

特定非営利活動法人
日本バイオインフォマティクス学会
ニュースレター

JSBi

第48号

学会ホームページ <https://www.jsbi.org/>
お問い合わせ jimu@mail.jsbi.org

C O N T E N T S

巻頭言	1	国際学会参加報告	20
日本バイオインフォマティクス学会賞受賞報告	2	地域部会・公募研究会活動報告	22
Oxford Journals-JSBi Prize 受賞報告	4	日本のバイオインフォマティクス研究室	26
日本バイオインフォマティクス学会後藤修賞受賞報告	6	学会からのお知らせ	28
学会年会（IIBMP2025）開催報告	8	学会の現況	29
楽しいRNA道場	17	学会議事録等	30
ウイルス若手統計勉強会のご紹介	18	編集後記	34

卷頭言

それって何がうれしいの？

「それって何がうれしいの？」私は、教員としてこの問い合わせを学生によく投げかけます。私は大学院博士課程途中まで奈良先端科学技術大学院大学のウェットラボに所属していましたが、実験に関しては若干の不器用さを抱えており、その後、当時の東京大学医科学研究所の高木利久教授（現富山国際大学学長）・中井謙太准教授（現東大医科研教授）研究室にご縁あって迎え入れていただきました。情報科学の基礎を十分に身につけていなかった私が、いきなり計算生物学の本流に飛び込んだ際、最初に衝撃を受けた言葉が、私の定例報告に対して向かれた「それって何がうれしいの？」という問いでした。この問いかけは、情報科学・数理科学の分野では当然の評価軸なのかもしれません、当時の私には皮肉にも似た響きを伴い、ある種の恐怖すら覚えたことを今でも記憶しています。しかしながら、今は問いかける立場に変わりました。

バイオインフォマティクスにおける“うれしさ”—すなわちその研究の意義—は多様です。生物学的な新知見の獲得、新規アルゴリズムの開発、独自ツールの実装、計算資源の効率化など、そのいずれもがうれしさにつながります。ただし、

何をうれしさと捉えるかは、自分のいる環境にも大きく依存します。

私は2012年より東北大学 東北メディカル・メガバンク機構に移り、ゲノムコホート事業に従事していました。当時求められた“うれしさ”とは、いかに健常人口ホートを精緻に構築し、事業として成功へ導くかという視点でした。私は主に検体・試料管理の立場からコホート基盤を支えるため、Laboratory Information Management System (LIMS) の構築を行い、ヒューマンエラーをできるだけ押さえた運用ができるようにしました。

2018年には国立がん研究センターへと移り、病院と研究所が一体となった環境で臨床応用を見据えた研究に取り組んでいます。現在、私たちはがんセンターを中心に行われている様々なプロジェクトから得られる、臨床・多層マルチオミッ



クス情報を収集しています。まずはデータベースの構築や標準化を進め、生命現象の本質を抽出することを目指していますが、最終的に求められる“うれしさ”は、これらの知見が臨床現場へ確かな形で還元されることにあります。すなわち、「どのように臨床実装へ結びつけたか」が、価値の最終到達点となるのです。

近年、ChatGPTをはじめとする生成AIの普及により、バイオインフォマティクスの実践様式は大きく変容しました。数年前には複数の論文を英語で読み、自分でコードを書いてバグに苦しめられていたことは、完全に過去のものになりました。現在では、疑問点の迅速な解決、文献の要約、コード

生成、論文作成支援など、こうしたツールの利用を否定する教員はもはや存在しないと言ってよいでしょう。しかし、どれほど作業様式が変わろうとも、“うれしさ”は、人間のみが主体的に定義可能な部分であると私は考えます。科学の醍醐味とは、世界で誰よりも早く新しい事実に到達し、それが他人や社会に認められるという満足感にこそあるものだと思います。この“うれしさ”を突き詰めたときに得られる満足感は、生成AIがしばらく代替し得ないと信じています。

山下 理宇

(国立がん研究センター先端医療開発センター・トランスレーショナルインフォマティクス分野)

日本バイオインフォマティクス学会賞受賞報告

木下 賢吾（東北大学）

はじめに

このたび、日本バイオインフォマティクス学会より学会賞をいただきました。これまで共に研究を進めてくださった多くの先生方、共同研究者、学生、そして支えてくださった皆様に深く感謝申し上げます。

今回、受賞報告ということで誌面をいただきましたので、若い人の参考になるかどうかは心許ないですが、少し昔話も交えつつ、受賞内容の主たる部分である大規模ゲノムデータベースの構築について書かせていただきたいと思います。

1. タンパク質科学から始まった研究の歩み

私の研究の原点は、京都大学大学院での郷信宏先生のもとで行ったタンパク質科学です。当時、「原理を仮定する研究」ではなく、「自然から学ぶ」という姿勢を大切にしたいと思って研究を進めてきました。その結果、当時、他の院生は分子動力学シミュレーションという手法を中心に研究を進めていたところ、私はタンパク質の立体構造と機能の関係をデータベース解析を通じて理解しようと試みました。このアプローチは後に「データサイエンス」や「バイオインフォマティクス」と呼ばれるようになりました。

バイオインフォマティクス学会が出来たのが1999年で、私が学位を取ったのも同じ1999年ですので、国内には多くの研究者がいる状況ではなく、その道は平坦ではありませんでした。実際、同期が順調に論文を出し始めているところ、私の最初の論文が出せたのは博士課程3年生になったころでした。だからといって将来に不安を覚えたかというと、まったく不安がなかったとは言えませんが、不思議と「なるようになる」と思っていました。この「なるようになる」というのは、未だにモットーに近い形で日々接していて、その後の山の上に山のある研究者としての道のりの中で支えになった

言葉でした。

ともあれ、順調とは言えない形ではありますが、当時の指導教官である郷先生のメンタル面での支えと、木寺先生の実研究面での支えのおかげでなんとか学位を取得し、博士課程修了後は楠木先生、中村先生（大阪大学）の下でPDBjの立ち上げに関わり、大規模なデータベースの裏側を見ることが出来たのが貴重な経験でした。



その後、木寺先生（横浜市立大学）のもとで助手として研究を進める一方で、JSTのさきがけ研究を取得することができたのが大きな転機となりました。研究内容としては、構造生物学と計算科学の接点に立つ研究を続けていましたが、この時期に構造データベースの開発や、タンパク質の機能的特徴を抽出する解析法の確立などに取り組みました。さきがけ研究では多くの刺激的な同期に恵まれ、研究の幅を大きく広げることが出来たと思います。

2. 東大時代：遺伝子共発現解析とゲノムへの展開

その後、東京大学医科学研究所に移り、中井先生や大林先生とともに、遺伝子共発現解析の研究を進めました。多様な発現データから遺伝子間の関係性を見出し、転写制御ネットワークやシグナル経路の理解を目指しました。このころから、研究の重心が構造から発現制御やゲノム情報解析へと少しづつ移っていました。

医科研では、現在Shirokaneと呼ばれている世代の計算機の初代版の構築に関わり、スパコン構築に関する経験を積むことができました。これまでも、大学院生時代に郷先生が進めていた重点領域研究での計算機調達、横浜市大での立ち上

げ時の大型計算機の調達、続いて阪大と神戸大の連携を行う際の計算基盤を神戸ポートアイランドに構築するなど、計算機の導入には大なり小なり関わっていましたが、本当の意味でのスパコン調達を一から行ったのはShirokaneが最初で、経験の乏しい准教授であった私に大役を任せてくれた宮野先生には深く感謝しています。

この経験は、後にお話しする東北大での大規模ゲノム解析での基盤構築の基礎になりました。

3. 東北大学と東日本大震災、そしてメガバンク計画へ

2009年に東北大学に着任し、自分の研究室を立ち上げた矢先、2011年3月に東日本大震災が発生しました。震災直後は「夢の中にいるような日々」でしたが、被災地の復興と地域医療への貢献を願い、東北メディカル・メガバンク計画（ToMMo）に加わることになりました。

設立当初からスパコン基盤をはじめとした情報インフラの構築を担当しましたが、この際には東大時代のShirokane構築の経験が非常に役立ちました。

このプロジェクトでは、一般住民コホートを対象とした大規模なゲノム・オミックス解析を推進し、日本人ゲノムの基盤構築や疾患予測モデルの確立を目指してきました。具体的には、10万人規模の全ゲノム解析を筆頭に、8万サンプルのメタボローム解析結果などのオミックス解析情報と、MRI画像や生化学検査値などの健康調査情報を統合した日本人マルチオミックス参照パネル（jMorp）データベースの構築も行い、日本のゲノム医療の基礎的データとして活用されるようになっています。

例えば、未診断疾患イニシアチブ（IRUD）事業や、がんゲノムパネル検査の基礎データとして活用されています。

この成果は嬉しい反面、医療に直結するデータを提供するということで、ミスなくデータを提供することへの強いプレッシャーも感じる事業になっています。

なお、jMorpデータベースの実装では田高講師と岡村講師がシステム開発を中心的に行ってますが、両名とも私の研究室の卒業生であり、人材育成でも一定の成果になっているかと思います。とは言え、優秀な二人ですので、育成するまでもなく自律的に育ってくれた感があります。

今回のバイオインフォマティクス学会賞を頂いた一つの要素が、jMorpに代表される一連のデータベース構築かと思いますが、振り返ればデータベースをずっと作ってきた感もあります。

私の研究の基本方針は「自然から学ぶ」ことです。仮説を先に立てるのはなく、データから情報を引き出すという姿勢を大切にしてきました。多様な生物学的データの中に潜むパターンを見出しがることが、原理的理解につながると信じています。

また、構造生物学・ゲノム科学・医療データ科学を貫く視点として、「自然の多様性に学ぶ」ことを今も重視しています。その観点では、データベース構築は研究のスタートポイントであり、タンパク質表面構造のデータベース（eF-site）から始まり、COXPRESdbなど多数のデータベースを構築してきました。作ったデータベース全てが広く使われるものになつたわけではありませんが、いくつかのデータベースは10年を超えて多くの利用がなされ、現在も維持しています。

作る時は自分が一番のユーザになることを意識して作り、実際に自分が隅から隅まで使い尽くすデータベースが継続的に利用されているように思います。

4. 若い研究者の皆さんへ

これまでの私の歩みを振り返ると、計画どおりに進んだことはほとんどありません。震災のように予期せぬ出来事により、研究の方向が大きく変わることもありました。それでも、目の前の状況に全力で取り組む中で、自然と新しい道を開けてきたように思います。

また、昨今はタイパという言葉をよく聞きます。これは効率重視という点では良い面もあると思いますが、一方で、どうなるか分からず未来に向けて効率化できない部分があることを忘れてはいけないと思っています。その時点で最適だと思ったことが後で無駄だったり、逆に無駄だと思ったことが長い目で見たら最適なこともあります。

私としては、いつも心に「なるようになる」という思いを持ち、その時々に大事だと思うことに集中してきて現在に至るという感があります。若い研究者の皆さんにも、少し楽観的な気持ちを持ちながら、その時々に全力を尽くしてほしいと思います。

バイオインフォマティクスという学問は、データに誠実である限り、必ず新しい発見をもたらしてくれると信じています。

最後に、これまで支えてくださった指導教員の多くの先生方、特に郷信広先生、木寺詔紀先生、中村春木先生、中井謙太先生、そして東北メディカル・メガバンク機構をともに築いてきた仲間たちに心より感謝申し上げます。

Oxford Journals - JSBi Prize受賞報告

ウイルス感染症制御のためのバイオインフォマティクス

伊東 潤平（東京大学医科学研究所システムウイルス学分野（佐藤佳研究室）准教授）

はじめに

このたび、栄誉あるOJP賞を受賞できましたことを大変光栄に思います。本賞は、憧れの先生方が数多く受賞されてきた賞であり、私もその末席に加えていただけたことを心から嬉しく思っております。まずは、本賞をご推薦くださった慶應義塾大学の福永津嵩先生に、この場をお借りして深く御礼申し上げます。

私の専門分野はウイルス学とバイオインフォマティクスの境界領域であり、ウイルス感染症の制御に資するバイオインフォマティクスおよびAI技術の開発に取り組んでおります。現在は主に、i) ウイルスタンパク質の遺伝型—形質モデリング技術の開発とその応用、ii) 将来パンデミックを引き起こす可能性のある動物ウイルスの効率的な探索手法の開発、の2つを柱として研究を進めています。本稿では前者の研究についてご紹介します。

ウイルスタンパク質の遺伝型—形質モデリング技術の開発とその応用

COVID-19パンデミックで実施された超大規模ウイルスゲノム疫学調査により、ウイルス学はゲノムデータが最も豊富な生命科学分野の一つとなりました。これまでに1,600万配列以上の新型コロナウイルスゲノムがGISAIDデータベース (<https://gisaid.org/>) に登録され、さらにDeep Mutational Scanningなどのハイスクループット実験により、ウイルスタンパク質の形質と遺伝型に関するデータが急速に蓄積しています。

私はこれらのビッグデータとタンパク質言語モデルなどのAI技術を活用し、ウイルスタンパク質の遺伝型—形質を双方向にモデリングする技術の開発に取り組んでいます（図1）。具体的には、変異株のウイルスタンパク質の配列（例：スパイクタンパク質）から感染性、抗原性（免疫逃避能）、適応度（流行拡大能力）などの形質を予測するAIシリーズを開発しています。また逆方向に、特定の形質を示すタンパク質配列をデザインする生成AIも開発し、ウイルス感染症の制御に資する応用技術の構築を進めています。

形質予測AIについては、開発した予測AIを用いてウイルスゲノム疫学データをリアルタイムに監視することで、高リスク変異株の超早期検出への応用を目指しています。さらに、免疫逃避能や適応度など流行・進化を司る形質を予測することで、ウイルスの進化メカニズムの理解と将来予測にも取り

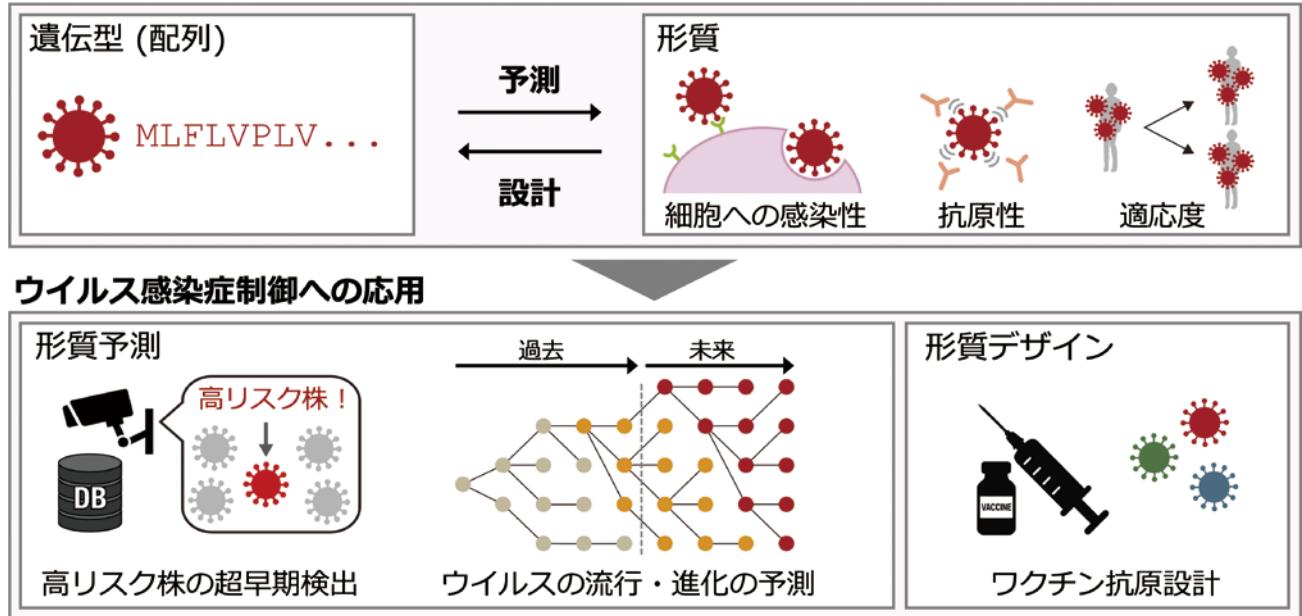


図1 ウイルスタンパク質の遺伝型-形質双方向モデリング技術の開発。

組んでいます。一方、形質デザインAIについては、特定の抗原性を持つウイルスタンパク質を設計する生成AIを開発し、複数系統のウイルスに対して広範な交差免疫を誘導できるワクチン抗原の開発への応用を進めています。

これらの取り組みの一環として、私たちは新型コロナウイルスのスパイク配列から適応度を予測するベイズ階層モデル (Ito et al., 2023, Nat. Commun.)、タンパク質言語モデル CoVFit (Ito et al., 2025, Nat. Commun.)、および季節性インフルエンザウイルスの抗原性を予測するPLANT (Ito & Kawakubo et al., 2025, bioRxiv) を開発しました。これらはいずれも、最先端のAI技術の開発から感染症制御への応用まで一気通貫に実現することを目指したエキサイティングなプロジェクトです。これらのプロジェクトは、ウイルス学だけでなく、バイオインフォマティクス分野の研究者にとっても興味を持っていただける研究であると考えています。

今後の抱負

COVID-19パンデミックでは、ウイルス・インフォマティクス人材の著しい不足が浮き彫りになりました。私は、以下の2つの観点からJSBiに貢献することで、将来のパンデミックに共に立ち向かう仲間を増やしていきたいと考えています。

1つ目は、ウイルス・インフォマティクス領域をバイオインフォマティクス分野の主要領域の一つとして確立することです。すなわち本領域を、ウイルス学者だけでなくバイオインフォマティクス研究者にも魅力的なものにしたいです。具体的には、IIBMPにおいてウイルス・インフォマティクスに特化したセッションやワークショップが設けられるほどの活性化を実現したいと考えています。そのためには、本領域のデータセットや解析パイプラインを整備すると同時に、本領域の課題を整理し「解けるタスク」に落とし込むことで、他分野からの参入障壁を下げることが重要だと考えています。

2つ目は、バイオインフォマティクスと他分野との融合を

促進することです。特に、各分野からバイオインフォマティクスへの参入が重要だと考えています。近年は教材の充実や生成AIの普及により、解析技術の習得がこれまで以上に容易になりつつあります。そのため、少なくともデータ解析領域においては、情報系研究者がドメイン知識を学ぶよりも、各分野の専門家が解析技術を習得する方が効率的であると感じています。この思想に基づき、私はデータ解析の基礎を学んだ研究者がより高度な情報解析技術を学ぶためのオンライン勉強会「ウイルス若手統計勉強会」(<https://sites.google.com/view/viruswakate-stat>) を組織・運営し、バイオインフォマティクスの裾野拡大に尽力しています。

私は2026年4月より大阪大学微生物病研究所附属バイオインフォマティクスセンターにて新たな研究室を立ち上げる予定です。ウイルス・インフォマティクス研究の拠点形成を目指し、今後も邁進してまいりますので、引き続きご指導ご支援のほどよろしくお願ひいたします。また、大学院進学、学生バイト、技術職員、研究員にご興味のある方は伊東までご連絡ください。

謝辞

最後に、現在の上長である東京大学の佐藤佳先生および佐藤研究室の皆様、特にバイオインフォマティクスチームの皆様に深く感謝申し上げます。PLANTプロジェクトは川久保修佑さんとの共同研究です。また、本稿で紹介したすべてのプロジェクトは、菅波麻衣さんの技術支援のもとで進められました。さらに、G2P-Japanコンソーシアムの先生方、早稲田大学の浜田道昭先生、千葉大学の川崎純菜先生をはじめ、多くの共同研究者の皆様に厚く御礼申し上げます。加えて、情報解析スキルの向上に共に励んでくださったウイルス学若手統計勉強会、およびさまざまなイベント企画と共に立ち上げてくださった生命情報科学若手の会の皆様（特に芝井厚さん、西村瑠佳さん、今野直輝さん）にも感謝いたします。

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 亮輔（東京大学大学院新領域創成科学研究科／国立がん研究センター）

このたび、後藤修（最優秀口頭発表）賞という大変名誉ある賞を賜り、誠にありがとうございます。選考委員の皆様をはじめ、本大会の運営に携わってくださった関係者の皆様に、心より御礼申し上げます。また、日頃よりご指導を賜っております指導教員の山下理宇先生、土原一哉先生をはじめ、研究室の皆様に深く感謝申し上げます。

受賞研究「ベクトル情報に基づく空間トランск립トームの教師なしアノテーション」は、修士課程より主に取り組んできたテーマです。空間トランск립トーム (Spatial Transcriptomics : ST) は、組織内における遺伝子発現を切片標本上の座標情報とともに取得できる技術であり、がん研究においても急速に注目を集めています。免疫細胞などのマーカー遺伝子の分布や、既知のリガンドとレセプターの隣接関係から、がんと周辺細胞が形成する微小環境の構造を空間的に理解することが可能となっていました。一方で、STデータの解釈は、従来のシングルセル解析向けパイプラインや既存データベースへの依存といった課題も抱えており、今後さらなる発展が期待される領域です。

私がこの研究を始めた2023年当時は、国内外でも関連論文がほとんど存在せず、まさに手探りの状態からのスタートでした。国立がん研究センターという環境のもと、いち早くST技術に触れることができたのは大きなアドバンテージでした。医師の先生とも議論を重ねる中で、「STデータから、がん領域周囲に特異的に発現する遺伝子をすぐに見つけられ

るツールが欲しい」というニーズに応えるべく研究が始まりました。

その過程で、研究室の先輩である酒井俊輔さんを中心に、がん領域とその周辺を抽出するツール「SpatialKnifeY (SKNY)」(S: 酒井さん、K: 影山俊一郎先生、N: 野村、Y: 山下先生)

を開発しました。私はこのSKNYを基盤として、遺伝子発現の空間分布パターンを網羅的に分類し、新たなGO termのような指標を作れないかと考えました。時にはバイオインフォマティクスの枠を越え、地理情報学や都市工学の考え方も参考にしながら研究を進めてきました。最終的に本発表で紹介した、遺伝子分布パターンに基づいてがんの悪性度を分類する「Spatial Differentially Expressed Genes (DEG) analysis」の着想に至りました。

これまで研究室のメンバーと議論を重ねながら模索してきた過程を評価していただけたことを、大変嬉しく思っています。現在は論文投稿を進めつつ、本ツール(SpatialCompassV (SCOMV))をより多くの研究者にご活用いただけるよう改良を続けております。今回の受賞を励みに、今後も一層研究に精進してまいります。まだまだ未熟な身ではございますが、引き続き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（最優秀ハイライトトラック賞）

伊東 巧（東京科学大学大学院 医歯学総合研究科 博士課程1年 (AIシステム医科学分野)）

この度、2025年日本バイオインフォマティクス学会年会にて、後藤修賞（最優秀ハイライトトラック）を受賞いたしました。このような名誉ある賞をいただき、大変光栄に思います。

今回は、学部生時代から取り組んできた研究について発表する機会をいただきました。研究内容を短くまとめると、定量的代謝制御ネットワークの再構築のためのマルチオミクスデータ統合AIの開発です。個人的に考えるこの研究のポイントは、近年注目を集めているbiology-informed neural networkの代謝解析への応用です。たくさんの種類の分子の

データが網羅的に計測されるオミクスデータを用いた機械学習において、既知の生物学的情報（今回は代謝反応ネットワーク）をAIに与えることによって、より生物学的に妥当な予測を促進し、予測精度を向上させつつ、未知の制御関係も予測することができるということを示しました。



採択いただいたハイライトトラックでは、投稿済み論文の内容について17分間という比較的長い発表時間をいただきました。ゆえに、詳細でありながら聴衆を飽きさせないストーリー性をどう作るか、そして、学会のメインストリームとは少し異なる自分の研究をいかに分かりやすく説明するかが、私にとっての大きな課題でした。今振り返ると、最初に研究室内でリハーサルをした段階では、研究の内容や面白さが全く伝わらない発表だったと思います。そこから、研究室の皆さんにスライド1枚1枚まで丁寧にコメントをいただきながら修正を繰り返す中で、発表は少しずつ形になっていきました。本学会の発表準備に大変親身に付き合ってくださった研究室の皆様に、この場を借りて心より感謝申し上げます。ど

のようなストーリーで語れば面白さが伝わるか、どんな表現を使えば理解してもらえるかを考え抜いた経験は、自身の研究を俯瞰的に捉える力とプレゼンテーション能力を大きく成長させてくれたと感じています。

当日は幸いにも多くの方に発表を聞いていただくことができ、素晴らしい発表が数多くある中で最優秀賞に選んでいただけたことは、自分の実力以上の結果とは思いつつも、大変嬉しく、大きな励みになりました。

この受賞を糧に、今後も研究に励み、その成果を多くの人にとって分かりやすく、面白く発表できるよう、工夫を重ねていきたいと思います。

改めて、この度は誠にありがとうございました。

日本バイオインフォマティクス学会 後藤修賞（最優秀ポスター賞）

鈴岡 拓也（東京科学大学）

この度は、2025年日本バイオインフォマティクス学会年会において後藤修（最優秀ポスター発表）賞という栄誉ある賞を賜り、大変光栄に存じます。本大会の開催にご尽力くださいました運営委員会の皆様をはじめ、関係者の皆様方に心より厚く御礼申し上げます。

また、日頃より熱心なご指導と温かいご鞭撻を賜っております指導教員の清水秀幸先生に深く感謝申し上げます。そして、常に活発なディスカッションを通じて研究を支え、切磋琢磨し合える素晴らしい環境を与えてくださっている研究室の皆様にも、この場をお借りして心より感謝の意を表します。

今回、私は「メタラーニングを用いた少数データ環境下でのADMET予測フレームワークの構築」というタイトルでポスター発表をさせていただきました。

現代の創薬研究は、莫大な開発コストと長い年月を要し、その成功率は極めて低いという大きな課題を抱いています。新薬候補化合物が最終的に承認に至る確率は10%にも満たないと言われており、その開発中止の主な要因の一つとして、前臨床段階における薬物動態や毒性、すなわちADMET (Absorption : 吸収、Distribution : 分布、Metabolism : 代謝、Excretion : 排泄、Toxicity : 毒性) の評価が不十分であることが挙げられます。事実、臨床試験の段階に進んだ候補化合物のうち、実に40%以上がこのADMETに関連する予期せぬ問題によって開発中止に追い込まれているのが現状です。

特に、肝毒性に代表されるような重篤な毒性の評価は、医薬品の安全性を担保する上で極めて重要です。しかしながら、その評価は現在においても、依然として動物実験や最終的にはヒトを対象とした臨床試験に大きく依存しています。これらの手法は、倫理的な課題はもとより、多大なコストと時間を要するだけでなく、種差の問題から必ずしもヒトにおける

毒性を正確に予測できるとは限らないという限界も指摘されています。

こうした創薬プロセスにおけるボトルネックを解消するため、近年、計算機科学技術を活用して、化合物のADMET特性をin silicoで予測するアプローチが世界的に大きな注目を集めています。高精度な予測モデルを構築できれば、開発の初期段階で有望な候補化合物を効率的に選別し、問題のある化合物を早期に排除することが可能となり、創薬全体の効率化と成功率向上に大きく貢献することが期待されます。

しかし、従来のAIを用いた分子特性予測の手法には課題も存在しました。一般的なアプローチでは、ADMETの各特性（例えば、吸収率、代謝安定性、肝毒性の有無など）に対して、それぞれ個別の予測モデルを構築します。その際、事前学習済みの巨大な汎用モデルを、それぞれのタスクのデータセットを用いてファインチューニング（微調整）する手法が主流でした。このアプローチは、学習に利用できるデータが豊富に存在するタスクにおいては高い性能を発揮しますが、医薬品開発の現場では、特定の毒性に関するデータが極めて限られているケースが少なくありません。このようなデータが希少な（data-scarce）タスクにおいては、モデルがデータから十分な情報を学習できず、予測精度が著しく低下してしまうという問題がありました。

本研究では、この「データ希少性」という根源的な課題に正面から取り組み、限られたデータ下でも高精度な予測を実現するための新たなフレームワークとして、メタ学習（Meta-learning）に基づくADMET予測手法を提案いたし



ました。メタ学習はしばしば「学習方法を学習する (learning to learn)」アプローチと説明されます。個別のタスクを解くこと自体を目的とするのではなく、多様なタスク群を解く経験を通して、未知の新しいタスクに迅速かつ効率的に適応するための「汎用的な学習能力」や「知識の初期状態」を獲得することを目的とします。

具体的には、我々のフレームワークでは、データが比較的豊富なラットなどのヒト以外のADMETタスクをモデルに事前学習させることで、「新しい毒性タスクを効率的に学習するための最適な初期パラメータ」を探索させます。これにより、あたかも人間が様々な問題解決の経験を通して「学習のコツ」を掴み、未知の問題にも素早く対応できるようになるのと同様に、本モデルもデータが極めて少ない新規の毒性予測タスクに対して、わずかなデータ例から効率的に学習を進め、高い汎化性能を発揮することが可能となります。

ポスター発表では、本フレームワークをヒトのADMET予測データセットに適用した結果を示しました。その結果、従来型のファインチューニング手法と比較して、特にデータが少ないタスクにおいて予測精度が大幅に向上升すこと、そし

てデータ不足に起因する性能低下を効果的に抑制できることを実証いたしました。この成果は、これまでAIによる予測が困難とされてきた希少な毒性エンドポイントに対しても、信頼性の高い予測モデルを構築できる可能性を示唆するものです。これにより、創薬の初期段階における、より効率的かつ確実な新規薬剤候補化合物の選別が実現され、開発プロセス全体の高速化とコスト削減に繋がることが期待されます。

ポスターセッション当日は、多くの方々に足を運んでいただき、アカデミア・企業を問わず、様々な背景を持つ研究者の皆様から多角的な視点からのご質問や貴重なコメントを賜ることができました。特に、実用化に向けたモデルの解釈性や、他の創薬関連タスクへの応用可能性についてのディスカッションは、今後の研究の方向性を深化させる上で大変有益なものでした。この場を借りて、当日ご議論いただいた皆様にも心より感謝申し上げます。

今回の受賞を大きな励みとし、この栄誉に恥じぬよう、今後も一層研究に精進していく所存です。まだまだ浅学菲才の身ではございますが、今後とも皆様のご指導ご鞭撻を賜りますよう、何卒よろしくお願い申し上げます。

学会年会（IIBMP2025）開催報告

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 開催報告

大会長 白井 剛（長浜バイオ大学）

第13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 2025）は、「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Ver 2.0」をテーマとして、2025年9月3日から5日まで名古屋大学豊田講堂+シンポジオンで開催されました。

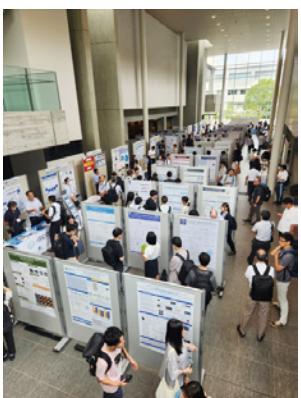
参加人数は、一般会員191名、学生会員62名、一般非会員227名、学生非会員66名、学部生以下57名、会場スタッフなどその他参加者95名で、合計600名を超える盛会となりま

した。研究報告としては口頭81件、ポスター175件の登録がありました。ご参加いただき議論を盛り上げて頂いた方々に、あらためてお礼申しあげます。また、あまりの盛り上がりに、最終日には台風5号も飛び入り参加したことにより、交通ダイア等の乱れによりご迷惑をおかけしたことをお詫びします。



ここからは、事後アンケート（有効回答161件）に基づいて簡単に本年会を振り返ってみたいと思います。本年会のマジョリティの参加者像は、年齢20代（35%）、非会員（50%、ただしJSBi会員47%と拮抗）、今回が初めての参加（50%）と少し意外な結果となりました。講演会場やブース配置を含めた会場については、評価する意見14件に対して、「せまい」、「IIBMPの枠組みに不適」など不満も2件ありました。

本年会は、基調講演を小谷 元子先生（東北大学）と門松 健治先生（名古屋大学）にお願いするなど、「越境」をテー



マとして開催しました。これには「バイオインフォマティクスが多様であることを実感できた」、「情報に閉じていない話が増えてよかった」など好意的な意見が見られた（9件）一方で、「何を目的とした学会か分からぬ」という意見も1件ありました。

また本年会は、ダイバーシティー・インクルージョン・キャリアパスおよび若手参加を全面に押し出した企画を多く開催しましたが、これについても、「BI人材をめぐるキャリアと多様性がとても良かった」、「コラボレーションギルド大変ためになりました」など評価する意見が多かった様に思います（13件）。これについては、否定的意見はなかったようです。

改善点の指摘としては、ポスターに関するものが最多（22件）で、特に「2階にもポスター掲示があることが分かりにく

くかった」という意見がありました（内8件）。ポスター会場は当初1階のみの予定でしたが、増設を重ねて2階を使わざるを得ない状況になったという経緯がありますが、周知が行き届いていなかった（よく考えたら、この件は要旨集のポスター配置図だけでしか分からなかった）点はお詫びします。

満足度は平均4.2（5段階評価）で、全体として好評であったようです。大会スタッフを労う声も多数頂きありがとうございます。私は元来いいかげんな人間なので、実行組織にお名前のあがつている方を含め、スタッフの力のみで本年会を開催できたと思います。各位に深くお礼申し上げます。来年度の年会（大会長：榎原康文先生）も何卒お引き立てのほど、よろしくお願い申し上げます。

IIBMP2025ナイトセッション「若手の刃 無限討論編」

野村 亮輔（東京大学大学院 新領域創成科学研究科）

阪口 双葉（名古屋大学大学院 情報学研究科）

星野 日出人（名古屋大学大学院 情報学研究科）



本セッションは、IIBMP2023ナイトセッション「君たちはどう生きるか」を踏襲し、パネリストを中心に自由に意見を交わすことを目的として企画されました。今年は、若い世代にも積極的に参加してほしいという思いから、よりキャッチャー

で親しみやすい形式としました。当日は、以下の7名をお館様（司会）および柱（パネリスト）としてお招きしました。

お館様：松井求先生（京都大学 化学研究所）

配列老柱：浅井潔先生（東京大学大学院 新領域創成科学研究科）



お館様と柱の方々。左から鎌田先生（生命情報デザイン柱）、永積さん（LLM柱）、武田さん（配列解析柱）、桑原先生（画像解析柱）、松前先生（進化生物柱）、浅井先生（配列老柱）、松井先生（お館様）

進化生物柱：松前ひろみ先生（東海大学 医学部）
 生命情報デザイン柱：鎌田真由美先生（北里大学 未来工学部）
 画像解析柱：桑原崇通先生（愛知県がんセンター 消化器内科）
 配列解析柱：武田淳志さん（早稲田大学 理工学術院、生命
 情報若手の会）
 LLM柱：永積輝さん（早稲田大学 理工学術院、ISCB RSG
 Japan）

今年も会場は満員御礼となり、笑いあり学びあり感動ありのセッションとなりました。本報告では、ダイジェスト版の形でその様子をお届けいたします。

第一話：柱合会議

山西芳裕先生（名古屋大学大学院 情報学研究科）よりお館様と柱の紹介からスタート

研究室の雰囲気について

松井先生（京都大学） 前半では、我々隊員が結束するために、研究する際のハードルとなる問題について全員で会議しようと思います。はじめに、研究室を取り巻く「環境」や「人間関係」についてです。ラボメンバーの研究に対する温度差やコミュニケーションの問題など、学生やPI（研究代表者）それぞれの立場から、気になることがある人も多いと思います。また、博士課程に進学した学生には、その理由も合わせてお聞きしたいと思います。

武田さん（早稲田大学 生命情報若手の会） 私の場合は、初めから「必ず博士課程に進むぞ」という強い気持ちがあったわけではありません。修士のときにちょうどコロナ禍が始まり、学会がすべてオンライン開催になるなど、物足りなさを感じていました。さらに就職活動も重なって、思っていたような研究生活が送れていなかったという背景がありました。また、SPRINGプログラムの支援が始まっている間に、金銭面の不安がなくなったのが大きかったです。

今の悩みは——うーん、卒業できるかどうかくらいですね(笑)。

永積さん（早稲田大学、ISCB RSG Japan） 私も博士に進むというより、就職するかどうかで迷った結果でした。就活

を進めるうちに「やっぱり研究の方が自分に合っている」と思って進学を決めました。うちはドライ系のラボなので、メンバーの多くがオンラインで作業しています。その分、リアルな交流が少ないのが少し寂しいです。

松井 鎌田先生は、まさに新しいラボを立ち上げられたばかりですよね。どんな雰囲気を目指されていますか？

鎌田先生（北里大学） はい、昨年に新設された学部（北里大学 未来工学部）に着任したばかりで、今は初の研究室配属が始まったところです。今の学生たちは「これをやりたい」という明確なビジョンを持っている人もいて、とても刺激的です。

桑原先生（愛知県がんセンター） 私は市中病院で働く医師ですが、若い研究者たちと一緒に研究もしています。医学生には、正直あまり研究が好きではない人もいます。稀にものすごく熱意のある人がいますけど。私自身は普段9時から18時までは医者として働き、そこから深夜まで解析する生活を送っています。ハードではありますが、退勤前にコードを流して翌朝結果を確認できるので、意外と医者の仕事との親和性は高いと感じています。

松前先生（東海大学） 人によりますが、うちでは週1回は対面で「生存報告」をしています。教員は忙しいので、学生がふらっと来てくれる方が話しやすいんですね。現在は、博士課程の学生1人、ポスドク、テクニシャンで構成されていますが、学部生はやはり定期的に顔を出すほうがいいと思いますね。

永積 ちなみに会場にいるうちのボス、清水先生も毎週「生存確認」をしてくれます（笑）。

清水佳奈先生（会場、早稲田大学） そうですね。オンラインでも必ず参加可能にして、学生とコンタクトを取れる環境を作っています。とはいえ、やっぱり魅力がないと学生は来ないので、そこは意識しますね。最近は飲み会が魅力にならないのが辛いですね…… 好評なのは2~3週に1回の勉強会で、毎回2~3時間やっています。学生同士で議論を回せる環境が理想だと思います。

浅井先生（東京大学） コロナ禍で「バイオインフォは家でもできる」と皆が気づいてしまった。ただ、ラボに来るのは「野菜を食べる」「運動する」と同じようなもので、短期的には面倒でも、長期的には絶対にプラスです。PIが努力するのはもちろんですが（私は自分でまかないを作っていました）、学生自身が環境を作ることも大事。ボードゲームでも何でもいい。周りを巻き込めば、自分にも必ず返ってくると思います。

独創的なテーマ／問い合わせの立て方とは

松井 次のテーマは「独創的な研究テーマ、そして問い合わせの立て方」です。これは学生の皆さんからよく聞く悩みでもあります。どんなきっかけでテーマを決めたのか、あるいはどう



第一話（柱合会議）の様子

やって自分の問い合わせたのかをみなさん伺いたいと思います。

永積 私はまず、ラボの人と気軽に話すことを心がけています。直接話してみると、自分では思いつかなかった視点が出てくるんです。あとは、バイオハッカソンのような場も積極的に活用しています。

武田 研究を進める上で大切なことは、生物学的な問い合わせ明確にあること、そしてそれを解決できる技術があることであると考えています。私が現在取り組んでいる「リピート検出」は、もともと30年前からある問い合わせなので、「なぜこの問い合わせたのか」という点で特に迷いはありませんでした。

松前 学生時代は、正直けっこう迷走していました（笑）。文献をとにかく読み漁って、自分の中に“知識の貯金”をつくっていました。ポスドク時代はノウハウが詰まったラボにいたので、自分の蓄積と組み合わせることでテーマを練っていきました。

松井 どうやって研究テーマを最終的に決めたんですか？

松前 私は長考派なんです。すぐに成果を出すよりも、10年単位でじっくり考えたいタイプ。「学際研究をしてください」と簡単に言われても、そんなにすぐできるものじゃないですよ。分野ごとに同じ言葉でも意味が違うことが多いので、そこをすり合わせるだけで3か月くらい議論したことあります。

浅井 PIの成功体験なんて自分には当てはまらないと考えています。そういうやり方を真似しようとする人は、そもそも独創的な発想にはたどり着けない。ただ、富田先生の話をヒントにするなら——「バイオインフォマティクス」という分野がまだなかった頃、何も知らないまま生物に踏み込んだので、あらゆる発想が独創的だったんですよね。知識ゼロで直感的な挑戦して、あとでしっかり勉強するというのも一つの選択肢なのかも知れません。ただ本当は、独創的なアイデアは自分の中から湧き出るものであってほしいですが。

富田勝先生（会場、慶應義塾大学 名誉教授） 最近の若い人们は、とにかくすぐ答えを知りたがるんですよ。「90分で何でも作っていいよ」と言うと、「何を作ればいいですか？」って聞かれる。私たちの時代——昭和の頃は、仕事がサークル活動みたいなもので、無休でも徹夜でもみんな楽しそうにやっていました。今は企業にもラボにも、そういう熱気が少なくなっている気がします。でも、別に全員が尖った人間である必要はありません。ムードメーカーでもいいし、支える人でもいい。それぞれが自分らしく働ける空気の中からこそ、本当の独創性が生まれると思っています。

第二話：ライフサイエンスの未来へ

バイオインフォという刀をどう使うか

松井 後半では、BI（バイオインフォマティクス）が抱える

“鬼”のような課題をいくつか取り上げたいと思います。BIがこれから立ち向かっていくべき問題や、生命科学の中でどのような立ち位置にあるのか——そんなテーマを中心に話していきます。

また、AIがさらに普及していくなかで、BIの「刀」を扱える人が増えていくとしたら、私たちBI研究者はどんな役割を果たすべきなのか、皆さんと一緒に考えてみたいです。

桑原 知識をただ鵜呑みにするのか、それとも自分の頭で考えるのか——ここが大事な分かれ道ですよね。医師の多くは情報学的な知識や背景にあまり詳しくないため、査読が適当になってしまうケースもあります。その結果、正直あまり役に立たない論文が通ってしまうことも。持っている知識の前提が異なるというのは大きな課題で、そのギャップをどうやって埋めていくかが、今後の鍵だと思います。

鎌田 以前は医学科のデータサイエンス部門に所属していました。その経験からも、やはり異分野の方々と対等に議論できる関係性を築く姿勢が何より大切だと感じました。

松前 気になっているのは、日本のBIに長期的なビジョンが見えにくい点です。今のままで下請け的なポジションにとどまってしまう。研究が長期的な目標の一部として位置づけられれば、BIはもっと独立した存在になれるはずですが、「夢を語る人」が少ないのが現状ですね。

会場からの質問 Wet研究者の立場から見ると、解析してもらっても「生物学的に正しいのか」という議論になることがあります。Dry研究者とは解釈が異なることもあります。同じテーマを共有しながら、共通理解を築くことは可能でしょうか？

松井 今の話にも出たように、異分野間のコミュニケーションには課題が多いですよね。では、そうしたギャップを埋めるために、どんな能力が求められるのでしょうか。

浅井 今朝の基調講演でも話がありましたが、数学の研究者と生物の研究者は、なかなか話がかみ合わない。共通部分だけを話すのではなく、お互いの分野をきちんと理解する努力が必要です。PIだけでなく、学生自身も幅広い分野を学ぶ姿勢が大事。ただ交流するだけでなく、理解を深めることが重



第二話（ライフサイエンスの未来へ）の様子

要だと思います。

松井 例えは、「ゲノム支援」などの制度がありますが——

浅井 そうですね。ゲノム支援に関して言えば、残念ながらBIを“無料の測定機器”的に扱う研究者もいます。共著にも謝辞にも名前を載せない、そんなこともあります。

そうならないためには、単なる“依頼解析”ではなく、Dry側の哲学に基づいて解析を行う姿勢が必要です。きちんと自分で取捨選択できる人は多くありませんが、自分のスタンスを明確にすることが何より大切だと思います。

松井 この点について、浜田先生はいかがですか？

浜田道昭先生（会場、早稲田大学） 私は自分の仕事を“下請け”だとは思っていません。

むしろ「バイオロジーって面白い」と感じながら取り組んでいます。生物学の知識を身につけ、出てきた結果をもとに議論する——そういうやりとりが本当に楽しいんです。

もともとは数学一筋で、生物なんて大嫌いでした（笑）。でも、今勉強するとその緻密さや美しさに感動します。これからも、そうした面白さを感じながらwet研究者と議論を続けていきたいと思います。

松井 企業の皆さんにも伺いたいのですが、BIが“下請け的な解析”を担うことが多い現状や、その扱いの軽さについて、どのように感じいらっしゃいますか？

回答者（会場） 私たちも解析系の受託を行っていますが、委託者の方々が“ただ作業をしてほしい”と思っているわけではないと感じます。むしろ、解析結果から新しい視点や問い合わせを生み出してほしいという潜在的な期待があるように思います。

BIは研究を支える立場として、相手が理解できる形で結果を伝える努力が必要ですし、同時に委託する側もBIの視点をある程度理解できるようになることが大切だと感じています。

桑原 企業の方と打ち合わせをしていると、「このノウハウでは儲からないからやらない」とはつきり言われることがあります。ただ、それを明確に言わずにお茶を濁されると、余計にモヤモヤしてしまいます。正直に伝えてもらえる方が、お互いに気持ちよく議論できると思ってしまいます。

会場 商品開発の提案もしていますが、実際のところ「あると便利」程度のものが多く、100のうち3件あるかどうかというニーズ感です。既存のプラットフォームや提携先をうまくリクルートして開発コストを抑えられればいいのですが、なかなか思うように進みません。

世界との差を埋めるには

松井 近年、AlphaFold や ChatGPT などの革新的な技術が海外から次々と生まれています。なぜ日本では同じようなブレイクスルーが生まれにくいのか？そして、その差を埋めるにはどうすればよいのか皆さんと一緒に考えてみたいと思います。

松前 確かに、日本の経済は厳しい状況にあります。ただ、大企業と基礎研究がうまく連携し、企業が利益を上げることで、その一部が研究に還元される——そんな循環を作ることが大切だと思います。また、研究者としては、アメリカやヨーロッパがまだ取り入れていない考え方を積極的に取り入れる姿勢を意識しています。

鎌田 とても難しい問題です。自分のやりたいことと、世界で勝つことは必ずしも一致しません。「世界と戦う」ことを意識しすぎるよりも、自分の研究に共感してくれる企業と協力して良いものを生み出すほうが建設的ではないでしょうか。

つまり、“やりたいことを全うできる環境”をつくることこそが大切だと思います。

桑原 画像解析の分野では、アメリカや中国の技術力が圧倒的です。ソフトやハードでは勝てないかもしれません、データの質では勝てると思っています。日本のデータは非常に丁寧で、現場の精度が高い。この強みを活かして解析を進めれば、十分に勝機があります。

ただし、医師と研究者の交流がまだ少なく、そのポテンシャルが活かしきれていないのが現状です。

松井 今のお話を受け、片山先生に「データベースのあり方」についてお伺いしたいです。

片山俊明先生（会場、ライフサイエンス統合データベースセンター 特任教授） そもそも世界との差って本当にあるのでしょうか？私は、日本は負けていないと思っています。世界の最前線で対等に議論している日本人研究者はたくさんいます。

大切なのは、一緒に研究を進められる仲間を一人でも多く増やしていくことです。それが、世界と「競う」のではなく「共に進む」ための第一歩だと考えています。

浅井 世界とのギャップを埋めるために、日本には足りないものが二つあると思います。

一つはアカデミアと産業界の乖離です。博士号取得者をもっと企業が積極的に採用することが理想ですが、難しい場合は研究者自身が独立した研究拠点を作るのも一つの手です。

研究は、長期的な視点と分野の広がりがあれば投資以上の成果を生みます。

もう一つは、日本特有の「本音と建前の乖離」です。アカデミアは理想を追求し、インダストリーは利益を追求する——これは矛盾ではありません。本音の部分で両者が手を取り合うことができれば、再び“ジャパンクオリティ”を取り戻せると信じています。

会場（アメリカ在住のポスドクの方） アメリカで研究して感じるのは、日本の研究制度の良さです。アメリカでは資金が尽きると研究室を閉じざるを得ませんが、日本ではある程度の安定があり、じっくり研究を続けることができます。

ただし、アメリカのPIは徹底的にプロジェクトを分業化しています。多くのラボが協力して、50本もの論文をまとめてジャーナルに持ち込むこともあります。こうしたシステム

ティックな運営を、日本でもマニュアル化できる可能性があると思います。

松井 確かに、アメリカではプロジェクト運営が非常にシステム的ですね。これは日本でも実現可能なのでしょうか？

片山（会場） 正直、まだそこまで真似できていません。ただ、私は「資本主義に科学が飲み込まれている現状」に違和感を覚えています。研究者が生き残る手段としては理解できますが、それが本当にクリエイティブなのか？もっと自由に、自分の特性や幸福を追求できる研究環境があつていいと思います。

その意味で、鶴岡の環境は素晴らしいです。大学のポストがありつつ、周囲にベンチャー企業が集まり、研究者が自らの技術を社会に活かせる場所がある。それは、アメリカシリコンバレーでも難しい形です。日本では研究者が人生をかけて研究しても、10年後に雇用がない——そんな状況を変えない限り、再び技術で経済を立て直すのは難しいでしょう。

松井 最後に、今後の展望についてお聞かせください。10年後、どのような未来を描いていますか？

畠田（会場） 「鶴岡は5年後どうなっているのか？」とよく聞かれますが、正直わかりません。でも、それでいいと思うんです。たとえばHMTが上場したのは2013年ですが、5年前の2008年には誰も想像していませんでした。未来は読めないからこそ、面白い。

そして、“世界との差”とは結局数字で評価されるもの。ならば、既存の指標に縛られず、新しい分野や学会そのものを生み出せばいい。日本人はどうしても既存の物差しの上で競おうとしますが、もっと自由でいい。「適当にやる」くらいが、実はちょうどいいのかもしれませんね。

開幕

松井 本日はありがとうございました。それでは最後に柱から一言ずつもらって終わりにしておきます。

永積 本日は色々なお話ができて非常に有意義でした。ありがとうございました。

武田 来年から企業で働くので、そのような方も交えて今後のPIの話ができるとかってあります。ありがとうございます。



闇幕の様子

桑田 BIの方々とお話しできる非常に貴重な機会をいただいて、ありがとうございました。これからも声をかけていただけますと嬉しいです。

鎌田 こういう場が非常に大事であると感じました。来年のIIBMPでもこのような機会を作っていくらと思います。ありがとうございました。

松前 前回よりも有意義に進めることができました。特に、
フロアからの質疑が多くてよかったです。ありがとうございました。

浅井 ChatGPTでもそうですが、こういう会で人間は言語で考える生物であると改めて考えさせられました。皆さんもぜひコミュニケーションを大切にしてください。ありがとうございました。

松井 改めまして、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、本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。企画制作を行なった3名からも感想を記します。

野村亮輔 2年前のナイトセッションでは、会場整理として参加していました。好評だったセッションであつただけに、今回の企画では参考にできる点が多く、大変助かりました。開催にあたっては、多くの方々にご協力いただき、本当に感謝の気持ちでいっぱいです。また、参加者の方々から「面白いセッションだった」との言葉をいただき、非常にやりがいを感じました。今回、学生が主体となって企画したセッションを遂行させることができたのは、大きな収穫であったと思います。

阪口双葉 運営者としては、スライドの作成に夢中になるあまり研究が滞ることもありましたが、会場の反応を見て、力を入れてよかったですと感じました。参加者としては、分野の異なる研究者や企業の方々がそれぞれ異なる視点や経験をもつており、非常に興味深いと感じました。

星野日出人 BIを中心としたお話をになると予想していましたが、現在の研究の課題や今後の研究に対する向き合い方を変える様々なご意見をお聞きすることができ大変参考になりました。自分はアイキャッチとスライド作成を担当しましたが、パワポでアイキャッチ風にする動画を参考にしました。ナイトセッションの準備にあたって会場の雰囲気的にも滑らかないか不安でしたが、上手くいって一安心です。

最後になりますが、本企画を進めるにあたっては、IIBMP2025実行委員長の白井剛先生をはじめ、実行委員の山西芳裕先生、山下理宇先生、齊藤友紀さん、塩生真史さん、塙生くららさんには、特にお世話になりました。また、会場

整理などでサポートいただきました、東京大学山下研究室の大平正貴さん、名古屋大学山西研究室の郷遙香さん、鈴木竣也さん、森山裕雅さんに、この場をお借りして心より感謝申

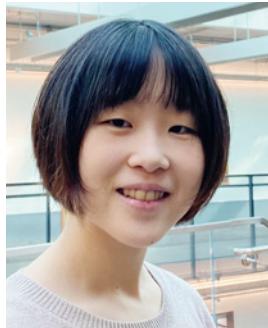
し上げます。ありがとうございました。これからも、日本バイオインフォマティクス学会を盛り上げていくために微力を尽くす所存です。引き続き、どうぞよろしくお願ひいたします。

IIBMP2025生命情報科学若手の会企画 「バイオインフォマティクス研究コラボレーションギルド」開催報告

大平 正貴、栗原 恒子、酒井 俊輔（東京大学大学院新領域創成科学研究科／国立がん研究センター）

田原 悠也（筑波大学ヒューマニクス学位プログラム）

嶺井 隆平（長浜バイオ大学バイオサイエンス学部バイオデータサイエンス学科）



バイオインフォマティクスは、ゲノム解析、画像認識、構造予測など、専門性・技術が細分化され、医学・農業・環境といった多様な分野へと応用が広がっています。

一方で、技術を生み出す「開発者」と、それを活用する「利用者」、さらに異なる分野の研究者同士が出会い、語り合う機会はまだ限られています。多様な技術や発想が交わらないまま埋もれてしまう——そんな現状も少なくありません。

こうした課題を踏まえ、生命情報科学若手の会では、分野間の分断を越え、互いの専門性をつなぐことを目指し、「ギルド」という発想から本企画を立案しました。これはつまり、様々な分野の発表者による各種課題に対し、IIBMP参加者がそれぞれのバイオインフォマティクスの「武器」を持ち寄り、どのように解決できるか、というコンセプトです。これを実現するため、多様な職種の発表者を募り、Wet研究者の中嶋智佳子先生、永田隆平先生、Dry研究者の川崎純菜先生、医師の横井亮磨先生、企業から片山侑駿さん、学部生の井澤満さん、高校生の木本愛佑琶さんにポスター形式でご発表いただきました。

セッション中は40名を超える参加者が会場に集まり、活発な質疑応答や名刺交換が行われるなど、終始熱気に包まれました。分野を超えた意見交換の中で、将来的な共同研究の可能性を感じさせる議論も多く見受けられました。たとえば、Wet研究者がモデル生物選択の難しさについてDry研究者と



図1：ギルドイメージ図



図2：開催中の様子（左）、クエストボード（右）

議論し、新たな解析アプローチの着想を得たり、高校生が第一線で活躍する研究者と議論し研究の入口を体感したりと、具体的で実りのある交流が展開されました。また、患者由来の組織検体の解析に関して、医師の着眼点に対してどのようにバイオインフォマティクスを活かせるかの議論や、Dry研究者同士による専門性の高いディスカッションも展開されました。こうしたやり取りを通じて、参加者それぞれが自らの専門性を他分野にどう活かせるかを考えるきっかけになったことを願っております。

セッションの最後には、白井剛先生（IIBMP2025実行委員長・大会長、長浜バイオ大学バイオサイエンス学部バイオデータサイエンス学科）および福永津嵩先生（慶應義塾大学理工学部）先生より講評をいただきました。お二人からは、バイオインフォマティクス分野における異分野融合の重要性や、積極的なコラボレーションの意義について、ご自身の経験を交えたお話をいただき、多様なバックグラウンドを持つ研究者が対話することの価値を改めて実感する時間となりました。

今回の企画は、2025年3月に構想を立て、約半年をかけて準備・実施に至りました。私たち若手の会の運営メンバーにとって、学会の一企画を立ち上げることは容易ではなく、企画内容の検討から発表者の調整、当日の運営まで、多くの試行錯誤を重ねました。その中で、多くの方々のご協力に支えられながら、貴重な経験を得ることができました。

特に印象的だったのは、発表者の募集にあたり、生命情報科学若手の会の横のつながりを活かし、脳科学若手の会、生化学若い研究者の会、生物物理若手の会、細胞生物若手の会、免疫学学生の集いなど、さまざまな若手の会に声をかけたことです。その結果、普段IIBMPには参加されない分野の研究者にもご発表いただくことができました。

今後も、生命情報科学若手の会として、今回形成した若手研究者ネットワークを活かし、他分野との連携を深めながら、バイオインフォマティクス分野のさらなる発展に貢献できましたら幸いです。

最後になりますが、本企画を進めるにあたっては、



図3：集合写真

IIBMP2025実行委員長・大会長の白井剛先生、プログラム委員の山下理宇先生、アドバイザーの齊藤友紀さんをはじめ、会場運営にご尽力くださった岩崎裕貴先生、塩生真史先生、

塩生くらら先生、IIBMP2025実行委員の先生方、ご登壇いただいた発表者の皆様、そしてご参加くださったすべての皆様に心より感謝申し上げます。

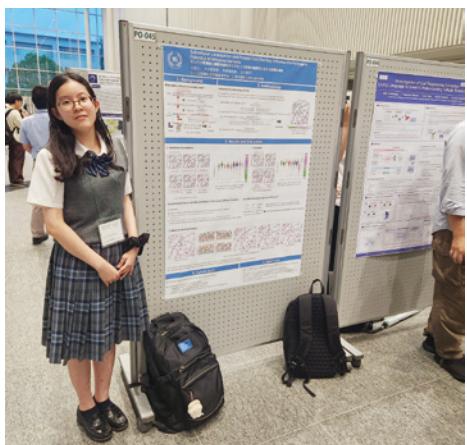
IIBMP2025 参加体験記

木本 愛佑琶（三田国際科学学園高等学校2年）

三田国際科学学園高等学校2年の木本愛佑琶です。アミノ酸残基の変異と疾患との関連性について研究しています。今回学会に初めて参加させていただき、生命情報科学若手の会による企画、バイオインフォマティクス研究コラボレーションギルドにて発表させていただきました。

私はアミノ酸残基が変異した際に疾患が発症することにどのような影響が及ぼされるのかをテーマに研究を行っておりました。特に金属イオンと結合するタンパク質に注目しました。生体内で重要な機能を持つ金属イオンである、カルシウムイオン・亜鉛イオン・鉄イオンと結合するタンパク質を対象としました。どのようなアミノ酸残基が他のアミノ酸残基に変異した時に疾患発症との関連が高くなるのか、関連が高くなる理由としてどのような要素が考えられるのか、データベースを解析して確かめようとしています。アミノ酸変異によって疎水性が大きく変化すると疾患発症との関連性は高まるが、そのような変異は少ないことがわかりました。Cysが変異すると85%以上が疾患と関連していました。これはジスルフィド結合の形成と強く関連していると考えました。

変異するアミノ酸だけではなく周囲のアミノ酸残基との関係に意味があるのでと仮説を立て、一次配列上で変異したアミノ酸を原点とする相対位置が-5から5にあるアミノ酸分布を調べました。カルシウムイオン結合タンパク質と亜鉛イオン結合タンパク質で変異が確認されたCysの周辺では特異的な傾向があることがわかりました。どちらも配列モチーフに由来するもので、前後3番目に位置する場所において、カルシウムイオン結合タンパク質ではGlyが、亜鉛イオン結合タンパク質ではCysが多く分布することがわかりました。



今後配列モチーフに由来する変異に絞ることで疾患との関連が高いかつ普遍的であるものとしてこれから的研究に対して有効だと考えました。

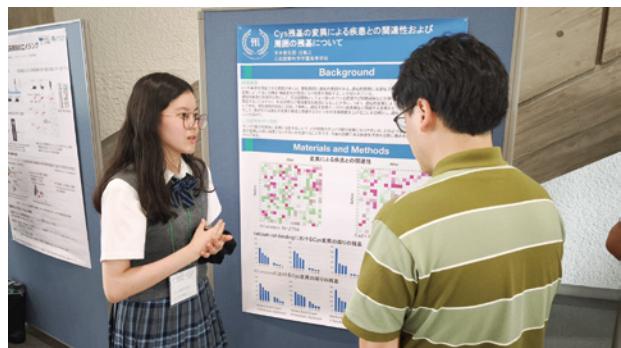
以上のことを発表した結果、参加者の方々からたくさんのアドバイスをいただきました。立体構造の観点から見る話であったり、配列モチーフらしき傾向は見られたけどそれが実際配列モチーフに当たる部分なのかをデータベースを使って改めて検証するなど、自分一人では思いつかなかった観点・方法を教えていただきました。アドバイスとコメントによって研究の道筋がぼやけず目的に向かいやすくなつたと感じました。

学会の会場では、皆さんの発表も聞かせていただきました。ご自身が研究してきたことの意義がしっかりとしていて、研究の目的や結果に自信を持ってる方が多く、活気が溢れていたことが印象的でした。これからもこういった学会という場で研究発表をしたいと強く思いました。

指導教官からの振り返り

辻 敏之 三田国際科学学園高等学校 教頭・MST部長

近年、様々な学会が高校生部門を設置し、高等学校で行われている探究・研究活動による発表の場を提供している。この取り組みは学術分野の裾野を広げる施策として非常に優れたものである。本校の生徒もいろいろなところに参加し、発表させていただいている。生徒たちは学会という場の空気を感じ、ポスターや講演を聴いて学術分野への憧れを抱ききっかけになっている。しかしながら、生徒たちは良くも悪くも「高校生」として丁重に取り扱っていただけてしまう。この



点についてかねてより指導者として引っかかりがあった。より真剣に議論したり、ツッコンでいただけたりしてくれたらいいのになと思っていた。

このたび、生命情報科学若手の会の皆様の企画「バイオインフォマティクス研究コラボレーションギルド」にお声かけいただき、参加させていただいた。研究としてはまだまだなところが多いが、企画のコンセプトには合致していたようだった。多くの方が真剣に考え、アドバイスしてくださり、

論理の穴について指摘してくださいました。生徒と一緒にポスターの前で考えている方が多くいたことが印象的だった。

生徒は本当にかけがえのない経験をした。私自身も修士の頃から参加しているバイオインフォマティクス学会・生命意訳情報学会会員の皆さん的研究に対する姿勢や想いを再確認させていただいた。研究に対する姿勢を正さなければ感じ、背筋が伸びる思いだった。本当にありがとうございました。今後はサボらず参加させていただきます。

楽しいRNA道場

浅井 潔（東京大学大学院新領域創成科学研究科）

RNA道場は、毎年夏に開催しているRNAインフォマティクスの研究会です。今年は長崎で8月19日から26日まで23人が参加して行われました。この会議の最大の特徴は、1週間泊まり込んで、参加者全員が発表することです。発表・議論には十分な時間を取り、夕方以降は夜のセッション（懇親会）でも語りあいます。今年は新たな試みとして、毎日の発表者（4名程度）だけを決め、自由な順番で各自が話したいだけの長さで話してもらう方式が採用されました。質疑を交えながら3時間講演する人もいて、最高に充実した道場になりました。

このRNA道場は、3年に1回スペインのピレネー山脈の保養地で開催されてきたBanasque RNAのスタイルを踏襲することを目指しています。Banasqueはスペインのピレネー山脈の保養地で、公共のセミナーハウスを借り切って2週間にわたってミーティングが行われます。1日2セッションのシングルトラックで、午前が11時から13時まで、午後が18時から20時までという、超ゆるやかなタイムテーブルです。残りの時間と間の土曜・日曜をどう過ごすかは自由で、セミナーハウスの10以上ある小部屋で自由に研究、ディスカッションなどができます。50名強のRNAインフォマティクスの研究者が参加しますが、世界のトップクラスのエキスパートが勢揃いして、マニアックなアルゴリズムの話から、実験に近い発表まであります。

私たちがRNA道場を開始したのは2014年の夏で、その源流は2011年に遡ります。2011年の3月の震災の後、お台場の産総研CBRCの活動拠点にしていた私は、夏の節電の要請を乗り切るために、産総研北海道センターのある札幌で長期の研究会合宿をやろう、と提案しました。「次世代バイオインフォマティクス研究会」と銘打って、東大浅井研と産総研メンバーが中心となって、1週間の研究会を行いました。参加者全員が必ず1回は発表し、1日中議論し、夜は毎晩懇親会、という濃密な時間を過ごしました。

RNAの研究会としては、慶應の金井昭夫先生、千葉工大の河合剛太先生らが中心となって「新しいRNAを見つける会」の研究会宿がかつて開催されていたのですが、この頃には無くなっていました。RNA道場は、これらの研究会の成功体験を引き継ぐ形でRNAインフォマティクスの非公開会議として企画しました。2005年度～2009年度に実施されたNEDO「機能性RNAプロジェクト」終了後、RNAインフォマティクスに特化したディスカッションに飢えていたメンバーを中心に、ウェットの研究者も招待して2014年に開催を始めました。新型コロナ感染症流行以降に再開した2022年からは、ホテルなどの会議室を1週間借り切って、毎年開催場所を移しながら開催しています（2022年宮崎、2023年、2024年札幌、2025年長崎）。

RNA道場が優れている点はいくつもあるのですが、RNAインフォマティクスに特化したテーマで、1週間たっぷりと時間を取り、参加者全員が発表するという形式が、議論の密度と質を高めていることが最大の魅力です。数式やアルゴリズムの実装の細かいところまで納得いくまで時間を気にせず議論できます。また、未発表のアイデアも惜しみなく披露されて、参加者は最新のアイデアと成果に触れることができます。

最近のトレンドとしては、なんと言っても深層生成モデル



(Transformer、Diffusion Modelなど)ですが、RNA配列設計も大きなテーマとなっています。RNA配列設計で逆フォールディング問題だけでなく、mRNA、RNAアプタマー

などの最適設計が大きなテーマとなったこと、の活用が増えたことが挙げられます。

ウイルス若手統計勉強会のご紹介

伊東 潤平（東京大学医科学研究所）

概要

ウイルス研究のビッグデータ化が急速に進む中、ウイルス学と情報科学の両方に精通した人材の育成が急務となっています。ウイルス若手統計勉強会（通称うい統計）では、ウイルス学分野の若手研究者が情報科学（特に統計モデリング・機械学習）を学ぶことを目的とした勉強会です。本会では、オンライン輪読会（週1回開催）および研究交流会（不定期開催）を行っています。本会は、バイオインフォマティクスの基礎を学んだ方が、より高度な情報科学の知識を体系的に身につけレベルアップすることを目的とした会です。「ウイルス若手」と銘打っていますが、分野を問わずどなたでも歓迎します。ウイルスの話題はほとんど出てきません。ご興味のある方はぜひ伊東までご連絡ください。

ウイルス若手統計勉強会ウェブサイト

<https://sites.google.com/view/viruswakate-stat>

勉強会の内容

統計モデリングや機械学習に関する教科書やレビュー論文の輪読を、週1回オンラインで行っています（19:00～20:00、曜日は不定）。輪読する教科書は、現在の本が終盤に差しかかる頃に参加者間で相談して決めています。筆者（伊東）が

次に学びたい分野の本を提案したり、参加者から希望を募ったり、時期によっては初学者が取り組みやすい教科書を選ぶこともあります。

バイオインフォマティクスのスキル向上には、その基盤となるデータサイエンスの理解が不可欠だと考えています。そのため本会では、バイオインフォマティクスの教科書よりは、統計モデリングや機械学習の教科書を中心に勉強しています（図1）。



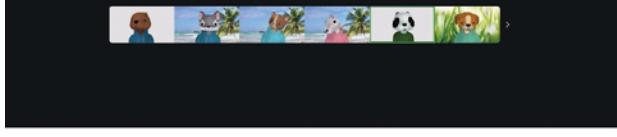
勉強会の雰囲気

全体的に緩やかな雰囲気の会です（図2）。教科書1章分を1人の担当者が1回で紹介するペース・解像度で進めています。数式が難解な箇所や細かすぎる部分は、発表者の裁量で適宜省略してもらっています。講師はすべてボランティアで担当しているため、研究時間を圧迫しないよう、発表資料の準備は最小限の労力で行うことを推奨しています。

Slackチャンネルには2025年10月時点で64名が参加しています。来る者拒まず、去る者追わずのスタイルで運営して



図1 これまで輪読した教科書。



確率的プログラミング言語（PPL）のおさらい

- 確率的プログラミング言語：統計モデルを記述するためのツール
本書で紹介されているツールは全てPython上で動くライブラリの位置付け
 - PyMC
 - Pyro
 - NumPyro
 - TensorFlow Probability (TFP)
 - GPyTorch
- PythonやJuliaなどの言語の標準機能のみを使って実装するには、
以下のような課題が存在する

- 数理的知識が必要となる。→ module化されている
- 実装するための手間や時間が非常にかかる。→ 自動微分などの機能が搭載されている
- アルゴリズムの実行効率（速度、メモリ）の改善が難しい。→ GPUを使う

図2 勉強会の風景。ハロウィンでもないのに、この日はなぜか参加者がバーチャル仮装しています。

おり、興味のある回のみ聴講する方も多いため、毎回の参加者はおよそ10名程度です。

想定する対象者

参加者としては、基本的な確率統計の知識と、PythonまたはRによるデータ解析のスキルを持つ方を想定しています。これからデータ解析を始めたい方や、すでに統計・機械学習に詳しい方の参加も歓迎です。ただし、まったくの未経験者には、本勉強会に参加する時間を基礎学習に充てた方がタイプが良いため、まず基礎スキルを身につけてから参加することを推奨しています。具体的には、以下の書籍を読んだことのある方を主な対象層としています。

- 確率・統計：『データ解析のための統計モデリング入門』
(岩波書店)
- プログラミング (R) :『Rではじめるデータサイエンス』
(オライリー・ジャパン)
- プログラミング (Python) :『Pythonによるデータ分析入門』(オライリー・ジャパン)

設立の経緯

本会は2021年5月、筆者・伊東がウイルス学ネットワークの若手研究者数名とともに設立しました。そのため「ウイルス若手」という名前になっています。

当時の伊東のスキルは上記3冊を修了した程度で、統計モデリングや機械学習の知識は限られていきました。当時の伊東の研究を振り返ると、大規模解析や独自の特徴量（トランスポゾンの発現定量やAPOBECによる変異蓄積の定量）に基づき新規性を出すという研究スタイルをとっていました (Ito et al., 2020, PNAS; Ito et al., 2020, Sci. Adv.)。しかしその研究スタイルに限界を感じ、本格的にデータサイエンスを

学び始めました。一人で勉強するのは寂しいため、同じ志を持つ若手研究者と一緒に学ぼうと本会を立ち上げました。

勉強してよかった教科書の紹介

ここからは、勉強してよかった教科書を筆者・伊東の独断と偏見に基づき紹介します。

StanとRでベイズ統計モデリング（共立出版）

確率プログラミング言語Stanを用いたベイズ統計モデリングの教科書です。単なるhow-to本に留まらず、統計モデリングとは何か、ベイズ統計の意義、どのような考え方でモデルを構築すべきかといった本質的な内容が明快に整理されています。扱うモデルは線形モデルや一般化線形モデル、階層モデル、トピックモデル等の離散モデル、状態空間モデルなど多岐にわたります。実践的なtipsや悩みどころまで丁寧に網羅されており、モデリング経験を積んでから再読すると共感する内容も多いです。参加者の間でも「研究に最も役立った本」との声が多くありました。余談ですが、本書はアカデミックライティングの面でも非常に優れており、読んでいて楽しい教科書です。自分が教科書を書く際にはお手本にしたいと思います。

大規模言語モデル入門（技術評論社）

タンパク質言語モデルなどTransformersを研究に取り入れるメンバーが増えてきたため選びました。本書は自然言語処理を中心に解説していますが、生物配列解析に応用可能なアイデアが多数含まれています。Transformerの基本構造や代表的なタスク（文書分類、自然言語推論、意味的類似度、固有表現認識、要約生成）を幅広くカバーしています。

入門 統計的因果推論（朝倉書店）

統計的因果推論にはPearl流とRubin流がありますが、本書はPearl流を初学者向けに解説した教科書です。Pearl流は、有向非循環グラフを用いて因果構造を仮定し、介入 (do演算) を通じて因果効果を推定する枠組みです。本書では、統計モデルと因果モデルの違い、グラフィカルモデルの考え方と応用、介入効果、反事実推論などをバランスよく扱っています。

公共データの再解析では、実験を行った当初には想定されていなかった発見を見出すことが重要です。この偶発的発見の多くは関連として見出され、この発見の因果を検証するためのデータ、すなわちランダム化比較実験の結果は取得されていないことが普通です。そのため、観察データから因果効果を推定する因果推論の考え方は、公共データの再解析と非常に相性が良いと考えています。まだ本書で学んだ内容を研究に直接活かせていないので、今後研究成果として供養したいです。

終わりに

本会は、バイオインフォマティクス初学者がより高度なデータサイエンス技術を身につけるための勉強会として続けてきました。設立から5年を迎え、今後は少しずつ方向性を広げていきたいと考えています。

第一に、ウイルス分野に限らず、さまざまな分野の若手研究者にも参加を促していきたいです。特に私は2026年4月から大阪大学微生物病研究所バイオインフォマティクスセンターにて新たに研究室を立ち上げるため、積極的に大阪大学および関西圏の方を会に取り込んでいけたらと考えています。第二に、不定期開催のオンライン／ハイブリッド形式の研究会をもう少し定期的に開催したいと考えています。第三に、勉強会で得た知識を研究へ応用するノウハウを共有し合うことも重要だと感じています。せっかく勉強したのに役立てられていない、という声が意外と多いようです。今後は教科書の輪読と関連論文の輪読を組み合わせ、理論を学んだ後

に実践例を学ぶ方式を考えています。第四に、中級者向けの勉強会だけでなく、初心者向けイベントの開催も検討しています。需要が多いのは断然こちらのようです。ただし、勉強会は利他精神では長続きしないと考えており（本会は私自身が学びたいから主宰しているというのが本音です）、初心者向けイベントについては企画者へのインセンティブ設計を工夫する必要があると思います。学生リクルートなどと組み合わせることで可能かもしれません。興味のある方はぜひ一緒に企画しましょう。

最後に、これまで継続的にご参加いただいている皆様、特にボランティアで講師役を引き受けてくれている方々には心より感謝申し上げます。輪読会はひとりではできないため、本会は参加頂いている皆様あっての会だと認識しています。JSBi会員をはじめ、さまざまな分野からのご参加をお待ちしています。

国際学会参加報告

第33回Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB)

難波 里子 (名古屋大学 大学院情報学研究科 複雑系科学専攻 日本学術振興会特別研究員 (PD))

第33回Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB) が2025年7月20日から24日に、ザ・ビートルズゆかりの地として知られるイギリス・リバプールで開催されました（写真1・2）。ISMBはバイオインフォマティクス分野における最高峰の国際学会で、毎年多くの国や地域から研究者が集まります。今年は500を超える口頭発表と500～1,000件のポスター発表が行われ、参加者は2,300人を超えるました。私は2022年以来、毎年オンラインで参加しており、今回は4回目の参加となりました。イギリスを訪れるのは初めてでしたが、多くの学びと刺激に満ちた貴重な経験となりました。本稿では、その様子をお伝えします。

新型コロナウイルス感染症を契機に2022年以降、オンラインとオンラインのハイブリッド形式で開催されており、今年も同様の形式で行われました。口頭発表はライブ配信され、終了後にはオンデマンド配信されました。そのため、時間帯が重なった発表や自身の発表と重なったセッションも、後から聴くことができました。ポスター発表は、ショート動画とPDFポスターがオンラインで閲覧できました。私はオンラインで興味のある発表をチェックした上で、現地で直接議論するという戦略を取りました。多くの海外研究者と交流し、情報収集だけでなく人的ネットワークを広げる有意義な機会となりました。特に、連絡先交換にはLinkedInを活用する場面

が多く、普段から更新していたことが多いに役立ちました。

会期の1週間前からは、最新の解析手法やツールを学べるTutorialが開催されました。「マルチオミクス解析のための量子機械学習」や「ゲノム配列解析のための表現学習と特微量エンジニアリング」、「空間トランスクリプトームデータの細胞間コミュニケーション解析」など、オンライン8件、オンライン9件の計17テーマが用意されていました。私はドイツのFritz Lipmann Institute on Aging主催「メンデルランダム化を用いた因果分析入門」とイギリスのUniversity of Glasgow主催「知識抽出のための生物医学テキストマイニング」に参加しました。前者では、ゲノムワイド関連解析データを活用した疫学・生物医学研究におけるメンデルランダム化解析について、理論から実践まで体系的に学びました。後者では、生物医学テキストマイニングや自然言語処理 (BioNLP) の基礎から応用までを学び、ハンズオンではTransformerモデルや大規模言語モデルの実装を体験しました。いずれも有料ではありますが、独学では得難い知見を理論・実践の両面から学べる貴重な機会であり、十



分に参加価値があると感じました。

会期中は研究分野ごとに「Communities of Special Interest (COSI)」のセッションが設けられており、私は主に「Machine Learning in Computational and Systems Biology」および「Critical Assessment of Massive Data Analysis」に参加しました。昨年は自然言語モデルや生成AIに関する研究発表が目立ちましたが、今年はマルチモーダル学習やハイブリッドAIモデルなど、多様な手法・データ形式が見られました。また、変異の影響予測や機能設計、実験条件の最適化など、生物・医療応用を強く意識した発表が増えており、研究の方向性が「モデル構築」から「応用・統合」へと広がっている印象を受けました。自然言語モデルの強力を認めつつも、従来手法との融合を重視する姿勢が見られた点も印象的でした。

基調講演では、2024年ノーベル化学賞受賞者のJohn Jumper氏 (Google DeepMind) と David Baker氏 (University of Washington) による講演が特に注目を集めました。AlphaFoldが幅広い分野に応用されるに至った背景には、応用現場を意識した創意工夫と継続的な努力があることを実感しました。また、Swiss-ProtやCellosaurusの開発で知られるAmos Bairoch

氏 (SIB Swiss Institute of Bioinformatics) の講演からは、黎明期からデータベース構築に尽力した先見性を感じました。さらに、Fabian Theis氏 (Helmholtz Munich) によるシングルセルデータや脳オルガノイドアトラスに関する講演も非常に刺激的でした。Theis氏の論文を日頃から拝読していたため、現地で講演を聴けたことは感慨深い経験でした。そのほか、Charlotte Deane氏 (University of Oxford) やJames Zou氏 (Stanford University) らの講演も大変有意義でした。

私は「TRESOR: a disease signature integrating GWAS and TWAS for therapeutic target discovery in rare diseases」という題目で、TransMedセクションのAbstract Trackに採択され、口頭発表を行いました（写真3）。希少疾患や難治性疾患を対象に、治療標的分子を予測する機械学習手法を提案する研究です。質疑応答では反省点もありましたが、次回への改善につなげたいと思います。発表後には興味を持ってくれた研究者との議論も行うことができ、有意義な時間となりました。

ISMB2025での交流は非常に刺激的で、今後の研究への意欲をさらに高める契機となりました。一方で、イギリスの食文化に慣れなかつたり、宿泊先の鍵が頻繁に故障したりと、国際学会ならではの苦労もありました。また、円安の影響もあり、滞在費や食費の負担は小さくありませんでしたが、日本からの参加者が今後さらに増えることを願っています。最後になりましたが、本研究を進めるにあたりご指導くださった山西芳裕教授（名古屋大）と岩田通夫准教授（九工大）、



写真1：会場の写真。



写真2：会場周辺にあるかつて世界遺産「海商都市リバプール」として知られた歴史的建築物群。



写真3：口頭発表時の様子。

そして初めて国際学会に参加以来お世話になっている夏目や
よい先生（医薬基盤・健康・栄養研究所）に、心より感謝申
し上げます。さらに、本稿への寄稿の機会をくださいました

尾崎遼先生（理研・筑波大）をはじめ、JSBi関係者の皆様の
ご支援に深く感謝申し上げます。

地域部会・公募研究会活動報告

北海道地域部会

佐藤 昌直（北海道大学農学研究院）

今期の活動としては、第3回北海道バイオ“Mix-up”が2025年9月29-30日に北大農学部にて農学研究院の佐藤昌直を世話人として開催しました。伊東潤平先生（東京大）、和多和宏先生（北大）の特別講演のほか、共催各社のテクニカルセミナー、および10件の一般講演と26件の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。北海道では非会員、バイオインフォマティクスを研究対象としない研究者のバイオインフォマティクスへの分野への関心は高く、北大情報科学研究院、農学研究院、理学研究院、工学研究院、環境科学研究院、医学研究院、薬学研究院、遺伝子病制御研究所、人獣共通感染症国際研究所、電子科学研究所、および北海道大学以外にも道内外から合計91名が参加しま

した。学会員間の交流を深めつつ、この土壤を如何に耕していくかが北海道地域部会としての今後の重要な取り組みの1つであることが改めて浮き彫りになりましたと捉えています。今後もこのような啓蒙、草の根活動を地道に進め、バイオインフォマティクスの北海道の生命科学研究への浸透を図り、北海道でのバイオインフォマティクス研究を盛り上げていきたいと思います。



九州地域部会

井上 健太郎（宮崎大学工学教育研究部・JSBi九州地域部会長）

2025年4月より、前任の竹本和広先生（九州工業大学大学院情報工学研究院）より九州地域部会の部会長を引き継がせていただきました。私は宮崎大学に着任して、もうすぐで9年が経ちます。宮崎大学では学部を跨いだ研究も重要と考えており、学内の共同研究が盛んに行われています。私も医学部や農学部の先生方と共同研究を進めています。JSBiニュースレターのNo.46でご紹介いただきました生命情報学勉強会では、JSBi会員の著名な先生方の講演に教員や学生だけでなく、副学長や病院関係者の方も参加され、宮崎においても最

新のバイオインフォマティクス研究に関心が高いです。

そこで、2026年3月に宮崎での九州地域部会セミナーを宮崎大学の生命情報学勉強会と共に開催を計画しております。九州地域部会セミナーの宮崎の開催は2017年以来で、前回同様に発表者の募集をしたいと考えております。発表者と宮崎地域の研究者の交流の機会を作りたいと思います。詳細はJSBiのマーリングリストでお知らせしたいと思いますので、九州の皆さんだけでなく九州外の皆さんもご発表・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）

2025年8月1日、東京農工大学において第10回質量分析インフォマティクス研究会公開ワークショップを日本質量分析学会スペクトルデータ部会との共催で開催いたしました。今回は「生物の複雑さに挑む質量分析インフォマティクス」と題して、2件の招待講演、ハンズオンセミナー、ポスター発表の構成で行い、46名の方にご参加いただきました。招待講演として、熊本大学の荒木令江先生からは「融合プロテオミクスによるがん幹細胞の分化ダイナミクスと治療標的の解析」という演題でご講演いただきました。続いて、研究会世話人の山本からは「質量分析インフォマティクスの視点からエンリッチメント解析を考える」という演題で講演いたしました。また、「シン・MassBankデータリポジトリ利用講習会」として、新潟大学の高橋悠志先生および奥田修二郎先生より、メタボロミクスのリポジトリであるMB-POSTの利用方法について、ハンズオン形式の講習会を実施していただきました。

さらに、前回に引き続き、ポスターセッション兼ミキサーを開催しました。ミキサーはポスターセッションのコアタイム90分を含

む150分という長時間の設定でしたが、最後まで非常に活発な議論が交わされました。ベストプレゼンテーション賞には、愛媛大学の松田哲平さんによる「RNA質量分析のための解析支援ツールの開発」、名古屋大学のBingyuan Zhangさんによる「ML-guided mass defect-based glycopeptide classifier for next-gen glycoproteomics」、そして東京農工大学の澤井敬太さんによる「同位体標識とMS/MSネットワークによる甘草代謝物の構造解析」が選出されました。いずれの発表も独創的かつ完成度の高い内容であり、選考委員の満場一致での受賞となりました。

最後に、次回の第11回ワークショップも2026年の開催を予定しております。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・発展させてまいりますので、引き続きご支援・ご参加をよろしくお願いいたします。



Bioconductor Carpentries 日本語ワークショップ

西田 孝三（理化学研究所 生命機能科学研究センター）
 後藤 直久（大阪大学 微生物病研究所 附属バイオインフォマティクスセンター）
 福島 敦史（京都府立大学大学院 生命環境科学研究科）



西田 孝三



後藤 直久



福島 敦史

Bioconductor コミュニティの活動として、2025年8月5日から2日間、大阪大学 微生物病研究所 融合型生命科学総合研究棟にて第1回のCarpentriesワークショップを、2025年9月11日から2日間、京都府立大学 京都三大学教養教育研究・推進機構 稲盛記念会館にて第2回のCarpentriesワークショップを (Zoomとのハイブリッド形式で) それぞれ開催しました。

BioconductorはバイオインフォマティクスのためのオープンソースのRパッケージ集であり、オープンサイエンスのコミュニティでもあります。本ワークショップは、Bioconductorの教材を日本のみなさんに日本語で広めることを目的としたものになります。その教材はBioconductorのトレーニング委員会によって作られており、Bioconductorの基礎を紹介するコースや、RNAシークエンシングデータ (RNA-seq) の分析に焦点を当てた上級コースが含まれています。その教材を用いた教育の詳細は <https://doi.org/10.1371/journal.ncbi.1012925> でご確認いただけます。

The Carpentriesは、計算スキルを効果的に教えるための教育法に特化した組織であり、Bioconductorは2022年8月からThe Carpentriesのメンバー組織となっています。またこのBioconductorとThe Carpentriesの協力に伴う、世界中のコミュニティへの現地言語での教育はChan Zuckerberg Initiative (CZI) のEssential Open Source Software for Science (EOSS) の1プロジェクトとして助成を受けています (<https://chanzuckerberg.com/eoss/proposals/delivering-high-quality-bioconductor-training-for-a-worldwide-community/>)。

今回のワークショップはBioconductorの日本のコミュニティがCZIのEOSSの一環として企画しJSBiと共に催した、「日本語での」 Bioconductorのワークショップとしては初めての試みになります。

第1回、第2回共にワークショップのインストラクターは西田が担当しました。西田はBioconductorのコミュニティ諮問委員会のメンバーであり、教材の翻訳のワーキンググループのメンバーでもあります。第1回の第1日目ではデータ分析を行うにはどのようなデータ管理を行えばよいか、R言語のtidyverseというパッケージ群を用いてどのようなデータ操作や可視化が効率的に行えるか、といったことをライブコーディングというスタイルで参加者全員が手を動かすことで学んでいただきました。また第1回の第2日目ではBioconductorパッケージのインストールや、GenomicRangesといった基礎パッケージの利用方法を学んでいただきました。続く第2回は上級コースとしてRNA-seq解析のワークフローを（リードカウント行列の定量プロセスを除き）、一通りライブコーディングしました。第1日目には発現変動遺伝子の抽出 (Differentially expressed

The screenshot shows a web page titled '遺伝子セットエンリッチメント解析' (Gene Set Enrichment Analysis). The page includes a sidebar with 'EPISODES' and 'OVERVIEW' sections, and a main content area with 'Questions' and 'Objectives' sections. The 'Questions' section lists several questions related to gene set enrichment analysis, such as '遺伝子セットエンリッチメント解析の手法について' (How does gene set enrichment analysis work?) and '遺伝子セットエンリッチメント解析の手順について' (What are the steps of gene set enrichment analysis?). The 'Objectives' section lists objectives like '遺伝子セットエンリッチメント解析の手法について学びます' (Learn about the methods of gene set enrichment analysis) and '遺伝子セットエンリッチメント解析の実施方法について学びます' (Learn about the implementation methods of gene set enrichment analysis).

第2回に用いた教材 (bioc-rnaseqという名の教育モジュールの日本語訳版)

genes=DEGs解析)に至る手前の前処理を、第2日目はDEGs解析とその結果の解釈のためのエンリッチメント解析をライブコーディングしました。

第1回は現地では約3名、オンラインでは約45名にご参加いただき、第2回は現地では約6名、オンラインでは約45名にご参加いただきました(長時間開催のため日時により参加者数に変化がありました)。

本ワークショップの開催にあたり、共催させていただいたJSBiや各会場の関係者、そして多くの参加者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。本ワークショップは今後も継続し改善を試みますが、参加者の皆様が教わるだけでなく教えることによって本活動の輪の拡大を行っていただけますと幸いです。教材はどなた様もご利用いただけます。ご興味を持たれた方はぜひ<https://www.bioconductor.org/help/support/>をチェックし、Bioconductorのコミュニティに加わっていただけますと幸いです。



京都府立大学で開催された第2回ワークショップの様子

生命情報科学若手の会 第17回年会

竹内 峻平 (東京大学大学院新領域創成科学研究科 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3年)

2025年9月19日から21日、理化学研究所神戸キャンパスにて生命情報科学若手の会・第17回年会を開催いたしました。ポスター発表や生命情報科学分野のディスカッションといった例年の企画を継承する一方で、今年は新たな試みを取り入れた年会となりました。

一つ目は、コロナ禍以降で初の関西開催となったことです。昨年、一昨年と関東での開催が連続したことから、参加者層の多様化を目的として今年は神戸で開催しました。その結果、新規参加者が全体の50%以上を占め、多様な参加者の交流を促進できました。二つ目は、研究室見学の企画を追加したことです。理化学研究所での開催を活かして、最先端の研究施設を見学しました。高橋恒一先生の研究室では汎用人型ロボット「まほろ」を見学し、実験自動化の最先端を体感しました。大浪修一先生の研究室では、充実した顕微鏡設備や研究室設備の工夫についてご紹介いただきました。招待講演では、京都大学の松井求先生にバイオインフォマティクス分野の科学哲学についてご講演いただきました。大浪先生にはご自身の研究内容に加えて、大学院生活ひいては研究生活への向き合い方についてご講演いただきました。先生方のお話は非常に魅力的で、講演後や懇親会の場でも活発な議論が行われました。



竹内 峻平



田原 悠也

このような年会を開催できたのは、共催いただいたJSBiをはじめ、多くのスポンサー企業や助成金関係各位のご協力の賜物です。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考えていますので、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、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！

日本のバイオインフォマティクス研究室

京都大学 化学研究所 バイオインフォマティクスセンター 阿久津研究室 田村グループ

Ziwei Yang (京都大学 大学院情報学研究科 博士課程3年)

The Tamura Group is one of the research groups in the Mathematical Bioinformatics Laboratory (Akutsu Lab) at the Bioinformatics Center, Institute for Chemical Research, Kyoto University. Led by Associate Professor Takeyuki Tamura, the group currently includes three doctoral students and one research student from diverse academic backgrounds such as computer science, biology, and chemistry, creating a truly interdisciplinary environment.

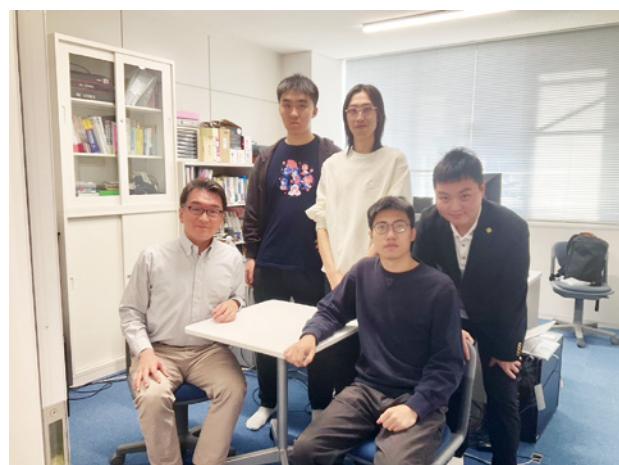
The group's main research theme is mathematical metabolic engineering, focusing on computational methods for optimizing genome-scale metabolic models. A key goal is to develop algorithms and databases for designing gene deletion strategies that enable growth-coupled production in metabolic models. Representative projects include the development of MetNetComp, a database that provides simulation-based data on maximal and minimal gene deletion strategies for achieving growth-coupled production of designated target metabolites in constraint-based metabolic networks, as well as a series of studies applying machine learning and deep learning to explore new data-driven approaches for computational strain design.

The Tamura Group maintains an open and collaborative atmosphere where each student pursues an independent doctoral project while actively sharing progress and insights. Equipped with top-tier CPU and GPU resources for all group members, the group operates as a fully dry lab. Weekly seminars are held jointly with the Akutsu Lab to present recent research and papers, and group members meet individually with Professor Tamura for detailed discussions of their projects. Frequent interactions with visiting students and researchers from countries such as

China, Taiwan, the UK, and Ireland provide valuable opportunities for international exchange and collaboration.

A distinctive feature of the group is its strong emphasis on global research engagement. The group has a tradition of participating annually in leading international conferences on metabolic model analysis, and students regularly present posters and talks at related conferences both in Japan and abroad.

Professor Tamura encourages independent research, guiding students through weekly discussions that cover everything from research ideas to detailed methods and paper writing. This balanced approach—hands-on when needed yet allowing autonomy—helps students develop both technical skills and the ability to formulate impactful scientific questions.



東京科学大学 生命理工学院 佐藤研究室

築山 翔（東京科学大学 生命理工学院 助教）

佐藤研究室は、東京科学大学・大岡山キャンパスにある、2024年8月に立ち上がった新しい研究室です。メンバーは教授の佐藤健吾先生と助教の私に加え、研究員2名、学生8名（修士2名・学部6名）という構成になっています。生命現象の背後にある複雑なメカニズムを情報科学・データサイエンスの力で解き明かすことを目指しており、日々、最先端のアルゴリズム開発やデータ解析に取り組んでいます。

具体的な研究テーマは多岐にわたりますが、特にRNAの二次構造および三次構造予測、RNA設計、健康診断データや医療データを用いた疾患予測モデルの構築など、生命情報を構造・機能・疾患といった多様な視点から探究しています。これらの研究では、統計学や機械学習・深層学習の手法と、生物学の知識を融合させ、計算的アプローチによって生命の仕組みを数理的に理解することを目指しています。特に、佐藤研究室では単に既存のツールを使うだけでなく、自ら新しい解析手法を提案・実装する点が大きな特徴です。私自身もRNAの三次元構造予測を専門としており、深層学習やシミュレーションを活用した新しいアプローチの開発に取り組んでいます。また、これらの研究では膨大な計算資源を必要とするため、東京科学大学のスーパーコンピュータ「TSUBAME4.0」を活用しており、高度なシミュレーションの実行や機械・深層学習モデルの構築を行っています。

研究室の雰囲気は非常に開放的で、学生・研究員・教員の距離が近いのが魅力です。交流・談話スペースもあり、学生や研究員が自由に議論したり雑談したりできる環境が整っています。毎週のゼミでは、研究進捗の共有に加え、論文紹介や最新研究の議論を通して新たな発想が生まれています。学



生・研究員・教員が互いに刺激を与え合う貴重な場であり、私も教員という立場ではありますが、多くのことを学んでいます。また、多くのメンバーが学会で積極的に発表を行っており、そこで得た最新の知見や他分野からのアイデアをゼミに持ち帰り共有することで、新たな発想や研究の発展につながっています。来年度は、国内外から博士課程・修士課程の学生や研究員が新たに加わる予定であり、さらに国際的かつ多様なバックグラウンドを持つメンバーが集う研究室へと発展していくと考えています。

新しい研究室ならではの自由度と活気の中で、学生一人ひとりが自らの関心を追求しながら、生命科学と情報科学の融合領域に挑戦しています。自分の手で新しいアルゴリズムを生み出し、未知の生命現象を数理的に理解する——佐藤研究室は、そんな知的探究心を持つ人にとって理想的な環境です。

学会からのお知らせ

名誉会員記の授与

2025年9月3日（水）の第13回生命医薬情報学連合大会・
2025年日本バイオインフォマティクス学会年会において、
本法人に特に功績があり、名誉会員に就任いただいた清水謙

太朗会員、冨田勝会員に、名誉会員記を授与いたしました。
(以上、2025年度通常総会にて承認)



2026年日本バイオインフォマティクス学会年会・第14回生命医薬情報学連合大会

IIBMP2026を「生成AI時代にバイオインフォマティクスがつなぐライフサイエンスコミュニティ」をテーマに、神奈川県相模原市で開催することになりました。

バイオインフォマティクスは、膨大な生命データを情報科学の力で解析し、生命科学や医薬学の発展を支えてきました。近年の急速な生成AIの進化により、生命現象を理解し予測

する力はこれまでにないほど高まっています。その一方で、過度な期待や検証不足の課題も見られ、いま改めて生命情報学のあり方が問われています。

本大会では、バイオインフォマティクスがこれまで担ってきた異分野をつなぐ架け橋としての役割を振り返りつつ、次世代を担う研究者とともに、変化し続ける学問の姿について語り合い、新たな共同創造の場となるコミュニティを築き直す契機とすることを目指します。

ぜひ、皆様のご参加をお待ちしております。

榎原 康文・鎌田 真由美
(北里大学 未来工学部)



開催概要

日 程：2026年8月26日（水）～8月28日（金）

会 場：小田急ホテルセンチュリー相模大野（神奈川県
相模原市）

大会長：榎原 康文（北里大学 未来工学部）

実行委員長：鎌田 真由美（北里大学 未来工学部）

プログラム委員長：佐藤 健吾（東京科学大学・生命理工学院）

学会の現況

有効会員数（2025年11月現在）正会員：910名 学生会員：328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 2025年度役員一覧

会長	浜田 道昭 (早稲田大学理工学術院)
副会長	大林 武 (東北大学大学院情報科学研究科)
地域部会長	遠藤 俊徳 (北海道大学大学院情報科学研究院) 北海道地域部会
	木下 賢吾 (東北大学大学院情報科学研究科) 東北地域部会
	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
	井上健太郎 (宮崎大学工学教育研究部) 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	大林 武 (東北大学大学院情報科学研究科)
	荻島 創一 (東北大学高等研究機構 未来型医療創成センター/東北メディカル・メガバンク機構)
	川崎 純菜 (千葉大学大学院医学研究院)
	齋藤 裕 (北里大学未来工学部)
	榎原 康文 (北里大学未来工学部)
	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 (慶應義塾大学理工学部)
	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)
	大上 雅史 (東京科学大学情報理工学院)
	沖 真弥 (熊本大学生命資源研究支援センター)
	笠原 浩太 (塩野義製薬株式会社)
	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)
	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)
	寺本 礼仁 (中外製薬株式会社モダリティ基盤研究部)
	遠里由佳子 (立命館大学情報理工学部)
	蒔田由布子 (前橋工科大学工学部)
	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)
監事	小貫 律子 (埼玉県立がんセンター臨床腫瘍研究所)
	角 俊輔 (東京大学定量生命科学研究所)

賛助会員一覧

(2025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
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 情報基盤事業部 NBDC事業推進室
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バスウェイソリューションズ
三井情報株式会社

特定非営利活動法人 日本バイオインフォマティクス学会 第33回理事会議事録

日 時 2025年9月2日（火）13：30～17：30

場 所 名古屋大学 豊田講堂3階 第三会議室、オンライン

出席者 浜田道昭理事長、大林武副理事長、川崎純菜理事・幹事、齋藤裕理事・幹事、榎原康文理事・幹事、白井剛理事・幹事、夏目やよい理事、福永津嵩理事・幹事、松井求理事・幹事、山下理宇理事、大上雅史理事・幹事、笠原浩太理事・幹事、河口理紗理事・幹事、五斗進理事・幹事、寺本礼仁理事・幹事、遠里由佳子理事・幹事、蒔田由布子理事、松本拡高理事・幹事

(表決書提出) 該当者なし

以上 18名出席扱い

オブザーバ 山西芳裕幹事、中井謙太幹事、浅井潔幹事、尾崎遼幹事、松前ひろみ幹事、清水佳奈幹事、鎌田真由美幹事、有田正規幹事、遠藤俊徳北海道地域部会長、池松真也沖縄地域部会長、小貫律子監事、角俊輔監事、事務局総務 齊藤友紀

議長 浜田道昭理事長（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s-1 ISCB担当幹事 ISCB分担金活用内規の制定について

(報告事項参照資料)

別紙h-1 JSBi Bioinformatics Review幹事 報告事項

別紙h-2 総務幹事 審議事項議事録・総務幹事 2024年度会員統計

別紙h-3 会計幹事 2024年度決算修正・2025年度中間報告

別紙h-4 研究会幹事報告

別紙h-5 ダイバーシティ推進担当幹事 報告事項

別紙h-6 ISCB幹事 報告事項

別紙h-7 活性化幹事 報告事項

別紙h-8 会長報告

別紙h-9 関西地域部会「第36回バイオメディカル研究会」報告・質量分析インフォマティクス研究会報告

別紙h-10 連携幹事 報告事項

浜田理事長、大林副理事長より第33回理事会開催にあたって挨拶があり、議事録署名人として松井求理事、河口理紗理事が指名され、満場異議なくこれを承認した。

議案

〈審議事項〉

第一号議案 ISCB分担金活用内規の制定について

山西幹事より、別紙s-1に基づいて今回の分担金の経緯について説明があった。分担金の使用用途についてISCB-RSG Student CouncilメンバーのISCB会費をこの分担金から支出することについて決定された。その他内規の方針についてはおおよそ賛同を得られたが、文言等について見直しの必要があり、今後修正案をメール審議で理事会に諮り、内規として正式に制定することになった。

〈報告事項〉

【各幹事、会長からの報告（カッコ内は報告者）】

1 JSBi Bioinformatics Review(松本理事・幹事)

松本理事・幹事より別紙h-1に基づき現在までの発行状況と今後のスケジュールについて報告があった。執筆者、査読者とともに幹事が選任・依頼しているが、理事からもそれぞれの適任者を紹介してほしい旨依頼があった。また国内より国外からのアクセスが急激に増えているが、これについてはbotが含まれている可能性もあるため統計情報の詳細を再確認することになった。

2 認定試験（笠原理事・幹事）

笠原理事・幹事より、2025年度第一回認定試験の開催報告があった。また、問題集の制作も問題なく進んでいることが報告された。

3 年会（浅井幹事、白井理事・幹事、榎原理事・幹事）

2025年度年会長である白井理事・幹事より、現在までの参加申し込み状況等について報告があった。2026年度年会長である榎原理事・幹事からは、テーマ、開催時期と場所の決定について報告があり、それについてテーマは「生成AI時代にバイオインフォマティクスがつなぐライフサイエンスコミュニティ」、会期は8月26日～28日、開催場所は小田急センチュリーホテル相模大野であることが説明された。

次に浅井幹事より、2027年度の年会開催地および年会長については現在検討中ということで、近日中に理事MLでの報告ならびにメール審議で決定したいとの説明があった。

4 総務（中井幹事）

中井幹事より別紙h-2に基づき、会員数等の統計情報（2025年7月末時点）・メール審議（2025年3月～2025年9月）について報告があった。

5 連携（鎌田幹事）

鎌田幹事より、別紙h-10に基づき連携幹事の活動方針・職務の内容についての報告(協賛・後援の承認フロー簡略化)、生物科学学会連合での活動報告、今年のJSBiと他学会との連携活動について報告があった。連携幹事の活動と職務については内規としておいたほうがよいとの意見が出たため、現在の覚書をそのまま内規へ流用し、制定することになった。

6 北海道地域部会長報告（遠藤地域部会長）

遠藤地域部会長より、今後予定されている地域部会の活動として9月29日～30日に公募研究会を行うことが報告された。

7 若手（大上理事・幹事）

大上理事・幹事から本年度のOJP-JSBI Prizeの選考と受賞者について報告があった。

候補者の推薦人数が少ないと、以前より懸念事項としてあったが、これについて活性化幹事との意見交換を行ったことが報告された。

8 会計（大林理事・幹事）

昨年度開催した国際会議APBJC2024の会計について、税金等の修正および修正分の納税を行ったことが報告された。

また中間報告について説明があり、問題なく執行および管理ができている旨報告があった。年会の会計業務について、独立会計に近い扱いで今まで行われてきた面があるが、来年の年会からは学会事業の1つとしての会計という扱いで会計業務をしていただけるよう関係者間で意識のすり合わせが必要ということで、今後実施することとなった。

9 研究会（河口理事・幹事）

河口理事・幹事より、別紙h-4に基づき、2025年度公募研究会の開催報告・2025年度後期公募研究会の採択報告があった。2026年以降の公募研究会の支援体制について、業務の簡素化の観点も含め現在の主催・共催の体制から助成金とする方向で検討したい旨説明があった。助成金とした場合に、会計としては寄付金収入として処理可能かどうか等、会計幹事から学会顧問会計士へ確認することとなった。助成金として支援を行うか否かは次回公募研究会募集時より前に理

事MLにてメール審議の上進めることとなった。なお、今回の変更による規約の変更等は無い。

10 ダイバーシティ推進（松前幹事）

松前幹事より、IIBMP2025にてランチョンセッションを開催すること、別紙h-5に基づき男女共同参画学協会連絡会での活動および議論について報告があった。前回理事会で審議事項としてあがっていた輪番制の幹事問題については、連絡会側でも調整が続いており、学会として早急な結論を出す必要がないとの説明があった。

11 ISCB (山西幹事)

山西幹事より、別紙h-6に基づきISCBでの理事としての活動について報告があった。2029年ISMBの開催地を韓国することについてサポートレターの依頼があったこと、また同じアジア圏としてISMBの日本誘致の賛否、およびこれに関係して学会として行動すべきことが理事間で議論された。この誘致にも関連して山西幹事がFaculty AdvisorとなりISCB-RSG Student Councilを起ち上げたこともあわせて報告された。Student Councilの扱いについては、JSBiの下部組織とするか否かについて議論がなされたが、ISCBからの分担金を当該組織の支援に充てる計画であり、Student Councilの位置づけについて継続して検討することになった。

12 活性化（川崎理事・幹事）

川崎理事・幹事より、別紙h-7に基づき活性化幹事としての職務の範囲について、また学会の各種活動についての提案がなされた。OJP-JSBi Prizeについてはまずは年会の閉会式で募集のアナウンスをすることで会員への周知に繋げられるかを見ることになった。年会で授与する各賞の数設定や演題発表投稿のルールについては、様々な意見が出たが会費の改定や動画コンテンツを増やす事も含め、引き続き活性化幹事で検討することとなつた。

13 会長（浜田理事長・幹事）

浜田理事長より、別紙h-8に基づき学会の事業として辞典の改訂検討、事務局体制の今後の見通しについて報告があった。辞典については時代に即した別の形での事業などを検討することとし、事務局の体制については学会支援機構と総務事務局がそれぞれ持続可能な形での運営となるよう業務について長期的に検討することとなつた。

14 公墓研究会（資料回覧のみ）

2025年3月から8月までに行われた公募研究会で、報告書の提出があったものを別紙h-9として回覧した。

15 監事からのコメント（小貫監事、角監事）

小貫監事より、今回学会運営に際して国内外の活動をより活性化するための方策等が議論されたことに関連し、他分野の研究者が参加したくなるような年会になるといいという意見が出された。角監事からは、学会運営に関して理事・幹事間での意見交換、議論が活発になされている点について評価できるとのコメントを頂いた。

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。

2025年9月2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 浜 田 道 昭 印

議事録署名人 松 井 求 印

議事録署名人 河 口 理 紗 印

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/>



超高速メタボローム 定量解析ソフトウェア

MITSUI KNOWLEDGE INDUSTRY

100検体以上の質量分析データのピーク処理を
一斉に実行し大規模定量比較解析を実現します

 MetaboAlign



- 保持同一成分の保持時間を自動で補正
- ノンターゲットアライメント機能を搭載
- あらゆるデータに対応
 - 測定手法 : SRM, PRM, DDA, DIA, Full Scan
 - 分離手法 : GC, LC, CE
 - フォーマット : マルチベンダー対応

三井情報株式会社
バイオヘルスケア営業部
bio-contact-dg.mki.co.jp



日本バイオインフォマティクス学会ニュースレター第48号

発行日 2026年1月27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 浜田道昭)

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

今号では、昨年のIIBMP2025関連の記事が多く掲載されており、受賞報告や企画報告記事、さらにはポスター発表をした高校生（！）による参加報告を読んでいただくと、IIBMP2025の盛り上がりが思い出されるかと思います。IIBMP2026は8月に神奈川県相模原市にて開催されるとのことでこちらも楽しみです。

また、今号では、RNA道場とウイルス若手統計勉強会といった特定のテーマにフォーカスしたコミュニティ活動を紹介しています。さらに今号から、バイオインフォマティクス分野の研究室の数の拡大を受け、「日本のバイオインフォマティクス研究室」のコーナーでは複数の研究室を紹介することにいたしました。まだまだ寒い日が続きますが、多彩な記事を読んで乗り切っていただけますと幸いです。
(尾崎・松本)

2020年頃からのコロナ禍から早6年、年会も現地開催に戻り、国内外の出張もほぼ元通りになって皆様お忙しくされているかと思います。同じ頃、羽田空港への着陸ルートが15時～19時の都心上空を通るルートになりました（一部）。運用が始まった頃は「ここは博多か？」と思うような大きな機体が、事務局（総務）がある医科研（港区白金台）上空を着陸体制で飛行し、航空会社のロゴマークまではっきり見えてそれは驚いたものです。私はほとんど飛行機に乗る機会がないのですが1度だけ都心からの羽田アプローチを体験しました。医科研は見えるかしら…と…見えましたよ！新宿のビル群が見えて来たら準備。目印になるのは大きな森（自然教育園）。恵比寿ガーデンプレイスを過ぎるとすぐに森が見えて、その左隣に医科研発見！スマホで写真も撮れました。ということで、次回のご出張の時にはぜひ探してみて下さいね。ほら、年会も8月にありますしね！（事務局 齊藤）