



## News

[ホーム](#) > [トピック・関連情報](#) > [最新情報](#) > ゲノム医学研究におけるクラウドコンピューティングの活用に関するさまざまな視点について

### ゲノム医学研究におけるクラウドコンピューティングの活用に関するさまざまな視点

2023年5月2日

ゲノム解析技術の急速な発展と普及により、全ゲノムシーケンシングなどで取得されたゲノムデータが急速に蓄積されています。これらのデータは産出した研究グループによる解析のみならず、公共データベースに登録され研究コミュニティに共有されることによって、さらなる研究の発展に役立てられています。とりわけ近年では多数のコホート研究を結びつけた大規模なゲノムワイド関連解析の国際共同研究やリスク予測モデルの検証など、収集、蓄積されたデータの共有、統合が重要な役割を果たしています。コホートスケールのゲノムデータを扱うためには巨大なストレージと大量の計算資源が必要となるため、一般的な生物医学の研究室でゲノム解析用の環境を維持管理するのは困難です。遠隔地にある大規模な計算リソースを利用するクラウド・コンピューティング（以下、クラウド）は、ゲノム解析の大規模化に伴う諸問題を解決する有効な手段ですが、我が国では必ずしもクラウドの利用は進んでおらず、解析環境の選択肢は限られているのが現状でした。

そこで、国立国際医療研究センター研究所ゲノム医科学プロジェクトの徳永勝士プロジェクト長が代表となり、AMEDの支援を受けて「国際的データシェアリングに関する課題解決のための調査研究及び開発研究」班が2019年に開始されました。その成果の一部を、2023年3月にHuman Genome Variation誌の特集「Different aspects of cloud computing for genome medicine」として発表しました。

本特集では、クラウド環境を安全かつ広範囲に活用するため、さまざまな観点からの考察が加えられています。

- 国立情報学研究所の合田憲人らは、学術研究、特にゲノム医学研究にクラウドサービスを利用する際に有用なチェックリストを提示しました。
- 国立遺伝学研究所の小笠原理は、ゲノム解析研究のためのクラウド環境構築法について考察し、その実例を提示しました。
- ゲノムアナリティクスジャパンの八谷剛史らは、バイオサイエンスデータベースセンター（NBDC）と協力して開発したゲノムワイドインビュテーションシステムを紹介しました。
- 京都大学の長崎正朗らは、大規模なゲノム研究のためのハイブリッドクラウドシステムの構成について議論し、各種ソフトウェアの実装例を示しました。
- 東京大学の武藤香織らは、クラウドコンピューティングおよび個人の健康情報やゲノムデータを研究に利用することに対する社会の意識を調査した結果を報告しました。

これらの発表論文は、我が国における今後の大規模なデータを利用した医学研究が、クラウドコンピューティング環境を適切に利用することで安全かつ効果的に推進されるための一助となります。

#### 特集：Different Aspects of Cloud Computing for Genome Medicine

Kobayashi K, Yoshida H, Tanjo T, Aida K: Cloud service checklist for academic communities and customization for genome medical research. Hum Genome Var 9(1): e36, 2022.

Ogasawara O: Building cloud computing environments for genome analysis in Japan. Hum Genome Var 9(1): 46, 2022.

Hachiya T, Ishii M, Kawai Y, Khor SS, Kawashima M, Toyo-Oka L, Mitsuhashi N, Fukuda A, Kodama Y, Fujisawa T, Tokunaga K, Takagi T: The NBDC-DDBJ imputation server facilitates the use of controlled access reference panel datasets in Japan. Hum Genome Var 9(1): 48, 2022.

Nagasaki M, Sekiya Y, Asakura A, Teraoka R, Otokozawa R, Hashimoto H, Kawaguchi T, Fukazawa K, Inadomi Y, Murata KT, Ohkawa Y, Yamaguchi J, Mizuhara T, Tokunaga K, Sekiya Y, Hanawa T, Yamada R, Matsuda F: Design and implementation of a hybrid cloud system for large-scale human genomic research. Hum Genome Var 10(1): 6, 2023.

Kusunose M, Muto K: Public attitudes toward cloud computing and willingness to share personal health records (PHRs) and genome data for health care research in Japan. Hum Genome Var 10(1): 11, 2023.

#### トピック・関連情報

新型コロナウイルス・オミクロン株のBA.5系統およびBQ.1.1系統が、高温で増殖しづらい臨床検体から分離した新型コロナウイルス・オミクロン株 BA.2.75系統に対する治療薬の効果

最新情報

プレスリリース

新興・再興感染症など

リンク



#### 研究データベース

結核菌オンライン解析システム

システノーシスのひろば

▲ ページの先頭へ戻る