

C O N T E N T S

巻頭言.....1	地域部会・公募研究会活動報告.....27
国際会議開催報告：DBCLS BioHackathon 2024.....2	日本のバイオインフォマティクス研究室.....30
日本バイオインフォマティクス学会賞受賞報告.....12	会員による著書紹介.....31
Oxford Journals - JSBi Prize受賞報告.....13	学会からのお知らせ.....32
APBJC 2024 (1st Asia & Pacific Bioinformatics Joint Conference) 開催報告.....14	学会議事録等.....32
国際会議参加報告.....18	学会の現況.....34
北里大学 未来工学部 データサイエンス学科.....24	編集後記.....36
GenSurvプロジェクト：生成AIを活用したレビュー論文自動生成の取り組み.....26	

巻 頭 言

未来の予測は難しい

「バイオインフォマティクスの研究もきっとそのうちノーベル賞を取るだろうね。」と、偉い先生方がずいぶん前におっしゃっていたのを覚えています。今年（本稿執筆時2024年）本当に受賞しました。私は配列解析の手法を中心に研究を進めてきましたが、その昔、天然変性領域の予測でCASPに参加していた時に、今回の受賞者のお一人、David Baker先生をお見かけしたものです。その頃から構造予測で名を馳せていたBaker先生がタンパク質の設計で受賞し、彗星のように現れたDeepMindのお二人が構造予測で受賞、という展開は全く予想できませんでした。何よりも、これほどの精度で立体構造を予測できる未来がこんなに早く実現するとは、一体誰が予想できたでしょうか。

私はもともと、並列計算を主軸とする研究室の出身でしたが「興味のあることは何でもやっていいよ」という懐の深い教授の言葉を真に受けて、バイオインフォマティクスの分野に足を踏み入れました。当時、ヒトゲノムのドラフトシーケンスが発表されたニュース記事を目にし、計算機を使って（まるで暗号のような）文字列を分析すれば生命の仕組みが

解明できるかもしれない、というSF的な夢ある世界に魅了されたからです。それ以来、生命科学と計算機科学の間に身を置きながら研究の世界に何とか踏みとどまってきましたが、これまでに双方の分野で様々な変革を目の当たりにしました。特に、次世代シーケンサーの登場と

機械学習の急速な発展は、科学史上に残る画期的な出来事であることは言わずもがなでしょう。そして、こういった教科書に載るような事柄を、教科書で読んで理解するのと、実際に目の当たりにするのは大きく違うものだなと感じます。大変僥倖ながら、私も教職に就いてからは「十年後にはきっと〇〇ができるようになっていよ」という言い方で分野や技術の見通しを紹介する機会が増えました。しかし、振り返ってみれば自分自身がそのような物言いをしたり、あるいは、他の誰かからそうした予想を示されたときに、おとぎ話のよ



うな感覚でその予測を受け止めてきたかもしれないな、と思えてなりません。

本稿を執筆するにあたって、十年ほど前に目にした心理学の研究を思い出しました。その研究によれば、人は年齢を問わず、実際に経験する変化に比べて、未来の変化を控えめに予測する傾向にあるのだそうです。これはあくまで人の心理に関する研究であって、科学技術の発展の大小を評価したものではありません。しかしながら、変化を過小に見積もってしまうこうした心理的傾向は、技術の未来を語る際にも、少なからず影響を及ぼし得るのではないのでしょうか。そう考えると、これから何をやろうか、と思案するときには未来の顔色を窺いすぎない方がよいのではないか、と思う今日この頃です。科学の世界では、巨人の肩に乗ることで次のイノベー

ションを生み出せると言いますが、そもそも乗るべき巨人の肩は突然目の前に現れることもしばしばです。ですから、結局のところ研究は自分の直感や興味を指針に進めて行くほかはないのだと思います。純粋な興味に基づく研究は、今はその存在意義が見えにくくとも、将来現れる巨人の肩にうまく乗ることができるものであったり、予想もつかない社会変革に偶然フィットするものであるかもしれません。こんなこと、ずっと昔から言われていると思います。しかし、周囲を見渡せば、数年先に実現するものを、役に立つものを、と急かされ、選択と集中が加速し、まるで逆の方向に行くばかり。どうしてなのでしょう。

清水 佳奈

(早稲田大学理工学術院情報理工学科)

国際会議開催報告：DBCLS BioHackathon 2024

DBCLS BioHackathon 2024 オーガナイザー

大田 達郎 (千葉大学)

佐久間桂子, 高月 照江, 池田 秀也, 細田 正恵, 千葉 啓和, 山本 泰智, 守屋 勇樹, 箕輪 真理, 藤原 豊史, 川島 秀一, 五斗 進, 片山 俊明 (ライフサイエンス統合データベースセンター)

This article is presented in both English and Japanese. / 本稿は英語版と日本語版を続けて掲載しています。



The DBCLS BioHackathon 2024, hosted by the Database Center for Life Science (DBCLS), was held over the course of a week from August 25 to 31, 2024, in Fukushima, Japan. First held in 2008, this 14th edition of the event brought together researchers, developers, and data scientists in the field of bioinformatics to advance data science through the integration and utilization of databases. In 2024, the event saw 89 in-person participants, including 60 from Japan and 29 international attendees. Participants represented 14 countries, including Japan, with representation from North America, Europe, the Middle East, and Asia. The main topics of focus this year were the standardization, interoperability, and application of knowledge graphs in the life sciences and biomedical domains.

To enhance collaboration among participants, the organizers proposed four key themes ahead of the event: multi-omics analysis linking human genotypes to phenotypes, automated data analysis of organisms, interdisciplinary research using knowledge graphs, and the application of large language models for knowledge discovery in databases and literature. By concentrating participants' interests and motivations on these topics, the event fostered lively discussions and innovative discoveries, yielding impactful outcomes across diverse fields such as public health, agriculture, and environmental science.

Workshops were held at the Grandpark Hotel Excel Fukushima Ebisu, while the hackathon sessions took place at two accommodations, YUMORI and Sansuiso, both located next to each other in the city of Fukushima. The tranquil natural setting provided an ideal environment for focused work while also promoting interaction and critical discussions through walks and social events, making it a perfect venue for collaboration.

The DBCLS BioHackathon traces its origins to an international conference once organized by the Open Bioinformatics Foundation and has, over more than a decade of continuity, fostered a unique and international community. In this issue, we present three reports from different working groups, providing insights into the dynamic collaborations that unfolded over the course of the week. We hope these accounts convey the diverse backgrounds of participants and the remarkable progress achieved in such a short time.

Today, a sister event, BioHackathon Europe, is held

annually by ELIXIR Europe, continuing the tradition as a form of “unconference” that offers a valuable platform and community for researchers and developers worldwide. While the dates and location for the 2025 edition of the DBCLS BioHackathon are still being finalized, we encourage anyone interested to consider joining this unique and inspiring event.

(日本語訳)

はじめに

DBCLS BioHackathon 2024 (<https://2024.biohackathon.org/>) は、ライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS) が主催し、2024年8月25日から31日までの一週間、福島県福島市で開催された。2008年に初めて開催され、14回目となる BioHackathon はバイオインフォマティクス分野の研究者、開発者、データサイエンティストが一堂に会し、データベースの統合と活用を通じて、生命科学の進展を図ることを目的としている。2024年は国内から59名、国外から28名の合計87名が対面で参加した。参加者の居住国は日本を含む合計で14、北米・欧州・中東・アジアから参加者が集まった。生命科学・生物医学分野のナレッジグラフの標準化、相互運用性、応用の促進が主なトピックとなった。

参加者間のコラボレーションをより深めるため、イベントに先立って4つのテーマをオーガナイザーが提示した。すなわち、ヒトの遺伝型と表現型を結びつけるマルチオミクス解析、その他の生物を含むデータ解析とその自動化、ナレッジグラフを活用した学際研究、そしてデータベースや文献を対象とした大規模言語モデルによる知識発見の応用である。参加者の興味とモチベーションが発散しないよう、いずれかのテーマに集中してもらうことで、参加者同士の活発な議論や新しい発見が促進され、公衆衛生、農業、環境科学といった幅広い分野で意義のある成果が生まれることを期待してのものであった。

ワークショップは福島市のグランパークホテルエクセル福島恵比寿で行われ、ハッカソンは福島市の宿泊施設 YUMORI と山水荘の両方をお借りして開催した。自然豊かな環境の中で、集中して仕事に取り組むと同時に、散策やイベントを通して参加者同士の交流や重要なディスカッションを促進するために最適な会場であった。

Open Bioinformatics Foundation がかつて開催した国際会議にそのルーツを持つ DBCLS BioHackathon は、その後10年以上にわたる継続によってユニークで国際的なコミュニティを形成してきた。本特集では、本稿に続いて3つのグループからのハッカソン参加レポートを掲載する。様々なバックグラウンドの参加者が、1週間という短い間にコラボレーションを進めていくその過程が読者に伝われば幸いである。

現在では姉妹ハッカソンとして BioHackathon Europe が欧州ELIXIRによって毎年開催されており、BioHackathon が生み出した独自のフォーマットはいわゆる「アンカンファレンス」の一形態として世界中の研究者・開発者らにとって

有意義な場、そしてコミュニティ形成の機会となっている。2025年の開催地・日程は現在まだ調整中であるが、興味のある方は是非参加してほしい。

Report #1: Reflections on the BioHackathon 2024: Collaboration, Innovation, and Learning Julia Koblitz¹⁾ in collaboration with Shuichi Kawashima²⁾

1) Leibniz-Institute DSMZ-German Collection of Microorganisms and Cell Cultures (DSMZ), Germany

2) Database Center for Life Science, Joint Support-Center for Data Science Research, Research Organization of Information and Systems, Japan

Participating in the DBCLS BioHackathon 2024 in Fukushima was an incredible experience, filled with productive work, inspiring ideas, and moments that went beyond the scope of our projects. I was honored to co-lead a group focused on integrating the cultivation media databases MediaDive with TogoMedium, alongside a team of experts including Shuichi Kawashima (DBCLS), Risa Otsuka (NITE), Kohei Hidaka (NBRP), Yoko Okabeppu (OKBP Inc.), and Natsuko Ichikawa (NITE). Together, we tackled the challenge of harmonizing terminology between these two databases and linking culture media ingredients. By the end of the week, we had successfully created links between 870 ingredients in MediaDive to TogoMedium and 604 links in reverse. Additionally, we expanded the Growth Media Ontology (GMO), adding new classes to cover more types of media—a key step in strengthening microbial research and data-sharing. Importantly, we drafted a proposal for a new collaboration of German and Japanese biological resource centers (BRCs) to advance a platform for designing, registering and sharing cultivation media.

Beyond our main project, I joined a lively discussion on RDF best practices with experts like Jerven Bolleman (UniProt) and Evan Bolton (NCBI PubChem), which sparked useful insights and tips on making RDF more accessible and user-friendly. I learned a lot from this and had some insightful hands-on experience. One of my biggest achievements from the BioHackathon was building a first version of the knowledge graph of the BacDive strain database. With the skills and insights, I gained during the hackathon, I was able to construct and publish this graph as a SPARQL endpoint (<https://sparql.dsmz.de>). We acknowledged the BioHackathon's vital role in this achievement in the latest BacDive



Julia Koblitz



Shuichi Kawashima

update publication: <https://doi.org/10.1093/nar/gkae959>. There was also a “Wikiblitz,” led by Andra Waagmeester (Micelio BV), where we contributed over 100 biodiversity observations to iNaturalist (<https://www.inaturalist.org/>), including documenting a new butterfly species and even my own somewhat intimidating addition—a giant leech from a further trip to Nikko!

The week wasn't all about work; the social events organized by Toshiaki Katayama (DBCLS) and the team provided the perfect opportunity to connect on a personal level. The events were well-integrated into the work program and included a wide range of activities. I especially enjoyed the great Japanese food at various occasions, but I was also happy to visit a sake brewery and got a good taste of this traditional drink; I enjoyed the fireworks at night and watched the performance of the Miyama Daidai Kagura sword and fox dance with great interest. The “Liquorthon” in the evening, where we met and shared a drink brought by participants from all over the world, were great occasions to meet in a relaxing atmosphere. All these events created an inviting atmosphere and fostered exchange and collaboration. I'm especially thankful for the thoughtful organization, which ensured that everything from meals to schedules

ran smoothly, allowing us to focus fully on collaboration and networking.

Reflecting on the BioHackathon, I feel incredibly grateful for the sense of community it fostered. This event brought together researchers from all over the world, each with unique expertise and a shared passion for advancing bioinformatics. The connections I made, the knowledge gained, and the inspiration sparked are things I'm sure will shape my work for years to come. I look forward to future BioHackathons and am excited to continue building on the projects and friendships that began here.

Reflections from an organizer's perspective (Shuichi Kawashima)

DSMZ, one of the world's largest public bio-resource centers in Germany, has developed MediaDive, an outstanding culture media database. At DBCLS, we have been working on a similar database called TogoMedium, and we were eager for an opportunity to exchange ideas and explore potential collaboration with Dr. Julia Koblitz, the lead developer of MediaDive. When we invited her to participate in BioHackathon 2024, we were thrilled and honored that she graciously accepted our invitation.

BioHackathon, however, is far from a typical international academic conference. Over the course of a week, participants fully immerse themselves in an intensive and collaborative environment, where discussions and hands-on project development take center stage. As an organizer, I often wonder—especially when welcoming first-time participants—whether they will adapt to this unique format and whether meaningful collaborations will emerge from the event.

As Julia's reflections clearly demonstrate, the outcomes far exceeded my expectations. The collaborations forged during the week were exceptional, fostering international partnerships and strengthening personal connections among team members. It was a resounding success—a perfect embodiment of the saying, “The proof of the pudding is in the eating.” For me as an organizer, it was an immensely rewarding experience.

This year marks 16 years since DBCLS began organizing BioHackathon, and yet, every year I am amazed by how fresh, engaging, and inspiring the event feels. It serves as a powerful reminder of what can be achieved when passionate researchers come together in an open and collaborative environment. I am already

looking forward to discovering what next year's BioHackathon will bring!

(日本語訳)

福島で開催されたDBCLS BioHackathon 2024に参加したことは、生産的な作業、刺激的なアイデア、そしてプロジェクトの枠を超えた瞬間が詰まった素晴らしい経験だった。私は、川島秀一氏 (DBCLS)、大塚梨沙氏 (NITE)、日高 皓平氏 (NBRC)、岡別府陽子氏 (OKBP)、市川夏子氏 (NITE) から専門家チームとともに、培地データベース「MediaDive」と「TogoMedium」の統合に焦点を当てたグループを共同でリードした。私たちは、この2つのデータベース間の用語の統一と培地成分のリンクという課題に共同で取り組んだ。週の終わりまでに、私たちはMediaDiveの870の成分とTogoMediumのリンクを成功させ、逆方向のリンクも604件作成した。さらに、微生物研究とデータ共有を強化する重要なステップとして、新しいクラスを追加することで成長培地オントロジー (GMO) を拡張し、より多くの種類の培地をカバーすることができた。重要なのは、培地の設計、登録、共有のためのプラットフォームを推進するために、ドイツと日本の生物資源センター (BRC) の新たな連携に関する提案を起草したことである。

メインのプロジェクト以外では、Jerven Bolleman氏 (UniProt) やEvan Bolton氏 (NCBI PubChem) といった専門家たちとRDFのベストプラクティスに関する活発な議論に参加し、RDFをよりアクセスしやすく、使いやすくするための有益な洞察やヒントを得ることができた。この経験から多くを学び、洞察に満ちた実践的な経験を積むことができた。BioHackathonでの最大の成果のひとつは、BacDive菌株データベースの知識グラフの最初のバージョンを構築したことだ。ハッカソンで得たスキルと洞察力を活かし、このグラフをSPARQLエンドポイント (<https://sparql.dsmz.de>) として構築し、公開することができた。この成果を最新のBacDive更新公開で発表し、BioHackathonの重要な役割を認識した (<https://doi.org/10.1093/nar/gkae959>)。また、Andra Waagmeester氏 (Micelio BV) が主導した「Wikiblitz」では、私たちは100件以上の生物多様性の観察記録をiNaturalist (<https://www.inaturalist.org/>) に投稿し、新しい蝶の種の記録や、日光へのさらなる旅で撮影した巨大なヒルという、少々威圧感のある追加記録も投稿した。

その週は仕事ばかりではなく、片山俊明氏とチームが企画した社交イベントは、個人的なレベルでつながる絶好の機会となった。イベントはプログラムにうまく組み込まれており、幅広いアクティビティが含まれていた。私は特に、さまざまな場面で素晴らしい日本食を楽しんだが、酒蔵を訪れて伝統的な飲み物を味わうこともできた。夜の花火や、剣と狐の舞を披露する「御山太々神楽」のパフォーマンスも興味深

く鑑賞した。夕方には「リカーソン」という、世界中から参加者が持ち寄った飲み物を囲んで交流するイベントも開催され、リラックスした雰囲気の中で交流を深めることができた。これらのイベントは、魅力的な雰囲気を作り出し、交流とコラボレーションを促進した。特に、食事からスケジュールまで、すべてがスムーズに運営されていたおかげで、コラボレーションとネットワーキングに集中することができたことに感謝している。

BioHackathonを振り返ってみて、私はこのイベントが醸成したコミュニティ意識に非常に感謝している。このイベントには、バイオインフォマティクスを発展させるという共通の情熱を持ち、それぞれが独自の専門知識を持つ世界中の研究者が集まった。私が得た人脈、知識、そして得られたインスピレーションは、今後長きにわたって私の仕事に影響を与えるだろう。今後のBioHackathonを楽しみにしており、ここで始まったプロジェクトや友情をさらに発展させていきたい。

オーガナイザーの視点からの振り返り（川島秀一）

ドイツの世界最大級の公共バイオリソースセンターDSMZは、優れた培地データベースMediaDiveを開発している。DBCLSでも、日本の培地情報を中心としたTogoMediumという同様のデータベースの開発に取り組んでおり、MediaDiveの開発リーダーであるJulia Koblitz博士と意見交換し、協力の可能性を探る機会を切望していた。そこで、BioHackathon 2024への参加を打診したところ、快く承諾してくださった。

ただBioHackathonは典型的な国際学術会議とはかなり違っており、参加者は1週間にわたって会場に缶詰になって



集中して議論し、実践的な開発を行う。主催者として、特に初めての招聘する参加者を迎える際には、彼らがこのユニークな形式に適応できるか、また、イベントから有意義なコラボレーションができるかなどについて一抹の不安があるのも事実である。

蓋を開ければ、Juliaさんがレポートしてくれたように、成果は期待をはるかに超えるものだった。会期中に築かれたコラボレーションは非常に素晴らしく、国際的な連携が促進され、チームメンバーそれぞれ個人的にもよく知り合うことができた。結果的に大成功であり、まさに「案ずるより産むが易し」という言葉そのままの経験をした一週間だった。主催者として、非常にやりがいのある経験となった。

DBCLSがBioHackathonを主催し始めてから今年で16年目になるが、毎年、新鮮な刺激が得られているのは、すごいことだと感じている。情熱的な研究者がオープンで協力的な環境で集まることで、何が達成できるかを改めて実感した。来年のBioHackathonがどんなものになるのか、今から楽しみで仕方がない。

Report #2 An Ensemble of Minds: Global Collaborations at BioHackathons

Daniel Fernandez Alvarez¹⁾, Jose Emilio Labra Gayo¹⁾, Andra Waagmeester²⁾, Yasunori Yamamoto³⁾

1) University of Oviedo, Spain

2) Micelio BV / Amsterdam UMC, Netherlands

3) Database Center for Life Science, Joint Support-Center for Data Science Research, Research Organization of Information and Systems, Japan



Daniel Fernandez Alvarez



Jose Emilio Labra Gayo



Andra Waagmeester



Yasunori Yamamoto

Our aim in attending the DBCLS BioHackathon 2024 was to continue a project that we started during the previous BioHackathon, where Jose, Yasunori, and Andra attended in person, while Daniel participated remotely. The first time Jose and Yasunori met in person was in the DBCLS BioHackathon 2019 before the pandemic. During the pandemic we were also in contact and participated in some projects remotely. BioHackathons have also served as the foundation for our first collaborations as a team and still help us to keep pushing different research lines. Our group has a diverse mix of professional expertise: while Daniel and Jose are primarily computer scientists specializing in semantic web technologies, Yasunori and Andra bring both technical skills and extensive experience in handling and using life sciences data. In short, some of us focus on developing general-purpose semantic tools, while others not only contribute to tool development but also introduce practical, real-world use cases for these tools.

Before describing the nature of our collaborative actions in this BioHackathon's edition, we first need to briefly introduce two concepts: RDF and Shape Expressions(ShEx). On one hand, RDF is a standard for sharing graph-like content on the web. Many techniques and technologies associated with the RDF ecosystem aim for making easy to Find, Access, Interoperate and Reuse (FAIR) digital assets. Many data sources related to DBCLS use cases are represented using RDF. On the other hand, ShEx schemas are formal expressions of structures that one could expect to find in an RDF source. Such schemas are readable for both human and machine agents and suitable for tasks related to documentation and validation. In short, a ShEx schema could allow a software validator to check if a certain graph meets the topological features that it is supposed to meet, and, at the same time, help someone new to a certain source to understand how to consume the data.

Our main collaborative focus in this BioHackathon was the automatic extraction of ShEx schemas from data sources stored in RDF Portal, which is operated by DBCLS to provide an one-stop service for accessing life science RDF data. We aim for an automatic extraction of schemes because writing and maintaining ShEx is a time-consuming task that can only be properly performed by domain experts(who must know ShEx as well). This is a costly process, especially when handling large sources with a wide variety of internal schemes. To perform such

extractions, we use tools developed by Daniel and Jose. Yasunori uses those tools and the resulting schemas for improving the quality of the DBCLS services. Our approach can be applied to many other types of sources. Andra leads these broader use cases, using our tooling and processes in contexts such as Wikidata. However, extracting these schemas from large data sources presents scalability challenges. We have been making steady progress in adapting our techniques to handle increasingly large data sets. During the BioHackathon, along with some post-event work, we successfully extracted schemas from a substantial portion of UniProt's graph. We used 358 different files from UniProt's dump, which we estimate to contain approximately 15.9 billion triples. Specifically, we used all files from a UniProt's dump(dated August 25th, 2024)whose names begin with 'uniprotkb_reviewed_' or 'uniprotkb_unreviewed_'.

During the BioHackathon, we also had the opportunity to connect with other researchers and contribute to various projects, including ShEx visualization approaches, pipelines for translating natural language into effective queries for specific endpoints exposing RDF content, data collection on different species, integration of information across life sciences databases, and new applications for our toolset, to name a few.

We believe the progress we made would not have been possible without the unique, informal, face-to-face setting that BioHackathons provide. Unlike more conventional research or industry meetings, such as conferences or workshops, the BioHackathon's format fosters spontaneous interactions and collaborations. Over the course of a week, we were able to share both work and leisure time with people from diverse backgrounds who all share a genuine interest in making things work. And all that with a flexible schedule that allowed each one of us to work or rest as needed. For example, one could visit the venue at 2 a.m. and find people hacking, some other people just enjoying their time, and, quite frequently, people doing both at a time. In this environment, where the line between work and enjoyment is blurred, ideas just keep flowing—whether it's at a computer or late at night, sharing drinks with someone from the other side of the world who happens to share your research interests.

Also, the location at Yumori and Sansuiso Onsen was just amazing. With so many projects, connections, and tasks happening simultaneously, the BioHackathon can feel a bit overwhelming at some point. But there's hardly

a better way to unwind than by soaking in a natural onsen with a view of a waterfall or taking a walk through a quiet village surrounded by forests and streams.

Overall, attending this BioHackathon has been an extremely enriching experience, both professionally and personally. We look forward to continuing our collaboration with the international community associated with this event.

(日本語訳)

私たちが今回のDBCLS BioHackathon 2024に参加した目的は、Jose、Yasunori、Andraが現地で参加し、Danielがリモートで参加した前回のBioHackathonで始めたプロジェクトを継続することだった。JoseとYasunoriが初めて対面したのはパンデミック前のBioHackathon 2019であった。パンデミック中も連絡を取り合い、リモートでいくつかのプロジェクトに参加した。BioHackathonは、私たちがチームとして初めて協力する基盤となった場であり、今でもさまざまな研究を推進する助けとなっている。

私たちのグループは、多様な専門分野のスキルを持っている。DanielとJoseは主にセマンティックウェブ技術を専門とするコンピュータサイエンティストであり、YasunoriとAndraは技術的スキルに加えて、生命科学データの扱いや利用に関する豊富な経験を持っている。簡単に言うと、私たちの中には汎用的なセマンティックツールの開発に注力する者もいれば、ツール開発に貢献するとともに、これらのツールに実際の現実的なユースケースを提供する者もいる。

今回のBioHackathonでの協力内容を説明する前に、まず2つの概念について簡単に紹介する必要がある。それは、RDFとShape Expressions(ShEx)である。まず、RDFはウェブ上でグラフ構造のコンテンツを共有するための標準規格である。RDFエコシステムに関連する多くの技術は、デジタル資産を「発見可能 (Findable)」「アクセス可能 (Accessible)」「相互運用可能 (Interoperable)」「再利用可能 (Reusable)」にすること (FAIR原則)を目指している。DBCLSのユースケースに関連する多くのデータソースはRDFを使って表現されている。他方、ShExスキーマはRDFソースに期待される構造を形式的に表現したものである。これらのスキーマは、人間と機械の両方が読める形式で、文書化や検証に関連するタスクに適している。簡単に言えば、ShExスキーマは、ソフトウェアバリデータが特定のグラフが期待される構造的特徴を満たしているかを確認するのに役立つだけでなく、初めてそのデータソースを扱う人がデータをどのように利用するかを理解する助けにもなる。

今回のBioHackathonでの主な協力の焦点は、DBCLSに関連するデータソースからShExスキーマを自動抽出することであった。ShExを手書きで作成し維持するのは時間のかか

る作業であり、ShExの知識を持つドメイン専門家にしか適切に実施できないため、自動抽出を目指している。特に、内部スキーマが多岐にわたる大規模なデータソースを扱う場合、このプロセスは非常にコストがかかる。このような抽出を実行するために、DanielとJoseが開発したツールを使用している。Yasunoriはこれらのツールと抽出されたスキーマをDBCLSのケースで活用している。このアプローチは他の多くの種類のデータソースにも適用可能である。AndraはこれらのツールとプロセスをWikidataのような広範なユースケースに適用することを主導している。しかし、大規模なデータソースからこれらのスキーマを抽出するにはスケラビリティの課題が伴う。私たちはますます大きなデータセットを扱うように技術を適応させることで着実に進展を遂げている。

今回のBioHackathonとその後の開発によって、UniProtのグラフの大部分からスキーマを抽出することに成功した。UniProtのダンプから358の異なるファイルを使用し、それらには推定で約159億のトリプルが含まれていると見積もっている。具体的には、2024年8月25日付のUniProtダンプから、ファイル名が「uniprotkb_reviewed_」または「uniprotkb_unreviewed_」で始まるすべてのファイルを使用した。

BioHackathon期間中には、他の研究者とも交流し、さまざまなプロジェクトに貢献する機会があった。たとえば、ShExの可視化手法、自然言語を効果的なクエリに変換するパイプライン、さまざまな種に関するデータ収集、生命科学データベース間の情報統合、私たちのツールセットの新しい応用などである。

BioHackathonが提供するユニークで非公式な対面の場がなければ、私たちが達成した進展は不可能だっただろう。会議やワークショップのような従来の研究会や産業会議とは異なり、BioHackathonの形式は自然発生的な対話や協力を促進してくれる。一週間にわたり、私たちはさまざまなバックグラウンドを持つ人々と仕事とレジャーの両方を共有することができた。たとえば、深夜2時に会場を訪れると、プログラミングに没頭している人、楽しんでいる人、そしてその両方を同時にやっている人がよく見られた。このような、仕事と楽しみの境界が曖昧な環境では、アイデアが尽きることはない。コンピュータの前でも、夜遅くに世界の反対側から来た人と飲み



ながらも、研究に関心を共有する人と出会うことができた。

また、会場となったYUMORIと山水荘温泉は素晴らしかった。同時進行するプロジェクトや人々との交流が多く、時には少し圧倒されることもあったが、滝を眺めながらの天然温泉や、森や

小川に囲まれた静かな村を散策することでリフレッシュできた。

総じて、このBioHackathonに参加することは、専門的にも個人的にも非常に実りある経験であった。このイベントに関連する国際コミュニティとの協力を今後も続けていきたいと考えている。

Report #3: My experience at BioHackathon 2024 in Fukushima: a unique opportunity for research collaboration

Tzung-Chien Hsieh¹⁾ in collaboration with Hiroyuki Mishima²⁾

1) Institute for Genomic Statistics and Bioinformatics, University Hospital of Bonn, Bonn, Germany

2) Department of Human Genetics, Genomic Function Analysis Unit, Atomic Bomb Disease Institute, Nagasaki University, Nagasaki, Japan

As a postdoctoral researcher at the University Hospital of Bonn, my work centers on leveraging artificial intelligence(AI)to enhance diagnostics for rare genetic disorders. My primary research involves developing deep learning-based methods, such as GestaltMatcher (Hsieh et al. 2022), which facilitates the diagnosis of rare disorders using patients' frontal facial images. I also implemented GestaltMatcher Database(Lesmann et al. 2024), a medical imaging repository containing over 10,000 facial images of rare disorders, designed to align with FAIR principles for data sharing.

Participating in DBCLS BioHackathon 2024, held in the scenic city of Fukushima, was an unforgettable experience that not only deepened my expertise but also opened doors to new collaborations and ideas. Unlike traditional conferences, where discussions are often limited to brief interactions, BioHackathon offered a week-long, immersive opportunity to collaborate intensively on cutting-edge scientific challenges. The event provided the perfect environment to work on real problems, exchange ideas, and form strong connections with other researchers.

A collaborative focus on rare disorder diagnostics in Japan

My primary focus during the event was working with Dr. Hiroyuki Mishima from Nagasaki University and Dr. Toyofumi Fujiwara from Database Center for Life Science (DBCLS), two leading experts in rare disorder diagnostics in Japan. Together, we explored how to integrate GestaltMatcher, a tool for computational facial analysis, with PubCaseFinder(Fujiwara et al. 2018), which leverages Human Phenotype Ontology(HPO) terms for diagnosis. Our goal was to evaluate these tools on Japanese patient cohorts and compare findings to



GestaltMatcher-PubCaseFinder-team.PNG

left to right:

Toyofumi Fujiwara (DBCLS)

Hiroyuki Mishima (Nagasaki University)

Tzung-Chien Hsieh (University Hospital of Bonn)

recent advancements in German national rare disorder project(Schmidt et al. 2024), where integrating AI-driven facial analysis has shown significant improvements in identifying rare disorders.

Rare disorders, with over 7,000 known conditions, often lead to a diagnostic odyssey averaging 5 to 7 years, leaving many patients undiagnosed. While whole exome sequencing has become the standard for diagnosis, interpreting the huge number of variants is challenging, and phenotypic data like facial images and clinical descriptions are critical for narrowing the search. However, clinicians cannot memorize patterns of all disorders, especially rare ones they have never encountered.

AI-powered tools like GestaltMatcher and PubCaseFinder provide hope by integrating phenotypic data, yet face barriers such as privacy concerns, legal regulation, and reliance on European-centric data. These issues, along with cultural differences in healthcare systems, present challenges to implementing facial analysis tools in Japan(Mishima et al, 2019). This collaboration was invaluable, as it allowed us to share experiences, identify solutions, and lay the groundwork for future projects that bridge German and Japanese approaches to rare disorder research.

Based on discussions at DBCLS BioHackathon 2024, a multicenter collaborative study aimed at assisting rare disorder diagnosis through the combination of GestaltMatcher and PubCaseFinder is currently underway. The research plan, which utilizes facial phenotype images and HPO terms from patients with rare diseases, has been approved by the Internal Review Board of Nagasaki University Hospital. This approval was granted under the framework of centralized ethical review. Consequently, it is anticipated that the collaborative research team can expand with simplified procedures moving forward.

DBCLS's remarkable efforts in hosting this event

What made this event even more special was the incredible effort by the hosts to ensure its success. Despite the challenges posed by a typhoon that hit Japan during the week, the organizers managed to run the event smoothly. They even arranged memorable social and cultural activities showcasing Japan's beauty and traditions. Highlights included a breathtaking fireworks display, a visit to a local sake factory where we learned about traditional Japanese brewing methods and tasted local specialties, and the nightly "Liquorthon" with sake after a relaxing onsen. What great science and friendships can't be carried out after such moments of camaraderie? These activities added a cultural dimension to the event, creating a warm and welcoming atmosphere that brought participants closer.

Building bridges for the future

BioHackathon 2024 was not just about advancing research—it was about building connections. Spending a week with researchers worldwide fostered friendships, trust, and future collaborations. The event's thoughtful format and inspiring setting encouraged ideas to flourish and meaningful progress to be made. It also gave me the invaluable opportunity to engage with leading scientists in AI and other fields.

I am deeply grateful to the organizers, Dr. Toshiaki Katayama and all the staff from DBCLS, for their dedication to ensuring the event's success and making it a truly unique and transformative experience. DBCLS BioHackathon 2024 demonstrated the power of collaboration, the importance of community, and the limitless potential of innovation. I look forward to continuing this journey and contributing to future

BioHackathons, where science and collaboration thrive together.

References

- Fujiwara, Toyofumi, Yasunori Yamamoto, Jin-Dong Kim, Orion Buske, and Toshihisa Takagi. 2018. "PubCaseFinder: A Case-Report-Based, Phenotype-Driven Differential-Diagnosis System for Rare Diseases." *American Journal of Human Genetics* 103(3): 389-99.
- Hsieh, Tzung-Chien, Aviram Bar-Haim, Shahida Moosa, Nadja Ehmke, Karen W. Gripp, Jean Tori Pantel, Magdalena Danyel, et al. 2022. "GestaltMatcher Facilitates Rare Disease Matching Using Facial Phenotype Descriptors." *Nature Genetics* 54(3): 349-57.
- Lesmann, Hellen, Alexander Hustinx, Shahida Moosa, Hannah Klinkhammer, Elaine Marchi, Pilar Caro, Ibrahim M. Abdelrazek, et al. 2024. "GestaltMatcher Database - A Global Reference for Facial Phenotypic Variability in Rare Human Diseases." *MedRxiv: The Preprint Server for Health Sciences*, May. <https://doi.org/10.1101/2023.06.06.23290887>.
- Mishima, Hiroyuki, Hisato Suzuki, Michiko Doi, Mitsuko Miyazaki, Satoshi Watanabe, Tadashi Matsumoto, Kanako Morifuji, Hiroyuki Moriuchi, Koh-ichiro Yoshiura, Tatsuro Kondoh, Kenjiro Kosaki. "Evaluation of Face2Gene using facial images of patients with congenital dysmorphic syndromes recruited in Japan." *Journal of Human Genetics* 2019, 64: 789-794. <https://doi.org/10.1038/s10038-019-0619-z>
- Schmidt, Axel, Magdalena Danyel, Kathrin Grundmann, Theresa Brunet, Hannah Klinkhammer, Tzung-Chien Hsieh, Hartmut Engels, et al. 2024. "Next-Generation Phenotyping Integrated in a National Framework for Patients with Ultrarare Disorders Improves Genetic Diagnostics and Yields New Molecular Findings." *Nature Genetics*, July, 1-10.

(日本語訳)

ボン大学病院のポスドク研究員として、私は人工知能 (AI) を活用して希少な遺伝性疾患の診断を向上させる研究を行っている。私の主な研究は、GestaltMatcher(Hsieh et al. 2022) のようなディープラーニングに基づく手法の開発であり、これは患者の前頭部の顔画像を使用して希少疾患の診断を促進する。また、データ共有のためのFAIR原則に準拠するように設計された、希少疾患の10,000以上の顔画像を含む医療用画像リポジトリであるGestaltMatcherデータベース (Lesmann et al. 2024) も実装した。

風光明媚な福島市で開催されたBioHackathon2024に参加したことは、忘れられない経験となった。専門知識を深めるだけでなく、新たなコラボレーションやアイデアの扉を開くことにもなった。従来の会議では、議論はしばしば短いやり取りに限定されるが、BioHackathonでは、最先端の科学的課題について集中的にコラボレーションする1週間の集中的な機会が提供された。このイベントは、現実の問題に取り組んだり、アイデアを交換したり、他の研究者と強いつながりを築くのに最適な環境を提供してくれた。

日本における希少疾患診断に焦点を当てた共同作業

イベント期間中、私が主に取り組んだのは、長崎大学の三嶋博之博士とライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS) の藤原豊史博士との共同作業であった。両氏は、日本における希少疾患診断の第一人者である。私たちは、顔画像のコンピューター解析ツールであるGestaltMatcherと、ヒト表現型オントロジー (HPO) 用語を活用した診断ツールであるPubCaseFinder(Fujiwara et al. 2018) を統合する方法を模索した。私たちの目標は、これらのツールを日本の患者コホートで評価し、その知見を、AI駆動の顔分析を統合することで希少疾患の特定に著しい改善が見られたドイツの国家希少疾患プロジェクト (Schmidt et al. 2024) における最近の進歩と比較することだった。

7,000以上の疾患が知られている希少疾患では、診断がつかず、いわゆる「診断を求める終わりのなき旅 (diagnostic odyssey)」の状態が続いている方が多く、診断までにかかる時間は平均すると5~7年に及び、未診断のまま取り残されている。全エクソームシーケンシングが診断の標準となっているが、膨大な数の変異の解釈は困難であり、顔画像や臨床的記述などの表現型データは検索を絞り込むために不可欠である。しかし、臨床医はすべての疾患のパターンを記憶することはできず、特に遭遇したことのない希少疾患についてはなおさらである。

GestaltMatcherやPubCaseFinderのようなAIを活用したツールは、表現型データを統合することで希望をもたらすが、プライバシーの懸念、法的規制、ヨーロッパ中心のデータへの依存などの障壁に直面している。これらの問題は、医療制度における文化の違いと相まって、日本での顔分析ツールの実装に課題を投げかけている (Mishima et al, 2019)。この共同作業は非常に有益であり、経験を共有し、解決策を見出し、希少疾患研究におけるドイツと日本のアプローチを橋渡しする今後のプロジェクトの基礎を築くことができた。

Biohackation 2024での議論に基づき、GestaltMatcherとPubCaseFinderを組み合わせることで希少疾患の診断を支援することを目的とした多施設共同研究が現在進行中である。希少疾患患者の顔の表現型画像とHPO用語を活用する

この研究計画は、長崎大学病院の倫理審査委員会で承認されている。この承認は、集中倫理審査の枠組みの中で与えられた。そのため、今後は手続きを簡略化して共同研究チームを拡大できることが期待される。

DBCLSの素晴らしいイベント開催努力

このイベントをさらに特別なものにしたのは、主催者側の並々ならぬ努力であった。日本を襲った台風による影響にもかかわらず、主催者はイベントを滞りなく運営した。また、日本の美と伝統を紹介する印象的な社交・文化活動も企画した。ハイライトは、息をのむような花火の打ち上げ、伝統的な日本酒の醸造方法を学び、地元の特産品を試飲した地元の酒造工場への訪問、そして温泉でのリラクセスの後に日本酒で乾杯する毎晩の「リカーソン」などであった。このような仲間意識が芽生える瞬間を経て、科学や友情を深めるのにこれ以上のものがあるだろうか？ これらの活動はイベントに文化的な側面を加え、参加者を近づける温かく歓迎する雰囲気を作り出した。

未来への架け橋を築く

DBCLS BioHackathon 2024は、研究を進展させるだけでなく、つながりを構築することでもあった。世界中の研究者たちと1週間を過ごすことで、友情、信頼、そして将来のコラボレーションが育まれた。このイベントの周到に練られた形式と刺激的な環境は、アイデアを花開かせ、有意義な進歩を促した。また、AIやその他の分野の一流の科学者たちと関わる貴重な機会も得た。

イベントの成功と、他に類を見ない、画期的な体験となるよう尽力してくださった、主催者の片山俊明博士とDBCLSのスタッフの皆様にご心より感謝したい。DBCLS BioHackathon 2024は、コラボレーションの力、コミュニティの重要性、そしてイノベーションの無限の可能性を実証している。科学とコラボレーションが共に発展する未来のBioHackathonに貢献し、この旅を続けていきたい。



日本バイオインフォマティクス学会賞受賞報告

松田 秀雄 (大阪大学 大学院情報科学研究科 バイオ情報工学専攻)

この度、日本バイオインフォマティクス学会賞を受賞させていただきました。大変名誉ある賞の受賞で誠に光栄に思います。この賞を推薦し、授与してくださった関係者の皆様に深く感謝申し上げます。受賞した研究テーマは、「遺伝子情報の大規模比較解析に関する先駆的研究」です。また、受賞について第1回のアジア太平洋地域バイオインフォマティクス合同国際会議であるAPBJCで講演する機会をいただきましたことを深く感謝いたします。

私がバイオインフォマティクスの研究を始めるきっかけは、全く偶然によるものでした。大学の教員となって3年ほど経った頃、所属研究室の教授に海外での研修を進められ、当時並列計算機の研究をしていたので、それに関連が深いアメリカのアルゴンヌ国立研究所での研修を希望いたしました(現在でも、アルゴンヌ国立研究所は世界で2番目のエクサスケールコンピュータであるAuroraが設置された研究所として有名です)。運よく、1991年に同研究所の客員研究員として10カ月間滞在することができました。ところが実際に滞ると、当時の受け入れ研究員であったOverbeek博士から「もう情報科学は古い。これからはバイオロジーを研究すべきだ」という強い勧めがあつて、今でいうバイオインフォマティクスの研究を始めました。当時は生物学についてはほとんど基礎知識がなく、おまけにOverbeek博士によい入門書はないか尋ねたところ「本を読むのは時間の無駄だ。わからないことがあれば私に直接聞け。」というありがたい(?)ご指導を受け、外国語並みに生物学の用語の意味がわからない状態だったので苦労しました。しかし、用語がわからなくても、使われているプログラムのコードを読めば何をしているかは理解できたので、最初はひたすらいろいろなツールのソースコードを読んで勉強しました。

同研究所に滞在中の主な研究テーマの一つに、最尤法による分子系統樹の推定がありました。幸いにして、イリノイ大学のWoese教授(3ドメイン説の提唱者として有名)のグループと共同研究でき、リボソームRNA配列による細菌の系統分類に向けての分子系統樹推定ツールの研究に参画することができました。その後は、大腸菌ゲノムプロジェクトや、マウス完全長cDNA機能アノテーションプロジェクトなどに参画して研究を行ってきました。今から思うに、まだバイオインフォマティクスの研究がそれほど盛んではなかったときに、生物学の研究グループと共に共同研究をする機会に恵まれ、常に未公開のオリジナルのデータの提供を受けて研究で

きたことは非常に幸運だったと思います。自分は単に生物学者の研究のお手伝いをしているのに過ぎないのではないかという疑問を持つときもありましたが、貴重なデータを埋もれさせてはいけなく、この研究は自分がしなければいったい誰がするのか、という自負を持って研究を進めてきました。

現在、バイオインフォマティクスという学問分野が確立しており、ベンチマークに使える公開データを入手し、多様な方法論やアルゴリズムを自身で実装・評価して改良を加えるなど、あえて共同研究先を探さなくても研究できる環境は十分に整っていると思います。特に今は、深層学習などの機械学習の手法が急速に発展し、生成AIや大規模言語モデルのツールも利用可能となつてますます研究へのアプローチが多様化しています。また、バイオインフォマティクス学会という研究コミュニティと研究発表の場も整備されてきています。しかし、真に複雑な課題は、現在でもバイオインフォマティクスの研究者だけでなく、生物学・医学・薬学、さらには人文学や社会科学など他分野の研究者との研究連携なしには解決できないという印象を強く持っています。

私がバイオインフォマティクスの研究を始めたころは、ゲノムが決定しても、ゲノム中に存在する機能未知の遺伝子の数の多さに驚き、それらの機能解明に取り組んでいました。その際に、興味深かったのは、一見、遺伝子データ解析とは関係なさそうな情報科学の方法論(例えば、私の場合はグラフ理論)がうまく定式化できれば非常に強力なツールとなることでした。

現在では、シングルセル技術により、大量の細胞のデータが細胞アトラスとして取得できるようになっていますが、未知の働きや状態遷移を示す細胞集団が多数存在することが推測されています。さらに、細胞集団が生体組織や個体を形成して維持していく(もしくは維持できなくて破綻する)過程についての研究も、これまでにない新たな展開を迎えつつあると予想します。ぜひ、分野を越えた新たな研究のアプローチにより、これらの課題に取り組む研究者が数多く現れることを期待いたします。



Oxford Journals - JSBi Prize受賞報告

福永津嵩（早稲田大学高等研究所）

このたびは、Oxford Journals - JSBi Prizeという名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。これまでの研究でお世話になった全ての方々、選考委員会の皆様にご心より御礼申し上げます。

私は東京大学理学部生物情報科学科を一期生として卒業し、卒業研究からバイオインフォマティクスに一貫して取り組んできました。当時、バイオインフォマティクスがここまで大きい広がりのある分野だとは想像していませんでしたので、今ではこの学科に進学できたのは非常に幸運なことだったと感じています。今回は、受賞対象である「RNA構造解析/比較ゲノム解析による機能未知遺伝子の機能推定」についてご紹介させていただきます。

まず、RNA構造解析についてです。このテーマに初めて取り組んだのは、修士時代に東京大学の木立研究室で行った研究からです。その時は、RNA結合タンパク質結合領域の二次構造特徴を解析するソフトウェアの開発研究に取り組みました。RNA二次構造研究の魅力は、二次構造が文脈自由文法で表現可能であるため配関数を多項式時間アルゴリズムにより計算可能であり、その下で計算される塩基対結合確率などの特徴量が非常に有用であるという点です。理論的な美しさと実用性を兼ね備えた魅力的な分野で、その点に多くの研究者が魅せられているのですが、一方で理解が容易な分野ではありません。私はまずRNAfoldのソースコードを読み込んで、それを再現実装することから始めたのですが、バグ修正には大変苦労しました（なお、RNAfoldのversion 2以降はコードが非常に読みにくいので、学習目的にはversion 1.8.4を読むことをお勧めします）。最終的には、新しいプログラムであるCapRを開発し、脆弱X症候群の疾患因子であるFMRPがInternal loop特異的に結合しやすいことを明らかにしました（Fukunaga *et al.* *Genome Biology* 2014）。

その後、早稲田大学の浜田研究室でポスドクをしていた際に、RNA-RNA相互作用予測を高速化するRIBlastを開発しました（Fukunaga and Hamada. *Bioinformatics* 2017）。この手法の鍵となるアイデアは、RNA-RNA相互作用におけるhybridization energyの計算は配列アラインメントのスコア計算に類似しているため、BLASTのようなseed-and-extension法を用いると高速化できるのではないかとということです。RIBlastは既存手法よりも150倍近く高速であり、RNA間での網羅的な相互作用予測を比較的簡単に行えるため、lncRNAの機能解明において重要な役割を担うことが期待されます。実際、RIBlastを利用した共同研究として、腎細胞がんの第一

選択薬であるスニチニブの抵抗性に関わるlncRNAであるlncTASRを発見しました（Shi *et al.* *Oncogene* 2020）。

続いて、比較ゲノム解析の研究についてです。このテーマは、東京大学の助教に着任した際に、RNAとは異なる新しい研究の方向性を模索していた時期に



取り組み始めました。ただし、当時流行しているテーマに取り組むのではなく、近年研究が停滞している（けれども非常に重要なテーマ）に目を向けようと考えました。そこで、あえて2001～2005年の論文を中心に読むことにしました。この時代は、ヒトゲノム解読とNGS登場の間に挟まれた時代で、様々な研究者が多様な方向性で研究を進めているのではないかと期待したためです。結局、「系統プロファイル法」と「リポート検出」に注目し、後者を学生さんのテーマにしたため、私は前者に取り組むことにしました。系統プロファイル法とは、異種間で有意に頻出して共起している遺伝子のペアは機能が類似していると想定して遺伝子機能推定を行う手法です。この方法は1999年に提案されて以降2000年代に多くの研究が行われましたが、2010年代では手法の開発は低調になりました（バイオインフォマティクス研究者がNGSの研究で忙しかったからではないかと勝手に推測しています）。私は、タンパク質立体構造予測で大きな成果を上げたポッツモデルが系統プロファイル解析にも有効ではないかと考え、その有用性を示すことが出来ました（Fukunaga and Iwasaki. *Bioinformatics* 2022）。

さらに、この方法が実際に役に立つのかを検証すべく、早稲田大学の園池先生と共同研究を行い、シアノバクテリアで系統プロファイル解析を行いました。この時、Wet実験も教えていただくことができたのは非常に良い経験でした。結果として、光合成の効率調整機構に関わる新規遺伝子slr0244を発見し、レドックス伝達に関わる新たなシグナル伝達経路である可能性を示唆できました。これは非常に幸運な成果でした（Fukunaga *et al.* *Plant Cell Physiol.* 2024）。このため、開発した手法はすごい!と思えそうなのですが、残念ながら古い単純な手法でもslr0244を発見することが出来たので、新規開発手法の効果を検証出来たわけではありませんでした。ただしこれは、系統プロファイル法のような基礎的な手法でも、まだ十分に活用されていないことを意味しているの

かもしれません。系統プロファイル法で検出された遺伝子のペアは、その機能的関連が真であっても、どのように関連しているのかわからないことが特徴です。そのようなわからないことの中に、真に面白いことが隠れているのではないかと考えています。このため、系統プロファイル法については広報活動が必要かなと考えています。

これまでの研究を振り返ると、幸運や知己に恵まれた部分が多々ありましたが、それと同時に、あえて他の人が取組みまないテーマを選ぶことや、新しい分野に飛び込んでいく姿勢が大切だったとも感じています。今後も、良い研究ができるよう努力していきたいと思っておりますので、どうぞよろしくお願いたします。

APBJC 2024 (1st Asia & Pacific Bioinformatics Joint Conference) 開催報告

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)

木下聖子 (創価大学 糖鎖生命システム融合研究所・名古屋大学 糖鎖生命コア研究所)

2024年10月22日から25日まで、沖縄県那覇市にて「第1回アジア・太平洋バイオインフォマティクス合同会議 (APBJC 2024)」を開催しました。これまで、アジア・太平洋地域では多くのバイオインフォマティクス関係の学会が開催されてきましたが、今回、それらの学会が初めて一同に介して、合同会議として開催することができました。JSBi、ISCB、APBioNet を始め各国のバイオインフォマティクス学会の関係者のご尽力に感謝するとともに、参加者の皆様、サポートいただいた協賛企業の皆さまに心より感謝申し上げます。

今年のJSBi年会も兼ねた本学会には、日本、台湾、韓国、シンガポール、香港、中国、マレーシアなどアジア各国から567名が参加し、それ以外の地域からもヨーロッパから24名、北アメリカから20名、オーストラリアから23名、中央・中米から2名の参加者が集まりました。バイオインフォマティクスと計算生物学の最新の進展を共有し、互いに知見を交換し、協力の機会を模索する素晴らしい場となりました。また、アカデミア、産業界、政府機関から多様なバックグラウンド



を持つ研究者が一堂に会する場にもなり、異なる分野間での知識の共有が促進され、グローバルな課題に対する地域協力の重要性が再認識されました。

本会では、世界的に著名な基調講演者が登壇し、AI技術を活用したゲノミクス、精密医療、バイオインフォマティクスにおけるデータ統合の課題といった重要なテーマについて、最新の研究成果が紹介されました。また、口頭発表として52件が採択され、ポスター発表にも400件以上の登録がありました。口頭発表、ポスター発表ともに予想以上の投稿があったため、プログラム委員の皆さまには大量の査読を捌いてもらい感謝しております。口頭発表では各セッションから1件ずつ、計10件がAudience Choice Awardとして表彰され、そのうち1件が優秀口頭発表賞を受賞しました。ポスター発表は5つのカテゴリーから各1件が優秀ポスター発表賞を受賞しました。空間トランスクリプトームデータ解析など4つのワークショップも開催され、参加者が革新的な解決策や新たなトレンドに触れ、議論を深めることができました。

会議の初日には第3回 Asia Student Council Symposium が開催され若手を中心にオンラインを含め100名以上が参加しました。最終日には、アジア・太平洋地域におけるバイオインフォマティクスの未来を展望するパネルディスカッションが行われ、今後の研究、教育、データ共有の取り組みに対する継続的な投資が求められることが強調されました。APBJCは、バイオインフォマティクス分野の成長と発展に



に向けた重要なネットワーキングの場として、引き続き大きな役割を果たしていくことが期待されています。会期中に開催された主催各学会の総会では、APBioNet Research Innovation Award の Senior Category でAPBJCのプログラム委員長の中井謙太先生が表彰されました。JSBi では今年度の日本バイオインフォマティクス学会賞を受賞された松田秀雄先生と Oxford Journals - JSBi Prize を受賞された福永津嵩先生の受賞講演がありました。また会議終了直後に、那覇市の協賛で市民講座が開催され、沖縄でのバイオインフォマティクスの取り組み、パンデミック後の呼吸器感染症

対策、AIを利用したデータサイエンスについて紹介していただきました。

APBJC 2024を成功に導いてくださった全ての講演者、発表者、参加者の皆さまに心より感謝申し上げます。ローカルオーガナイザの皆さんと多くのボランティアスタッフによる多大なサポートにも感謝しております。また、次回のAPBJCで再び皆様とお会いできることを楽しみにしています。

今後のイベントについての詳細や最新情報については、公式ウェブサイト【APBJC.asia】をご覧ください。

黄 沐瑶（東京大学大学院新領域創成科学研究科メディカル情報生命専攻 修士課程2年）

2024年10月22日から25日まで、沖縄県那覇市で開催された第1回アジア太平洋バイオインフォマティクス合同会議（APBJC 2024）に参加しました。本国際会議は、日本バイオインフォマティクス学会（JSBi）の年会、Genome Informatics Workshop（GIW）、International Conference on Bioinformatics（InCoB）、Asia-Pacific Bioinformatics Conference（APBC）、および International Society for Computational Biology（ISCB）-Asiaを統合した新たな取り組みであり、アジア太平洋地域のバイオインフォマティクス分野における重要な一歩となりました。会場は那覇文化芸術劇場「なはーと」という魅力的な場所で、多くの研究者や学生が集まり、活発な議論が交わされました。本稿では、ハイブリッド形式で開催されたAPBJC 2024の様子をお伝えさせていただきたいと思います。

APBJC 2024は、すべてのプレゼンテーションが15のテーマ別セッションに分けられ、現地参加だけでなくオンラインでも参加できるハイブリッド形式で開催されました。オンライン参加者のために、リアルタイムの遠隔会議室とバーチャルポスタールームが提供されたため、現地に来られない参加者も口頭発表とポスター発表を聞き、質疑応答に参加するこ

とができました。このような交流の場が提供されたことで、遠隔地からの参加者でも研究に対する理解を深め、活発なディスカッションを行うことができました。各セッションの内容は録画され、参加者が後から自由に視聴できる「APBJC 2024 On-demand」ライブラリにも追加されました。このように、学会後にも引き続き情報交換や学びの機会が提供されることは、私たち参加者にとって大変助かるご支援でした。また、参加者同士での交流を促進するため「Collaboration Hub」も設置されたので、私たちは他のAPBJC 2024の参加者と簡単に連絡を取り合うことができるようになっていました。ニュースフィードや人員検索機能を使い、研究者同士が素早く繋がることできることはとても便利だと感じました。

今回の大会は、若手研究者や学生にとって、とても優しいサポートが充実していました。中でも、プレミーティングとして開催された「Asian Student Council Symposium（ASCS 2024）」では、多くの学生や若手研究者が集まり、最新の研



究について積極的に意見を交換することができました。新しいアイデアや共同研究の可能性を模索する貴重な場になり、自分の刺激になりました。また、若手の支援として主催3団体でそれぞれトラベルフェローシップも用意され、私はJSBiのトラベルフェローシップを受給できることとなり大変ありがたかったです。経済的な負担が軽減されたおかげで、研究発表や他の参加者との交流にしっかり集中することができたので、この経験は将来の成長に直接に繋がると確信しています。こうした細やかなサポートから、若手研究者が安心して学び、成長できる環境が整っていると感じました。主催者の皆様に深く感謝申し上げます。

本大会の基調講演は、最前線で活躍するCharlotte Deane MBE氏 (University of Oxford)、Hyun Uk Kim氏 (KAIST)、Kei Sato氏 (The University of Tokyo)、Xiujie Wang氏 (Chinese Academy of Sciences) の4名の研究者により行われました。がん患者のトランスクリプトームや変異データとゲノム規模の代謝モデルを用い、バイオマーカーである代謝物や効果的な薬剤標的を予測する計算手法の研究と、SARS-CoV-2を対象にウイルスを総合的に研究など、とても印象深い講演を聴くことができました。

本大会では、「Probability-based sequence comparison finds the oldest-ever nuclear mitochondrial DNA segments in the human genome」というタイトルで、口

頭発表とポスター発表を行いました。本研究では、改良された配列比較手法を用いて、これまで見逃されてきた古いヒト核内ミトコンドリアDNA様配列 (NUMTs) を特定しました。発表後は、多くの質問や意見をいただき、有意義なディスカッションを行うことができました。また、各セッションには聴衆投票システムが設けられており、その結果に基づいて「Audience Choice Award」が授与される仕組みとなっています。私の発表は多くの方に支持され、「Audience Choice Award」を受賞することができ、大変嬉しく思います。

今回のAPBJC 2024は、私にとって初めての国際学会での研究発表となりました。留学生として参加した初めての国際学会で、発表に際して緊張と興奮が入り混じりましたが、多くの参加者と意見を交換し、貴重なフィードバックをいただきました。少し残念だったのは、参加した四日間を通して雨が続き、沖縄の海的美しさを十分に堪能することができなかったことです。しかしながら、美味しい沖縄料理を味わいながら、多くの方々と有益な交流を図ることができました。本稿の最後に、私の研究を支えてくださった指導教員のMartin Frith教授とFrith研究室のメンバーの皆様に深く感謝申し上げます。Frith先生の熱心なご指導と研究室の皆様のおかげで、このような貴重な経験を得ることができました。

田中 美雪 (創価大学大学院理工学研究科生命理学専攻 修士課程2年)

2024年10月22日から10月25日にかけて沖縄で開催された、1st Asia & Pacific Bioinformatics Joint Conference (APBJC) に発表者としてだけでなくボランティアとしても参加させていただきました。ボランティアは会期を通して参加することが必須で、その中で割り振られた仕事を行うことで参加費が免除となりました。APBJCはJSBi、GIW、InCoB、APBC、とISCB-Asiaによる合同国際学会です。そのため、ボランティア参加者の国籍も多岐にわたりました。三十人ほどがボランティアとして参加していましたが、そのうち7、8割はアジア系という印象でした。

学会の会場は沖縄の那覇市にある那覇文化芸術劇場なはーとで、私たちボランティアは前日の夜に会場と役割分担についての説明を受けました。ボランティア向けの説明資料は日本語と英語で用意していただけ助かりました。また、この時スタッフ用のTシャツをいただいたのですが、鮮やかな色で学会名と沖縄名物のシーサーがプリントされており、とてもおしゃれでお気に入りです。

次の日から本格的に始まった学会では、ボランティアは午前と午後に分けられたシフトで各役割をこなしていきました。学会初日、私はLarge Theatreという一番大きい会場に参加者案内等を行いました。国際学会ですので、参加者の

方々は当然日本語ではなく英語で話しかけられます。質問内容として多かったのは、ここがLarge Theatreか、トイレはどこかといった基本的な質問でしたが、いくつか答えられなかった質問もありました。そのうちの一つが子供用の部屋はどこにあるのかという質問でした。初めは英語で説明しようと努力したのですがいまいち伝えることができず、歯がゆい思いをしました。結局直接歩いて案内することで解決できましたが、自身のスピーキング能力を鍛えたいとより一層思う経験でした。

本学会の基調講演は、Hyun Uk Kim氏 (Korea Advanced Institute of Science and Technology, South Korea)、Charlotte Deane MBE氏 (University of Oxford, England)、Kei Sato氏 (The University of Tokyo, Japan)、Xiujie Wang氏 (Chinese Academy of Sciences, China) の4名の研究者によって行われました。特に初日の一番初めに行われたHyun Uk Kim氏による講演が最も注目されていたように感じました。タイトルは“Prediction of



cancer-associated metabolites and their application for drug targeting system”です。がん細胞に特異的に堆積するOncometabolitesと呼ばれる代謝物をGEMというモデルで計算し予測することで、がん種に有効な薬物指標を見つけることができるという内容でした。さらに、Kim氏の研究グループで行っている論文情報から代謝経路のデータを集める研究も紹介されました。

口頭発表やポスターセッションの他、ワークショップも実施されました。その中で、私がお世話になっている木下聖子先生がオーガナイズされた糖鎖ワークショップが行われました。講演者はRene Ranzinger氏 (CCRC, University of Georgia, USA)、Issaku Yamada氏 (Noguchi Institute, Japan)、Philip Toukach氏 (online)、Thomas Luetteke氏 (online) と、オーガナイザーである木下聖子先生の計5名で行われました。糖鎖に関するソフトウェアおよびデータベース開発を行っている研究者の方々と、各々が作成したグリカンや経路などを分析するための機械学習ツールやWebツールなどを紹介されました。私は、紹介の中で行われたツール開発の手法を解説していただいた部分が、大変参考になりました。ワークショップでは、糖鎖がデザインされたストラップを配布いたしました。参加者の皆さまから大変ご好評をいただき、非常にうれしく思いました。

ボランティアにはお弁当も用意していただいており、スタッフルームで同じボランティアの数人と食べさせていただきました。用意されていたのは一般的な日本食の弁当で、途中にインド系の方からこの料理は何かと質問を受けました。答えたところ、どうやら食べられない材料が含まれていたようで、米と卵焼きのみを食べていました。やはり様々な文化圏の人が集まる場所では、様々な配慮が必要となるのだと痛感しました。

本学会はハイブリット開催となっており、オンライン参加の発表者もおられました。そのため、発表では会場に資料を表示すると同時に配信にも資料と音声を送る必要がありました。また、発表者がオンライン参加者の場合はその音声を会場のマイクに載せなくてはならず、この切り替えが難しく時間がかかってしまったとシステム担当のボランティアから相談されました。ハイブリット開催であることで、本来なら参加できなかった方も発表することができる大きな利点があるため、この点が解決できれば今後の開催時によりスムーズな進行が行えると考えます。

今回の学会は私自身初めての国際学会であり、同じく学会ボランティアも初めての経験でした。これまで参加側でしか経験していなかった中で、初めて運営側の苦勞を知りました。しかし、その中で英語コミュニケーションの楽しさや国際的な研究協力の流れを体感したことは私の励みとなりました。このような素晴らしい機会を与えてくださった主催者の方々に感謝申し上げます。



Sow to glow future!! ~ 光り輝く未来にたねをまく ~

岩井化学薬品は、バイオインフォマティクスを募集しています。



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、バイオインフォマティクス事業を立ち上げ、研究支援に新しい価値を提供して参ります。

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/recruit/>



国際会議参加報告

ISMB 2024参加報告

武田 淳志（早稲田大学先進理工学研究科 博士後期課程2年）

2024年7月12日-7月16日にてカナダ・モントリオールのPalais des Congr s de Montr alで行われたISMB (Intelligent Systems For Molecular Biology) 2024に、ポスター発表で参加してきましたのでそのご報告をいたします。毎年ニュースレターで参加報告をされる方もおっしゃる通り、本学会はバイオインフォマティクス分野における最大規模の学会であり、今年世界各国から現地・オンライン含め1,900名以上の参加がありました。本会は2022年、2023年同様ハイブリッド形式での開催となり、私は現地参加をしました。

まず、学会全体についてですが、私がこれまで参加したどの学会よりもゆったりとした雰囲気でした。これには全体的に会場が広くて過ごしやすかったという空間的理由は勿論、セッション間のコーヒブレイクの時間が長く取られていた、という時間的な側面もあります。おかげで1つ1つのセッションに集中して参加することが出来ました。

また、ポスター会場と休憩用のスペースが大きな一つのフロアの中に存在し、ポスター発表の時間以外でもポスターについての議論が行われる環境にあったことも印象的でした。ランチの時間とポスター発表の時間が連続していたため、お弁当を片手に議論する人々が多くいました。

なお、休憩スペースでは研究以外の話題も飛び交っており、フランクな交流が可能でした。例えば、大会期間中にはちょうどヨーロッパのサッカーの国際試合があり、休憩時間中にその観戦で盛り上がりました。

Distinguished Keynotes (基調講演) では、各分野のトップランナー (Fiona S. L. Brinkman先生、Tandy Warnow先生、Guillaume Bourque先生、Martin Steinegger先生、Su-In Lee先生) のお話を伺うことが出来ました。特に、Steinegger先生のAlphaFoldのお話や、Lee先生のSHAPのお話など、深層学習関連の流行の最先端のお話を現地で聴くことができる非常に貴重な機会でした。私個人としては、Bourque先生のGraph Genomeを繰り返し配列解析に用いるGraffi TEについてのご講演が大変勉強になりました。

オーラルセッションでは、会期中常に8~10個ものCOSI (Communities of Special Interest) のセッションが並行しており、その中から興味のある分野の発表を聴くことができます。私はHitSeq (HighThroughput Sequencing Algorithms and Applications) とEvolCompGen (Evolution & Comparative Genomics) のセッションにほぼずっといました。オーラルセッ

ションの聴講での一番の収穫は各分野の流行を追えたことです。HitSeqは配列比較のアルゴリズムの話が聞けると参加前は期待していましたが、そういう話はあまり多くなく実際にはApplicationの話が多かった印象を受けました。EvolCompGenでは、Neighbor Joining法をベースに改良を試みる話が複数出たり、また大規模なデータセットのための系統樹構築法の提案など、よりアルゴリズムに寄った話がありました。発表者や他の参加者の方々は非常に親切で、私の拙い英語にも関わらず、丁寧な返答や周りの人のフォローもあり、質問を通じて内容の理解を深めることが出来ました。

ポスターセッションにおいて、私は“REPrise: De novo interspersed repeat detection using inexact seeding” というタイトルの、ゲノム中から繰り返し配列を検出するアル



ポスター会場の様子



vieux port (旧港) 付近の市街地

ゴリズムを実装したソフトウェアについてのポスター発表を行いました。繰り返し配列特有の配列比較のアルゴリズムに寄った話から、ソフトウェアの適用可能先についてまで、様々な内容で議論を深めることが出来ました。特に、前述のBourque Labのポスターの方がポスターに来てくださりディスカッションをすることが出来ました。

前述の通りポスターセッション以外の時間にもポスターを見て回ることが出来たため、発表して他の人のポスターが見られない、ということにならなかったことも良かった点です。実際に、配列比較関連の様々なアイデアについて学ぶことが出来ました。

会場のモンリオールについても少し触れます。初日・最終日の空いた時間で少し観光しましたが、歴史的な建造物の街並み・海沿いの景色・そして長い夕暮れとのコントラストが美しく、散歩がいのある街でとても気に入りました。この時期のモンリオールの気候は日本の夏の終わりごろに近く、少し蒸し暑いですが日本人にとっては比較的過ごしやす

い環境かと思います。移動についてはバスや地下鉄網が発達しており、短い時間の中でも様々な場所を巡ることができました。

結びに、本学会に参加するにあたりお世話になった皆様へ感謝申し上げます。本学会は私にとっての初めての国際学会であり、加えて初めての個人渡航でもありました。学会発表はおろか、そもそも無事に会期を過ぎて帰って来られるのか、という面で出国前はとても不安でした。しかし、JSBi主催・共催学会（IIBMP、生命情報科学若手の会）で過去に知り合った先生方、学生の方と合流することができ、大会期間中大きなトラブルもなく過ごすことができました。筑波大学の尾崎遼先生、尾崎研の田原悠也さんをはじめ、会期中現地でお世話になった方々、加えて、日頃から研究者コミュニティを運営してくださっている皆様へ感謝申し上げます。また、日頃からご指導してくださる浜田道昭先生、福永津嵩先生をはじめ、共同研究者の皆様、浜田研究室のラボメンバーの皆様にお礼申し上げます。

IUPAB 2024参加報告

出口 鉄平（東京大学新領域創成科学研究科/産総研 博士後期課程2年）

2024年6月24日から28日にかけて、京都国際会館にて開催されたInternational Union of Pure and Applied Biophysics 2024 congress (IUPAB2024) に参加してきました。今回はその報告を寄稿させていただきます。

IUPABは生物物理学分野では最大級の国際会議です。今年では日本での開催となりました。大会のテーマは「Rocking out Biophysics」ということで、既存概念をゆるがし、新しい生物物理学を生み出そうという思いがこもっているようです。大会のポスターもタンパク質立体構造とギターが融合したデザ

インであり、まさに「Rocking out Biophysics」というテーマにふさわしいデザインです (<https://www.c-linkage.co.jp/iupab2024-bsj-kyoto/>)。発表内容は構造生物学や分子イメージングなどの生化学的な内容から、データサイエンス的なものまで多岐にわたります。69の国/地





会場（上）と鹿（下）筆者撮影

域から約1,700名の参加者が集う非常に大規模な大会でした。今回は日本での開催、かつ第62回日本生物物理学会年会との共同開催ということもあり、おおよそ70%が日本人だったようです。私にとっては初めての国際会議での発表でしたが、日本人が多いおかげである程度リラックスして臨むことができました。私は修士まで生物物理学分野で研究を行っていたので、いわば古巣の分野の学会ということになります。

大会前日には、京都産業大学において生物物理若手の会が主催する前夜祭、IUPAB2024 eve festが開催されました。4人の先生をお呼びしての招待講演が行われた他、海外の学生を交えて小グループに分かれてのディスカッション、ポスター発表などが行われ、とても充実した内容でした。ここで知り合った方々とは大会期間を通して仲良くさせてもらいました。このような会を開催してくださった生物物理若手の会の皆さんにはこの場を借りてお礼申し上げます。

さて、始まった本会議の会場は京都国際会館。その外観はなんと重厚かつ先進的。スターウォーズにでも出てきそうな雰囲気です。会場近くでは時折、鹿が出迎えてくれました。

私はSymposium 17 Protein Design & Engineeringで口頭発表を行いました。私はポスター発表からのpick-upという形で参加させていただきました。タンパク質工学の分野です



シンポジウム後の記念撮影。左から新津藍博士（理研）、Guto Rhys博士（Cardiff University）、Minkyung Baek博士（Seoul National University）、Paola Laurino博士（OIST）、Roman Jerala博士（National Institute of Chemistry, Slovenia）、筆者、スクリーン上は曾宮正晴博士（大阪大学）

に知られた研究者の方々に混じっての発表であることと、初めての英語での発表ということで緊張しましたが、何とかしゃべり切ることができました。さて、その後の質疑応答ですが、持ち前の英語力を駆使して華麗に質問に答える……というわけにはいかず、うまく答えられなかったという印象でした。自分の英語力の不足を痛感し、英語力をつける必要を感じました。その夜はシンポジウム参加者での食事に同席させていただき、研究について、その他のことについて、いろいろとお話させていただきました。

その他、ランチョンセミナーの一つでは、若手研究者のキャリアを考えるイベントも行われ、現役研究者にこれまでのキャリアについて語っていただいた他、グループに分かれてのディスカッションなども行われました。大会2日目の夜には「Kyoto night」と銘打って、参加者一人一人に入れ物として枡（！）が配られ、京都の地酒とつまみがふるまわれました。京都の地酒はどれも美味しく、翌日午前発表だったにも関わらず酒が進んでしまいました。このような様々なイベントも、本大会の魅力だったと思います。

本大会では合計40のシンポジウムの他、各種セミナー、ハンズオントレーニングなどが企画され、多様な発表を聞くことができました。また、ポスター発表は興味がある発表だけでも回り切れないほどであり、多くの研究について聞くことができました。

今回は初めての国際学会での発表ということでもとても刺激的な経験となりました。現在の専門とは少しずれた分野の学会でしたが、今後の研究の役に立ちそうな様々な情報を拾うことができました。自分の視野を広く持つためにも、分野外の学会に参加することは意義があると思います。また、大規模な学会で発表するということは、その準備の過程も含めて自分の研究を振り返り、ブラッシュアップするよい機会になると思います。本稿を通じてより多くの若手の方が気軽に国際学会に行けるようになればと思います。

Winter Q-bio 2024参加報告

角 俊輔（東京大学 定量生命科学研究所）

2024年2月19～24日にかけて、Winter Q-bio 2024に参加したため報告いたします。この学会はその名の通りqbio（quantitative biology, 定量生物学）に関する学会で、アメリカ西海岸にある大学の人たちが主催しているようです。定量生物学とありますが、界限としては私がやっている合成生物学ともかなり被り、どちらもアメリカが本場です。ゲストも大変豪華なので非常に楽しみにしておりました。

寒い日本を出発した私は到着して早々、カラッとした暖かさで大変過ごしやすい2月のハワイに、感動に近い驚きを感じました。その後、空港から学会の開催されるKo OlinaのFour Seasons Hotelまでタクシーで移動しました（Uberの方がかなり安かったことが後に判明）。Ko Olinaは観光地というよりもゆったり過ごすリゾート地のような趣らしく、行きがけのタクシードライバーの人によるとFour Seasons Hotelは“Top of the top”のホテルということで大変期待が高まりました。Four Seasons Hotelはビーチのすぐ横にあり、会場からも宿泊部屋からも美しい景色をずっと見ることができました。朝会場に行く際、鳥のさえずりと波音の中でホテルの庭を歩くのが、とても美しい瞬間だったのを覚えています。学会のセッション終了後は、ホテルのソファに腰掛けて夕陽が海に沈むのをぼうっと眺めました。なんて素晴らしいのだろうと思いました。

学会自体は全体的にゆったりとしたスケジュールで、1時間程度のkeynote talk、15分くらいのshort talk、posterとあります。話題もバイオインフォ、バクテリアのパターン形成から臨床検体まで多岐に渡りました。定量生物学という精神性が共通しているので知らない分野でも全然分からないということはなく、技術的には適度な距離感のテーマが多かったため、各分野の技術の話が聞けて大変勉強になりました。このほか、学会の情報は全てwhovaというアプリ上で見られる上に掲示板機能を使って参加者がラボの求人などを自由に出していたり、家族連れで来ている人がいたこともあってか子供用のスペースが用意されていたりなど、私がこれまで日本で参加してきた学会とは少し違った雰囲気も印象的でした。

何よりも驚いたのがトップ研究者の多さと非常に高い研究レベルです。論文上でよく名前を目にするアメリカ西海岸の人たちがそこら辺を歩いてお互い気軽に交流しているのを見ると、こうやってドンドン共同研究していくのだろうなあとコミュニティの強さを実感しました。加えて、keynote talkはもちろんのことshort talkやposterでも、超一流誌に掲載された、あるいは、掲載されるような大きな話がぼんぼん出てきて流石に圧倒されました（完全に素人の感想で恐縮ですが）。例えば、最近論文になっていたナノポアを使った

protein sequencerの話などがありましたし、ちょっと喋っていたポストドクの人の方が実は凄いオミクス技術を開発しており、大きな論文を何本も出していたりもしました。この学会に来て受けた衝撃は大きく、知り合いが何人かアメリカ留学してしまったことも影響してか、一緒に来ていた同期に「やっぱアメリカすげえよ……」と溜め息混じりにこぼしてしまいました。（その同期も後にアメリカに留学しました。）

交流という観点では、posterが一番の交流になったと思います。posterでは、配列生成モデルに関する内容を中心に発表し、配列のバイオインフォの人たちが見に来てくれました。その中の1人の方は論文で以前から名前を知っていたPIで、大変楽しく交流させていただきました。それまで一方的に知っていただけの方が来てくれたことに嬉しさを感じましたが、その際、自分が少しだけ進めていた内容が、実は相手の



ラボでかなり進めていることが分かり驚きました。相手がずっと進んでいたのでその研究は打ち切りましたが、相手の方は学会後すぐにプレプリントを出したようです。また別の方には、「あなたの研究が掲載された雑誌は全て確認しているがあなたの論文は覚えてない」と言われ、自分の論文はimpressiveじゃなかったのかと落ち込むなどもしました。あとになって、その方はposterの内容をScienceに出したと、私でも知っているような論文のauthorでもあることを知りました。学会後にその方とはSNSで繋がり「ラボのジャーナルクラブであなたの論文について2時間にわたって議論した、とても良かった」とのメッセージを貰い大変励みになりました。そのラボは配列解析で素晴らしい研究が多く、自分と競合する分野でもあるので、今後どうなるやら……と感じています。近年アメリカや中国を中心としてAIを用いた研究の興隆が目覚ましく、この激しい競争の中でプレゼンスを發揮するのは難しいのだと痛感している次第です。

それ以外でも、会場のすぐ横にラウンドテーブルが置かれており、朝食バイキングやコーヒーブレイクでは各々テーブルに座り、色々な人と交流ができるようになっておりました。この際、あのHastyラボやElowitzラボの方々とは交流をするこ

ともでき、非常に刺激になりました。banquetでは、keynote talkの内容を基にしたクイズ大会が開催され、他の参加者との交流を楽しみました。その後、有志によってダンス大会が開催されていたようで、部屋に戻って庭を眺めると、若者たちが爆音でイケイケな音楽を流しながら楽しそうに踊っており、文化の違いを感じました。

私にとってはこの学会が初めての海外学会でしたので、そもそも英語が通じるのだろうかというところから不安を抱えていましたが、皆優しく安心しました。この学会だけでも素晴らしい研究を多く見聞きし、世界の広さを感じることができて、大変実りが多い経験となりました。学会会場の写真を撮り忘れてしまったのですが、学会ホームページに写真が色々置いてあるので見てみると雰囲気が分かると思います。私はアメリカ最頂でもWinter Q-bioの手先でもないのですが、確かにアメリカで研究留学するのは良いことなのだろうと少し感じました。ともあれ、Winter Q-bioは内容も環境も素晴らしく、私は海外学会の話題になるたびにこの学会を宣伝しています。皆様も機会があれば是非参加してみたいかがでしょうか。



RECOMB 2024参加報告

谷川 洋介 (マサチューセッツ工科大学 コンピュータ科学・人工知能研究所 リサーチ・サイエンティスト)

RECOMB (Research in Computational Molecular Biology) は計算分子生物学分野の主要な国際会議の一つです。RECOMB 2024は4月29日(月)から5月2日(木)まで、米国マサチューセッツ州ケンブリッジ市にて開催されました。本会議の口頭発表はマサチューセッツ工科大学(MIT)のKresge Auditoriumで、ポスター発表は同大学の体育館のスペースが会場となりました。また、後述するサテライト会議は同大学のStata Centerの教室を使用したほか、学会公式の晩餐会はケンブリッジ市の科学博物館にて開催されました。ケンブリッジ市は、MITやHarvard大学などの教育・研究機関のほか、製薬会社やバイオテック企業、さらには

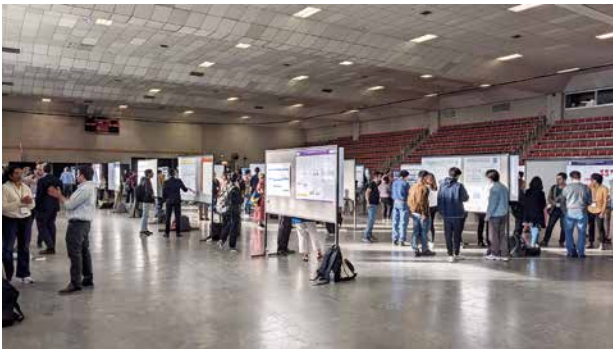
Googleなどのテック企業などがひしめき合う賑やかな都市です。RECOMBは、計算・数学・統計・生物科学など、幅広い領域をカバーしており、学会とあわせて共同研究先などを訪問した参加者も多かったのではないのでしょうか。

RECOMBでは、本会議のメイントラックに加え、計算分子生物学分野の特定の話題に着目したサテライト会議も開催されます。2024年は、





RECOMB 本会議



ポスター発表は体育館での開催となりました

RECOMB-Seq (配列解析)、-CCB (計算がん生物学)、-CG (比較ゲノム)、-Genetics (遺伝学)、-PRI/EQ (プライバシー・エクイティ・公平性) の5つのトピックのサテライト会議が設定され、本会議直前の週末に開催されました。本会議・サテライト会議ともに招待講演・一般口頭発表・ポスター発表が設定されています。会場付近は、おおよそ一週間にわたって計算分子生物学の研究の話題で盛り上がりました。

本会議・サテライト会議ともに、(1)新規の結果を報告するProceedings track、(2)最近出版された論文をもとに口頭発表に申し込むHighlights track、あるいは(3)ポスター発表を希望するPostersの申し込みが可能となっていました。Proceedings trackに採択された場合、学会が提携している雑誌のSpecial issueにproceedingsやextended abstractとしての出版につなげる道が整備されているようです。計算機科学の分野の学会の雰囲気を感じる仕組みですね。注意点として、Proceedings trackに投稿中は、他のjournalへの投稿が許可されない(二重投稿とみなされる)ルールがあります。学会発表抄録・論文ではなく、学術誌への投稿論文が業績評価の中心となる分野の研究者の場合は、どのトラックに発表を申し込むか、審査・発表までのタイムラインはどうなるのか、留意することが有用かもしれません。

私は、RECOMB 2024に本会議におけるポスター発表と、サテライト会議(RECOMB-Genetics)におけるhighlights trackを利用した口頭発表で参加する機会を得ました。口頭

発表では昨年出版したinclusive polygenic scoreに関する論文(Tanigawa and Kellis, 2023)を紹介し、ポスター発表ではその後のさらなる進展の様子について報告してフィードバックを得ることを目的としました。両者の発表フォーマットにはそれぞれ異なる魅力があります。ポスター発表は参加者とのより親密な対話が可能であるため、進行中のプロジェクトについて細かいフィードバックを受けるのに適している一方で、口頭発表は研究成果のまとまりを多くの聴衆に共有することに適しており、自分とは異なる視点をもった研究者からもコメントを得やすいように思います。実際、それぞれの発表での質疑で、異なるタイプのフィードバックを得ました。本会議とサテライト会議の双方の発表機会を活用できるRECOMBのメリットが感じられる充実した機会となりました。

RECOMBでの発表・質疑応答や、コーヒープレイクなどで、私がこれまで注目していた分野の第一人者や、大学院生・ポスドクなどの方々と、ディスカッションを行い、ネットワーク形成ができました。口頭発表に対して積極的に質問をすると、その直後の休憩時間などに話しかけやすくなる効果があるように思います。LinkedInやTwitter/Xなどオンラインツールの連絡先を交換し、新作論文などの宣伝・情報収集に活用しています。

また、発表者・聴衆としての参加に加え、ボランティア・スタッフとして学会運営の一端に携わる機会を得ました。RECOMB 2024はBonnie Berger先生(MIT)とLenore Cowen先生(Tufts大学)が、organizing committeeのco-chairsを務めていらっしゃる関係で、MITとTufts大学の学生・ポスドクが当日の庶務の手伝いに入っているようでした。手伝ってくれる人を募集するため、今回は「12時間以上作業をすると学会参加費が無料になる」という仕組みで運用していたようでした。12時間という長時間のように感じられるかもしれませんが、実働時間はこれよりはるかに少ないようでした。たとえば、私の場合はサテライト会議の会場にてプロジェクターなど機器の操作のサポートをする業務(実際には何のトラブルもなく、自分の発表があったサテライト会議に1日中座って普段通り学会参加しただけ)やポスター会場のボードに画鋲を取り付ける作業(1時間もかからず終了)に割り当てられました。発表を申し込んでいない学部学生などにも、金銭的な負担を気にせずに学会に参加できる機会が提供されているのは良い試みであると感じました。最先端の研究発表へ触れる障壁を下げることは、分野の裾野を拡大することに寄与しているように思います。

RECOMB 2025は韓国ソウルで2025年4月26-29日に開催予定だそうです。国際学会への参加・発表は、その後のキャリア形成につながる出会いにつながることも多々あります。ぜひ参加を検討されてみてはいかがでしょうか。

北里大学 未来工学部 データサイエンス学科

鎌田 真由美 (生命情報デザイン研究室・教授)

河野 信 (トランスオミクス研究室・教授)

齋藤 裕 (生物工学インフォマティクス研究室・教授)

榎原 康文 (人工知能研究室・教授)

2023年4月、北里大学で初めての工学部として「未来工学部」が誕生しました。さらに2024年4月には、大学院修士課程として未来工学研究科 生命データサイエンス専攻が開設されました。バイオインフォマティクスに関わりの深い研究室が多い(半分!)ということもあり、何かできたらしいけど、どんなところなの?と思われていた方も多いのではと思います。

未来工学部/未来工学研究科では、顕在化していないような未来の課題を工学的手法で見出し、その技術的解決に取り組むとともに、新たな価値を創造する人材の育成を目的としています。その想いが「未来」に込められています。

ここ数年データサイエンスを名にもつ学部・学科が多く誕生している中、北里大学は生命科学の総合大学であることから、医学部・薬学部をはじめとする多様な学部、そして隣接する北里大学病院と連携し、最前線の生命系データを対象に研究を行うことができる場所は、大きな特徴です。さらに、大学病院の医療データを、研究だけでなく教育にも活用する取り組みが進んでいることも、他にはない強みだと思います。

鎌田が主宰する「生命情報デザイン研究室」では、データサイエンスの出発点となる情報基盤の構築と活用のための技術開発、そしてゲノム医療など個別化医療への応用を目指します。

河野が主宰する「トランスオミクス研究室」は、DNAやRNA、タンパク質など生体内での重要な分子の動きを計測

する多様なオミクスデータを統合し、生命現象を横断的に理解する研究分野です。

齋藤が主宰する「生物工学インフォマティクス研究室」では、AIやシミュレーション技術を用いて生物の設計図である遺伝情報を改変し、様々な目的に利用する生物工学の研究を行います。

榎原が主宰する「人工知能研究室」では、新たなAI技術の開発により「医療・創薬・環境」の分野における革新的な解決策を追求していきます。

未来工学部にはさらに、生態・環境・空間データなど多様なデータをモデリングする「データモデリング研究室」、生態内で起きていることを可視化する技術とデータ活用に取り組む「バイオイメージングインフォマティクス研究室」、機能性マテリアルに活かせる材料研究に取り組む「ソフトマターインフォマティクス研究室」、医療情報利活用における様々な課題に取り組む「メディカルインフォマティクス研究室」があります。

データサイエンスを軸に多様な研究分野があることもさながら、研究室ごとにレイアウトや雰囲気異なるところも面白いです。集まった先生方と、そして新しい学部に来てくれた学生達と一緒に、学部・専攻を創り上げている雰囲気もとても楽しいです。新しい未来工学部をどうぞお見知りおき頂き、ゆったりとした相模原にぜひ遊びに来ていただけると嬉しいです。



2024年に完成した未来工学部棟

GenSurvプロジェクト：生成AIを活用したレビュー論文自動生成の取り組み

山田 涼太 (fuku株式会社)

GenSurv (Generative Survey) プロジェクトは、生成AIを活用して文献調査を効率化するための手法の研究、ツールの開発、およびデータセットの構築を行う研究コミュニティです。主要な成果として、レビュー論文自動生成のためのオープンソースソフトウェアGenSurv (<https://github.com/GenSurv/genSurv>) を公開しています。

学術論文の出版数は年々増加の一途を辿っています。科学指標2024によれば、2022年に出版された自然科学系論文は221万件に達し、10年前と比較して約2倍となっています。新しい研究分野の動向を把握するためには、膨大な数の論文を精査する必要があります。Narrative Review (以下、レビュー論文) は、特定のトピックの歴史的背景や応用事例、未解決の課題などを体系的にまとめたものです。これにより、その分野の全体像を効率的に理解することが可能となります。しかしながら、関心のあるトピックに関して、必ずしも最新のレビュー論文が存在するとは限りません。そのため、研究者は個々の原著論文を調査し直す必要があり、新規研究領域へのキャッチアップに多大な時間と労力を要しているのが現状です。このような学術界の課題に 대응べく、GenSurvプロジェクトは発足しました。

GenSurvプロジェクトは、一般社団法人ラボラトリーオートメーション協会のコアメンバー間のディスカッションから始まりました。そこでレビュー論文に関する共通の課題認識が形成され、最新の生成AIを活用したレビュー論文調査の自動化という着想に至りました。この構想をもとに協会内外から有志を募り、2024年2月17日に正式に発足しました。現在のプロジェクト体制は、プログラム開発を担当するDev班と、生成されたレビュー論文の評価およびデータセット構築を行

うResearch班で構成されています。Dev班にはエンジニアやAI研究者が、Research班には生物学、医学、化学などの各分野の専門家が参画しており、2024年11月27日時点では合計16名で活動しています。

毎月1回、オンライン・オフラインのハイブリッド形式で定例会を開催し、研究方針の策定や開発作業を実施しています。日常的なコミュニケーションはDiscordを活用し、メンバー間で活発な意見交換や進捗共有を行っています。また、集中的な研究開発を目的として合宿形式での活動も行っており、第1回合宿は2024年8月に7名の参加のもと1泊2日で実施されました。

GenSurvプロジェクトでは活動内容をすべて公開し、誰でも活動の様子を知ることができる仕組みを大切にしています。すべての議事録、ソースコード、データセットはインターネット上で一般公開され、商用利用も許諾されています。また、コミュニティの活動内容は常時閲覧可能で、新規メンバーの参画を積極的に推進しています。

GenSurv v0は現在、レビュー論文の自動生成機能を実装しています。システムにタイトルを入力すると、関連論文の収集、見出しの作成、引用論文の割り当て、テキスト生成を経て、一つのレビュー論文として出力されます。今後は機能の拡充と精度向上を進めるとともに、多様な専門性を持つ研究者の参画を促進し、公開性を保ちながらプロジェクトの発展を目指しています。

直近の開発計画として、以下の4点を予定しています。



第1回合宿の様子

1. Webインターフェースの実装：現在のGitHubでの公開形式ではエンジニアによる実行環境の構築が必要ですが、ブラウザベースのインターフェースを通じて、より幅広いユーザーが利用できる環境を整備します。
 2. 自動評価システムの導入：現在は専門家による手動評価を行っています。既存のレビュー論文との比較に基づく自動評価の仕組みを実装します。
 3. 開発環境の整備：CI/CDパイプラインの構築、テストの充実化、コード品質管理ツールの導入、およびPython仮想環境管理のuvへの移行により、開発効率の向上を図ります。
 4. クエリ拡張機能の実装：現状のタイトルベースの論文検索に加え、より網羅的な文献収集を可能にします。
- 中期的な目標として、GenSurv v1のリリースを計画しています。このバージョンでは、ユーザーの多様なニーズに対

応した柔軟な入力方式とレビュー論文生成の実現を目指しています。現状のタイトルベースの生成に加え、見出しの指定や既存論文からの生成など、様々な要望に応えるため、チャットインターフェースを実装し、ユーザーとの対話的な論文生成を可能にします。また、レビュー論文生成にとどまらず、より幅広い利用者向けの情報提供や、特許情報の活用など、新たな機能拡張も検討しています。

GenSurvプロジェクトへの参加やベータ版ユーザーの登録については、公式Wikiをご参照ください (<https://gensurv.notion.site/>)。

[付記] 本稿の執筆にあたり、生成AI技術を活用しました。初稿の作成にはChatGPTの音声モードを使用し、最終的な文章校正にはClaude 3.5 Sonnetを使用しました。ChatGPTとの音声対話の様子は、YouTubeで公開しています (<https://youtu.be/3LIrG6b6z8A>)。

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)

2024年度の質量分析インフォマティクス研究会の活動として、2024年5月17日に理化学研究所横浜事業所で第9回公開ワークショップ、2024年11月15日に東京農工大学で第6回メタボロミクスソフトウェア講習会をそれぞれ開催しました。

第9回公開ワークショップ「質量分析で新発見！必要な情報基盤と現状の理解」には約70名の方にご参加いただきました。特別講演として神戸大学の近藤昭彦先生より『バイオ・デジタル融合によるバイオものづくり革命の推進』についてご講演いただきました。近藤先生は、アカデミアでのご活躍は言うまでもなく、2024年3月より株式会社バックス・バイオイノベーションの社長に就任され、バイオものづくりの分野での社会実装を積極的に進めていらっしゃいます。特にバイオインフォマティクスの若手人材、バイオものづくりにチャレンジをしたいパッションのある若手を積極的に採用したいとのことで、会場の若手に向けて熱いメッセージが送られました。招待講演は、理化学研究所の内野春希先生、ライフィクス株式会社の多田一風太先生、理化学研究所の今見考志先生より、リビドミクス、バイオインフォマティクス、プロテオミクスの各分野において、第一線でご活躍の先生方にご講演いただきました。ポスターセッションでは、15件のポスター応募をいただきました。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、窪田梓さん (日本電子株式会社)、木内佐紀さん (東京農工大学)、小川誠寛さん (東京農工大学) が

選ばれました。

第6回メタボロミクスソフトウェア講習会は、約30名の方にご参加いただきました。メタボロミクスソフトウェア講習会では、メタボロミクスで世界的に利用されているMS-DIALソフトウェアのハンズオン講習会を行っており、今回はGCxGCス



第9回公開ワークショップの様子



第9回公開ワークショップの様子

ペクトルデータの解析、リポドミクスデータの機械学習モデルの利用、パスウェイ可視化などをテーマに取り上げました。当日は、東京農工大学の津川裕司先生の研究室に所属している研究員、学生を中心に、松沢佑紀さん、ブヤントグトクブジンラハムさん、坂本七海さん、岡昂輝さんが講師を務め、参加者にとってMS-DIALの開発者に直接相談できる非常に貴重な機会になったと思います。

最後に、次回の第10回のワークショップは2025年8月頃に東京農工大学で、第7回のメタボロミクスソフトウェア講



第6回メタボロミクスソフトウェア講習会



第6回メタボロミクスソフトウェア講習会

習会も引き続き来年も開催予定です。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

金指 勇樹 (理研IMS/横浜市立大学大学院 博士課程2年)

田原 悠也 (筑波大学大学院5年一貫制博士課程ヒューマニクス学位プログラム2年)

2024年9月14日から16日、湯河原にて生命情報科学若手の会・第16回年会を開催いたしました。今年の年会はコロナ禍以降2回目の現地開催です。昨年度の開催にあたりスポンサーの募集・助成金の申請・会場探し等の運営のノウハウが蓄積しました。また、年会やセミナーの参加を通じてスタッフに興味を持ってくれる方が多く、今年は約半分が新しいメンバーとして運営に加わりました。そんな中、新スタッフには積極的に企画に携わってもらいつつ、業務が過多にならないようお互いにサポートすることで、生命情報科学若手の会として1つ成長できたと思います。年会当日は研究内容から



田原 悠也



金指 勇樹

ラボでの困りごと、研究者のキャリアや進路などの議論で盛り上がり、顔を合わせる現地開催ならではの交流を生むことができました。

さらに今年は国立遺伝学研究所の工樂樹洋先生、東京大学の鈴木絢子先生に招待講演をしていただきました。講演後も多種多様な質問が出続けたことに加え、懇親会でも時間の許す限り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、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ました。



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、また他の若手の会とのコラボレーション企画にも取り組んでいます。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おりますので、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、他の団体とのコラボレーション、更には若手の会スタッフへのご参加を大歓迎いたします！



九州地域部会報告

竹本 和広 (九州工業大学大学院情報工学研究院・JSBi九州地域部会長)

九州地域では、宮崎大学の井上健太郎先生を中心に生命情報学勉強会が開催されています。せっかくの機会ですので、この素晴らしい取り組みについて、ここで紹介させていただきます。

宮崎大学では生命科学研究が盛んに行われていますが、バイオインフォマティクス (BI) に触れる機会が限られていました。そこで2020年から、BIに関する最新の研究成果を学ぶ勉強会が定期的で開催されています。これまでに8回開催され、毎回30名程度が参加しています。医学、工学、農学など多岐にわたる分野からの参加者が、学際的な知識交流と研究協力の機会を得ています。

JSBiでもお馴染みの著名な先生方を招待講演者としてお招きし、大規模配列解析、統合オミクス解析、1細胞遺伝子発現解析、AI創薬など、最先端のトピックスが取り上げられています。九州内外から講演者を招くことで、地域を超えた研究ネットワークの構築にも貢献し、九州地域のBI研究の発展に寄与しています。この場を借りて、ご協力いただいた講演者の皆様に心よりお礼申し上げます。

本勉強会の特筆すべき点は、知識伝達にとどまらず、新たな共同研究やプロジェクトの創出の可能性を秘めていることです。例えば、農学部の参加者から「ハイスループット食品機能性評価法との関連性」について言及があるなど、BI手法

の応用可能性が見出されています。アンケートからも、異分野融合研究や最新技術の応用に関する議論が参加者の高い関心を集めていることが伺えます。

また、若手研究者や学生にとっては、最新の研究動向に触れ、将来の研究方向性を考える貴重な機会となっています。九州外の研究者との交流は、キャリア形成や共同研究の機会創出にもつながると期待されます。

参加者からは、定期的な開催の継続や学内研究者による発表機会の増加、基礎から応用まで幅広いレベルの内容提供への要望が寄せられています。

この宮崎大学における生命情報学勉強会は、BI分野の発展と異分野間研究交流を促進する重要な役割を果たしています。今後の継続的な開催と内容の充実により、九州地域におけるBI研究の拠点として、さらなる発展が期待されます。

詳細は勉強会のホームページ (<https://sites.google.com/view/bioinfows-miyazaki/>) をご覧ください。JSBiの皆様にはご協力をお願いすることもあるかと存じます。ぜひ、ご支援いただければ幸いです。



井上健太郎 (宮崎大学 工学教育研究部 准教授)

日本のバイオインフォマティクス研究室

長崎大学大学院 総合生産科学研究科 松本研究室

佐藤 柁磨 (長崎大学大学院 総合生産科学研究科 修士1年)

松本研究室は長崎大学の文教キャンパスにあり、現在は准教授1名、学生5名(修士1名、学部4名)で構成されています。研究室は非常に自由な雰囲気、各々の作業スペースは仕切りで区切られているため集中して作業できる環境となっています。また、研究室の隣のミーティングルームには冷蔵庫や電子レンジ、電気ケトルなどが設置されており、宿泊できるほど快適な空間となっています。研究室とミーティングルームが分かれているので、食事や会話をするとときに周りに迷惑がかからないのがお気に入りです。

松本研究室では、多様な研究テーマに取り組むことができます。例えば、1細胞RNA-seq解析では、1つ1つの細胞の網羅的な遺伝子発現データを解析し、細胞運命や遺伝子発現のダイナミクスを解明します。空間トランスクリプトーム解析では、遺伝子発現の空間的な分布を可視化し、組織や臓器の発生、疾患状態での細胞間相互作用を研究します。これらのテーマを通じて、学生はそれぞれの興味に基づいて自由に研究を進めていきます。そのため、方向性を決めるのに苦労することもあります。その分ある程度自由に進められることが松本研究室の魅力だと感じています。

松本研究室では、週に1回の研究ミーティングを行って

ます。このミーティングでは、各々の学生の進捗状況や学習したことを研究室内で共有したり、研究する上で必要な数学や生物学の知識を授業形式で学ぶなど、新しい知見や刺激をもらう機会となっています。また、今年の春にはインドからの留学生を1か月間受け入れる機会がありました。その中で、海外の学生が持つ高度なスキルや、英語でのコミュニケーションの重要性を改めて実感しました。本場のインドカレーを振る舞ってくれる機会があり、スパイスの香り豊かな料理はとても美味しく、異文化を身近に感じる素晴らしい体験となりました。

研究室は学生の受け入れが始まって2年目であり、まだまだ手探り状態の部分も多いです。しかし、松本先生からアドバイスを受けつつ、それぞれが試行錯誤しながら、研究活動に取り組んでいます。自分たちで切り開いていくこの過程が、研究室全体の一体感を高めていると感じています。



会員による著書紹介

Unsupervised Feature Extraction Applied to Bioinformatics: A PCA Based and TD Based Approach 2nd Ed. (Y-h. Taguchi)

本書は5年前に出版した同名の書籍の第2版である。第2版と言っても200頁程の加筆がなされ、全体で500頁超になっているので、加筆分だけでもゆうに一冊分の情報があるような改訂になっている。ここ10年余、僕は「主成分分析やテンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択」という方法を提唱し、バイオインフォマティクスの様々な問題に適用してきた。この本はその集大成の様な本である。本であれば売れないといけないので、線形代数の基礎や行列分解、テンソル分解の紹介にかなりのページ数を割かないといけなかったが、本当に読んで頂きたいのは後半の400頁の4章から8章の部分であり、そこには僕が過去10+ α 年くらいの間にやった同手法の応用例を（再解析も含めて）豊富に解説した。計算量も少なく、簡単に使える方法だと自負しているので、この本の出版を機会にもっといろいろな人に試してもらえとうれしいです。

今回の改定で加わったのは5章と7章それぞれの後半部分と8章の内容です。大きな進歩としては多彩なマルチオミックスデータの解析に対応できるアルゴリズムの開発、および、遺伝子選択で帰無仮説に用いているガウス分布の標準偏差の推定の改善により、精度が大幅に改善したことです。

5年前に初版を出した時は死ぬほど大変だったので2度とやるまいとおもったのに、初版出版後もコンスタントに論文を発表していたのがシリーズエディターの眼にとまり第2版を出さないかとオファーをされてこうなりました。まあ、もう本当に2度とやらないとは思いますが。

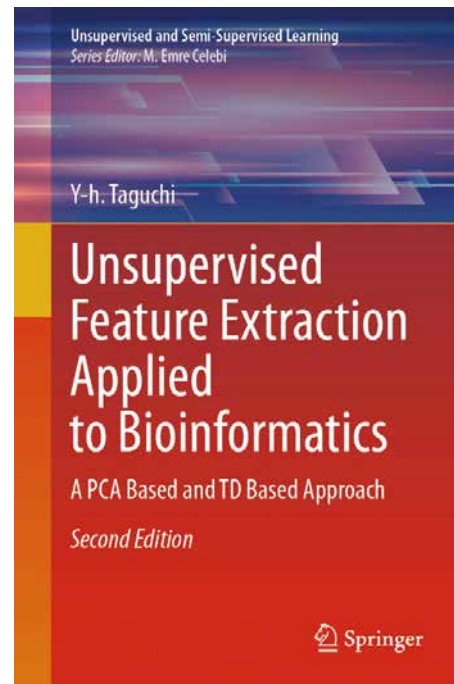
Unsupervised Feature Extraction Applied to Bioinformatics: A PCA Based and TD Based Approach 2nd Ed.

Y-h. Taguchi (著)

XXII, 533ページ・定価 18,303円 (電子版) / 26,599円 (ハードカバー)

2024年8月・シュプリンガーインターナショナル

<https://doi.org/10.1007/978-3-031-60982-4>



学会からのお知らせ

2025年日本バイオインフォマティクス学会年会・第13回生命医薬情報学連合大会

「生命・医薬科学とその先へ越境するバイオインフォマティクスVer2.0」

日 程：2025年9月3日（水）～5日（金）
 会 場：名古屋大学豊田講堂・シンポジオン（愛知県名古屋市）
 後 援：情報計算化学生物学会
 大会ホームページ：<https://www.jsbi.org/iibmp2025/>
 大 会 長：白井 剛（長浜バイオ大学）

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31回理事会議事録

日 時 2024年10月22日（火）10：00～14：00
 場 所 那覇文化芸術劇場 なはーと、オンライン
 出席者 山西芳裕理事長、浜田道昭副理事長、浅井潔
 理事、大上雅史理事・幹事、大林武理事・幹
 事、白井剛理事・幹事、河口理紗理事・幹事、
 清水佳奈理事、夏目やよい理事、松田秀雄理
 事、松本拓高理事・幹事、水谷紗弥佳理事、
 山下理宇理事
 （表決書提出） 荻島創一理事、松井求理事、福永津嵩理事、
 榊原康文理事、川崎純菜理事
 以上 18名出席扱い
 オブザーバ 奥田修二郎幹事、池松真也沖縄地域部会長、
 遠藤俊徳北海道地域部会長、鎌田真由美幹事、
 五斗進幹事、中井謙太幹事、松前ひろみ幹事、
 西村陽介監事、小貫律子監事、事務局総務
 齊藤友紀
 議 長 山西芳裕理事長（定款35条による）

別紙7 JSBi Bioinformatics Review幹事報告
 別紙8 ダイバーシティ推進幹事報告事項
 別紙9 ISCB幹事報告
 別紙17 総務幹事報告
 別紙26 公募研究会開催報告

山西理事長、浜田副理事長より第31回理事会開催にあつて挨拶があり、議事録署名人として大上雅史理事、水谷紗弥加理事が指名され、満場異議なくこれを承認した。

議案

〈審議事項〉

第一号議案 後藤修基金 内規修正

山西理事長より、別紙1をもとに後藤修基金の運用について微修正が必要である旨説明された。慎重な審議の結果、この微修正については満場一致で承認された。

第二号議案 認定試験幹事の追加

山西理事長より、別紙2をもとに、当該年の認定試験委員長を認定試験幹事として追加することについて説明があった。慎重な審議の結果、満場一致で承認された。

第三号議案 地域部会への助成について

遠藤北海道地域部会長より、別紙3をもとに、助成を受けた研究会の開催についての所属機関依存の問題点の報告、ならびにJSBiからの研究費助成ルール、申請の方法について改変検討の依頼があった。予算面については大林理事・幹事から、研究会の申請については河口理事・幹事から、それぞれ改変が可能な範囲について説明があった。研究会助成用に学会として確保する予算は毎年見直しを行うこととし、研究会

配布資料

議事次第

（審議事項参照資料）

別紙1 後藤修基金 内規修正

別紙2 認定試験幹事の追加

別紙3 地域部会への助成について

別紙4 学会全体のダイバーシティ推進について

（報告事項参照資料）

別紙1 年会幹事報告

別紙5 研究会幹事 研究会開催・採択報告

の申請については現在の申請の時期・回数の変更は行わず、申請内容の審査について柔軟に対応することとなった。

第四号議案 学会全体のダイバーシティ推進について

松前幹事より、学会全体のダイバーシティ推進について提議・説明があった。具体的には年会の場における改善点の提案、学会全体へのダイバーシティ拡大活動についての紹介、提案がされた。慎重な審議の結果、年会に際しては年会予算とは別に学会の予算としてダイバーシティ推進のために利用できる予算を確保し、学会として支援すること、参加形態（現地・オンライン）については需要に応じた検討を行うこと、学会全体の活動についてはニュースレター等を利用した活動を進めることとなった。

〈報告事項〉

報告1 年会幹事 2024年度年会開催概要、2025年度年会開催計画

五斗幹事から2024年度年会開催概要について、現況の説明があった。白井理事・幹事から2025年度開催計画について、2025年度の趣意書（案）に基づき説明があり、参加費・協賛費の価格改定等、今後これをもとに準備を進める旨説明があった。

報告2 認定試験開催報告

白井理事・幹事より2024年第一回認定試験実施報告があった。なお、次回より認定試験委員長による報告となることが確認された。

報告3 研究会幹事報告

河口理事・幹事より、本年度後半の公募研究会採択分について報告があった。

報告4 JSBi Bioinformatics Review誌報告

松本理事・幹事より、書面による報告があった。

報告5 ダイバーシティ推進幹事報告

松前幹事より、男女共同参画学協会連絡会に参加された際の情報について報告があった。

報告6 ISCB担当幹事報告

山西理事長・幹事より、ISCB連携に関する報告があった。ISCBの会員層としてアジア圏からの参加者・会員が少なく、積極的な入会・参加を奨励するとの説明があった。また、ISCBの学生組織団体（Student Council）について、学生組織の地域部会が世界各国に存在する中、日本には設置がないことについて説明があり、可能であればJSBi関係者による設置を将来的に検討したい旨提言があった。これについて若手担当幹事である大上理事・幹事より、本年1月に生命情報科学若手の会（当学会とは別団体）にISCB Student Councilから打診があったが、活動するフィールドがやや異なるため連携は見送ることになった旨情報提供があった。現況から、日本地域部会をJSBiが担当するのは順当で非常にいい案であるという意見が出た。一方、これに参画してくれる会員を確

保することに懸念が残ることも意見として挙げた。この件については引き続き検討することとなった。

報告7 若手幹事報告

大上理事・幹事より、OJP賞の選出についての報告があった。またOJP賞の応募条件をより柔軟な内容に改変が必要である旨説明があり、これについてはダイバーシティ推進の観点からも改変を進めるとのことであった。

報告8 渉外幹事報告

浜田理事・幹事より、賛助会員の獲得に関して分析調査を行い、会員となった際の特典を再考する予定である旨説明があった。

報告9 連携幹事報告

鎌田幹事より、生物化学学会連合での活動について報告があった。

報告10 活性化幹事報告

奥田幹事より、教育用コンテンツの進捗状況について報告があった。

報告11 Genome informatics幹事報告

山西理事長・幹事より、引き続き休刊しており、今後もニュースレターやBioinformatics Reviewでの活動を継続する旨説明があった。

報告12 総務幹事報告

中井幹事より、現在の学会会員数、賛助会員の推移について報告があった。

報告13 会長報告

山西理事長より、来年度名誉会員候補者の推薦について協力依頼があった。

報告14 公募研究会開催報告

本年度開催された公募研究会の開催報告、アンケートについて書面での報告があった。

監事からのコメント

西村監事より、ダイバーシティ推進について今後も積極的に進めるようコメントをいただいた。

以上により議事が終了し、議長は14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。

2024年10月22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 大上 雅史 印

議事録署名人 水谷 紗弥加 印

学会の現況

有効会員数 (2025年1月現在) 正会員：847名 学生会員：296名 賛助会員：21社 名誉会員：7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 2024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	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 涉 (東京大学大学院 新領域創成科学研究科) 大上 雅史 (東京科学大学 情報理工学院) 河口 理紗 (東京大学大学院 薬学系研究科 / 京都大学 iPS細胞研究所) 小寺 正明 (PwCコンサルティング合同会社) 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 (東京科学大学 生命理工学院) 山西 芳裕 (名古屋大学大学院 情報学研究科) 大林 武 (東北大学大学院情報科学研究科) 齋藤 裕 (北里大学 未来工学部) 榊原 康文 (慶應義塾大学 理工学部) 白井 剛 (長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部) 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) 福永 津嵩 (早稲田大学 高等研究所) 松井 求 (京都大学 化学研究所) 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	西村 陽介 (海洋研究開発機構) 小貫 律子 (埼玉県立がんセンター臨床腫瘍研究所)

賛助会員一覧

(2025年1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
 株式会社BlueMeme
 株式会社アンプラット
 H.U.グループホールディングス株式会社
 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
 日本たばこ産業 (JT)
 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
 株式会社ナレッジパレット
 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

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！

ANPLAT **ANCHAT**
 優れた技術を誰でも簡単に扱える未来へ

日本バイオインフォマティクス学会ニュースレター第46号

発行日 2025年2月28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)、齊藤友紀(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

今号は読み応えのある記事が盛り沢山です！「特集DBCLS BioHackathon 2024開催報告」「APBJC 2024 (1st Asia & Pacific Bioinformatics Joint Conference) 開催報告」では、昨年された国際会議の熱い様子をオーガナイザーや参加者の方々にレポートいただいています。また、「国際会議参加報告」は4人の若手による、様々な観点から書かれた国際会議参加体験記になっており、国際会議にこれから参加される方の参考になるかと思えます。さらに、「北里大学 未来工学部 データサイエンス学科」ではバイオインフォのラボ群が爆誕した北里大学について、「GenSurvプロジェクト：生成AIを活用したレビュー論文自動生成の取り組み」では最近話題の生成AIについてのコミュニティ活動を紹介しています。最後に、ニュースレターの後ろの方に書かれていますが、IIBMP2025は2025年9月3～5日に名古屋大学（愛知県）で開催とのことです。今から楽しみです！

（尾崎・松本）

2024年の年会・認定試験が、大きな問題なく、またそれぞれ盛況のうちに終えられたことに安堵しています。ご協力頂いた皆様、ご参加下さった皆様に心より御礼申し上げます。年会に関してはISCBやAPBioNETの方々と一緒に仕事できたこともいい経験になりました。次の年会は初の東海・中部地方開催です。名古屋にはうみゃーものがぎょうさんありゃーすで、ぜひみなさんいらしてちょう。（名古屋弁変換メーカーによる翻訳）

（事務局・齊藤）