

小特集 「日本の AI 元気な若手の動き」

生命情報科学若手の会

Young Researchers Group for
Computational/Omics/Systems
Biology in Japan

<http://bioinfowakate.org/>

bioinfowakate_staff@googlegroups.com

研究のキーワード: bioinformatics, computational biology, omics.

1. 設立趣旨

生命情報科学若手の会は、情報学的な視点に基づいて新しい生命現象の見方を提供する研究を志す若手研究者（大学生・大学院生を含む）の交流推進を目的として、2009年2月に設立された。SVMの隆盛の影でニューラルネットワークの深層化が成功し [Hinton 06]、現在の第三次 AI ブームの予兆が見え隠れする時代のさなかであった。一方、生命科学分野では、高速 DNA シーケンサーに代表される分析機器の技術革新に伴い、大量の生命データを解析可能な情報学的方法論の需要が高まっていた。「手元の DNA 配列と類似した DNA 配列がないかデータベースを検索する」というタスクの一つ例を取ってみても、データ構造の設計やインデックス化、探索方法の検討、パラメータ最適化など、人工知能分野を中心として情報科学がこれでもかと密接に関係してくる。ところが当時は、進化なら日本進化学会、植物なら日本植物学会といった具合に、それぞれの研究者が研究対象ごとに個別の専門分野で活動することが多かった。日本バイオインフォマティクス学会という学際領域としての場はすでにあったのだが、より若い世代への啓蒙という意味も込めて、広く生命と情報に関係する若手研究者の交流の場を提供することを目指し、有志により当会が設立されるに至った (図1)。

設立以降、当会は年1回の研究会(年会)を開催してきたほか、セミナー、サイエンスバー、他団体との合同シンポジウム(2009年分子生物学会サテライトシンポジウム「よりよい共同研究研究会」(生化学若い研究者の会との共催)、2012年4会合同シンポジウム「これからの生命科学を考える」(定量生物学の会など3団体との共催))を開催してきた。また当会の人的ネットワークを基盤とし、近年急速な発展と普及を遂げている高速 DNA シーケンシング技術に特化したコミュニティ「NGS現場の会」が2010年に当会の分科会として発足、現在では700名を超える参加者を集めるようになってきている。このように当会は関連領域とも連携しつつ、生命情報科学分野の進歩・発展・普及を目的とし、若手の交流の拠



図1 生命情報科学若手の会第1回研究会の様子。2009年4月25～26日、国立遺伝学研究所で開催され、研究会の創設メンバーを含む約20名が参加した

点として活動を続けている。

2. 活動状況

当会の主な活動として、年1回の年会の開催、不定期の研究関連イベントの開催、メーリングリストなどによる情報交換がある。このうち年会の開催は、当会の活動の中でも中心的な位置にある。ここ数年は60～80名程度の参加者があり、このうち半数程度は学生であり、残りはポストドクから若手PIという構成である。当会の取組みのうちの一つとして、研究費をもっていない学生や若手研究者の年会参加の敷居が下がるよう、希望者に対して交通費や宿泊費などの補助を実施してきた。参加者の増加に伴って開催費用も増加してきており、ここ数年は企業協賛や各種財団・学会などからの会議開催助成を受けることで費用の確保を行っている。

生命情報科学分野は本質的に分野横断的な構造を有する。生物学には、観測が不可能、あるいは観測に多くのコストを伴う生命現象が多く存在し、既知のデータから生命現象をモデル化し予測する、というタスクが多く潜在する。研究題材となる生命現象から得られた大規模情報に対して情報科学的手法を応用するというアプローチを取る場合に、研究従事者は、生物学(特に実験生物学)または情報科学のいずれかをバックグラウンドとしながらも、他方の専門知識をも要求されることになる。このような分野融合の重要性が認識され、それらの両方を扱う教育拠点の形成も進んでいるものの、一人の研究者がそのすべてを独力で遂行できる例は少なく、実際にはいずれか片方に軸足を置く複数の研究者が協働して研究を進めることが多い。実際に当会年会の参加者層のおよそ3分の2は、日常の研究において主に情報解析に携わる(いわゆる Dry 系の)研究者で、残りが実験系(Wet 系)の研究者である。さらに、当会の参加者層は、対象とする生命現象や生物種、用いる解析手法などがきわめて多様であるという特徴もある。こうした間口の広さを許容しつつも、参加者がコミュニケーション不全に陥らない



図2 第8回研究会(2016年10月)における「ワールドポスター」の様子。
ラミネート加工されたA3サイズのポスターを用いた、テーブルディスカッション形式でのポスター発表により、参加者間の交流を促進している

ために、当会の年会ではさまざまな企画を行うことで、参加者全員の顔と研究内容が把握できる雰囲気づくりと交流の促進を行っている。例えば参加者は全員、口頭発表あるいはライトニングトーク(3分程度の短い研究紹介)のいずれかを必須としているほか、第6回年会からはポスター発表をテーブルディスカッション形式(ワールドポスターと呼称)に変更し、より多くの参加者との闊達な議論を促している(図2)。

3. 今後の展望

生命情報科学分野がフォローする実験技術や解析手法は、科学技術の目覚ましい発展に伴い日夜変化し続けている。高速DNAシーケンサーや分子イメージングに代表される実験技術の革新により、世界中の研究者の取得するデータは大規模化・多様化・高解像度化し続け、これらの膨大なビッグデータ群に基づく分析・知識発見に、パターン認識、機械学習、統計モデリングといった情報解析技術を積極的に活用する流れが当たり前になりつつある。例えば深層学習をはじめとする機械学習手法を大規模配列情報[Chen 16]や顕微鏡画像データ[Van Valen 16]に適用し、分類や特徴抽出を行う試みもなされるようになった。

また、生命科学分野における新たな潮流の一つとして、Wet実験の自動化技術が注目されている。計測や分析技術の進歩を背景として、微小スケールの化学反応を多数同時に行うハイスループット実験が、自動分注機などを用いて行われるようになってきている。一方、こうした自動化装置のハンドリングやパラメータ調整には習熟が必要であり、現在のところ人海戦術に頼っているのがほとんどである。しかし最近では、こうした装置による実験操作上のパラメータを機械学習によって最適化するという試みもなされており、実験精度の向上や標準化に貢献している[夏目 15]。さらに野心的な試みとして、このように標準化された実験プロトコルと装置を利

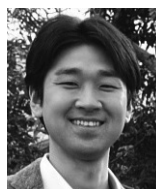
用し、遠隔地の別の研究拠点で再現実験を行うことに成功している[夏目 15]。将来的には多数の自動化装置群がネットワーク上で管理され、人工知能によって自律的に実験研究が行われるという未来像が描かれている。

当会年会の演題においても、近年では深層学習をはじめとする機械学習を活用した研究が多く見られるようになった。多様な生命現象や生物種を対象とする広い参加者層を擁する当会は、情報学的手法をさまざまな対象に応用できるシーズ提供の場であるとともに、異分野に属する研究者の協働の契機を提供する場でもある。新しい融合分野の芽生えに、当会が貢献できることを願ってやまない。

◇ 参考文献 ◇

- [Chen 16] Chen, Y., Li, Y., Narayan, R., Subramanian, A. and Xie, X.: Gene expression inference with deep learning, *Bioinformatics*, Vol. 32, pp. 1832-1839 (2016)
- [Hinton 06] Hinton, G. E. and Salakhutdinov, R. R.: Reducing the dimensionality of data with neural networks, *Science*, Vol. 313, pp. 504-507 (2006)
- [夏目 15] 夏目 徹: 汎用ヒト型ロボットが拓くライフサイエンスの未来, 日本口腔科学会雑誌, Vol. 64, No. 4, pp. 314-319 (2015)
- [Van Valen 16] Van Valen, D. A., Kudo, T., Lane, K. M., Macklin, D.N., Quach, N. T., DeFelice, M. N., Tanouchi, Y., Ashley, E. A. and Covert, M. W.: Deep learning automates the quantitative analysis of individual cells in live-cell imaging experiments, *PLoS Comput. Biol.*, Vol. 12, e1005177 (2016)

著者紹介



堀之内 貴明

2011年大阪大学大学院情報科学研究科バイオ情報工学専攻博士課程修了。博士(情報科学)。同年より理化学研究所生命システム研究センター特別研究員、2016年より同研究員。微生物を題材とし、全自動培養システムによる大規模実験室進化とオミクス技術を用い、生物システムの進化過程を解析する研究に従事。日本生物工学会、日本分子生物学会、日本生物物理学会各会員。



尾崎 遼

2015年東京大学大学院新領域創成科学研究科情報生命科学専攻博士後期課程修了。博士(科学)。同年、理化学研究所情報基盤センターバイオインフォマティクス研究開発ユニット特別研究員を経て、2016年より同基礎科学特別研究員。バイオインフォマティクス、エビジュネティクスに関する研究に従事。日本バイオインフォマティクス学会、日本分子生物学会各会員。



大上 雅史

2014年東京工業大学大学院情報理工学研究科計算工学専攻博士後期課程修了。博士(工学)。日本学術振興会特別研究員(PD)を経て、2015年東京工業大学大学院情報理工学研究科助教、2016年同情報理工学助教(改組による所属変更)。第4回日本学術振興会育志賞受賞。バイオインフォマティクス、創薬支援、計算生物物理、並列計算に関する研究に従事。日本生物物理学会理事、情報処理学会、日本バイオインフォマティクス学会、日本蛋白質科学会、情報計算化学生物学会、ISCB, Biophysical Society 各会員。