

プロジェクト名： ライフサイエンスデータ

プロジェクトディレクター： 小原 雄治 センター長

(ライフサイエンス統合データベースセンター)

本プロジェクトはライフサイエンス統合データベースセンター（以下、DBCLS）によるものですが、現在のところ DBCLS では、その主な活動を(独)科学技術振興機構 バイオサイエンスデータベースセンター「ライフサイエンスデータベース統合推進事業」における“基盤技術開発プログラム”により実施しています。したがって、本報告内容は、当該プログラムの報告内容と重なりがあります。

## [1] 研究計画・研究内容について

### (1) 目的・目標

ライフサイエンス分野におけるデータ基盤整備

### (2) 必要性・重要性（緊急性）

ライフサイエンスに関わる全ての情報は、多種多様なデータベースに蓄積されているため、利用度はまだ不十分であり、データベースを統合化して、うまく使いこなす環境を提供するための技術を開発することが不可避である。文部科学省「統合データベースプロジェクト」により、データベースの所在や使い方に関する情報提供、分野横断的な検索の実現およびデータベースの受入れ、アーカイブといった点を中心に一定の前進を見たものの、依然としてわが国でのこうした取り組みは遅れている。さらに、近年、医療情報を大規模取得するプロジェクトが次々と開始され、これらの新しいタイプのデータをどのように取り扱っていくのかの技術的、制度的課題も、早急に改めて考えなくてはならない。

### (3) 期待される成果等（学問的効果、社会的効果、改善効果等）

- ・ライフサイエンス研究に寄与するデータベースの統合化の体制整備等の推進
- ・統合データベース形成及び高度な検索技術実現の基盤技術開発

### (4) 独創性・新規性等

文部科学省「統合データベースプロジェクト」ならびに（独）科学技術振興機構「ライフサイエンスデータベース統合推進事業」の中心的存在として、データベース統合のための技術開発を実施してきた唯一の機関であり、知識・ノウハウや国内外の人的ネットワークを含め、今後の開発に必要な環境が整っている。

### (5) これまでの取り組み内容の概要及び実績

日本の生命科学系データベースが抱える問題を解決し、データベースの価値を高め、ユーザーの利用環境を飛躍的に向上させることを目的とした文部科学省「統合データベースプロジェクト」の中核として、国内のデータベース产生プロジェクトの調査に始まり、データベースのカタログ化、横断検索、アーカイブの構築、各種データベースの利用サービスの開発等、主として幅広いデータベースへのアクセスを広げ、データ共有を研究コミュニティに広める活動を行ってきた。

平成 23 年度からは科学技術振興機構「ライフサイエンスデータベース統合推進事業」において基盤技術開発プログラムを受託し、セマンティックウェブ技術を利用して分散したままのデータベースを統合的に扱うシステムの構築を目指し、具体的な利用を想定したツールやサービスのプロトタイピングを進めてきた。

## [2] 研究計画

### (1) 全体計画

ライフサイエンス分野の統合データベース事業を推進する。具体的には以下の取組みをライフサイエンス統合データベースセンター（DBCLS）が中核となって実施する。

- 1) データベースの RDF (Resource Description Framework) 化をベースとした検索のセマンティック化を中心とした基盤技術開発を進め、国内外の先端的な研究機関及び研究者とのコラボレーションの基盤の上に、データベース統合化の国際的な標準化を推進する。
- 2) 大規模化、多様化、パーソナル化、定量化が進むライフサイエンス分野のデータベースについて、新しいタイプのデータ処理・統合化、画像データの処理やゲノム・臨床データの暗号化、モデルとの融合などの技術的な課題を検討するとともに、データ公開に必要な制度的な検討や、より高度な検索への取組みなど、持続可能なデータベース統合化の技術を開発し、国民や研究者が使いやすい情報公開サイトの構築を目指す。
- 3) 科学技術振興機構の科学技術情報発信・流通総合システム（J-STAGE）や国立情報学研究所の NII 論文情報ナビゲータ（CiNii）等の文献事業との連携を強化して、データベース統合の付加価値をさらに高める。

### (2) 各年度の計画

#### 平成 25 年度

パーソナルゲノム、医療画像等、今後膨大な産生が予想される新規なデータの統合化に関する技術課題を洗い出し、技術開発および基盤整備のための体制を確立する。また、科学技術振興機構「ライフサイエンスデータベース統合推進事業」における推進課題として実施する、データベースの RDF 化推進（RDF 化作業、ツール整備）、高度検索技術開発（有用分野プロト作成）、言語リソース整備、大規模データ利用技術開発（連携統合）、コンテンツ作成及び高機能化に関して、他分野への応用が可能な部分についての研究開発を実施する。

#### 平成 26 年度

これまで開発してきたコア技術（RDF、テキストマイニング、検索など）の内容を精査して、科学技術振興機構（JST）「ライフサイエンスデータベース統合推進事業」の第 2 期の方針に合わせ、メディカルデータ応用、環境データ応用を念頭に必要な要素技術の開発に着手する。

また、大規模データ利用技術開発（連携統合）、コンテンツ作成及び高機能化に関して、機構内の関連機関との連携を強化し、効率的な開発環境を構築する。さらには同事業で予定されている人材育成への協力機関として参画し、必要な教育プログラムの開発を検討する。

#### 平成 27 年度

パーソナルゲノム、イメージデータやコホートデータ等の具体的なメディカルデータへのコア技術の応用を目指し、臨床オントロジーの整備など、必要な要素技術の開発をさらに進める。

植物や微生物といった環境データに関しても同様に環境オントロジーの整備を進める。

データの大規模化に伴い必要となる新たなコア技術（並列・分散処理、圧縮など）に関して、既存の技術の応用や新規に必要な開発に着手する。

人材育成に関しては、具体的な教育プログラムの実施を開始する。

#### 平成 28 年度

メディカルデータや環境データの利用環境として、必要とされる解析サービスの開発を行う。

#### 平成 29 年度

これまで構築された各種サービスを整理し、ライフサイエンスにかかる総合的な解析ポータルとして  
メディカルイノベーション、グリーンイノベーションを支えるサービス群を提供する。

#### 平成 30 年度

他分野のデータにも応用可能な技術に関しては、別途整理して提供する。

### [3] 研究推進・実施体制

研究開発部門、サービス部門及び支援部門により研究開発を推進している。

なお、平成 25 年度までは（独）科学技術振興機構「ライフサイエンスデータベース統合推進事業」基盤技術開発プログラムに採択され、研究開発課題「データベース統合に関わる基盤技術開発」として実施した事業をベースとして、本事業を推進した。平成 26 年度以降は（独）科学技術振興機構と共同研究契約を締結し、より緊密な連携を取りながら「ライフサイエンスデータベース統合推進事業」を推進とともに、本事業を実施することになった。

#### ・研究代表者

〔ライフサイエンス統合データベースセンター〕 小原雄治

#### ・研究実施者

〔国立遺伝学研究所〕 大久保公策

〔ライフサイエンス統合データベースセンター〕 岡本 忍、川本祥子、金 進東、坊農秀雅、  
箕輪真理、山口敦子、小野浩雅、片山俊明、川島秀一、河野 信、  
内藤雄樹、仲里猛留、山本泰智、Kocbek Simon、飯田啓介

### [4] 研究の進捗状況

これまで、ライフサイエンス分野のデータベース（DB）の統合化技術並びに、ゲノム解析を中心とするビッグデータの利用技術開発を、JST バイオサイエンスデータベースセンターや国内外の研究機関とともに推進してきた。平成 25 年度は、DB の RDF 化の推進、高度検索技術の開発、オントロジーを中心とする言語リソースの整備、遺伝子 DB の利用技術開発、国内の研究者向け日本語コンテンツの構築に取り組んだ。

今年度の進捗状況として、セマンティックウェブ技術による DB 統合化は、微生物を対象に DB の RDF 化を推進し、ゲノム情報の統合基盤システム TogoGenome を公開した。TogoGenome では複数のオントロジーによるファセット検索が実現されており、検索結果の可視化には TogoStanza システムを開発した。この成果は、東工大を代表とする微生物ゲノム・メタゲノム統合化チームをはじめとする国内共同研究の成果であるとともに、DBCLS が JST とともに主催した国際ワークショップ BioHackathon における国際協力によるものである。大規模データの利用技術開発としては、塩基配列データベース GenBank に対する検索サービス GGRNA、GGGenome、急増する NGS データの検索サービス DBCLS SRAs、統合遺伝子発現データベース RefEx 等、公的データの活用を促進するサービスを開発した。以上の研究開発に加え、人材育成の観点から大学院生を中心にリサーチアドミニストレーターを採用し、OJT 形式により DBCLS オリジナルの動画コンテンツ統合 TV の開発を中心に、生命科学、バイオインフォマティクス等の課題に

取り組んでいる。現在、今後ビッグデータ化が予想されるヒト個人のデータにも対応すべく、がんセンターと共同研究を開始するなど、次年度以降の研究開発の準備も進めた。

## [5] 研究成果物

### ① 知見・成果物・知的財産権等

なし

### ② 成果発表等

<論文発表>

[学術論文]

1. Toshiaki Katayama, Mark D. Wilkinson, Kiyoko F. Aoki-Kinoshita, Shuichi Kawashima, Yasunori Yamamoto, Atsuko Yamaguchi, Shinobu Okamoto, Shin Kawano, Jin-Dong Kim, Yue Wang, Hongyan Wu, Yoshinobu Kano, Hiromasa Ono, Hidemasa Bono, Simon Kocabek, Jan Aerts, Yukie Akune, Erick Antezana, Kazuharu Arakawa, Bruno Aranda, Joachim Baran, Jerven Bolleman, Raoul JP Bonnal, Pier Luigi Buttigieg, Matthew P Campbell, Yi-an Chen, Hirokazu Chiba, Peter JA Cock, Kevin B Cohen, Alexandru Constantin, Geraint Duck, Michel Dumontier, Takatomo Fujisawa, Toyofumi Fujiwara, Naohisa Goto, Robert Hoehndorf, Yoshinobu Igarashi, Hidetoshi Itaya, Maori Ito, Wataru c Iwasaki, Matúš Kalaš, Takeo Katoda, Taehong Kim, Anna Kokubu, Yusuke Komiya, Masaaki Kotera, Camille Laibe, Hilmar Lapp, Thomas Lütteke, M. Scott Marshall, Takaaki Mori, Hiroshi Mori, Mizuki Morita, Katsuhiko Murakami, Mitsuteru Nakao, Hisashi Narimatsu, Hiroyo Nishide, Yosuke Nishimura, Johan Nyström-Persson, Soichi Ogishima, Yasunobu Okamura, Shujiro Okuda, Kazuki Oshita, Nicki H Packer, Pjotr Prins, Rene Ranzinger, Philippe Rocca-Serra, Susanna Sansone, Hiromichi Sawaki, Sung-Ho Shin, Andrea Splendiani, Francesco Strozzi, Shu Tadaka, Philip Toukach, Ikuo Uchiyama, Masahito Umezaki, Rutger Vos, Patricia L Whetzel, Issaku Yamada, Chisato Yamasaki, Riu Yamashita, William S York, Christian M Zmasek, Shoko Kawamoto, and Toshihisa Takagi. BioHackathon series in 2011 and 2012: penetration of ontology and Linked Data in life science domains. *Journal of Biomedical Semantics*, 5:5, 2014. (PMID: 24495517) (doi: 10.1186/2041-1480-5-5)
2. Kiyoko F Aoki-Kinoshita, Jerven Bolleman, Matthew P Campbell, Shin Kawano, Jin-Dong Kim, Thomas Lütteke, Masaaki Matsubara, Shujiro Okuda, Rene Ranzinger, Hiromichi Sawaki, Toshihide Shikanai, Daisuke Shinmachi, Yoshinori Suzuki, Philip Toukach, Issaku Yamada, Nicolle H Packer, and Hisashi Narimatsu. Introducing glycomics data into the Semantic Web. *Journal of Biomedical Semantics*, 4:39, 2013. (PMID: 24280648) (doi: 10.1186/2041-1480-4-39)
3. Takeru Nakazato, Tazro Ohta, Hidemasa Bono. Experimental design-based functional mining and characterization of high-throughput sequencing data in the sequence read archive. *PLoS One*. 8(10):e77910, 2013 (PMID: 24167589) (doi: 10.1371/journal.pone.0077910)
4. Hiroko Tabunoki, Hiromasa Ono, Hiroaki Ode, Kazuhiro Ishikawa, Natsuki Kawana, Yutaka Banno, Toru Shimada, Yuki Nakamura, Kimiko Yamamoto, Jun-ichi Satoh, Hidemasa Bono. Identification of key uric acid synthesis pathway in a unique mutant silkworm Bombyx mori model of Parkinson's disease. *PLoS One*. 8(7):e69130, 2013 (PMID: 23894418) (doi: 10.1371/journal.pone.0069130)
5. Kiyoko F Aoki-Kinoshita, Hiromichi Sawaki, Hyun Joo An, Jin Won Cho, Daniel Hsu, Masaki Kato,

- Shin Kawano, Toshisuke Kawasaki, Kay-Hooi Khoo, Jaehan Kim, Jin-Dong Kim, Xianyu Li, Thomas Lütteke, Shujiro Okuda, Nicolle H Packer, James C Paulson, Rahul Raman, René Ranzinger, Huali Shen, Toshihide Shikanai, Issaku Yamada, Pengyuan Yang, Yoshiki Yamaguchi, Wantao Ying, Jong Shin Yoo, Yang Zhang, and Hisashi Narimatsu. The Third ACGG-DB Meeting Report: Towards an international collaborative infrastructure for glycobioinformatics. *Glycobiology*, 23(2), 144-146, 2013. (PMID: 23271684) (doi: 10.1093/glycob/cws167)
6. Mio Hirayama, Daiki Kobayashi, Souhei Mizuguchi, Takashi Morikawa, Megumi Nagayama, Uichi Midorikawa, Masayo M. Wilson, Akiko N. Nambu, Akiyasu C. Yoshizawa, Shin Kawano, and Norie Araki. Integrated proteomics identified novel activation of dynein IC2-GR-COX-1 signaling in NF1 disease model cells. *Molecular & Cellular Proteomics*, 12(5), 1377-1394, 2013. (PMID: 23358504) (doi: 10.1074/mcp.M112.024802)
  7. Takatomo Fujisawa, Shinobu Okamoto, Toshiaki Katayama, Mitsuteru Nakao, Hidehisa Yoshimura, Hiromi Kajiya-Kanegae, Sumiko Yamamoto, Chiyoko Yano, Yuka Yanaka, Hiroko Maita, Takakazu Kaneko, Satoshi Tabata, Yasukazu Nakamura. CyanoBase and RhizoBase: databases of manually curated annotations for cyanobacterial and rhizobial genomes. *Nucleic Acids Research*. 1:42(1):D666-70., 2014. (PMID: 24275496) (doi: 10.1093/nar/gkt1145)

[データベース等] (構築、公開、更新したものを含む)

	名 称	概 要	U R L
1	RDF 化したライフサイエンス辞書の SPARQL エンドポイント	ライフサイエンス辞書プロジェクトにより編纂された辞書を RDF 化し、SPARQL で問合せ可能としたもの	<a href="http://purl.jp/bio/10/lsc/sparql">http://purl.jp/bio/10/lsc/sparql</a>
2	TogoTable	データベース ID を含む表形式のデータに対して、ID を検索キーにして複数のトリプルストアからデータベースをまたいだアノテーション情報を取得するシステム	<a href="http://togotable.dbcls.jp/">http://togotable.dbcls.jp/</a>
3	高速配列検索 GGGenome	塩基配列を高速に検索するウェブサーバー	<a href="http://GGGenome.dbcls.jp/">http://GGGenome.dbcls.jp/</a>
4	ライフサイエンス 領域融合レビュー	生命科学において注目される分野・学問領域における最新の研究成果について、第一線の研究者の執筆による日本語のレビューを、だれでも自由に閲覧・利用できるよう、公開するオンラインジャーナルサービス	<a href="http://leading.life sciencedb.jp/">http://leading.life sciencedb.jp/</a>
5	統合遺伝子検索 GGRNA	遺伝子や転写産物をさまざまなキーワードからすばやく検索し、その結果をわかりやすく提示することができる遺伝子検索エンジン	<a href="http://GGRNA.dbcls.jp/">http://GGRNA.dbcls.jp/</a>
6	DBCLS SRA	公共データベース (SRA [NCBI]、ENA [EBI]、DRA[DDBJ]) に登録された「次世代シーケンサ」データについて、目的別、機器別、生物種別等、さまざまな統計情報から閲覧、比較、データのダウンロードができる目次サイトです。論文からのデータの検索も可能	<a href="http://sra.dbcls.jp/">http://sra.dbcls.jp/</a>
7	Allie RDF Data	Allie の SPARQL エンドポイント	<a href="http://data.allie.dbcls.jp/">http://data.allie.dbcls.jp/</a>
8	Semantic TogoDB	TogoDB の機能に加え、アップロードしたデータを半自動的に RDF へ変換する機能をもつシステム	<a href="http://togodb.org/">http://togodb.org/</a>
9	RefEx (Reference Expression dataset)	EST、GeneChip、CAGE、RNA-seq の 4 種類の異なる手法によって得られたヒトおよびマウス、ラットにおける遺伝子発現データを並列に表示し、遺伝子発現解析を行う上で基準となるリファレンス（参照）データベースとして利用することを目的とした遺伝子発現データベース	<a href="http://refex.dbcls.jp/">http://refex.dbcls.jp/</a>

10	togo picture gallery	ライフサイエンス分野のイラストをだれでも自由に閲覧・利用できるよう Web 上にて無料で公開しているウェブサイト	<a href="http://g86.dbcls.jp/togopic/">http://g86.dbcls.jp/togopic/</a>
11	BioHackathon	最先端の研究開発者を招聘した国際的なソフトウェア開発会議の情報交換ならびに成果を公開するためのサイト	<a href="http://www.biohackathon.org/">http://www.biohackathon.org/</a>
12	LifescienceQA	ライフサイエンス分野の研究者の情報交換を促すための Q&A サービス	<a href="http://qa.lifesciencecdb.jp/">http://qa.lifesciencecdb.jp/</a>
13	ライフサイエンス 新着論文レビュー	Nature、Science、Cell などのトップジャーナルに掲載された日本人を著者とする生命科学分野の論文について、論文の著者自身の執筆による日本語によるレビューを、だれでも自由に閲覧・利用できるよう、いち早く公開するオンラインジャーナルサービス	<a href="http://first.lifesciencecdb.jp/">http://first.lifesciencecdb.jp/</a>
14	TogoDoc	文献情報及び論文 PDF を管理し、また、特定の文献情報群に関する論文情報を提示するシステム	<a href="https://docman.dbcls.jp/pubmed_recom/">https://docman.dbcls.jp/pubmed_recom/</a>
15	DBCLS galaxy	生命科学データに特化したウェブベースの対話的ツール組み合わせインターフェース	<a href="http://galaxy.dbcls.jp/">http://galaxy.dbcls.jp/</a>
16	TogoWiki	国内版バイオハッカソンの情報交換ならびに成果を公開するためのサービス	<a href="http://wiki.lifesciencecdb.jp/mw/">http://wiki.lifesciencecdb.jp/mw/</a>
17	inMeXes	MEDLINE を対象とし、利用者が入力した文字列とマッチする表現を逐次的（1 文字入力毎）に検索するシステム	<a href="http://docman.dbcls.jp/im/">http://docman.dbcls.jp/im/</a>
18	Gendoo (Gene, Disease Features Ontology-based Overview System)	文献情報をもとに、遺伝子、疾患について、関連する疾患、薬剤、臓器、生命現象などの特徴をキーワードでリスト表示するツール	<a href="http://gendoo.dbcls.jp/">http://gendoo.dbcls.jp/</a>
19	Allie	MEDLINE を対象とし、出現する略字とその正規系のペアを検索するシステム	<a href="http://allie.dbcls.jp/">http://allie.dbcls.jp/</a>
20	DBCLS OpenID	一つの ID で複数のサイトを認証できるシステム	<a href="http://openid.dbcls.jp/">http://openid.dbcls.jp/</a>
21	TogoDB	エクセルなど表形式のデータを簡単に読み込み、DB 化し、自動的に共通のウェブ検索インターフェースを生成するシステム	<a href="http://togodb.dbcls.jp/">http://togodb.dbcls.jp/</a>
22	TogoWS	国内外のウェブサービスを共通の API で利用できる仕組みと、サービス間の連携に必要なデータ形式変換機能、サービスの稼働状況の監視等を提供するシステム	<a href="http://togows.dbcls.jp/">http://togows.dbcls.jp/</a>
23	MotDB	講習会の開催情報、参加受付ならびに講習会で使用する資料等を配布するためのサイト	<a href="http://motdb.dbcls.jp/">http://motdb.dbcls.jp/</a>
24	統合 TV	生命科学分野の有用なデータベースやウェブツールの活用法を動画で紹介するウェブサイト	<a href="http://togotv.dbcls.jp/">http://togotv.dbcls.jp/</a>
25	BodyParts3D	人体各部位の位置や形状を 3 次元モデルで記述したデータベース	<a href="http://lifesciencecdb.jp/bp3d/">http://lifesciencecdb.jp/bp3d/</a>
26	OReFiL	オンライン上に存在する多数の生命科学系の資源（データベースやソフトウェアなど）を効率的に見つけるための検索システム	<a href="http://orefil.dbcls.jp/">http://orefil.dbcls.jp/</a>
27	PubAnnotation, TextAE	Web による文献アノテーションのための統合環境	<a href="http://pubannotation.org/">http://pubannotation.org/</a>
28	OntoFinder/OntoFactory	データを RDF 化する際に適したオントロジーの検索と推薦、マッピングをするシステム	<a href="http://ontofinder.dbcls.jp/">http://ontofinder.dbcls.jp/</a>
29	LODQA	自然言語による質問応答システム。自然文で書いた質問から SPARQL を自動生成し RDF データの検索が可能	<a href="http://lodqa.org/">http://lodqa.org/</a>
30	PubDictionaries	辞書データをウェブで共有し、辞書に基づくテキストアノテーションが行えるシステム	<a href="http://pubdictionareis.org/">http://pubdictionareis.org/</a>

[著書等]

[解説・総説]

1. 河野信、HUPO-PSI (Proteomics Standards Initiative) ミーティング参加に関するリポート、日本プロテオーム学会通信 No.150、2013 年 8 月 22 日 (<http://www.jhupo.org/letter/pdf/No150.pdf>)
2. 飯田啓介. 新しい日本語 Web コンテンツ、「新着論文レビュー」と「領域融合レビュー」. 情報管理, 56, 148-155 (2013) doi: 10.1241/johokanri.56.148 (<http://dx.doi.org/10.1241/johokanri.56.148>)

[その他]

<会議発表等>

[招待講演]

○国内

1. 飯田啓介、新しい日本語 Web コンテンツ、「新着論文レビュー」と「領域融合レビュー」、2013 年 7 月度（第 314 回）OUG ライフサイエンス分科会、文京シビックセンター、7/18/2013
2. \*Toshiaki Katayama 、 International collaborations for semantic data integration and interoperability、Bioinformatics Week in Odaiba (BiWO 2013) 産業技術総合研究所生命情報工学研究センター、9/11/2013～9/13/2013
3. 坊農秀雅、生命科学分野の大規模データ利用技術開発の現状と今後の展開、第 3 回 SPARC Japan セミナー 2013、国立情報学研究所、10/25/2013

[一般講演]

○国際

1. Shin Kawano、Database Integration toward Semantic Web: Developments and Applications of RDF databases、HUPO-PSI meeting 2013、University of Liverpool (UK)、2013 年 4 月 15-17 日
2. Shin Kawano、Database Integration Activities in Japan、ProteomeXchange meeting 2013、University of Liverpool (UK)、2013 年 4 月 18- 19 日
3. Toshiaki Katayama, Pjotr Prins, Raoul Bonnal, Francesco Strozzi, Naohisa Goto、BioRuby updates - power of modularity in the community-based open source development model、The 14th Annual Bioinformatics Open Source Conference (BOSC 2013)、Berlin, Germany、2013 年 7 月 19- 20 日
4. Tazro Ohta, Hiromasa Ono, Yuki Naito, Takeru Nakazato, Hidemasa Bono、Technology development of database integration to make sense of big data in lifescience、QMB 2013、Rydges Hotel Queenstown, New Zealand、2013 年 8 月 25- 30 日
5. Shinobu Okamoto, Shuichi Kawashima, Takatomo Fujisawa and Toshiaki Katayama、TogoStanza: JavaScript framework for reusable data visualization in the biological context、"The 5th International Symposium on Languages in Biology and Medicine"、東京大学福武ホール、2013 年 12 月 12- 13 日

○国内

1. 川島秀一、岡本忍、微生物表現型オントロジーおよび LOD の開発、第 27 回人工知能学会年会、富山国際会議場、2013 年 6 月 4- 7 日
2. 藤原豊史、山本泰智、生命科学分野の学術文献情報からなるリンクトデータの構築、第 27 回人工知能学会年会、富山国際会議場、2013 年 6 月 4- 7 日

3. Shuichi Kawashima、Integration of Microbial Data Resources with Semantic Web Technologies、BioHackathon 2013 symposium、2013年6月23日
4. 川島秀一、微生物データ統合を目指したオントロジーの開発 MCCVとMPOの紹介、ラン藻ゲノム交流会、東京大学駒場キャンパス、2013年7月13日
5. 山本泰智、岡本忍、宮沢せいは、市川夏子、藤田信之、テキスト処理技術を用いたキュレーション支援、ラン藻ゲノム交流会、東京大学駒場キャンパス、2013年7月13日
6. 岡本忍、片山俊明、川島秀一、藤澤貴智、TogoGenome/TogoStanza: データ統合と再利用性向上のためのゲノム情報デザイン、ラン藻ゲノム交流会 2013、東京大学駒場キャンパス、2013年7月13日
7. 小林大樹、平山未央、水口惣平、森川崇、長山慈、緑川宇一、ウィルソン・森藤政代、南部・新堀晶子、吉沢明康、河野信、荒木令江、融合プロトオミクスによる神経線維腫症1型(NF1)病態モデル細胞内の活性化シグナル Dynein IC2-GR-COX-1 経路の同定、第86回日本生化学会大会、パシフィコ横浜、2013年9月11-13日
8. 片山俊明、データベース統合の実現に向けて 基盤技術開発(I)、トーゴーの日シンポジウム 2013、時事通信ホール、2013年10月4-5日
9. 岡本忍、データベース統合の実現に向けて 基盤技術開発(II)、トーゴーの日シンポジウム 2013、時事通信ホール、2013年10月4-5日
10. Toshiaki Katayama, Takatomo Fujisawa, Hiroshi Mori, Shuichi Kawashima, Shinobu Okamoto、TogoGenome: Semantic Web-based genome database、生命医薬情報学連合大会 (JSBi 2013)、タワー ホール船堀、2013年10月29-31日
11. Lucky Runtuwene、Shuichi Kawashima、Kaori Noguchi、Eri Kawakami、Akinori Tokunaga1、Yutaka Suzuki、Takashi Kobayashi、Yuki Eshita、Potential Novel Anti-viral Proteins in Aedes aegypti、第66回日本寄生虫学会南日本支部大会、第63回日本衛生動物学会南日本支部大会 合同大会、大分大学 医学部、2013年11月2-3日
12. 片山俊明、ライフサイエンスにおけるセマンティック・ウェブのアプリケーション開発、バイオインフォマティクスセミナー in 新潟、新潟大学駅南キャンパスときめいと、2013年11月13日、
13. 川島秀一、生命科学データの RDF 化、バイオインフォマティクスセミナー in 新潟、新潟大学駅南キャンパスときめいと、2013年11月13日
14. 飯田啓介、新たな日本語 Web コンテンツ「ライフサイエンス 新着論文レビュー」、第36回日本分子生物学会年会、神戸ポートアイランド、2013年12月3-6日
15. 坊農秀雅、公共遺伝子発現データベースからの集合知による低酸素応答遺伝子探索、第11回がんとハイポキシア研究会、東北大学片平さくらホール、2013年12月13-14日
16. 河野信、TogoTable: RDFを利用したアプリケーション、理研・糖鎖インフォマティクス若手の会合同セミナー、理化学研究所、2014年2月12日
17. 山口敦子、古崎晃司、呉紅艶、小林紀郎、SPARQL Builder: 生物学研究者が SPARQL を使いこなすための補助ツール、第32回セマンティック・ウェブとオントロジー研究会、オリオビアン小豆島、2014年3月5-6日
18. Lucky R. Runtuwene, Shuichi Kawashima, Kaori Noguchi, Eri Kawakami, Akinori Tokunaga, Yutaka Suzuki, Sumio Sugano, Kenta Nakai, Ryuichiro Maeda, Chihiro Sugimoto, Tomohiko Takasaki, Ichiro Kurane, Takashi Kobayashi and Yuki Eshita, Utilization of CCL-125 for analyzing innate immunity in Aedes aegypti、第66回日本衛生動物学会大会、岐阜大学、2014年3月21-23日

[ポスター]

○国際

1. Yasunori Yamamoto, Shinobu Okamoto, Seiha Miyazawa, Natsuko Ichikawa, Shuji Yamazaki, Nobuyuki Fujita、Curation Assistance System Using Natural Language Processing Technologies、Biocuration 2013、2013年4月7日-10日
2. Takatomo Fujisawa, Toshiaki Katayama, Shinobu Okamoto, Hiroshi Mori, Yasunori Yamamoto, Yasukazu Nakamura、Development of ontologies for the INSDC / DDBJ resource、The 15th Genomic Standards Consortium meeting、Bethesda, MD (USA)、2013年4月22日-23日
3. Yuki Moriya、KEGG OC: Automatically Constructed Comprehensive Ortholog Clusters Based on Taxonomic Relation、International Workshop on Bioinformatics and Systems Biology 2013、京都、2013年7月31日-8月2日
4. 川島秀一、セマンティック・ウェブ技術を利用した遺伝子発現解析データの解釈について、第3回 NGS 現場の会、神戸ポートアイランド、2013年9月4-5日
5. 片山俊明、Joachim Baran、発生川絵里、BaseSpace Ruby SDK の開発、第3回 NGS 現場の会、神戸ポートアイランド、2013年9月4-5日
6. Shin Kawano, Akiyasu C. Yoshizawa, Sohei Mizuguchi, and Norie Araki、iPEACH: integrated Protein/gene Expression Analysis CHart、HUPO 12th Annual World Congress、パシフィコ横浜、2013年9月14-18日
7. Daiki Kobayashi, Mio Hirayama, Souhei Mizuguchi, Takashi Morikawa, Megumi Nagayama, Uichi Midorikawa, Masayo Wilson-Morifuji, Akiko Nambu-Niibori, Akiyasu C. Yoshizawa, Shin Kawano, and Norie Araki、Integrated proteomics identified novel activation of dynein IC2-GR-COX-1 signaling by suppression of NF1 tumor suppressor gene product, neurofibromin, in neuronal cells、HUPO 12th Annual World Congress、パシフィコ横浜、2013年9月14-18日
8. Norie Araki, Takashi Morikawa, Souhei Mizuguchi, Daiki Kobayashi, Akiko Niibori Nambu, Uichi Midorikawa, Mio Hirayama, Masayo Morifuji Wilson, Shin Kawano, Hideo Nakamura, and Junichi Kuratsu、An Integrated Proteomics for Extracting Molecular Target of Malignant Gliomas、HUPO 12th Annual World Congress、パシフィコ横浜、2013年9月14-18日
9. Hidemasa Bono, Tazro Ohta, Hiromasa Ono, Yuki Naito, Takeru Nakazato、TECHNOLOGY DEVELOPMENT OF DATABASE INTEGRATION TO MAKE FULL USE OF BIG DATA IN LIFESCIENCE、Functional Genomics and Systems Biology、WellcomeTrust Genome Campus, Cambridge, UK、2013年11月21-23日

○国内

1. 金森茜、稻塚歩佳、門之園哲哉、口丸高弘、坊農秀雅、近藤科江、低酸素下でのEGFR活性化によって引き起こされる小胞体ストレスにおけるMMP10の機能、第72回日本癌学会学術総会、パシフィコ横浜、2013年10月3-5日
2. 河野信、渡辺敦、山口敦子、TogoTable update 2013、トーゴーの日シンポジウム 2013、時事通信ホール、2013年10月4-5日
3. 坊農秀雅、小野浩雅、天竺桂弘子、カイコ機能アノテーションパイプラインの構築とその応用、トーゴーの日シンポジウム 2013、時事通信ホール、2013年10月4-5日
4. 飯田啓介、新しい日本語 Web コンテンツ、「新着論文レビュー」と「領域融合レビュー」、トーゴーの日シンポジウム 2013、時事通信ホール、2013年10月4-5日

5. 小野浩雅、坊農秀雅、遺伝子発現リファレンスデータセット RefEx、トーゴーの日シンポジウム 2013、時事通信ホール、2013年10月4・5日
6. 川島秀一、岡本忍、片山俊明、藤澤貴智、森宙史、微生物データ統合を目指したオントロジーの開発、トーゴーの日シンポジウム 2013、時事通信ホール、2013年10月4・5日
7. 藤原豊史、山本泰智、論文の引用情報検索システム Colil、トーゴーの日シンポジウム 2013、時事通信ホール、2013年10月4・5日
8. 山本泰智、岡本忍、宮沢せいは、市川夏子、藤田信之、テキスト処理技術を用いたキュレーション支援、トーゴーの日シンポジウム 2013、時事通信ホール、2013年10月4・5日
9. 山口敦子、大久保克彦、呉紅艶、櫛田達矢、畠中秀樹、セマンティック・ウェブ技術を用いた生命科学系データベースアーカイブのデータ統合、トーゴーの日シンポジウム 2013、時事通信ホール、2013年10月4・5日
10. Hiromasa Ono, Hidemasa Bono、RefEx—Reference expression dataset for tissue transcriptome、Genome Informatics 2013、Cold Spring Harbor Laboratory、2013年10月30日・11月2日
11. 岡本忍、川島秀一、藤澤貴智、片山俊明、TogoGenome: RDFによる拡張可能なセマンティック・ゲノムデータベース、ラン藻の分子生物学 2013、かずさアカデミアホール、2013年11月22・23日
12. 川島秀一、岡本忍、微生物表現型オントロジーの開発、第36回日本分子生物学会年会、神戸ポートアイランド、2013年12月3・6日
13. 河野信、渡辺敦、山口敦子、TogoTable update 2013 : セマンティック・ウェブを利用したテーブル形式データへの自動アノテーション付加ツール、第36回日本分子生物学会年会、神戸ポートアイランド、2013年12月3・6日
14. 坊農秀雅、仲里猛留、内藤雄樹、小野浩雅、大田達郎、統合牧場: 次世代生命科学研究室の実験場 #togofarm - a pilot farm towards the next generation research “stable” in lifescience、第36回日本分子生物学会年会、神戸ポートアイランド、2013年12月3・6日
15. 飯田啓介、新しい日本語 Web コンテンツ、「新着論文レビュー」と「領域融合レビュー」、第36回日本分子生物学会年会、神戸ポートアイランド、2013年12月3・6日
16. 小野浩雅、坊農秀雅、RefEx: 遺伝子発現解析の基準となる公共データの活用、整理および共有、第36回日本分子生物学会年会、神戸ポートアイランド、2013年12月3・6日
17. 山本泰智、岡本忍、宮沢せいは、市川夏子、藤田信之、テキスト処理技術を用いたゲノムアノテーション支援システム、第36回日本分子生物学会年会、神戸ポートアイランド、2013年12月3・6日
18. 藤澤貴智、森宙史、岡本忍、山本泰智、片山俊明、川島秀一、谷澤靖洋、神沼英里、大山彰、菅原秀明、内山郁夫、黒川顕、中村保一、Genome Refine: ゲノムアノテーションの精緻化と解析支援のためのサービス、第36回日本分子生物学会年会、神戸ポートアイランド、2013年12月3・6日
19. 片山俊明、藤澤貴智、森宙史、川島秀一、岡本忍、TogoGenome: セマンティック・ウェブによる次世代の統合ゲノムデータベース、第36回日本分子生物学会年会、神戸ポートアイランド、2013年12月3・6日
20. 岡本忍、西村邦裕、Genomic Landscape、第36回日本分子生物学会年会 サイエンスとアートの接点、神戸ポートアイランド、2013年12月3・6日
21. Toshiaki Katayama, Masataka Kikuchi, Soichi Ogishima、Interactive platform for semantic gene expression analysis of Alzheimer's disease、Semantic Web Applications and Tools for Life Science (SWAT4LS 2013)、Royal Society of Edinburgh, England、2013年12月9・11日
22. Shinobu Okamoto, Shuichi Kawashima, Takatomo Fujisawa and Toshiaki Katayama、TogoStanza: JavaScript framework for reusable data visualization in the biological context、"The 5th

"International Symposium on Languages in Biology and Medicine"、東京大学福武ホール、2013年12月12-13日

23. Shuichi Kawashima, Toshiaki Katayama, Toshihisa Takagi, Shinobu Okamoto、MPO: Microbial Phenotype Ontology for Comparative Genome Analysis、"The 5th International Symposium on Languages in Biology and Medicine"、東京大学福武ホール、2013年12月12-13日
24. 坊農秀雅、公共遺伝子発現データベースからの集合知による低酸素応答遺伝子探索、第11回がんとハイポキシア研究会、東北大学片平さくらホール、2013年12月13-14日
25. 小野浩雅、坊農秀雅、公共遺伝子発現データベースからの集合知による低酸素応答遺伝子探索、第11回がんとハイポキシア研究会、東北大学片平さくらホール、2013年12月13-14日

<受賞>  
なし

### ③ その他の成果発表

#### ・ワークショップ、講習会、シンポジウム開催

年月日	名称	場所	参加人数	概要
H25年6月23~28日	NBDC/DBCLS BioHackathon 2013	DBCLS	77人	生命科学分野におけるセマンティック・ウェブ技術の研究開発を目的に、DBやオントロジー、アプリケーションの開発と標準化を各国の実務者が参加し合宿形式で開発を行う国際会議。NBDCと共に
H26年1月27~31日	国内版バイオハッカソン BH13.13	沖縄県名護市、万国津梁館	61人	国内のライフサイエンスデータベースの構築者と利用者向けの技術勉強会
H25年12月12~13日	The 5th International Symposium on Languages in Biology and Medicine (LBM 2013)	東京大学	43名	医学生物学の自然言語処理、オントロジー、セマンティック・ウェブなど、言語を中心とした研究の国際会議
H25年4月17~18日	SPARQLthon7	DBCLS	14人	生命科学分野におけるセマンティック・ウェブ技術に興味のある者が自由に参加し、オントロジーの構築・RDFの設計と生成の促進と SPARQL検索技術、可視化技術等の向上を目指すハッカソン
H25年5月23~24日	SPARQLthon8	DBCLS	14人	同上
H25年6月3~4日	SPARQLthon9	DBCLS	10人	同上
H25年7月30~31日	SPARQLthon10	DBCLS	15人	同上
H25年8月20~21日	SPARQLthon11	DBCLS	16人	同上
H25年9月17~18日	SPARQLthon12	DBCLS	13人	同上
H25年10月23~24日	SPARQLthon13	DBCLS	17人	同上
H25年11月25~26日	SPARQLthon14	DBCLS	23人	同上

H25年12月 16~17日	SPARQLthon15	DBCLS	16人	同上
H26年1月 16~17日	SPARQLthon16	DBCLS	13人	同上
H26年2月 17~18日	SPARQLthon17	DBCLS	17人	同上
H26年3月 13~14日	SPARQLthon18	DBCLS	14人	同上
H25年5月 28日	AJACS 筑波3	物質・材料研究機構	30人	NBDC主催 DBCLS共催として講師を派遣した
H25年7月 12日	AJACS 岐阜	岐阜大学	30人	NBDC主催 DBCLS共催として講師を派遣した
H25年7月 30~31日	AJACS 琉球	琉球大学	40人	NBDC主催 DBCLS共催として講師を派遣した
H25年8月 30日	AJACS 富山	富山大学	30人	NBDC主催 DBCLS共催として講師を派遣した
H25年11月 6日	AJACS 蝦夷3	北海道大学	20人	NBDC主催 DBCLS共催として講師を派遣した
H26年1月 22~23日	AJACS 肥後	化学及血清療法研究所	40人	NBDC主催 DBCLS共催として講師を派遣した
H25年5月 15日	統合データベース講演会	東京理科大学	100人	大学生を対象に講習会を開催した
H25年11月 18日	塩基配列データアーカイブをフル活用するための大規模データ解析技術開発研究会	国立遺伝学研究所	24人	DBCLSとDDBJがさらに連携を深めて物理的にも一体となっていくにあたり、中長期的な方向性について自由に議論
H25年10月 31日	オープンサイエンスアワード	タワーホール 船堀	50人	日本バイオインフォマティクス学会のDBCLS主催セッションで優秀な国産バイオインフォマティクスのソフトウェア、データベース、ウェブサイトについて投票を行い、入賞作品について講演と表彰を行った。
H25年10月 31日	BioHackコンペティション	タワーホール 船堀	50人	日本バイオインフォマティクス学会のDBCLS主催セッションで短期間のソフトウェア開発を公募し、優秀作品について講演と表彰を行った。
H26年3月 20~21日	第18回オープンバイオ研究会	北陸先端科学技術大学院大学		バイオインフォマティクスにおけるオープンソースソフトウェアの技術開発に関する研究会。人工知能学会分子生物情報研究会と共に催。