「生物学のデータと可視化」特集号について*

西田 孝三**

Biological Data and Visualization

Kozo NISHIDA

生物学に関連するデータの量と複雑さは急速に増大しており、その可視化のための技術はますます重要になっている。本特集号では生物学ではどのようなデータが増えているのか、どのように複雑なのか、どのような可視化技術が求められているのかをソフトウェア開発を行う研究者が集まり、広範な生物学研究分野に対して紹介する。

今回の特集号では生物学における様々なネットワークデータ、ゲノムの新しいデータ表現、生命現象の時空間動態データを可視化する手法を開発されている方々4名に執筆をお願いし、また編集委員も執筆に加わり、6編の可視化手法について紹介する。

大野圭一郎氏（カリフォルニア大学サンディエゴ校）には遺伝子機能に関するオントロジーの階層構造データとそれに関連する分子間相互作用ネットワークの統合可視化ダッシュボード HiView についてご紹介いただいた。生命科学における異種データの統合可視化ウェブアプリケーション、特にそれを UI コンポーネントの集合として設計・実装している例はまだ多くは無い。HiView ではどのように可視化とインタラクションのデザインが行われているか、またアプリケーションの設計と実装が行われているかを大野氏にはご紹介いただいた。

担当編集の西田孝三（理化学研究所）は代謝経路に代表される生化学反応ネットワーク（パスウェイ）とそれに関するデータののためのダッシュボード用可視化コンポーネント Dash-Pathway を紹介した。大野氏と同様にネットワーク可視化とダッシュボードに関する話題であるが、パスウェイにはオントロジーの階層構造や分子間相互作用ネットワーク一般とは異なる独自の可視化に関する難しさがある。また Dash-Pathway はダッシュボードではなくダッシュボードフレームワークのコンポーネントという形での実装である。これら大野氏との差異の説明に加え、Dash-Pathway の応用例も紹介した。

横山稔之氏（東京大学）には複数の個体のゲノムをグ

ラフ構造によって表現するグラフゲノムのための可視化ツール MoMI-G についてご紹介いただいた。グラフゲノムの背景や定義、またそのブラウザである MoMI-G の設計と機能、そして遺伝性疾患やがんの原因となる例もあるゲノムの構造多型をその可視化対象の代表としてご紹介いただいた。

片山俊明氏（ライフサイエンス統合データベースセンター）には RDF・SPARQL を使用して生命科学におけるリンクトデータを処理するツール SPARQList に加え、その結果を可視化する d3sparql.js やウェブアプリケーション用コンポーネントフレームワーク TogoStanza についてご紹介いただいた。またその応用例としてゲノムデータベース TogoGenome についてもご紹介いただいた。

京田耕司氏（理化学研究所）には顕微鏡画像に代表される生命現象の時空間動態データの定量フォーマット BDML やその可視化ツールについてご紹介いただいた。このような定量データや元画像、またその他のデータを統合した分析や可視化はバイオイメージ・インフォマティクスと呼ばれ近年急速に発展している。同じく担当編集の夏川浩明氏（京都大学）には前述のバイオイメージ・インフォマティクスで定量化された画像の特徴量に基づくネットワークと遺伝子に関する情報のネットワークを統合し、可視化を行うデータ探索システム PheGeNet についてご紹介いただいた。お二人の紹介はバイオイメージ・インフォマティクスのための「定量化」「定量データ分析結果の探索のための可視化」で地続きの関係にある。続けてお読みいただけると幸いです。

可視化研究者の皆様に本特集で紹介した可視化手法に対してのフィードバックを頂き、相互の研究の発展につながる情報交換が行えれば幸いです。最後にご執筆をご快諾いただいた執筆者の皆様に深く感謝申し上げます。

* 原稿受付 2019 年 11 月 19 日

** 理化学研究所 生命機能科学研究センター
(〒565-0874 大阪府吹田市古江台 6-2-3,
E-mail: knishida@riken.jp)