報告された。加えて、執筆希望者や推薦などの依頼があった。さらに、2020年から2023年分の紙媒体冊子を500冊ずつ印刷し、配布する旨の報告があった。

8 ダイバーシティ推進（武藤幹事）

武藤幹事より、別紙h8に基づき報告があった。特に、本学会の会員数が増えたことで、男女共同参画学協会連絡会の分担金が1.5万円に増加することが報告された。また、

年会における託児所の設置の必要性や効果に関する意見交換が行われた。進化学会大会での試みや、懇親会への子供の参加、子連れセッションの可能性等について意見が交わされ、年会アンケート項目の追加を検討することになった。

9 ISCB（岩崎理事・幹事）

岩崎理事・幹事より、別紙h9に基づき、ISCBに関する報告があった。特に、岩崎理事・幹事のISCB Board Memberの任期が2024年1月で終了する一方で、改選の結果、山西会長が新たにISCB Board Member就任することになったことが報告された。それに伴い、来年度のISCB幹事を山西会長に交代する予定であることが報告された。

10 若手（大上理事・幹事）

大上理事・幹事より、Oxford Journals - Japanese Society for Bioinformatics Prizeとして岩田通夫会員が選出されたことが報告された。また、本年会において、若手との連携セッションの企画提案があったことについて評価するコメントがあった。

11 渉外（浜田理事・幹事）

浜田理事・幹事より、8月に賛助会員としてH.U.グループホールディングス株式会社が入会したことが報告された。

12 連携（鎌田理事・幹事・地域部会長）

鎌田理事・幹事・地域部会長より、別紙h12に基づいて、他学会との連携状況について報告があった。年会での連携セッションへの協力が求められるとともに、高等学校の生物教育における教育用語集について意見を集めたい旨の要請があった。引き続き、メールにて意見収集をはかることになった。

13 広報（齋藤幹事）

齋藤幹事より、広報に関する報告があった。また、2023年年会のホームページについて、学会ウェブサイト以下に保存するために、山下理事・幹事・年会長と調整することになった。

14 活性化（奥田幹事）

奥田幹事より、別紙h14に基づき、教育用動画コンテンツの拡充についての報告があり、意見交換がなされた。池松沖縄地域部会長からは、沖縄県委託事業の人材育成講座についての紹介があった。岩崎理事・幹事からは、科研費先進ゲノム支援のホームページにも動画教材があることが紹介された。河口理事よりサブスクなどにして運営することの提案や、岩崎理事・幹事よりJSBiレビューにおすすめの

リンク集の論文を執筆するなどの提案があった。齋藤幹事より、ホームページにリンク集を作る程度であれば作業量としては多くないとの意見があった。

15 個別化医療推進（木下賢吾幹事・地域部会長）
特に報告はなかった。

16 Genome Informatics（山西理事長）
山西理事長よりGenome Informatics誌に関する経緯の説明があった。

17 総務（岩崎理事・幹事）
岩崎理事・幹事より別紙h17に基づき、会員数等の統計情報およびメール審議（2023年3月～2023年8月）についての報告があった。

18 会長（山西理事長）
山西理事長より、別紙h18に基づき、サポートレター等への要望依頼への対応体制を構築したことの報告のほか、後藤名誉会員による寄付金活用について報告があった。浅井理事より、後藤修賞については、今年度から運用しても問題ないのでは、との意見があった。また、岩崎理事・幹事から、来年は国際学会で形式が異なるため、今年の年会より始めたほうが良いとの意見があった。理事会としては、可能であれば今年度から運用開始した方がいいという方向性が定まり、2023年年会会長と調整することとなった。また、賛助会員の特典について確認を行い、企業からの声に基づき、今後もアイデアを募ることになった。夏目理事より、事前に年会でアポイントメントなどをとれる手段を作ったかどうか、また、発表者で企業に興味のある者を募り、企業ヘリストを提示しマッチングを促進したらどうか、といった意見があった。

19 会長補佐（木下賢吾幹事・地域部会長、岩崎理事・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）
別紙h20に基づき、報告事項を確認した。

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）
別紙h22に基づき研究会開催の報告があった。また、地域部会長の変更予定について報告があった。山西会長より学会員への資料配布について高く評価するコメントがあった。

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、活動報告があった。バイオインフォマティクス人材育成講座を全国展開できるようになったこと、資料などいずれは公開できるように進めていることについて報告があった。

26 公募研究会 質量分析分析インフォマティクス研究会（山本博之）
2023年5月12日に開催された公募研究会について、確認を行なった。理事会時の公募研究会意見交換会については、報告書提出の義務化に伴って不要となったことが確認された。

27 監事からのコメント（河合監事、西村監事）
河合監事より、託児所についてのコメントがあった。海外の学会では、1時間15ドル等の外部委託の制度があったことや、札幌年会で利用可能だった大学内での一時保育（一日数千円）が便利だったことについての指摘があった。夏目理事からも、仙台年会では一日保育があり助かったとの発言があった。今回の柏年会においては、一時保育の託児所設置に1日10万円以上かかるため、利用者が少ない場合には断念せざるを得ないとの意見も出された。その場合でも、保育してくれる方の交通費や宿泊費を学会が負担すれば助かるとの意見もあった。武藤幹事より、年会側でいろいろなサポートを用意するのは参加者からしたらとても助かること、また水谷理事より、お金が出ない場合でも情報を掲載することだけでもよいこと、要旨締切の時点で案内があることが理想であることが指摘された。また、武藤幹事から、年会で託児予算を用意するのではなく、学会本体から予算を組んだら助かるとの意見があった。水谷理事より、懇親会には子連れではなかなか参加できないこと、土日の学会参加が難しい（保育園の申請は1ヶ月前までなどが多い）ことについての指摘があり、機会の均等への期待や、懇親会に子連れOKと記載することへの希望が述べられた。こうしたことについて、年会引き継ぎ事項へ追加することが武藤幹事より提案された。また浜田副会長より、年会会長としては赤字を出さないように進める心理があるため、託児所用予算として学会から出すことを決めた方が良いという旨の発言があった。岩崎理事・幹事より、年会準備金として学会で計上している100万円については、そうした支出に充て、学会としては返却を前提としているわけではない旨が述べられた。ここで夏目理事より、託児所を

女性支援の一環として位置付けずに、ダイバーシティ推進として位置づけた方が良いとの意見があった。河口理事より、ダイバーシティ推進の担当者、具体的には幹事が毎年の年会の組織委員会に入り、この点で年会組織委員会を支援することの提案があった。武藤幹事より、アドバイザー的な立場に関わることについての提案があった。最後に西村監事より、今年度の託児所の負担金について、5,000円という上限は十分でなく、全額負担でも良いのではないかと意見があった。

以上

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。

2023年9月6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 山 西 芳 裕 印

議事録署名人 岩 崎 渉 印

議事録署名人 松 井 求 印

学会の現況

有効会員数（2023年11月現在）正会員：799名 学生会員：269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 2023年度役員一覧

会 長	山西 芳裕	（名古屋大学 大学院情報学研究科）
副 会 長	浜田 道昭	（早稲田大学 理工学術院）
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
	小川 哲平	（三井情報株式会社）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
	竹本 和広	（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
理 事	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）
	浅井 潔	（東京大学 大学院新領域創成科学研究科）
	有田 正規	（情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所）
	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）
	河口 理紗	（京都大学 iPS細胞研究所）
	小寺 正明	（株式会社Preferred Networks）
	清水 佳奈	（早稲田大学 理工学術院）
	松田 秀雄	（大阪大学 大学院情報科学研究科）
	松本 拓高	（長崎大学 情報データ科学部）
	水谷紗弥佳	（東京工業大学 生命理工学院）
	山西 芳裕	（名古屋大学 大学院情報学研究科）
監 事	河合 盛進	（トヨタ紡織株式会社）
	西村 陽介	（海洋研究開発機構）

賛助会員一覧

（2023年11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
 岩井化学薬品株式会社
 富士通株式会社
 株式会社BlueMeme
 H.U.グループホールディングス株式会社
 株式会社アンプラットフォーム
 エーザイ株式会社
 国立研究開発法人科学技術振興機構 NBDC事業推進部
 Crimson Interactive Pvt. Ltd.
 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

 **三井情報株式会社**

【バイオ×ITエンジニア】応募受付中

ITを駆使して、ヘルスケア・生命科学に関するデータの分析や、それを可視化をするシステムの開発に取り組む仕事です。詳しくは以下ホームページをご確認ください。

職種紹介ページ エントリーはこちら





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した。常勤職員・非常勤講師を募集しております。

本校で一緒に人材育成しませんか？

■ 募集科目

機械学習、データサイエンス演習、
バイオインフォマティクス、ゲノム解析実習
統計検定、基本情報技術者認定試験対策

遺伝子工学、遺伝子工学実習、生化学実習
など

※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
学生の成長を様々な面からサポート

○非常勤講師
得意な分野で学生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 Mail : bio@tcm.ac.jp

ノボザイムズジャパンは
オートメーション、デジタルツール
を利用し、酵素、微生物の研究開発
を推進しています。
DBTLをノボザイムズとご一緒に。
共同研究・採用情報に関するご連絡
は下記まで
hite@novozymes.com

novozymes
Rethink Tomorrow

タカラバイオ株式会社

情報系技術者を募集しています



私たちは遺伝子治療、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。新たな領域での成長や社会的意義を実感したい方、多様な技術に関わりたい方を歓迎します！

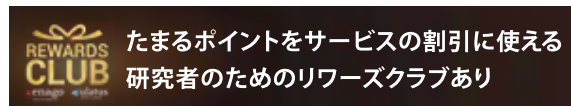
- 遺伝子医療・再生医療
- PCR・NGS関連新製品開発
- バイオインフォマティクス解析
- シーケンスデータ品質管理
- 業務効率化ワークフロー構築
- クラウド・ネットワークシステム構築



採用情報はこちら

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5.5円からご提供します。



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乐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、日々チャレンジをしております。

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/>



日本バイオインフォマティクス学会ニュースレター第44号

発行日 2024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 山西芳裕)

編集 尾崎遼・松本拡高(学会幹事)、巻絵美子(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

2023年は実社会も研究もAIが席卷する1年でした。特集は昨年9月に開催されましたIIBMP2023での2つのセッションの記録になります。こちらでもAIへの今後の期待が述べられており、当日の雰囲気をお楽しみいただければ幸いです。

2024年は1st Asia & Pacific Bioinformatics Joint Conference ~JSBi, GIW, InCoB, APBC, and ISCB-Asia~ (APBJC 2024) が10月に沖縄にて開催されます。海外の研究者とも議論できる貴重な機会です。今から楽しみですね。