

札幌シンポジウム「情報科学を駆使して生命分子を見る・知る・使う」をオンライン開催して

大井 俊彦

札幌シンポジウム「情報科学を駆使して生命分子を見る・知る・使う」は、2020（令和2）年7月1日（水）から7月17日（金）の17日間にわたり、オンデマンド方式のシンポジウムとして、日本生物工学会北日本支部の主催で開催された。新型コロナウイルスの感染が全国的に拡大しているなか、通常の実験方法では、演者や参加者の感染防止に最大限配慮したとしても安全が確保できないとの判断からオンライン開催とした。オンラインシンポジウムは、本支部では初めての試みであったが、反響が高く、全国各地から100件を超える事前申込みがあり、本シンポジウムのテーマが多く学会関係者に高い関心があることがうかがえた。さらに、複数の大学関係者など多くの方々に、本シンポジウムを講義やゼミなどのEラーニング教材としても利用していただくことができた。

シンポジウムでは、生物工学と情報科学の融合分野で研究を推進する若手研究者4名に研究の最前線を講演いただいた。講演が演者からの一方通行にならないよう配慮し、各演者の先生方への質問や討論は、シンポジウム開催日から約2週間の質疑受付期間を確保した。アクセスは開催直後と閉会間近に多くなったので、開催期間をもう少し短くすることも可能だったかもしれない。当初は生物工学会のサーバーに動画ファイルを置いていたが、アクセスの集中によりエラーが起きたため、急遽、別サーバーにファイルを移すこととなった。これについては、生物工学会事務局の伊藤様をはじめ本部に手厚くサポートしていただいた。

本シンポジウムではドライ・ウェットの融合研究の最前線を紹介するために企画した。これまで生物工学分野

で幅広く行われてきている生理活性物質を含む物質生産系などの研究には、構造生物学、分子生物学、生化学などの手法を駆使した実験科学データにより解析されてきているが、最近ではオミックスなどの膨大なデータを利用することが可能で、生物工学関連研究分野への利用においても比較的容易に導入が可能となってきた。一方で、日々蓄積されている膨大なビックデータの中から、有益な意味・価値のある情報を効率良く抽出する難しさも認識されてきている。これまでの実験科学（ウェット）と新しい情報科学（ドライ）を融合させる生物情報科学分野は、新しい切り口から生物工学分野の研究を切り開き発展させるための有益なツールとなるだろう。

最初の演者の中野祥吾氏（静岡県立大学食品栄養科学部）は、酵素配列中のモチーフを見つけ出し、それに基づいた先祖型設計を行うことで、有用な酵素遺伝子を創出できることを示した。次の演者の来見田遥一氏（産業技術総合研究所人工知能研究センター）は、4残基からなるペプチドの凝集能を予測できる機械学習モデルを新たに作製し、ウェットでの実証とあわせて、予測系の有用性や今後の展開についても解説した。3番目の演者の中村司氏（東北大学情報科学研究科）は、深層学習を用いてタンパク質ドメインファミリーを予測することで、タンパク質配列情報のみから機能アノテーション予測を正確に高速で行えることを示した。最後の演者の鈴木机倫氏（北海道大学化学反応創成拠点）は、酵素が引き起こす現象を原子・分子レベルで解析するために、大規模分子系において低コストで簡便に反応経路解析が可能な多構造マイクロ反復法を提案し、反応経路計算中に複数のタンパク質の大きな構造変化を予測可能であることを示した。いずれの演題も、アイデアと新規発見に富み、当該分野の将来性を強く感じさせるものだった。講演の中には複雑で難しい概念も含まれていたが、本シンポジウムをオンデマンド方式としたことから、繰り返し聞くことができ、理解が深まったと感じた。実際、参加者からも同様の感想を頂いた。

本企画を通じて、シンポジウムの先進的な講演から見えるテーマの重要性・社会的関心の高さを確認できた。今後の益々の生物工学研究の進捗、発展を期待したい。