

## 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 (NBDC)「ライフサイエンスデータベース統合推進事業」における NBDC との共同研究により実施しています。したがって、本報告内容は、当該共同研究の報告内容と重なりがあります。

### [1] 研究プロジェクト

#### (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」の中核として、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産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 23～25 年度に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プを進めてきた。

## [2] 研究計画

### (1) 全体計画

ライフサイエンス統合データベースセンター（DBCLS）が中核となり、国内外の先進的な研究機関及び研究者との連携協力のもとに、ライフサイエンス分野の膨大なデータベースについて、収集・洗練・統合・分析・公開・利用といった一連の機能を有する分散的な統合型データベース基盤技術開発を進め、データベース統合化の国際的な標準化を推進する。

また、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・統合化やゲノム・臨床データの暗号化などの技術的な課題を検討するとともに、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の開発を目指す。

### (2) 各年度の計画

#### 平成 26 年度

これまで開発してきたコア技術（RDF[Resource Description Framework]、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 段階(平成 26 年度以降)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（DDBJ との連携による統合）、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

多面的な生命科学の各分野におけるデータベース統合を推進する。中でも植物や微生物といった環境データに関しては環境オントロジーの整備を進める。

パーソナルゲノム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、臨床データとの分散環境における統合化に必要な要素技術の開発をさらに進める。データの大規模化や秘匿性の高いデータに伴い必要となる新たなコア技術（分散管理や暗号化など）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。

### [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」を推進するとともに、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

#### ・共同研究者

〔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、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、飯田啓介、時松敏明、守屋勇樹、川本祥子

#### [4] 研究の進捗状況

平成 26 年度からの JST-NBDC との共同研究においては、RDF 技術を用いて、生物種や個々の研究目的やプロジェクトを超えたさらに幅広い統合化を実現して、より多くの分野の研究者、開発者、技術者がさまざまなデータや知識を簡便に活用できるようにすることを目的とし、

- I. RDF による統合化のための基盤技術開発
- II. 国内外の DB についての統合化実施（支援）、およびそれらに必要な連携や DB の国際標準化の推進
- III. NGS データの統合解析環境やユーザフレンドリーな質問応答システムの実現、および日本語コンテンツの充実（エンドユーザー向け）
- IV. 統合的運用を目指した効率的で安定した DB の分散運用の実現  
を実施していくこととなった。

これらについての平成 26 年度の進捗状況としては、

- I. RDF を利用した分散的な統合データベース環境の実現のための技術調査を実施し、それらを用いた運用に必要なツールを開発した。また、高いセキュリティを要するヒトに関するデータについてのニーズを明確化し、セキュリティ確保のための技術開発環境を整備した。
- II. データベース統合化支援のためのワークショップ SPARQLthon を継続的に開催し、多岐にわたる生命科学の各分野のデータベース統合化にかかわる研究者・技術者との人的ネットワーク形成及び開発成果のコミュニティでの共有を行った。データベース統合化の国際的標準化とその実装を目指す BioHackathon および RDFsummit に国内外のデータベース機関関係者を招聘し、標準化のイニシアティブをとった。
- III. 同じ機構内に位置する遺伝研 DDBJ センターとの連携強化により分子ビッグデータの効率的な利用方法の開発及び改良を行った。自然言語による質問応答システムのプロト開発を行った。研究者をサポートする様々な日本語コンテンツの充実を実施した。
- IV. 関係する機関との協議により、ミラー化およびクラウドの利用によるダウンタイムの少ない運用を検討し、一部実装した。  
といった成果が得られた。

#### [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. Shin Kawano, Tsutomu Watanabe, Sohei Mizuguchi, Norie Araki, Toshiaki Katayama and Atsuko Yamaguchi, TogoTable: cross-database annotation system using the Resource Description Framework (RDF) data model, (Nucl. Acids Res. (2014) doi: 10.1093/nar/gku403) first published online May 14, 2014
2. Yamagishi, J., Natori, A., Tolba, M.E.M., Mongan, A.E., Sugimoto, C., Katayama, T., Kawashima, S.,

- Makalowski, W., Maeda, R., Eshita, Y., Tuda, J., Suzuki, Y.: Interactive transcriptome analysis of malaria patients and infecting *Plasmodium falciparum*. *Genome Res.* 1433–1444 (2014). doi/10.1101/gr.158980.113. Accepted May 20, 2014.
3. Kenichi Tanaka, Kiyoko Aoki-Kinoshita, Masaaki Kotera, Hiromichi Sawaki, Shinichiro Tsuchiya, Noriaki Fujita, Toshihide Shikanai, Masaki Kato, Shin Kawano, Issaku Yamada, and Hisashi Narimatsu, WURCS: The Web3 Unique Representation of Carbohydrate Structures. *Journal of Chemical Information and Modeling*, 54 (6), 1558-1566 (2014). DOI: 10.1021/ci400571e Publication Date (Web): June 4, 2014
  4. Yutaka Takebe, Yuki Naito, Jayna Raghwani, Esther Fearnhill, Takako Sano, Shigeru Kusagawa, Jean L. Mbisa, Hongyi Zhang, Tetsuro Matano, Andrew J. Leigh Brown, Oliver G. Pybus, David Dunn, and Makiko Kondo, on behalf of the UK Collaborative Group on HIV Drug Resistance: Inter-continental dispersal of HIV-1 subtype B associated with transmission among men who have sex with men in Japan. *J. Virol.* 88, 9864-9876 (2014). doi: 10.1128/JVI.01354-14 Epub 2014 Jun 18.
  5. Hongyan Wu, Toyofumi Fujiwara, Yasunori Yamamoto, Jerven Bolleman and Atsuko Yamaguchi, BioBenchmark Toyama 2012: an evaluation of the performance of triple stores on biological data, (*Journal of Biomedical Semantics* (2014) doi: 10.1186/2041-1480-5-32)) Published: 10 July 2014
  6. Hongyan Wu and Atsuko Yamaguchi, Semantic Web Technologies for the Big Data in Life Sciences, *BioScience Trends*, 2014, 8:4, 192-201. doi:10.5582/bst.2014.01048 Released 20140912
  7. Ayako Suzuki, Hiroyuki Wakaguri, Riu Yamashita, Shin Kawano, Katsuya Tsuchihara, Sumio Sugano, Yutaka Suzuki, and Kenta Nakai, DBTSS as an integrative platform for transcriptome, epigenome and genome sequence variation data. *Nucleic Acid Research, Database Issue*, 43 (D1), D87-D91 (2015). doi: 10.1093/nar/gku1080 Accepted October 16, 2014.
  8. Rene Ranzinger, Kiyoko F. Aoki-Kinoshita, Matthew P. Campbell, Shin Kawano, Thomas Lutteke, Shujiro Okuda, Daisuke Shinmachi, Toshihide Shikanai, Hiromichi Sawaki, Philip Toukach, Masaaki Matsubara, Issaku Yamada, and Hisashi Narimatsu, GlycoRDF: An ontology to standardize Glycomics data in RDF. *Bioinformatics*, 31 (6), 919-925 (2015). doi: 10.1093/bioinformatics/btu732 Accepted October 28, 2014.
  9. Masaaki Kotera, Yosuke Nishimura, Zen-Ichi Nakagawa, Ai Muto, Yuki Moriya, Shinobu Okamoto, Shuichi Kawashima, Toshiaki Katayama, Toshiaki Tokimatsu, Minoru Kanehisa, and Susumu Goto, PIERO ontology for analysis of biochemical transformations: Effective implementation of reaction information in the IUBMB enzyme list. *J. Bioinform. Comput. Biol.* 12, 1442001 (2014). DOI: 10.1142/S0219720014420013 Published: 10 November 2014
  10. Steffen Möller, Enis Afgan, Michael Banck, Raoul JP Bonnal, Timothy Booth, John Chilton, Peter JA Cock, Markus Gumbel, Nomi Harris, Richard Holland, Matúš Kalaš, László Kaján, Eri Kibukawa, David R Powel, Pjotr Prins, Jacqueline Quinn, Olivier Sallou, Francesco Strozzi, Torsten Seemann, Clare Sloggett, Stian Soiland-Reyes, William Spooner, Sascha Steinbiss, Andreas Tille, Anthony J Travis, Roman Valls Guimera, Toshiaki Katayama, Brad A Chapman.: Community-driven development for computational biology at Sprints, Hackathons and Codefests. *BMC Bioinformatics*. 15 Suppl 1, S7 (2014). Published online 2014 November 27. doi: 10.1186/1471-2105-15-S14-S7
  11. Yuki Naito, Kimihiro Hino, Hidemasa Bono, and Kumiko Ui-Tei: CRISPRdirect: software for

- designing CRISPR/Cas guide RNA with reduced off-target sites. *Bioinformatics*, 31, 1120-1123 (2015). Published online 2014 Dec 9. doi: 10.1093/bioinformatics/btu743
12. Yuichi Kodama, Jun Mashima, Takehide Kosuge, Toshiaki Katayama, Takatomo Fujisawa, Eli Kaminuma, Osamu Ogasawara, Kousaku Okubo, Toshihisa Takagi and Yasukazu Nakamura, The DDBJ Japanese Genotype-phenotype Archive for genetic and phenotypic human data, (*Nucleic Acid Research Web Server Issue*, 42 (W1), W442-W448 (2014). doi: 10.1093/nar/gku1120) first published online December 3, 2014
  13. Yasunori Yamamoto. A SPARQL Endpoint Profiler for an Efficient Question Answering System, *Proceedings of the 7th International Workshop on Semantic Web Applications and Tools for Life Sciences*, Berlin, Germany, December 9-11, 2014.
  14. Marina Lizio, Jayson Harshbarger, Hisashi Shimoji, Jessica Severin, Takeya Kasukawa, Serkan Sahin, Imad Abugessaisa, Shiro Fukuda, Fumi Hori, Sachi Ishikawa-Kato, Christopher J Mungall, Erik Arner, J Kenneth Baillie, Nicolas Bertin, Hidemasa Bono, Michiel de Hoon, Alexander D Diehl, Emmanuel Dimont, Tom C Freeman, Kaori Fujieda, Winston Hide, Rajaram Kaliyaperuma, Toshiaki Katayama, Timo Lassmann, Terrence F Meehan, Koro Nishikata, Hiromasa Ono, Michael Rehli, Albin Sandelin, Erik A Schultes, Peter AC 't Hoen, Zuotian Tatum, Mark Thompson, Tetsuro Toyoda, Derek W Wright, Carsten O Daub, Masayoshi Itoh, Piero Carninci, Yoshihide Hayashizaki, Alistair RR Forrest\*, Hideya Kawaji\* and the FANTOM consortium, Gateways to the FANTOM5 promoter level mammalian expression atlas, (*Genome Biology* 2015, 16:22 doi:10.1186/s13059-014-0560-6) Published:5 January 2015
  15. Kiyoko F Aoki-Kinoshita, Akira R Kinjo, Mizuki Morita, Yoshinobu Igarashi, Yi-an Chen, Yasumasa Shigemoto, Takatomo Fujisawa, Yukie Akune, Takeo Katoda, Anna Kokubu, Takaaki Mori, Mitsuteru Nakao, Shuichi Kawashima, Shinobu Okamoto, Toshiaki Katayama and Soichi Ogishima, : Implementation of linked data in the life sciences at BioHackathon 2011. *J. Biomed. Semantics*. 6, 1–13 (2015). doi:10.1186/2041-1480-6-3 Published:7 January 2015
  16. Sarala M Wimalaratne, Jerven Bolleman, Nick Juty, Toshiaki Katayama, Michel Dumontier, Nicole Redaschi, Nicolas Le Novère, Henning Hermjakob and Camille Laibe, SPARQL-enabled identifier conversion with Identifiers. org. *Bioinformatics*. 3–4 (2015). first published online: January 31, 2015 doi: 10.1093/bioinformatics/btv064
  17. Tanaka, S., Tanaka, J., Miwa, Y., Horikawa, D.D., Katayama, T., Arakawa, K., Toyoda, A., Kubo, T., Kunieda, T.: Novel Mitochondria-Targeted Heat-Soluble Proteins Identified in the Anhydrobiotic Tardigrade Improve Osmotic Tolerance of Human Cells. *PLoS One*. 10, e0118272 (2015). Published: February 12, 2015 DOI: 10.1371/journal.pone.0118272
  18. Koki Tsuyuzaki\*, Gota Morota Manabu Ishii, Takeru Nakazato, Satoru Miyazaki and Itoshi Nikaido\* MeSH ORA framework: R/Bioconductor packages to support MeSH over-representation analysis, (*BMC Bioinformatics* 2015, 16:45 doi:10.1186/s12859-015-0453-z) Published:15 February 2015
  19. Yosui Nojima, Katsuhiko Ito, Hiromasa Ono, Takeru Nakazato, Hidemasa Bono, Takeshi Yokoyama, Ryoichi Sato, Yoshitaka Suetsugu, Yuki Nakamura, Kimiko Yamamoto, Jun-ichi Satoh, Hiroko Tabunoki and Hajime Fugo, “Superoxide Dismutases, SOD1 and SOD2, Play a Distinct Role in the Fat Body during Pupation in Silkworm *Bombyx mori*, (*PLOS ONE*. 2015 Feb 25;10(2):e0116007. doi: 10.1371/journal.pone.0116007)



[データベース]

	名 称	概 要	U R L
1	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です。	<a href="http://togotv.dbcls.jp/">http://togotv.dbcls.jp/</a>
2	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です。平成 27 年 3 月末までの 55 か月間に 780 本のレビューを公開しました。	<a href="http://first.lifesciencedb.jp/">http://first.lifesciencedb.jp/</a>
3	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です。平成 27 年 3 月末までの 31 か月間に 40 本のレビューを公開しました。	<a href="http://leading.lifesciencedb.jp/">http://leading.lifesciencedb.jp/</a>
4	BodyParts3D	BodyParts3D (ボディパーツ 3D) は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です。3D レンダラー上のウェブ API を使うモデルエディター (アナトモグラフィ) を使って、BodyParts3D から解剖概念を選択して自由に人体のモデル図を作成、交換でき、利用者の情報もモデル上にマップ表現できます。データのバージョンアップに加えデータの管理方法を刷新。概念名をファイル名称とする旧方式からユニークなファイル名称と概念番号の対応表で持つようにした。これによって複数のバージョンを同時に提供可能になり、造形担当者とデータ (オブジェクトファイル) と概念の対応を行うデータ管理者の作業の分離で能率化。これにともないデータベースサイト (データレジストリ) も変更され概念とモデルデータを明確に区別し混乱回避。	<a href="http://lifesciencedb.jp/bp3d/">http://lifesciencedb.jp/bp3d/</a>
5	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です。	<a href="http://g86.dbcls.jp/togopic/">http://g86.dbcls.jp/togopic/</a>
6	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 サービスです。現在までに 116 の質問が投稿され、224 の回答が得られています。	<a href="http://qa.lifesciencedb.jp/">http://qa.lifesciencedb.jp/</a>
7	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フェースです。DBCLS で開発されたツール群も組み込んでいます。	<a href="http://galaxy.dbcls.jp/">http://galaxy.dbcls.jp/</a>
8	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です。	<a href="http://sra.dbcls.jp/">http://sra.dbcls.jp/</a>
9	CRISPRdirect	CRISPR/Cas9 ゲノム編集法に用いるガイド RNA を設計するためのソフトウェアです。	<a href="http://crispr.dbcls.jp/">http://crispr.dbcls.jp/</a>
10	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です。遺伝子名や各種 ID、タンパク質の機能や特徴などのキーワードだけでなく、短い塩基配列やアミノ酸配列から遺伝子を高速に検索することも可能です。	<a href="http://GGRNA.dbcls.jp/">http://GGRNA.dbcls.jp/</a>
11	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です。	<a href="http://GGGenome.dbcls.jp/">http://GGGenome.dbcls.jp/</a>
12	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です。	<a href="http://gendoo.dbcls.jp/">http://gendoo.dbcls.jp/</a>

13	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です。	<a href="http://refex.dbcls.jp/">http://refex.dbcls.jp/</a>
14	AOE (All Of gene Expression)	公共遺伝子発現データベースの目次です。	<a href="http://aoe.dbcls.jp/">http://aoe.dbcls.jp/</a>
15	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です。略字を入力することで、その使われ方を一覧表示します。	<a href="http://allie.dbcls.jp/">http://allie.dbcls.jp/</a>
16	Allie RDF Data	Allie の SPARQL エンドポイントです。	<a href="http://data.allie.dbcls.jp/">http://data.allie.dbcls.jp/</a>
17	Colil	PMC OA サブセットに含まれる論文について、本文中で引用されている PubMed に索引付けされている論文との関係を、引用文脈とともに検索可能なデータベースです。	<a href="http://colil.dbcls.jp/">http://colil.dbcls.jp/</a>
18	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です。論文中の英語表現を容易に検索できます。	<a href="http://docman.dbcls.jp/im/">http://docman.dbcls.jp/im/</a>
19	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です。	<a href="http://orefil.dbcls.jp/">http://orefil.dbcls.jp/</a>
20	PubAnnotation, TextAE	Web による文献アノテーションのための統合環境です。PubMed, PMC のオープンアクセスな文献に関しては文献データのファイルフォーマットを標準化し、文字列の絶対番地を提供することによって、異なったグループの文献アノテーションを一元的に取り扱うことができます。遺伝子名辞書などにより自動で固有表現抽出が可能です。	<a href="http://pubannotation.org/">http://pubannotation.org/</a>
21	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連する論文情報を提示するシステムです。TogoDoc Client と連携して文献を管理することも可能なほか、スマートフォンにも対応しています。	<a href="https://docman.dbcls.jp/pubmed_recom/">https://docman.dbcls.jp/pubmed_recom/</a>
22	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。	<a href="http://purl.jp/bio/10/lsd/sparql">http://purl.jp/bio/10/lsd/sparql</a>
23	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です。	<a href="http://pubdictionareis.org/">http://pubdictionareis.org/</a>
24	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です。	<a href="http://lodqa.org/">http://lodqa.org/</a>
25	SPARQL Builder	ユーザが欲しいデータを取得する SPARQL 文を生成するサービスです。	<a href="http://sparqlbuilder.org/">http://sparqlbuilder.org/</a>
26	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です。	<a href="http://ontofinder.dbcls.jp/">http://ontofinder.dbcls.jp/</a>
27	TogoDB (旧)	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フェースを生成するシステムです。	<a href="http://togodb.dbcls.jp/">http://togodb.dbcls.jp/</a>
28	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です。	<a href="http://togodb.org/">http://togodb.org/</a>
29	TogoGenome	ゲノムの決定した生物種を中心に、遺伝子・生物種・環境・表現型などの情報を RDF で整備したセマンティック・ウェブによるゲノムデータベースです。	<a href="http://togogenome.org/">http://togogenome.org/</a>
30	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です。	<a href="http://togotable.dbcls.jp/">http://togotable.dbcls.jp/</a>

31	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です。	<a href="http://togows.dbcls.jp/">http://togows.dbcls.jp/</a>
32	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です。BioHackathon は H19 年度からウェブサービス標準化、統合利用環境構築、セマンティックウェブ、リンクトデータで 4 度開催しています。DB 統合利用に関する内外研究者の国際的ハブとしての地位も確立しつつあります。	<a href="http://www.biohackathon.org/">http://www.biohackathon.org/</a>
33	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です。	<a href="http://wiki.lifesciencedb.jp/mw/">http://wiki.lifesciencedb.jp/mw/</a>
34	DBCLS OpenID	一つの ID で複数のサイトを認証できるシステムです。各サイトで認証サービスを用意する必要がなく、サイト間のユーザー情報の集約が容易におこなえます。	<a href="http://openid.dbcls.jp/">http://openid.dbcls.jp/</a>
35	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です。平成 23 年度は 6 回の講習会を開催しました。	<a href="http://motdb.dbcls.jp/">http://motdb.dbcls.jp/</a>

[著書等]

1. 河野信 (執筆)、HUPO-PSI/ProteomeXchange meeting 2014 レポート、日本プロテオーム学会通信 No.174. 2014 年 7 月 7 日 (<http://www.jhupo.org/letter/pdf/No174.pdf>)
2. 日野公洋・内藤雄樹 (執筆)・坊農秀雅 (執筆)・程久美子, CRISPR/Cas システムにおける標的認識とオフターゲット効果. 実験医学 2014 年 7 月号, p.1697-1703, 羊土社 (2014).
3. Chemical Compound Complexity in Biological Pathways, Atsuko Yamaguchi (執筆) and Kiyoko F. Aoki-Kinoshita, in Matthias Dehmer and Frank Emmert-Streib(Editors), Quantitative Graph Theory: Mathematical Foundations and Applications, pp. 471-493, Chapman and Hall/CRC, 2014/10/23.
4. 実験医学増刊 Vol.32 No.20 「今日から使える! データベース・ウェブツール 達人になるための実践ガイド 100」、2014 年 12 月発行 内藤祐樹 (編集)
  - 第 I 部 生命科学データベース, プロジェクトの動向
    3. 生命科学データベース統合の基盤技術【片山俊明 (執筆)】
    6. ウェットな研究にデータベースやウェブツールを役立てるための秘訣【坊農秀雅 (執筆)】
  - 第 II 部 今日から使えるデータベース・ウェブツール
    - 第 1 章 データベースを探す/情報を探す
      1. 統合 TV 生命科学分野のデータベース・ウェブツールの使い方を動画で紹介【小野浩雅 (執筆)】
    - 第 2 章 ゲノム/遺伝子/塩基配列を調べる
      2. Ensembl ゲノムブラウザ, アノテーションのデータベース【坊農秀雅 (執筆)】
      3. TogoGenome セマンティック・ウェブによるゲノムデータベース【片山俊明 (執筆) / 川島秀一 (執筆)】
      8. GGRNA キーワードや配列から遺伝子を Google のように検索【内藤雄樹 (執筆)】
      18. GGGenome 高速な塩基配列の検索ツール【内藤雄樹 (執筆)】
      21. Jalview 多重配列アラインメントのビューワ/エディタ【坊農秀雅 (執筆)】
      23. siDirect RNAi に用いる siRNA の設計ツール【内藤雄樹 (執筆)】
      24. CRISPRdirect CRISPR/Cas9 ゲノム編集法のガイド RNA 設計ツール【日野公洋 / 内藤雄



樹 (執筆) / 坊農秀雅 (執筆) / 程久美子】

### 第3章 タンパク質を調べる

1. UniProt アミノ酸配列と機能情報の基本データベース【川島秀一 (執筆)】
2. InterPro タンパク質配列解析と分類のためのデータベース【坊農秀雅 (執筆)】
6. Reactome ヒトを中心としたパスウェイデータベース【河野信 (執筆)】
7. BRENDA 酵素反応データベース【河野信 (執筆)】

### 第4章 遺伝子発現の解析

1. GEO, ArrayExpress 公共遺伝子発現データベース【坊農秀雅 (執筆)】
2. RefEx ヒト, マウス, ラットの遺伝子発現情報リファレンスデータセット【小野浩雅 (執筆)】
3. The Human Protein Atlas ヒトのタンパク質発現情報データベース【小野浩雅 (執筆)】
5. OMIM, Gendoo ヒト疾患および疾患関連遺伝子の解説と特徴プロファイル【仲里猛留 (執筆)】

### 第7章 NGS 解析に役立つデータベース・ウェブツール

2. DBCLS SRA SRA に公開された新型シーケンサの一次配列データを検索する【大田達郎 (執筆) / 仲里猛留 (執筆)】

### 第8章 文献を調べる/整理する

1. PubMed, PMC 生命科学系文献検索の王道【仲里猛留 (執筆)】
2. Google Scholar 学術論文を「ググる」【仲里猛留 (執筆)】
5. 「新着論文レビュー」と「領域融合レビュー」 Web にて無料で読めるわかりやすく信頼できる日本語のレビュー【飯田啓介 (執筆)】

### 第9章 研究を効率化するウェブツール/情報源

2. Allie 生命科学分野の略語を検索【山本泰智 (執筆)】
  3. inMeXes 生命科学分野の英語表現を高速, 軽快に検索【山本泰智 (執筆)】
  5. diff 《デュフフ》 テキスト比較ツール【内藤雄樹 (執筆)】
  10. TogoTable 手持ちの ID リストにさまざまな情報を自動取得して付加するツール【河野 信 (執筆)】
  11. TogoWS シンプルな URL で公共 DB のエントリを自在に取得【片山俊明 (執筆)】
  12. TogoDB 研究データを簡単に高機能データベース化【片山俊明 (執筆)】
  14. Slideshare 研究発表や講義の資料を共有し, 情報共有の効率を高める【大田達郎 (執筆)】
  15. 研究者の情報を調べる 研究成果, 研究資金, 本人が発信する情報から【内藤雄樹 (執筆)】
5. 河野信 (執筆)、TogoTable: 表形式データにアノテーションを付加するウェブツール、バイオサイエンスとインダストリー, 73 (1), 52-53 (2015).

<会議発表等>

[招待講演]

○国際

1. Toshiaki Katayama, BioHackathons: Accelerating cross project collaborations in bioinformatics, AllBio conference, Florence, Italy, 11 Jun 2014.

○国内

1. 坊農秀雅、新規医療開発に関わる統計学(バイオインフォマティクス)、群馬大学医学部、前橋 2014.4.7

2. 坊農秀雅、公共データベースを使い倒した遺伝子発現データ解析研究マイクロアレイと NGS のいいとこどりセミナー 大阪大学微生物病研究所、大阪 2014.4.11
3. 坊農秀雅、バイオサイエンス分野の公共データベースの現状と活用法 協和発酵キリン、静岡県長泉町 2014.6.9
4. 坊農秀雅、公共データベースを使い倒した知のめぐりのよい生命科学研究、第 29 回 DDBJing 講習会 in 三島 2014.6.12
5. 大田達郎、次世代シーケンサーを利用した研究事例とそれを支える公共ツール・データベース、第 186 回 酵母細胞研究会 例会、キリンビール株式会社横浜工場、2014.07.11
6. 河野信、プロテオミクスデータの標準化とデータベース、日本プロテオーム学会 2014 年大会、つくば、2014.7.17-18
7. 坊農秀雅、次世代 DNA シーケンサーから得られるビッグデータの現状と活用、Spotfire ユーザー会 東京 2014.10.10
8. 坊農秀雅、ライフサイエンス分野の公共データベースの現状と TIBCO Spotfire によるデータ可視化、Spotfire ユーザー会 東京 2014.10.10
9. 坊農秀雅、ライフサイエンス分野の公共データベースの現状とその活用法、東京大学 先端科学技術研究センター、東京 2015.1.23

[一般講演]

○国際

1. Shin Kawano, jPOST: Japan ProteOme SStandard repository/database, ProteomeXchange meeting 2014, Frankfurt, Germany, 2014.4.16-17
2. Jin-Dong Kim and Kevin Bretonnel Cohen, Triple Pattern Variation Operations for Flexible Graph Search, Proceedings of the 1st international workshop on Natural Language Interfaces for Web of Data (NLIWoD), 2014.10.19
3. Atsuko Yamaguchi, Kouji Kozaki, Kai Lenz, Hongyan Wu and Norio Kobayashi, An Intelligent SPARQL Query Builder for Exploration of Various Life-science Databases. Intelligent Exploration on Semantic Data (IESD 2014), CEUR Workshop Proceedings vol.1279, 19-20 Oct. 2014
4. Yasunori Yamamoto. A SPARQL Endpoint Profiler for an Efficient Question Answering System, Proceedings of the 7th International Workshop on Semantic Web Applications and Tools for Life Sciences, Berlin, Germany, December 9-11, 2014.
5. Tazro Ohta, Hiromasa Ono, Yuki Naito, Takeru Nakazato, \*Hidemasa Bono Facilitating the Use of Next-Gen Sequence Data for Data-Driven Biology. International Plant & Animal Genome XXIII (PAG), San Diego, CA, USA 2015.1.10-14
6. Jin-Dong Kim, Kevin Bretonnel Cohen and Jung-Jae Kim, PubAnnotation-query: a search tool for multi-layer RDF-annotated corpora, Proceedings of the 1st Biomedical Linked Annotation Hackathon Symposium (BLAH), 2015.2.27.

○国内

1. 藤原豊史、山本泰智: ライフサイエンス辞書のリンクトデータ構築、2014 年度人工知能学会全国大会、松山、2014.5.12-15
2. 山田一作、田中健一、木下聖子、小寺正明、澤木弘道、土屋伸一郎、松原正陽、藤田典昭、鹿内俊秀、加藤雅樹、河野信、成松久、糖鎖構造表記法の国際標準化、第 33 回日本糖質学会年会、名古屋、

2014.8.10-12

3. 山本泰智: RDF 化した MeSH とライフサイエンス辞書を利用した生命科学概念に基づく日本語レビュー記事の絞り込み検索、第 33 回セマンティックウェブとオントロジー研究会、東京、2014.8.20
4. 坊農秀雅、公共データベースからの集合知による低酸素刺激応答遺伝子群の解析、第 73 回日本癌学会学術総会 横浜 2014.9.25-27
5. 山口敦子、DBCLS におけるデータベース RDF 化への取組みと今後の展望、トーゴーの日シンポジウム 2014、時事通信ホール、2014 年 10 月 5 日
6. 山本泰智: SPIN を用いた SPARQL エンドポイントの性能評価システム、第 34 回セマンティックウェブとオントロジー研究会、東京、2014.11.20

[ポスター]

○国際

1. Takeru Nakazato, Tazro Ohta, Hidemasa Bono, DBCLS SRA: Functional mining and characterization of public NGS data, European Conference on Computational Biology (ECCB'14), Strasbourg, France, 2014.9.7-10
2. Toshiaki Katayama, Integration of TogoStanza and BioJS, EU codefest, European Bioinformatics Institute, Cambridge, UK, 18-19 Sep 2014.
3. Hiromasa Ono, Hidemasa Bono RefEx: Reference Expression Dataset for cell and tissue transcriptome. Genome Informatics 2014, Churchill College, Cambridge, UK 2014.9.21-24
4. Naito, Y., Bono, H.: GGRNA and GGGenome: ultrafast search engines for nucleotide sequence database. Genome Informatics 2014, Cambridge, UK. 2014.9.21-24
5. Shin Kawano, Yasushi Ishihama, Tadashi Yamamoto, Shujiro Okuda, Takeshi Tomonaga, Masaki Matsumoto, Hirofumi Nakagami, Tadashi Kondo, Masaya Ono, Sumio Ohtsuki, and Norie Araki, Concept of Japan Proteome Standard repository/database (jPOST), HUPO 13th Annual World Congress, Madrid, Spain, 2014.10.5-8
6. Tazro Ohta, Hiromasa Ono, Yuki Naito, Takeru Nakazato, Hidemasa Bono Promoting the use of next-gen sequence data to maintain the research environment for data-driven biology. Biological Data Science, Cold Spring Harbor Laboratory, NY, USA 2014.11.5-8
7. Norio Kobayashi, Kai Lenz, Hongyan Wu, Kouji Kozaki and Atsuko Yamaguchi, Prototype implementation of SPARQL Builder for Life-science Databases by intelligent schema analysis on RDF datasets, 7th International SWAT4LS Workshop, 9-11 Dec. 2014.
8. Jin-Dong Kim, Natural Language Interfaces to SPARQL Endpoints SWAT4LS (Tutorial), SWAT4LS, Semiraris Campus Hotel, Berlin, Germany, 9-12 Dec 2014.
9. Toshiaki Katayama D3SPARQL: JavaScript library for visualization of SPARQL results, SWAT4LS, Semiraris Campus Hotel, Berlin, Germany, 9-12 Dec 2014.
10. Naito, Y., Hino, K., Ui-Tei, K., Bono, H.: CRISPRdirect: web-based tool for designing CRISPR/Cas guide RNA with reduced off-target sites. CRISPR 2015 OXFORD, Oxford, UK. 2015.3.23

○国内

1. 川島秀一、岡本忍、微生物培養培地オントロジーの開発、第 28 回 人工知能学会全国大会、愛媛県県民文化会館、2014 年 5 月 12 日-15 日
2. Norie Araki, Sumio Ohtsuki, Yasushi Ishihama, Takeshi Tomonaga, Hirofumi Nakagami, Tadashi

Kondo, Masaya Ono, Masaki Matsumoto, Tadashi Yamamoto, Shujiro Okuda, Shin Kawano, Toshifusa Toda, Hisashi Hirano, Hisashi Narimatsu, jPOST: Japan ProteOme STandard repository/database, 日本プロテオーム学会 2014 年大会、つくば、2014.7.17-18

3. Rene Ranzinger、木下聖子、Matthew P. Campbell、河野信、Thomas Lutteke、奥田修二郎、新町大輔、鹿内俊秀、澤木弘道、Philip Toukach、松原正陽、山田一作、成松久、GlycoRDF: 糖鎖オントロジーによる糖鎖関連データの RDF 化、第 33 回日本糖質学会年会、名古屋、2014.8.10-12
4. 田中健一、木下聖子、小寺正明、澤木弘道、土屋伸一郎、藤田典昭、鹿内俊秀、加藤雅樹、河野信、山田一作、成松久、セマンティックウェブを指向した国際標準化糖鎖線形表記法、第 3 回生命医薬情報学連合大会 (IIBMP2014)、仙台、2014.10.2-4
5. 川島秀一、片山俊明、岡本忍、TogoGenome における微生物表現型情報の活用、生命医薬情報学連合大会 2014、2014 年 10 月 2 日-4 日
6. 大波純一、杉崎太一郎、青木健一、平井信一、牧口大旭、奥村利幸、川本祥子、畠中秀樹、三橋信孝、情報探索と俯瞰をアシストする生命科学データベース横断検索、トーゴの日シンポジウム 2014、時事通信ホール、2014 年 10 月 5 日
7. 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」、トーゴの日シンポジウム 2014、時事通信ホール、2014 年 10 月 5 日
8. 山口敦子、呉紅艶、山本泰智、分散環境における RDF 基盤構築技術の研究開発、トーゴの日シンポジウム 2014、時事通信ホール、2014 年 10 月 5 日
9. 片山俊明、西澤達也、三嶋博之、川島秀一、岡本忍、藤澤貴智、RDF によるデータ統合と相互運用性のための技術開発、トーゴの日シンポジウム 2014、時事通信ホール、2014 年 10 月 5 日
10. 川島秀一、岡本忍、片山俊明、TogoGenome / TogoStanza の新規機能開発、トーゴの日シンポジウム 2014、時事通信ホール、2014 年 10 月 5 日
11. 山本泰智、日本語コンテンツに対するセマンティックウェブ技術の適用、トーゴの日シンポジウム 2014、時事通信ホール、2014 年 10 月 5 日
12. 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支援ウェブサービスにおけるセマンティックウェブ技術の利用、トーゴの日シンポジウム 2014、時事通信ホール、2014 年 10 月 5 日
13. 山本希、岡本忍、川島秀一、鈴木真也、森宙史、黒川顕、微生物の生息環境を記述するオントロジーの拡張と MicrobeDB.jp での利用、トーゴの日シンポジウム 2014、時事通信ホール、2014 年 10 月 5 日
14. 鈴木穰、若栗浩幸、河野信、土原一哉、菅野純夫、マルチオミックスデータと疾患関連変異に関する統合 トランスクリプトームデータベース(DBTSS)、トーゴの日シンポジウム 2014、時事通信ホール、2014 年 10 月 5 日
15. 川嶋実苗、三橋信孝、箕輪真理、バイオサイエンスデータベースセンター(NBDC)ヒトデータベース 1 周年を迎えて、トーゴの日シンポジウム 2014、時事通信ホール、2014 年 10 月 5 日
16. 大田達郎、小野浩雅、内藤雄樹、仲里猛留、坊農秀雅、NGS データの利用を促進する統合環境の構築とサービスの提供、トーゴの日シンポジウム 2014、時事通信ホール、2014 年 10 月 5 日
17. 大田達郎、仲里猛留、坊農秀雅、公共 NGS データの活用を促進する検索システムの構築、トーゴの日シンポジウム 2014、時事通信ホール、2014 年 10 月 5 日
18. 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、トーゴの日シンポジウム 2014、時事通信ホール、2014 年 10 月 5 日

19. 内藤雄樹、坊農秀雅、統合遺伝子検索 GGRNA と高速塩基配列検索 GGGenome : 塩基配列データベースをすばやく検索するウェブサーバ、トーゴの日シンポジウム 2014、時事通信ホール、2014 年 10 月 5 日
20. 仲里猛留、ライフサイエンスデータの統合化を支える IT インフラ、トーゴの日シンポジウム 2014、時事通信ホール、2014 年 10 月 5 日
21. 内藤雄樹、坊農秀雅、ゲノム編集のオフターゲット効果を防ぐための塩基配列検索技術、第 4 回ゲノム編集研究会、広島国際会議場、2014 年 10 月 6 日-7 日
22. 坊農秀雅、低酸素刺激応答遺伝子群のデータベース解析と次世代遺伝子発現データベース目次 AOE、第 12 回がんとハイポキシア研究会、佐賀、2014 年 11 月 21 日-22 日
23. 小野浩雅、遺伝子発現リファレンスデータセット 『RefEx』の低酸素発現制御解析への応用、第 12 回がんとハイポキシア研究会、佐賀、2014 年 11 月 21 日-22 日
24. 山本泰智、岡本忍、藤澤貴智、木村明音、宮澤せいはい、笹川真稚、片野(牧山)葉子、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、第 37 回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2014 年 11 月 25 日-11 月 27 日
25. 小野浩雅、坊農秀雅、RefEx: 遺伝子発現解析のための正常組織および細胞株のリファレンスデータセット、第 37 回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2014 年 11 月 25 日-11 月 27 日
26. miRNA の網羅的予測と存在パターンから辿る緩歩動物門の進化、石野響子、荒川和晴、國枝武和、桑原宏和、堀川大樹、豊田敦、片山俊明、富田勝、第 37 回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2014 年 11 月 25 日-11 月 27 日
27. 鈴木穰、河野信、土原一哉、菅野純夫、中井謙太、Integration of Transcriptome Database, DBTSS, with Multi-Omics Data and Disease-associated Human Variations、第 37 回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2014 年 11 月 25 日-11 月 27 日
28. 鐘ヶ江(梶矢)弘美、川島秀一、鐘ヶ江健、岡本忍、シダ植物オントロジー (FO) の開発、第 37 回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2014 年 11 月 25 日-11 月 27 日
29. 川島秀一、岡本忍、微生物培養培地オントロジーの開発、第 37 回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2014 年 11 月 25 日-11 月 27 日
30. 奥田修二郎、佃直紀、山本希、西本悠一郎、高橋知紀、森宙史、黒川顕、守屋勇樹、五斗進、山田拓司、ヒト腸内細菌叢解析のためのパスウェイデータベース構築、第 37 回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2014 年 11 月 25 日-11 月 27 日
31. 大波純一、杉崎太一朗、青木健一、平井信一、牧口大旭、宮崎敦子、三橋信孝、畠中秀樹、川本祥子、生命科学系公開データベースの構成の分類と横断検索システムによる適切な探索方式の検討、第 37 回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2014 年 11 月 25 日-11 月 27 日
32. 内藤雄樹、坊農秀雅、統合遺伝子検索 GGRNA と高速塩基配列検索 GGGenome : 塩基配列データベースをすばやく検索するウェブサーバ、第 37 回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2014 年 11 月 25 日-11 月 27 日
33. 芦崎晃一、山中遼太、大田達郎、油谷浩幸、北野宏明、Galaxy を迅速に活用するための仮想環境の構築、第 37 回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2014 年 11 月 25 日-11 月 27 日
34. 加々美直史、入江直樹、辰巳徳史、坊農秀雅、阿形清和、第 35 回日本分子生物学会 IT 企画のコンセプト、方法論および結果、第 37 回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2014 年 11 月 25 日-11 月 27 日
35. 飯田啓介、トップジャーナルに掲載される日本人の論文は減少しているのか?、第 37 回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2014 年 11 月 25 日-11 月 27 日



36. 川島秀一、岡本忍、培養培地オントロジーGMOの開発、第9回日本ゲノム微生物学会、神戸、2015年3月6日-8日
37. 川島秀一、岡本忍、微生物培養培地のRDF化、第57回人工知能学会分子生物情報研究会、北陸先端大、2015年3月20日

<受賞>

なし

③ その他の成果発表

とくになし