

トーゴーの日シンポジウム2020  
(2020.10.5)

バイオサイエンスデータベース、  
10年の軌跡とこれから

MicrobeDB.jp、  
これまでとこれから

国立遺伝学研究所  
黒川 顕

# 微生物統合DB「MicrobeDB.jp」

- 微生物は地球上のいたる所に存在し環境と密接に関与している。
- 微生物研究はバイオ分野のみならず、他の多くの分野と連携可能。
- 多様な研究分野においてマイクロバイオーム・メタゲノム研究が加速度的に進展している。
- バイオ分野におけるデータだけでなく、環境のデータ、地球科学のデータなど、多様なデータを統合的に解析する必要がある。
- 微生物学の専門家のみならず非専門家も、微生物のゲノムやメタゲノム情報を容易に利活用できるDBを目指し、微生物統合DB「MicrobeDB.jp」を開発・運用している。
- 統合化されたデータをどのように渡り歩き、どのような新規知見を得るか、すなわちデータサイエンス研究手法を提案している。

# MicrobeDB.jp ver.3

The screenshot shows the MicrobeDB.jp website with a yellow background. At the top, there is a navigation bar with 'Home', 'Document', 'Analysis -', a search bar containing 'e.g. hot spring, Enterococcus faecalis, psb.', and 'Search'. The main content area features the MicrobeDB.jp logo and a description: 'Integrating and representing genome, metagenome, taxonomy resources and the analysis datasets with Semantic Web Technologies.' Below this is a 'Features' section with a 'Data sources of MicrobeDB.jp ver. 3' table. The table lists various data sources with their counts: Metagenome and Microbes Environmental Ontology (2401), Taxonomy (129342), Ortholog Groups (4203173), Microbial Phenotype Ontology (277), Genome and Metagenome Sample (1920339), Culture collections in Japan (38414), Pathogenic Disease Ontology (387), Human Microbiome Associated Disease Ontology (305), and KEGG Orthology (22421). The last modified date is 2020-02-16. Other sections include 'Keyword Search', 'Representation and Visualization', 'Comparative Analysis', and 'Upload Your Data'.

Source	Count
Metagenome and Microbes Environmental Ontology	2401
Taxonomy	129342
Ortholog Groups	4203173
Microbial Phenotype Ontology	277
Genome and Metagenome Sample	1920339
Culture collections in Japan	38414
Pathogenic Disease Ontology	387
Human Microbiome Associated Disease Ontology	305
KEGG Orthology	22421



# ヒトメタゲノム研究年史

- 1990年 ヒトゲノム計画開始
- 2003年 ヒトゲノム計画完了
- 2004年 C. Venterらによる海洋メタゲノム解析の報告
- 2004年 米国、欧州でのclosed meeting
- 2004年 日本人13人の腸内細菌叢メタゲノム解析の開始
- 2005年 日本ヒトメタゲノムコンソーシアム(HMGJ)設立
- 2005年 次世代シーケンサー「454」発売
- 2006年 米国人2人の腸内細菌叢メタゲノム解析の報告
- 2007年 日本人13人の腸内細菌叢メタゲノム解析の報告
- 2008年 米国HMP、欧州MetaHIT発足
- 2008年 国際ヒトマイクロバイオームコンソーシアム(IHMC)設立
- 2015年 JST CRDS「微生物叢研究の統合的推進」
- 2016年 文科省研究開発目標「宿主と微生物叢間クロストーク」
- 2016年 AMED「微生物叢と宿主の相互作用・共生の理解と、それに基づく疾患発症のメカニズム解明」事業開始
- 2017年 日本マイクロバイオームコンソーシアム(JMBC) 設立

# SCOPE workshop MicroEnGen

18-21th April 2004

De Wageningse Berg (Netherlands)

黒川@阪大微研



# Microbial genomes in the environment: Discovery and exploitation of the micro- engines of ecosystem functioning

- Microbial structural and functional genomics
- Use of ‘meta-genome’ libraries to uncover microbial metabolic potential
- Microbial communities as metagenomes - use of micro-arrays for phylogenetics and metabolic assessments
- **Bioinformatics - How to derive knowledge from influx of bio-information**



# ヒト腸内メタゲノムプロジェクトのはじまり

- C. Venter博士らによる海洋メタゲノムの開始（2004年）
  - サルガッソー海の細菌群集メタゲノム解析
  - 地球一周により「数億個の遺伝子」を明らかにする！

2004年11月12日

これはマズイ！



有用遺伝子資源の独占



# MicrobeDB.jp これまで

- メタゲノムオーソログ遺伝子統合解析システムの開発（2006~2009）

## 研究開発の背景

- バクテリアは地球上あらゆる場所に存在し、**環境の根幹を形成している**といっても過言ではない。
- これらバクテリアのゲノム解析が精力的に行われ、現在、**約400種**にもおよぶバクテリアゲノム全配列が公開されている。
- しかし、その多くが**病原性細菌**である。
- 環境中のバクテリアの**99%**が**培養困難**である。
  
- これらを解析するための新たな手法として、**環境中のバクテリア集団をまるごとゲノム解析するメタゲノム解析**が注目されている。

## 研究開発構想

- メタゲノムデータの解析から、環境中の遺伝子プールを評価し、**環境特異的、環境横断的な遺伝子群の抽出および同定するためのデータベースおよびシステムの開発**

**メタゲノム解析だけでなく  
比較メタゲノム解析のための基盤構築**

# 日本人の腸内メタゲノム解析

Sample	Sample name	Sex	Age	Total reads Q>15	Total read length (bp)
Individual	In-A	Male	45	81687	52509363
Individual	In-B	Male	6 months	80617	62792581
Individual	In-D	Male	35	84237	55137918
Individual	In-E	Male	3 months	80852	56781600
Individual	In-M	Female	4 months	89340	57808421
Individual	In-R	Female	24	85787	55404826
Family I	F1-S	Male	30	78452	53568019
	F1-T	Female	28	81348	55365235
	F1-U	Female	7 months	82525	53864663
Family II	F2-V	Male	37	80772	55926002
	F2-W	Female	36	79163	54885684
	F2-X	Male	3	80858	56587120
	F2-Y	Female	1.5	79754	56276047

7 adults  
2 children  
4 infants



**Total** **1,065,392 reads** **726,907,479 bp**

# メタゲノム解析とは

- 新型シーケンサーの登場
  - 膨大な配列情報の生産
- ゲノム解析とメタゲノム解析は異なる
  - 断片配列による解析
- 膨大な配列情報
  - 温度やpHのような測定データの種類となる

メタゲノムデータ＝配列情報をもった表現型データ



Human and Mouse gene expression database

# BODYMAP

BodyMap is a data bank of expression information of human and mouse genes, novel or known, in various tissues or cell types and various timings. The first generation map was created by random sequencing of clones in 3'-directed cDNA libraries.

▶ [About BodyMapping](#) ▶ [About Bodymap server](#) ▶ [List of contributors](#)

## What's New ▼

1999-07-01 Site Renewal Open

[Summary statistics](#)

Tissue list([Human](#), [Mouse](#))

## Composition of mRNA ▶



## Expression Patterns of Genes ▶



## Select genes by expression ▶



New BodyMap server was created by [T. Hishiki](#) and [S. Morishita](#)

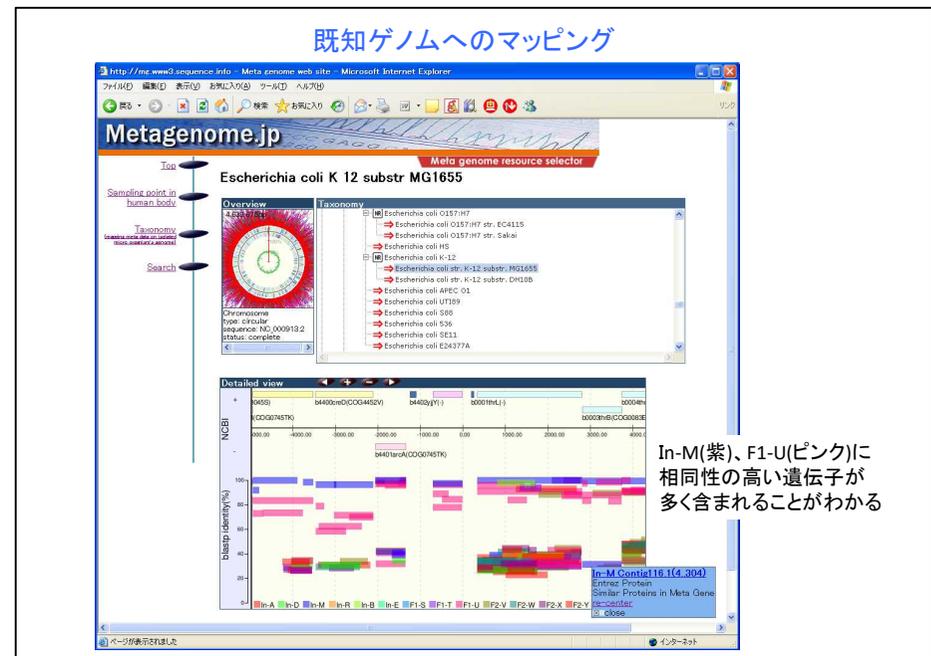
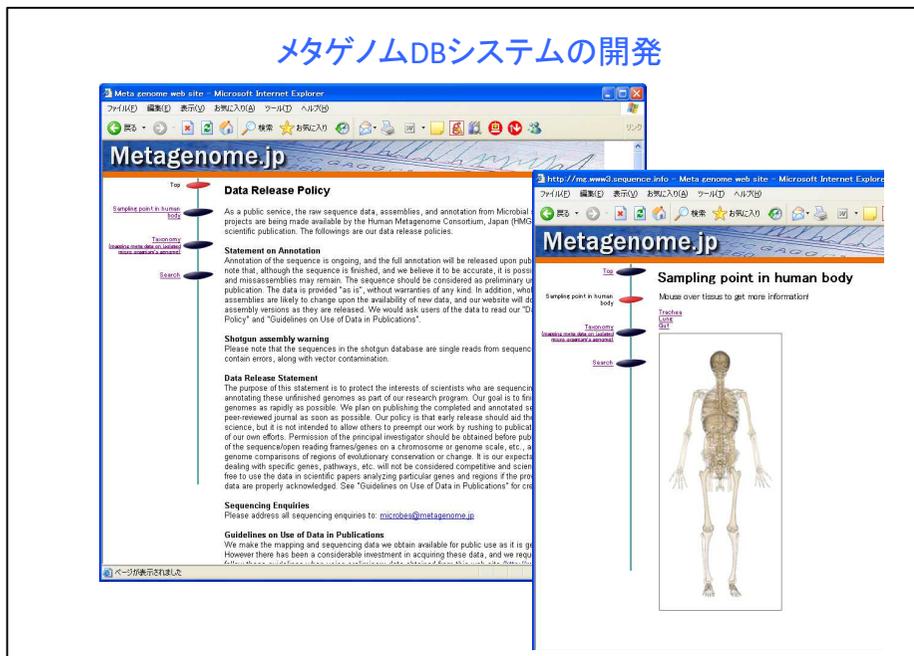
BodyMap project is conducted by [S. Kawamoto](#) and [K. Okubo](#)

BodyMap was supported by the following grants.

- Grant#96L00104 Research for the future (RFTF) of Japan Society for the Promotion of Science to K.O.(1997-1999)
- Grant#08283105 Grant-in-Aid for Scientific Research on Priority Areas from the Ministry of Education, Science and Culture of Japan to K.O.(1997-1999)
- Grant#07NP0201 (1997), #06NP0401 (1996), #05NP0501 (1995), #04NP0401 (1994) #03NP0401 (1993) Grant-in-Aid for Creative Basic Research "Human Genome Program" from the Ministry of Education, Science and Culture of Japan to K.O.
- Grant#06270212(1994) #07262208(1995) Grant-in-Aid from the Ministry of Education, Science and Culture of Japan to K.O.

# MicrobeDB.jp これまで

- メタゲノムオーソログ遺伝子統合解析システムの開発 (2006~2009)
- メタゲノム統合解析システムの開発 (2009~2011)



# ヒトメタゲノムDB

## Human Meta BodyMap

The screenshot shows the Metagenome Database interface. The main content area displays search results for 'Uncultured human fecal virus'. A pie chart titled 'Tissue' shows the distribution of sequences across various body sites. The largest categories are Skin (355), Oral (185), and Face (160). Other significant categories include Gastrointestinal tract (152), Ears (71), and Airways (68).

SRSID	Project	Individual	EMBL, Genbank prefix	Title	Number of sequences	Tissue	Condition of health	Sample	Main targets
	<a href="#">27</a>	<a href="#">28</a>	AAMG	Uncultured human fecal virus	2373	gut			
	<a href="#">27</a>	<a href="#">29</a>	AAMH	Uncultured human fecal virus	4593	gut			
	<a href="#">27</a>	<a href="#">30</a>	AAMI	Uncultured human fecal virus	3329	gut			
	<a href="#">26</a>	<a href="#">26</a>	AAQK	Human stool environmental sequences	10488	gut			
	<a href="#">26</a>	<a href="#">27</a>	AAQL	Human stool environmental sequences	12020	gut	healty	two healty adults	DNA and 16S ribosomal DNA
	<a href="#">29</a>	<a href="#">41</a>	ABNW	Human lung metagenome	39807	lung			Bacterial genomic DNA
	<a href="#">29</a>	<a href="#">42</a>	ABNX	Human lung metagenome	92223	lung			Bacterial genomic DNA

メタデータ(約70,000サンプル)を注意深くアノテーション&XML化



# メタデータによる検索

The screenshot displays the Metagenome Database website. The browser address bar shows <http://metagenomics.jp/mg/meta>. The site header includes navigation tabs: Top, Metagenomics project list, Body-BLAST, Human body, KEGG, Taxonomy, Search, and Manual. A search window is open, showing filters for Project type, Title, Submitter, References, Age, Tissue, Condition of health, Sample, and Main targets. To the left, a 3D human body model is shown with colored overlays representing different body parts. A legend lists these parts with their respective counts: Face(160), Brain, Eyes, Ears(71), Oral(185), Airways(68), Trachea, Lung(2), Heart, Gut(22), Gastrointestinal tract(152), Urogenital tract(37), Skin(355), Blood(1), Lymph nodes, and Unclassified(1). Below the search window, a table displays search results with columns for various attributes and a 'Main targets' column.

Condition of health	Sample	Main targets				
three fecal samples from two healthy individuals	three fecal samples from two healthy individuals	RNA viruses				
three fecal samples from two healthy individuals	three fecal samples from two healthy individuals	RNA viruses				
three fecal samples from two healthy individuals	three fecal samples from two healthy individuals	RNA viruses				
two healthy adults	two healthy adults	Bacterial genomic DNA and 16S ribosomal DNA				
two healthy adults	two healthy adults	Bacterial genomic DNA and 16S ribosomal DNA				
29	41	ABNW	Human lung metagenome	39807	lung	Bacterial genomic DNA
29	42	ABNX	Human lung metagenome	92223	lung	Bacterial genomic DNA

DBCLSにより開発されたBodyParts3Dの利用

# ヒトメタゲノムに特化したBody-BLAST

Metagenome Database : Body-BLAST

http://metagenomics.jp/mg/blast

## Metagenome.jp

Top Metagenomics project list **Body-BLAST** Human body KEGG Taxonomy Search Manual

### Body-BLAST ?

Search engine: [NCBI BLAST2](#)

**Search conditions**

Enter the query sequence in [FASTA format](#)

**Select the Database & Program Name**

Database

- Mapping to Taxonomy
  - 16S rDNA (Vitcomi)[?](#)
- Mapping to HumanBody and Metadata
  - 16S rDNA (Silva)[?](#)
  - 16S rDNA (metagenome)[?](#)
  - Protein (metagenome and isolated genome)[?](#)
  - CDS (metagenome and isolated genome)[?](#)
  - Genome (metagenome and isolated genome)[?](#)
- Mapping to clustering result
  - Representative protein of clusters (clustering result by CD-HIT)[?](#)
- Mapping to 3D
  - Protein 3D structure known (PDB)[?](#)

Similarity Search Engine

- BLASTP (protein query vs. protein DB)
- PSI-BLAST (Position-Specific Iterated BLAST)
- BLASTX (translated nucleotide query vs. protein DB)

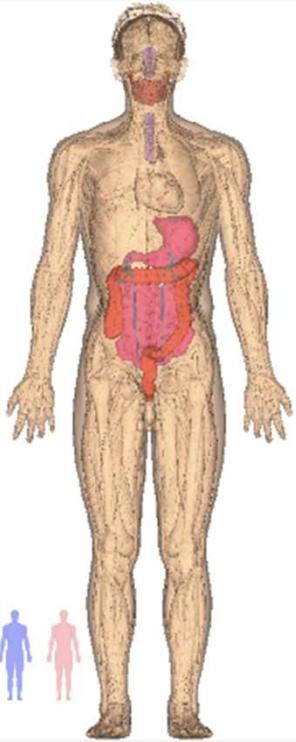
配列相同性により  
環境を検索可能

# Body-BLASTの結果表示

Metagenome Database

http://metagenomics.jp/mg/blast/result/909940e37ed8dd1618fd308a91754778

Search...

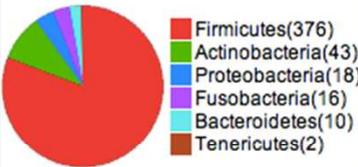


- Face
- Brain
- Eyes
- Ears
- Oral(75)
- Airways(8)
- Trachea
- Lung
- Heart
- Gut(100)
- Gastrointestinal tract(276)
- Urogenital tract(86)
- Skin(53)
- Blood(10)
- Lymph nodes
- Unclassified

**Metagenomics project list** Columns... Classical NGS Reference(HMP)

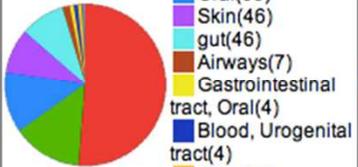
Project	Individual	EMBL, Genbank prefix	Title	Tissue	Condition of health	Sample
<a href="#">28</a>	<a href="#">32</a>	BAAV	Human gut metagenome	gut	healty	13 healthy individuals unweaned infants
33011	-			Oral		
34117	-			Gastrointestinal tract		
18171	-			Oral		
30747	-			Gastrointestinal tract		
30951	-			Urogenital tract		
19657	-			Gastrointestinal tract		
27825	-			Gastrointestinal tract		
30055	-			Gastrointestinal tract		
21051	-			Gastrointestinal tract		
28999	-			Gastrointestinal tract		
31017	-			Oral		
31019	-			Oral		

**Taxonomy**



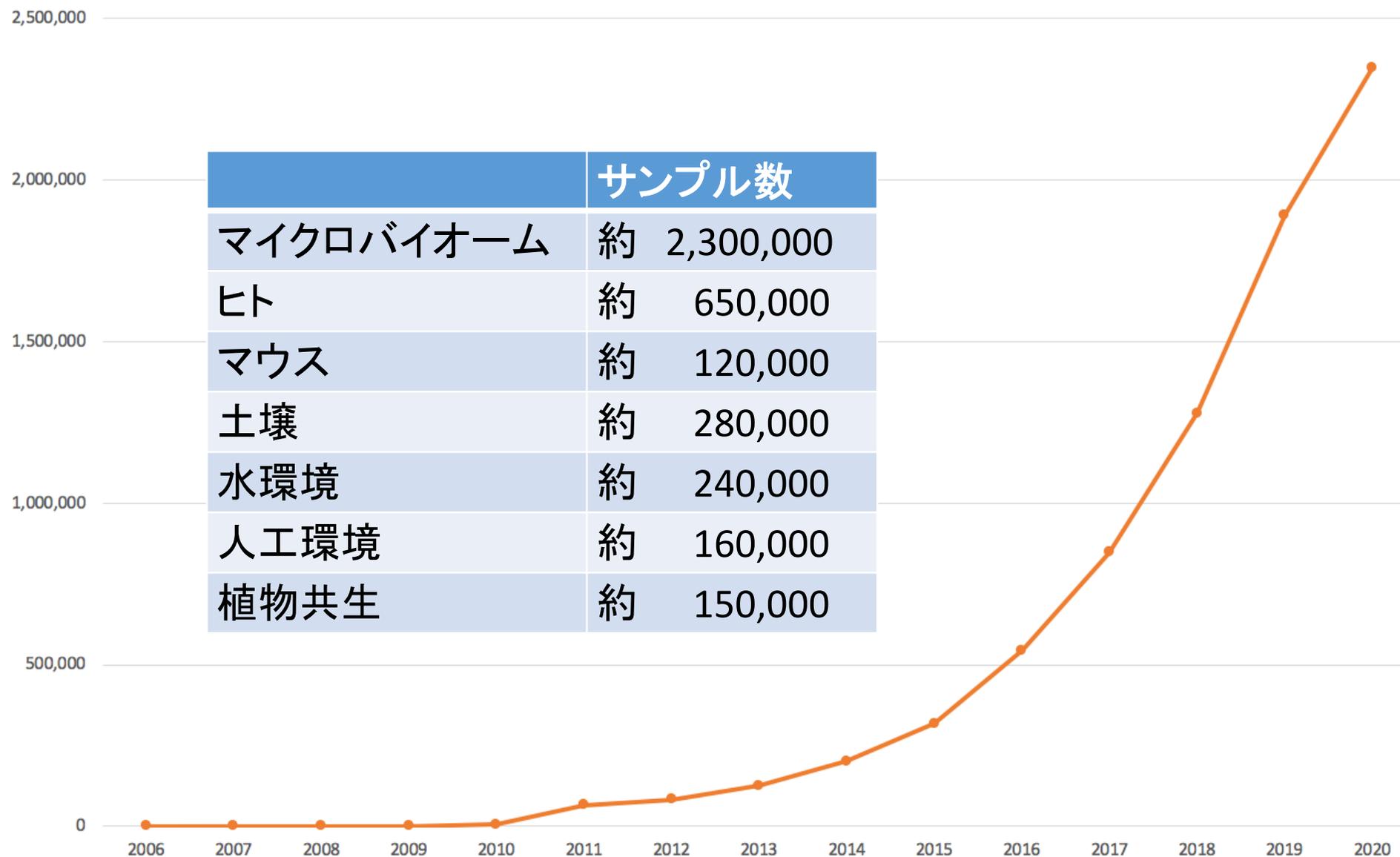
- Firmicutes(376)
- Actinobacteria(43)
- Proteobacteria(18)
- Fusobacteria(16)
- Bacteroidetes(10)
- Tenericutes(2)

**Meta information**



- Gastrointestinal tract(265)
- Urogenital tract(70)
- Oral(63)
- Skin(46)
- gut(46)
- Airways(7)
- Gastrointestinal tract, Oral(4)
- Blood, Urogenital tract(4)
- Blood(4)
- Oral, Gastrointestinal tract(2)
- Skin, Wound(2)

# INSDC DRA/ERA/SRAで公開されたマイクロバイ オームサンプル数（積算・2020年8月時点）



# 微生物データの重要性

- 第2期SIP(スマートバイオ産業・農業基盤技術)においても、ヒトの健康、食品、農業から排水処理に至るまで、すべての研究の共通項は「微生物」である
- すなわち、微生物情報はあらゆる分野の融合のバックボーンになる極めて重要な情報である
- こうなる事は20年前からわかっていた事

# 地球データベース構想

2004. 11. 7

奈良先端科学技術大学院大学

情報科学研究科

黒川 顕

ヒト



感染症  
ガン  
ゲノムネット

ヒトと  
地球は

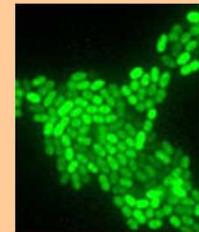
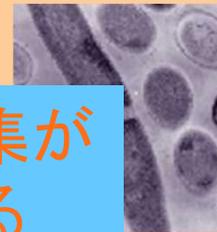
ゲノム  
化学物質

により  
架橋される

地球



環境浄化  
砂漠緑化  
地球温暖化抑制



環境の根幹を成す微生物群集が  
地球生命の基礎を構成する

地球データベース

微生物

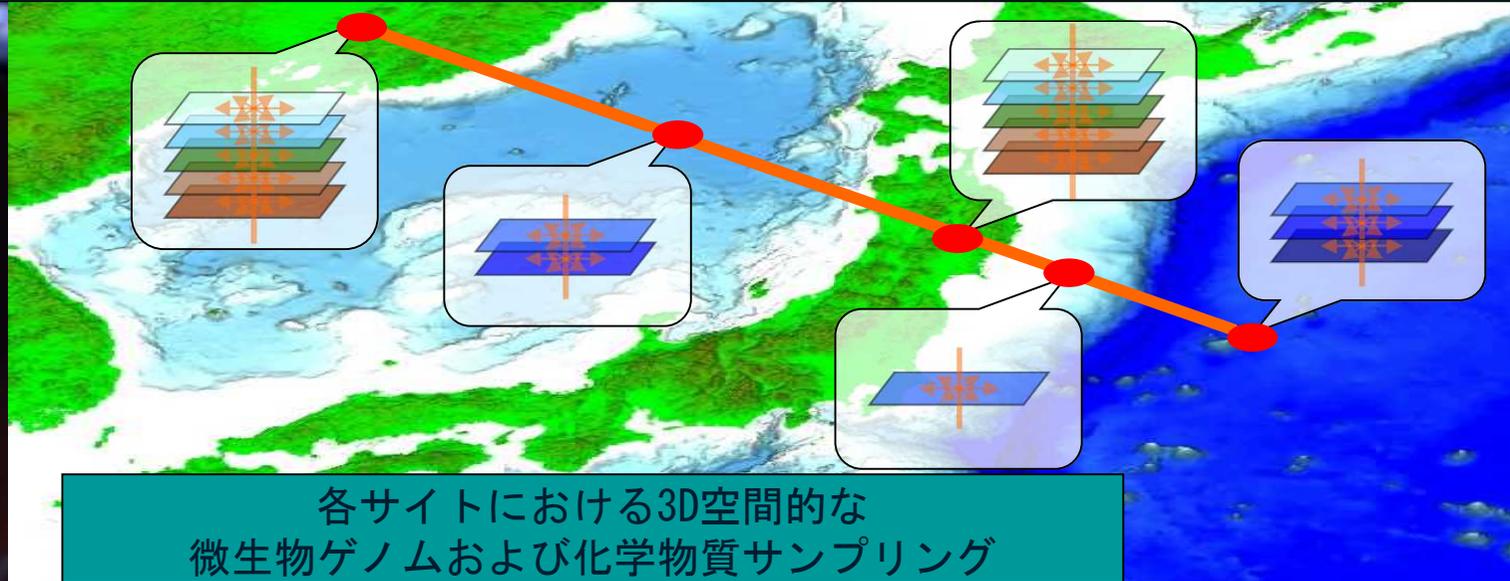
次世代産業界の  
基盤となる！

化学物質

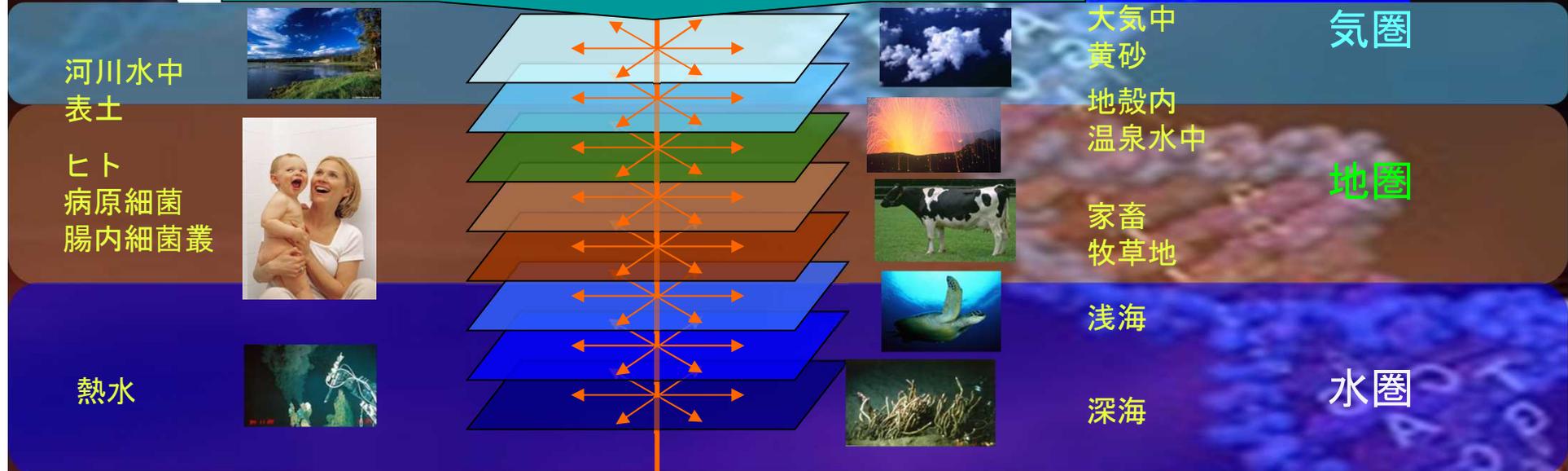
# 地球データベース構想

ヒトおよび自然環境の根幹を形成する微生物群集構造を  
ゲノムレベルで明らかにし、化学物質とともに巨大なデータベースを構築する

深海から表土、河川水、さらにはヒト、大気に至る地球環境中の  
微生物群集構造のゲノムダイナミクスを明らかにする



各サイトにおける3D空間的な  
微生物ゲノムおよび化学物質サンプリング





# 地球データベースは解析の基盤となり 主要な産業のシーズとなる

## 農業

- 新規農法
- 品種改良
- 食の安全



## 健康産業

- 食品開発
- 高栄養価食品



## 医薬品開発

- 大腸がん
- 新規抗生物質
- ゲノム創薬

## 環境保全

- 砂漠緑化
- 温暖化防止
- 環境修復

## 情報産業

- 新規ネットワーク理論



## 安全産業

- トータルセキュリティ

## 環境産業

- アセスメント、排水処理
- 生分解性プラスチック
- バイオマスエネルギー



## 地球データベース

微生物ゲノム

化学物質

# 環境共生微生物圏メタゲノミクス

## 国際的な環境共生系生物圏メタゲノム研究拠点の形成

21世紀のヒト・地球  
が抱える問題

生活習慣病、感染症  
など疾病の拡大

人口増加とそれに伴  
う食糧不足

地球温暖化、環境汚  
染・劣化

化石エネルギー・資  
源の不足

内部環境・外部環境共生系微生物群のメタゲノミクス

ヒトの微生物  
腸内、口腔、皮膚常在菌

植物の微生物  
茎、葉、根の常在菌

家畜・昆虫等の微生物  
牛ルーメン、シロアリの腸  
内細菌等

土壌圏の微生物  
水田、畑地、森林等

水圏の微生物  
海洋、養殖場等

気圏の微生物  
スーパー、生活空間等

産業系の微生物  
排水処理場、ゴミ産廃場、  
油田等

食品関連微生物  
味噌、醤油、醸造倉等

環境共生系微生物メタゲノムデータベース

生物ー微生物ー環境共生系の智慧と資源の発掘

メタゲノム情報を核とした環境デザインによる  
ヒトの健康増進・食糧増産・地球環境保全技術の創出  
食と健康、病気の予防・治療法、農産物の増産と安全、温暖化緩和等

日本発ゲノム情報立脚型環境共生社会

超高速メタゲノム情報解析技術基盤の構築

# 環境メタゲノクスによる環境遺伝子ダイナミクスの解明

地球上の生命は微生物群と相互作用しながら生存する

## 外部環境共生系

土壌圏の微生物  
水田、畑地、森林等

水圏の微生物  
海洋、河川、養殖場等

産業系の微生物  
排水処理場、ゴミ産廃場

極限環境の微生物  
南極、地下生命圏、熱水

## 内部環境共生系

ヒトの微生物  
ヒト(健康と病態)の腸内、口腔、  
皮膚常在菌

植物の微生物  
茎、葉、根の常在菌

家畜・魚類・昆虫の微生物  
牛や豚、シロアリ等の腸内・  
ルーメン常在菌

微生物と化学物質が  
地球環境の根幹を形成

微生物メタゲノム情報

地球データベース

宿主ゲノム情報

環境メタデータ

遺伝子情報と環境情報を統合した  
「ゲノム情報立脚型社会の構築」

超高速遺伝子解析装置

高性能計算機

大気・河川・森林・農場など生物と微生物で埋め尽くされている  
日本国土の情報化

# 東工大地球データベースセンター設置 2011年

平成23年規則第11号

東京工業大学地球データベースセンター規則を次のように定める。

平成23年2月4日

国立大学法人東京工業大学長

伊賀健一

## ○東京工業大学地球データベースセンター規則

(趣旨)

第1条 この規則は、国立大学法人東京工業大学組織運営規則（平成16年規則第2号）第28条第3項の規定に基づき、東京工業大学地球データベースセンター（以下「センター」という。）の組織及び運営等に関し必要な事項を定めるものとする。

(目的)

第2条 センターは、各種データベースの構築及び整備並びに異種データ統合化技術の開発並びにTSUBAMEを利用した高度な解析を達成するための技術開発等により、先端的な融合領域研究を加速度的に推進し、研究・産業応用等を活性化する起点となることを目的とする。

# MicrobeDB.jp ver.3

The screenshot shows the MicrobeDB.jp website interface. At the top, there is a navigation bar with 'Home', 'Document', 'Analysis -', a search bar containing 'e.g. hot spring, Enterococcus faecalis, psb.', and 'Search'. The main content area has a yellow background and features the MicrobeDB.jp logo and a description: 'Integrating and representing genome, metagenome, taxonomy resources and the analysis datasets with Semantic Web Technologies.' Below this is a 'Features' section with several sub-sections: 'Data sources of MicrobeDB.jp ver. 3' (listing various ontologies and sample counts), 'Keyword Search', 'Representation and Visualization', 'Comparative Analysis', and 'Upload Your Data'.

MicrobeDB.jp

Integrating and representing genome, metagenome, taxonomy resources and the analysis datasets with Semantic Web Technologies.

Learn more >>

### Features

#### Data sources of MicrobeDB.jp ver. 3

Metagenome and Microbes Environmental Ontology	2401	Taxonomy	129342	Ortholog Groups	4203173
Microbial Phenotype Ontology	277	Genome and Metagenome Sample	1920339	Culture collections in Japan	38414
Pathogenic Disease Ontology	387	Human Microbiome Associated Disease Ontology	306	KEGG Orthology	22421

Last Modified date: 2020-02-16

#### Q Keyword Search

MicrobeDB.jp provides a keyword search function with a simple interface. The keyword search gives the user free-text access to the literal fields of all RDF/OWL resources on MicrobeDB.jp. Click [Text search](#).

#### Representation and Visualization

For representation of database resources and analysis results, MicrobeDB.jp project has developed 197 TogoStanza, which is a generic Web framework which enables the visualizing of reusable Web components that are embeddable into any Web applications. See [TogoStanza List](#) for more information.

#### Comparative Analysis

MicrobeDB.jp provides Comparative Analysis Tools between the [metagenome samples](#), [the environment terms](#), [the taxa](#), and [sample metadata and taxonomic/functional analysis](#) based on TogoStanza framework. If you are interested in comparative analysis, it can be visualized by using a comparison tool.

#### Upload Your Data

By uploading the data to MicrobeDB.jp, you can execute comparative analysis between your data and genomic and metagenomic analysis results on MicrobeDB.jp. For that, you need to [CREATE your account](#) and [Sign in](#).

# MicrobeDB.jp これから

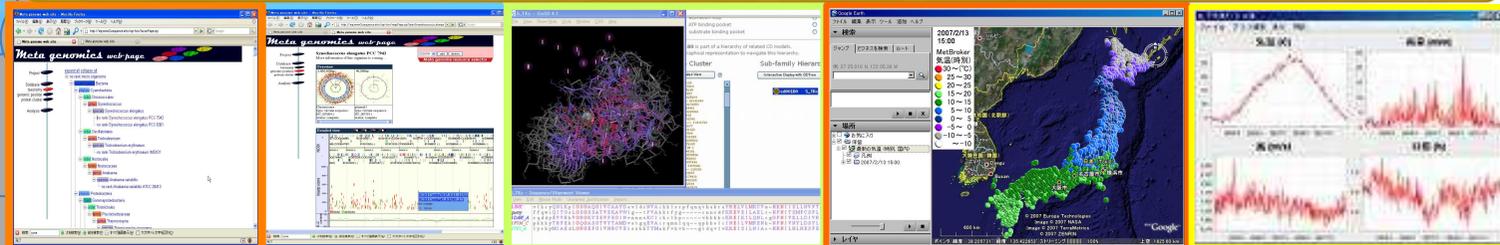
- 長鎖メタゲノム解析、シングルセル解析やゲノム合成など、今後新たなデータが加速度的に産出される。
- より多様な環境におけるマイクロバイームデータが産出される。
- 現在の運用システムを持続的に稼働させるとともに、上記の新たなデータを取り入れ発展させる必要がある。
- さらに重要な事は、それらデータを包括的に活用する分野の開拓および新たな解析手法の開発が必要となる。
  - これを広く一般に要求するのは時期尚早
  - バイオデータサイエンス基盤の構築
  - MicrobeDB.jpはインフラの一部としても機能

# 環境共生微生物圏メタゲノミクス: 情報解析基盤の構築

## メタゲノムクラウドコンピューティング



SaaS (Software as a Service) 型の各種解析ソフトウェア



ゲノム・メタゲノム解析

メタ比較解析

有用遺伝子探索

共生システム解析

ゲノム環境シミュレーション

環境デザイン

データベース



超高速遺伝子解析センター



高度情報解析センター



環境データセンター

トーゴーの日シンポジウム2020  
(2020.10.5)

バイオサイエンスデータベース、  
10年の軌跡とこれから

**バイオサイエンスデータを解き放ち  
生命科学を全分野に拓け**

国立遺伝学研究所  
黒川 顕

# 今日のお題

- ① データベース整備の重要性
- ② 目標設定による異分野融合研究の必要性
- ③ インフォマ人材とDB人材の育成

# ①データベース整備の重要性

- 専門分野においては、専門性の高いデータベースが有用である。
- 一方、統合データベースは、学際領域研究、融合領域研究、新学術領域にとって極めて重要である。
- 専門知識によるデータの意味付けは必須。将来的にはユーザインタフェースを失いインフラ化。

## ② 目標設定による異分野融合研究の必要性

- 経験から言えば、異分野融合という目標を設定しても、専門家の**連携のみでは真に融合するのは極めて困難**。
- というのも、専門家は各専門領域での研究が主であり、主の研究をないがしろにして**融合領域研究に勤しむ方はほとんど居ない**。
- 真に融合領域研究を進めるためには、専門家を主たる研究から引き剥がし、**縛り付けてでも融合領域研究に専念**させる必要がある。
- さらに、学際領域研究をうまく前に進めるために必須のことが「**一人学際**」である。バイオインフォマティクスの研究者は、生命科学と情報科学の両方を理解している。それが一人学際。異分野を理解せずに異分野融合はあり得ない。
- 余談だが、**真の融合分野は、評価することが困難となる**(評価委員が理解できないから)。(ex. メタゲノム≡糞ゲノム)

## ③ インフォマ人材とDB人材の育成

小咄1：様々な委員会等において、「バイオインフォマティクスの人材育成はどうなっていますか？ちゃんとできていますか？」と偉い先生から質問されることがある。大変失礼ではあるが、「もし先生の研究室のポストが空いた時にはバイオインフォマティクスの研究者を採用してくれますか？」と質問返す事になっている。

小咄2：私が所属する東工大WPI地球生命研究所は、外国人研究者の比率が約40%と高い。設立して間もない頃、外国人は2名しか居らず何とかして増やさなければ低評価となってしまう。そこで外国人研究者に「外国人研究者を増やすにはどうすれば良い？」と聞いたところ、「外国人を雇用すれば良い」と。同じく、「女性研究者を増やすにはどうすれば良い？」と聞いたところ、「女性研究者を雇用すれば良い」と。要するに、バイオインフォマティクス人材、DB人材を育成するには、好条件のポストを多数用意すれば良いだけ。