

ライフサイエンスデータベース統合推進事業

(統合化推進プログラム)

研究開発中間報告書

「バイオイメーシングデータのグローバルな データ共有システムの構築」

大浪 修一

理化学研究所 生命機能科学研究センター チームリーダー



©2023 大浪 修一(理化学研究所) Licensed under CC BY 4.0

目次

§1. 研究開発実施内容の概要	4
§2. 研究開発実施体制	5
1. 各グループの担当項目	5
(1) 大浪グループ	5
2. 有識者会議等	5
(1) 会議概要	5
(2) 開催歴	5
§3. 研究開発の実施計画、実施内容及び成果	6
1. 研究開発対象のデータベース・ツール	6
(1) データベース	6
(2) ツール等	6
2. 中間評価時までの達成目標及び達成状況	6
(1) 当初計画における中間評価時までの達成目標と達成状況	6
(2) 期間中に追加・削除・変更した実施計画及び達成目標	8
3. 実施内容	8
(1) 中間評価時までに実施した研究開発の内容	8
(2) 若手研究者の多様なキャリアパスの支援	13
§4. 主要なデータベースの利活用状況	14
1. アクセス数	14
(1) 実績	14
(2) 分析	14
2. データベースを利用して得られた研究成果・産業応用の例	14
3. その他	15
§5. 中間評価以降の研究実施計画	16
§6. 自己評価	17
§7. 外部発表等	18
1. 原著論文発表	18
(1) 論文数概要	18
(2) 論文詳細情報	18
2. その他の著作物（総説、書籍など）	20
3. 国際学会発表及び主要な国内学会発表	20

(1)	概要	20
(2)	招待講演	21
(3)	口頭講演	22
(4)	ポスター発表	23
4.	知財出願	26
(1)	出願件数	26
(2)	一覧	26
5.	受賞・報道等	26
(1)	受賞	26
(2)	メディア報道	27
(3)	その他	27
§8.	研究開発期間中の活動	28
1.	進捗ミーティング	28
2.	主催したワークショップ、シンポジウム、アウトリーチ活動等	34

§1. 研究開発実施内容の概要

1. 我が国の全ての生命科学研究者が利活用するバイオイメーシングデータの統合データベースとしての SSBD データベースの開発

SSBD:repository の利用者の拡大のために、国内外の学会等での発表（招待講演18件、口頭講演 7 件、ポスター発表 21 件）、トレーニングコース(2件)、ランチョンセミナー(1件)を実施した。SSBD アドバイザリーボードの構築を行い、国内で画像データを用いた研究を活発に行っている生命科学および医科学系の主要な 11 学会と ABiS との協力関係を構築した。SSBD:repository に共有・収集されたデータは 2024 年 8 月時点で 259 データセットとなり、第 3 年次末までの目標(280 データセット)を上回る見込みである。

2. SSBD データベースを一つの中核拠点とする日欧米等を中核としたバイオイメーシングデータのグローバルな共有システムの構築

BioImage Archive の開発チームとの対面での打ち合わせを2回、IDR の開発チームとの対面での打ち合わせを3回実施し、BioImage Archive および IDR と SSBD とのデータ共有について開発計画を策定した。欧州の Horizon Europe 助成事業において、バイオイメーシングのリポジトリの日欧豪の連携に関するプロジェクト foundingGIDE が採択され、2024 年 1 月よりプロジェクトが開始された。バイオイメーシングデータのグローバルな共有システムの拠点の北米での構築を実現するために、グローバルなバイオイメーシングデータの共有に関する欧米日豪の研究者による提案を発表した。(Bajcsy et al., arXiv, 2024; Bialy et al., arXiv, 2024)

3. SSBD データベースおよびグローバルなバイオイメーシングデータ共有システムを活用した我が国の生命科学分野の研究開発能力を加速化する基盤の構築

イメージング装置・技術の発展に伴うバイオイメーシングデータの大容量化の問題を解決するために、SSBD はクラウドネイティブな次世代ファイルフォーマットである OME-Zarr によるデータ提供を開始した。(Moore et al., Histochem. Cell Biol., 2023) 疎なアノテーションから細胞のセグメンテーションおよびトラッキングが可能なツール ELEPHANT の開発者である菅原皓博士を SSBD 開発チームに合流させ、ELEPHANT の実行環境の提供に向けた準備を開始した。

4. SSBD データベースを中長期的に維持し発展させるためのシステムの整備

理化学研究所共同利用計算システムの HOKUSAI SS を利用したデータ共有を開始した。ワークフローの実行環境として、国立情報学研究所(NII)が提供しているコード付帯機能の調査を行った。

以上の成果を含め、2016 年の論文以来の SSBD の機能強化の紹介と将来展望を概説する学術論文を論文雑誌に投稿した。(Kyoda et al., in revision)

§2. 研究開発実施体制

1. 各グループの担当項目

(1) 大浪グループ

SSBD データベースを、我が国の全ての生命科学研究者が利活用するバイオイメーシングデータの共有のための統合データベースとして再構築し、同時に、本データベースを一つの中核拠点とする日米欧等を中核としたグローバルなデータ共有システムを構築する。共有したデータを解析する最先端の情報科学的手法の開発と共有を加速化するデータ利活用プラットフォームを構築し、並行して、これらのリソースの持続的な運用と発展を可能にするためのシステムの開発を実施する。

2. 有識者会議等

(1) 会議概要

名称	SSBD アドバイザリーボード
目的	SSBD:database、SSBD:repository の運営方針に関してアドバイスをいただく。
委員数	8人(最終的に 11人の予定)

(2) 開催歴

開催実績無し。(2024 年中に開催を計画)

国内で画像データを用いた研究を活発に行っている生命科学および医科学系の主要な学会(12 学会:日本解剖学会、日本癌学会、日本細胞生物学会、日本植物生理学会、日本神経科学学会、日本生化学会、日本生物物理学会、日本農芸化学会、日本バイオイノフォーマティクス学会、日本発生生物学会、日本病理学会、日本分子生物学会)と先端バイオイメーシング支援プラットフォームに本アドバイザリーボードの趣旨を説明し、各学会等から1名の委員の推薦を依頼した。現在、日本細胞生物学会、日本生化学会、日本生物物理学会からの委員の推薦を待っている状況である。これらの学会からの委員の推薦が得られ次第、第1回アドバイザリーボード会議を開催する計画である。(2024 年中に実施予定) なお、日本バイオイノフォーマティクス学会は委員の推薦を辞退し、日本発生生物学会と先端バイオイメーシング支援プラットフォームからは同一の人物が推薦された。

§3. 研究開発の実施計画、実施内容及び成果

1. 研究開発対象のデータベース・ツール

(1) データベース

① 主要なもの

正式名称	略称	概要
SSBD データベース	SSBD:database	https://ssbd.riken.jp

② 上記以外のもの

正式名称	略称	概要
SSBD リポジトリ	SSBD:repository	https://ssbd.riken.jp

(2) ツール等

正式名称	略称	概要

※データベース、ツールの詳細は別紙参照。

2. 中間評価時までの達成目標及び達成状況

(1) 当初計画における中間評価時までの達成目標と達成状況

○「論文化に対する達成目標」	
達成目標	達成状況
・SSBD:repository の目的や機能、データの登録方法や、利活用方法、将来展望等を概説する学術論文を論文雑誌に発表する。	リポジトリサービス(SSBD:repository)と高付加価値データベース(SSBD:database)の 2 階層のデータリソースのシステムに移行したことを報告する論文を公開(論文 1)。
○「データコレクションに対する達成目標」	
達成目標	達成状況
・SSBD:repository については、「3)第5年次末までの達成目標」に記述した目標に従い、第3年次は年間で 160 報の論文のデータセット(160 データセット)を収集・共有する。第1年次から積算すると合計で 280 報の論文のデータセット(280 データセット)を収集・共有する。	2024 年 8 月までに 259 データセットを収集・共有している。現在、データセットの収集・共有待ちとなっているデータが約 30 件あるため、第 3 年次末までに合計 289 データセット以上が収集・共有される見込みである。
・SSBD:database については、「3)第5年次末までの達成目標」に記述した目標に従い、3	2024 年 8 月までに 201 データセットを収集・共有している。現在、データセットの収集・共有待ちとなっているデータが約 25 件あるた

年次までに 220 報の論文のデータセット(220 データセット)を公開する。	め、第 3 年次末までに合計 226 データセット以上が収集・共有される見込みである。
・メタデータの標準化を目指す国際的なコミュニティである QUAREP-LiMi で決定される登録するメタデータの種類を更新する。顕微鏡機器の詳細としてメタデータに追加する。	SSBD メタデータモデルを更新し、QUAREP-LiMi で推奨された顕微鏡装置・設定に関するメタデータの他、コミュニティにより策定されたガイドラインである REMBI で推奨されたバイオサンプル等のメタデータにも対応するようメタデータを追加した。
・ユーザー認証を導入し、オンラインでメタデータを入力できるシステムを開発する。この際、自動補完機能などを導入することにより、大規模なデータセットの入力を容易にする。メタデータ入力システムの開発においては、BioImage Archive、IDR、MicroMetaApp 等のツール開発者のグループと情報共有(共同研究)しながらすすめる。	ユーザ認証によりスタッフがオンラインでメタデータを入力できるシステムを試作し利用を開始した。BioImage Archive および Image Data Resource を含むデータベース・レポジトリとのメタデータの統合のハーモナイズを目的として、SSBD メタデータの大幅な更新を実施したため、利用者への公開は再キュレーションおよびデータベースシステムの更新後とした。(2024 年 11 月公開予定)
・メタデータに紐づいたデータアップロードシステムを構築する。大規模なデータセットを受け入れる必要もあることから、理化学研究所の情報システム管理・運用部門のサーバを利用する予定である。	WebDAV を用いた独自のデータアップロードシステムを構築した。これと並行して理化学研究所のクラウドシステムを用いたデータアップロードシステムを ABiS 向けに整備し、評価中である。
・受信する画像データ、定量データに対するメタデータをオンラインで管理・運用することにより、キュレーションにかかるコストを低減させる。	キュレーションのための論文データの管理を SSBD と Zotero を連携して行うオンラインシステムを構築した。すでに安定に運用している。
○「データベース開発に対する達成目標」	
達成目標	達成状況
・NBDC が定めるガイドライン、国際的なコミュニティの動向、理化学研究所内での取り決めに配慮しながら RDF を更新する。更新した RDF を、NBDC RDF Portal や RIKEN MetaDatabase にて公開する。	SSBD メタデータの大幅な更新を実施したため、RDF の更新は再キュレーションおよびデータベースシステムの更新後とした。(2024 年 3 月に公開予定)
・データ基盤の整備のため、クラウド環境に対応したデータベースの設計および開発を行う。特に情報系研究者が利活用しやすいよう、SSBD の画像データを OME-NGFF のフォーマットに変換し、クラウド上でのデータ公開・共有を開始する。	既に、SSBD:database で共有している画像データの一部を OME-Zarr フォーマットに変換し、クラウドストレージ上で公開・共有している。(論文 13) 変換の際に、ファイルに格納されているメタデータは不十分なことが判明し、SSBD:database に格納されているメタデータを参照しながら自動的に変換を行うツールの開発を完了した。このツールを利用して、順次、変換を行っている。
・定量データについても、新たに OME-NGFF と高い親和性を持ち、クラウドと相性の良いフォーマットを開発し、登録されている定量データをそのフォーマットに相互変換できるツールを開発し、データ公開・共有を開始する。	OME-NGFF (OME-Zarr) と親和性の高い定量データ格納用の Zarr 基盤としたフォーマット BD-Zarr を開発した。現在、HDF5 を基盤とした BD5 で格納されたデータを、BD-Zarr に変換するツールを開発している最中である。SSBD:database で公開しているデータを、こ

	のツールを利用して BD-Zarr に変換した後、順次、公開・共有する予定である。(2024 年度中に公開・共有予定)
・欧州におけるバイオイメーシングデータに対する高付加価値データベースである IDR (Image Data Resource) とのクロスサーチを実現する。	クロスサーチに関する議論を英国・ダンディー市および神戸市で実施した。クロスサーチのキーとなる遺伝子情報の追加アノテーションを実施した。クロスサーチのプロトタイプは 2024 年度末までに完成する予定である。
・空間トランスクリプトームデータに対するフォーマット開発を、OME-NGFF のコミュニティと共同開発をすすめる。	空間トランスクリプトームデータを含む空間オミクスデータを格納するためのフォーマットについて、OME-NGFF コミュニティと議論を継続しており、NGFF の実装である OME-Zarr に「テーブル」グループを定義し、空間オミクスデータを格納する枠組みを作成した。

(2) 期間中に追加・削除・変更した実施計画及び達成目標

特に無し。

3. 実施内容

(1) 中間評価時までに実施した研究開発の内容

1. 我が国の全ての生命科学研究者が利活用するバイオイメーシングデータの統合データベースとしての SSBD データベースの開発

1a) SSBD:repository のデータ登録システムのスケーラビリティの拡大とユーザエクスペリエンスの向上

SSBD:repository は、論文の著者やデータの産出者によりメタデータを登録するため、メタデータ登録の簡易さとともにメタデータの正確性の担保が必要となる。従来は表計算フォーマットを用いたメタデータ入力を行っているが、ウェブフォームによる入力とすることでスケーラビリティの拡大とユーザエクスペリエンスの向上を目指している。これまでに、1)表計算フォーマットで入力されたメタデータの不足、余分、誤りを発見するスクリプトを実装した。2)管理スタッフが利用可能なウェブフォームによるデータ入力システムを試作した。2023 年度よりウェブフォームによる登録システムを公開しフィードバックを受ける予定であったが、foundingGIDE プロジェクトの開始にともない、BioImage Archive (BIA)との連携においてメタデータの統合や調和化(harmonization)を目的としてメタデータの項目が大幅に更新されたことから、ウェブフォームによる登録システムについて見直す必要が生じた。そこで、3)表計算フォーマットを更新し、入力例やフィードバックの獲得を行っている。4)新たなメタデータに基づいたウェブフォームを試作している。開発中のウェブフォームは 2024 年 11 月に公開予定である。

1b) SSBD:repository の利用者の拡大

SSBD:repository の利用者の拡大のために、1) データを産出する研究者への広報を目

的として、各学会で講演およびポスター発表を実施した。(招待講演 18 件、口頭講演 7 件、ポスター発表 21 件) 2023 年 7 月には Global BioImaging および ABiS によるトレーニングコース、2024 年 6 月には IUPAB 2024 Congress においてハンズオントレーニングコースおよび日本発生生物学会年会においてランチョンセミナーを開催するなどの宣伝に努めた。2) 再利用性の高いデータの登録を目的として、JST-CREST「多細胞」領域、新学術領域「シンギュラリティ生物学」において、登録を推奨する取り組みを実施し、前者から 5 件、後者から 8 件のデータが登録された。3) 顕微鏡画像管理システムの OMERO による一部データのプレビューを実現した。4) SSBD:repository をオリジナルデータのレポジトリ、SSBD:database を再利用性にもとづく高付加価値データベースとして再定義し、すべてのオリジナルデータを SSBD:repository で管理するシステムに移行した。5) ABiS により支援されているプロジェクトの画像の登録を推奨する仕組みを実施した。6) AMED に関連した医科学系の画像データについて、日本癌学会、日本病理学会との協力関係を構築した。7) foundingGID E プロジェクトにおいて前臨床イメージングデータ・レポジトリの日欧豪間での統合について議論を開始した。8) SSBD アドバイザリーボードについて、国内の生命科学系および医科学系のイメージングに関連する主要な 11 学会と ABiS に対して協力関係の構築に成功した。9) キュレーターが確認した論文の中で、SSBD:database への登録は適さないものの、画像データが含まれる論文に対して、SSBD:repository への登録の勧誘を始めた。10) キュレーターの論文を確認する作業を効率化するために、大規模言語モデルを基盤とした画像データの有無を判別するツールの開発を開始した。これらの結果、SSBD:repository に共有・収集されたデータは 2024 年 8 月時点で 259 データセットとなり、この時点で収集・共有待ちのデータが約 30 件あることから、第 3 年次末までの目標(280 データセット)を上回る見込みである。

1c) SSBD:database のデータ登録システムのスケーラビリティの拡大とユーザーエクスペリエンスの向上

SSBD:database は、キュレーターによりメタデータを登録するため、多様なメタデータの登録とともに、メタデータの語彙統一などが必要となる。従来は表計算フォーマットを用いたメタデータ入力を行っているが、ウェブフォームによる入力とすることでスケーラビリティの拡大とユーザーエクスペリエンスの向上を目指している。これまでに、1) 表計算フォーマットで入力されたメタデータの不足、余分、誤りを発見するスクリプトを実装した。2) 管理スタッフが利用可能なウェブフォームによるデータ入力システムを試作した。2023 年度よりウェブフォームによる登録システムをキュレーターにより運用しフィードバックを受ける予定であったが、foundingGID E プロジェクトの開始にともない、Image Data Resource (IDR)との連携においてメタデータの統合や調和化を目的としてメタデータの項目が大幅に更新されたことから、ウェブフォームによる登録システムについて見直す必要が生じた。そこで、3) 表計算フォーマットを更新し、生物種やオントロジーの入力補助、顕微鏡の情報や機種名の入力補助を行うとともに、入力例やフィードバックの獲得を行っている。4) 生命科学および医科学の論文データベースである NCBI PubMed から、バイオイメージに関連するプロジェクトや研究者の情報をもとに論文情報を収集するシステムを構築し運用した。5) 新たなメタデータに基づいたウェブフォームを試作している。6) 1b で述べた大規模言語モデルを基盤としたツールにおいて、検出した画像データが、SSBD:database への登録に適したデータかどうかを判別する機能を追加し

た。7) 画像データと定量データを同期させて観察することができるビューアーを開発した。開発中のウェブフォームによる登録システムは 2024 年 11 月に公開予定である。

2. SSBD データベースを一つの中核拠点とする日欧米等を中核としたバイオイメーシングデータのグローバルな共有システムの構築

2a) リポジトリのための最小限のメタデータの標準化や API の共同開発を含む、SSBD:repository と BIA とのデータ共有の実現

BIA との共同開発について、1) 2023 年 2 月および 2024 年 5 月に SSBD チームが英国・ダンディー市およびロンドン市を訪問し、共同開発について対面での議論を行った。2) 2023 年 7 月に BIA を主宰する Matthew Hartley 博士および Ayubuke Yoldas 博士を理化学研究所生命機能科学研究センター(理研 BDR)(兵庫県神戸市)に招き、連携およびデータ共有の実現について議論を行った。3) SSBD のメタデータモデルを大幅に更新し、BIA が採用している REMBI(Sarkans et al., 2021)に準拠するように改良を行った。4) SSBD メタデータモデルにおける顕微鏡装置や設定に関するメタデータについて、国際コンソーシアム QUAREP-LiMi が推奨するメタデータに準拠するよう改良を行った。5) 欧州の Horizon Europe 助成事業において、バイオイメーシングのリポジトリの日欧豪の連携に関するプロジェクト foundingGIDE が採択され、2024 年 1 月よりプロジェクトが開始された。SSBD:repository と BIA とのデータ共有の実現は、foundingGIDE プロジェクトの取り組みを取り入れ、日欧豪の協働によって実施することとなった。

2b) 高付加価値データベースのための次世代ファイルフォーマットやメタデータの管理システム、API の共同開発等を含む、SSBD:database と IDR とのデータ共有の実現

IDR との共同開発について、1) 2023 年 2 月および 2024 年 5 月に SSBD チームが英国・ダンディー市を訪問し、IDR および OME を主宰する Jason Swedlow 教授らと共同開発について対面での議論を行い、メタデータの共通化や調和化を目指した開発計画について合意した。2) 2023 年 7 月に IDR および OME のチームメンバーである Jean-Marie Burel 博士および Petr Walczysko 博士を理研 BDR に招き、連携およびデータ共有の実現について議論を行った。3) SSBD の既存のメタデータにクロスサーチのための遺伝子名(254 個)およびタンパク質名(207 個)を追加アノテーションした。4) SSBD のメタデータモデルを大幅に更新し、より多様なメタデータをオントロジーとともに扱うよう改良を行った。5) 既存のデータセットに対して、更新されたメタデータに対応した再キュレーションを実施し、55 プロジェクト・338 データセットについて更新されたメタデータを得た。6) 欧州の Horizon Europe 助成事業において、バイオイメーシングのリポジトリの日欧豪の連携に関するプロジェクト foundingGIDE が採択され、2024 年 1 月よりプロジェクトが開始された。SSBD:database と IDR とのデータ共有の実現は、foundingGIDE プロジェクトの取り組みを取り入れ、日欧豪の協働によって実施することとなった。SSBD と IDR のクロスサーチのプロトタイプは 2024 年度末までに完成する予定である。

2c) グローバルなデータ共有のためのファイルフォーマット、メタデータ、API の標準化等を含む、

グローバルなデータ共有システムの構築

グローバルなバイオイメーシングデータのエコシステム(GIDE: Global Image Data Ecosystem)の構築に向けて、EU Horizon Europe の支援を受けて、foundingGIDE プロジェクトを開始した。本プロジェクトでは、バイオイメーシングコミュニティとともに、メタデータとオントロジーに関する共通の推奨事項を策定することにより、国や地域のデータリソース間の互換性の課題を解決することを目指すことを目標のひとつとしている。その実現に向けて、ファイルフォーマットについては、これまでの顕微鏡が出力するオリジナルフォーマットでの共有の他、次世代ファイルフォーマットの OME-Zarr の採用を決定した。また、各データリソース間に互換性を持たせ、相互検索などを可能にするために、メタデータの調和化を行う計画である。我々主導のもと、BIA と IDR、SSBD のメタデータ要素を比較して、要素間の対応付けを行った。これにより、これらのデータリソースにおけるメタデータを記述する構造の違いや要素の重なりと違いを明らかにした。加えて、各データリソースで使用しているオントロジーの比較を完了した。その結果、SSBD は BIA や IDR と比較して、より多くの統制語彙を利用してメタデータを記述していることがわかった。これらの結果を踏まえて、GIDE 構築に求められる要件の洗い出しを開始している。今後は、GIDE 構築に向けたメタデータ基準の作成に向けて、10 月末に岡崎市で開催される Global BioImaging EoE で議論する予定である。GIDE の拠点の北米での構築を実現するために、グローバルなバイオイメーシングデータの共有に関する欧米日豪の研究者による提案を発表した。(論文 10, 11)

画像データを解析して得られるトラッキングデータやセグメンテーションデータに付随する特徴量を格納するためのフォーマット、BD-Zarr の開発も進めている。データの格納方法については、anndata のデータ構造を採用し、座標データやトラッキングデータをメモリやディスク上で扱うことを容易にした。バイオイメーシングデータの可視化・解析ツールである napari 上で OME-Zarr および BD-Zarr を可視化するためのツールの開発も行なった。現在、HDF5 を基盤とした BD5 で記述されたデータを、BD-Zarr フォーマットに変換するツールの開発に取り組んでいる。2024 年度中の公開・共有を予定している。

3. SSBD データベースおよびグローバルなバイオイメーシングデータ共有システムを活用した我が国の生命科学分野の研究開発能力を加速化する基盤の構築

3a) バイオイメーシングデータに関する新たな情報解析手法の開発のためのデータ基盤の整備

イメージング装置・技術の発展に伴い、バイオイメーシングデータの大容量化が進んでいる。データの大容量化は、ダウンロードを基盤としたデータ解析を困難にしている。この問題を解決するために、SSBD では次世代ファイルフォーマットである OME-Zarr によるデータ提供を開始することにした。OME-Zarr はクラウドネイティブなフォーマットであり、クラウドストレージ上に保存、高速かつ並列のデータアクセスを可能にする。また、OME-Zarr は、Zarr フォーマットのチャンク構造を利用することにより、データの部分的なアクセスを高速に行うことが可能である。このため、巨大なデータセット全体を読み込むことなく、必要な部分のみを効率的に解析することが可能である。これらの特性は、特に大規模なタイムラプスデータや 3 次元データの解析において、解析時間の短縮と計算リソースの節約に寄与する。現在、既存のデ

ータを OME-Zarr に変換するパイプラインを構築中であり、完了次第、順次データ変換を行う予定である。一部のデータについては、既に OME-Zarr によるデータ共有を開始している。これらの成果は、国際的なバイオイメーシング分野のグループとともに、学術論文誌上で発表した。(論文 13) BD-Zarr は OME-Zarr と同じく Zarr フォーマットを基盤としているため、B D-Zarr によるデータ提供は、トラッキングデータやセグメンテーションデータに付随する特徴量の計算解析の効率化に寄与する。同様に、BD5 から BD-Zarr への変換ツールを利用して、データ変換を行う予定である。

3b) バイオイメーシングデータに関する主要な画像情報処理ソフトウェアの収集と実行環境の提供

これまでに、論文上で公開・共有されているツールやワークフローについての調査およびそれらの収集を行ってきた。これまでに、GitHub 上に置かれた Python や R で記述されたワークフローが、BinderHub などの外部の実行環境を利用することで実行可能であることを確認した。現在、SSBD:database 側で GitHub 上のワークフローへのリンクを提供するための仕組みを検討している。さらに、汎用性の高い画像解析ツールの調査も行っており、深層学習を基盤としたツールなどが開発され、利用可能な状況にあることを把握した。その中で、疎なアノテーションから細胞のセグメンテーションおよびトラッキングが可能なツール ELEPHANT に注目した。ELEPHANT の開発者である菅原皓博士を SSBD 開発チームに合流させ、ELEPHANT の実行環境の提供に向けた準備を開始した。既に多くの実験生物学者から ELEPHANT 利用の要望を受けており、深層学習に対応した GPU サーバシステムを導入するとともに、その整備とテストを完了した。

深層学習に向けて、既存のデータセットからデータ数を人工的に増加させるデータ拡張を行う予定であった。当初は、オフライン拡張を施したデータの提供を予定していたが、近年は計算リソースや拡張方法の充実に伴い、オンライン拡張が一般的となっている。このことから、オフラインでデータ拡張を行うことを中断した。ただし、次章で述べる類似画像検索機能において、深層学習を基盤とした手法を組み込む場合には、オフラインデータ拡張を利用する可能性がある。

3c) SSBD データベースおよびグローバルなデータ共有システムにおけるデータ検索機能の強化

foundingGIDE プロジェクトでは、今後、GIDE 構築に向けたメタデータ基準を作成する予定である。この基準には、各データリソースが持つべきメタデータの要素とオントロジーなどの統制語彙の利用が盛り込まれることが予想されるため、BIA や IDR、SSBD を含むデータリソース間を跨いだデータ検索が強化されることが期待できる。

IDR 側より GO を用いたメタデータの調和化法について、疾患情報につながる新たな提案があり、メタデータの共通化や協働での検索システムの開発について合意した。

さらに、SSBD 独自のデータ検索機能の強化として、画像をクエリとした類似画像検索サービスの開発に取り組んでいる。WndChrm や深層学習のクラス分類の手法を用いることにより、SSBD に格納されている画像データの分類を行い、クエリ画像と類似した画像データを順位づけして表示させる予定である。この際、類似画像データにワークフローが紐づけられて

いた場合、クエリとした画像データにも適用できることが期待される。SSBD では、画像データの再利用だけでなく、共有するワークフローの再利用も期待している。

4. SSBD データベースを中長期的に維持し発展させるためのシステムの整備

4a) SSBD データベースの運用の理化学研究所共同利用計算システムへの移行

理化学研究所共同利用計算システムの HOKUSAI SS を利用したデータ共有を開始した。SSBD:database で共有している一部の代表的な画像データを OME-Zarr フォーマットに変換し、HOKUSAI SS システム上の S3 互換オブジェクトストレージにてデータ共有を開始した。(論文 13) この利用により、理化学研究所共同利用計算システムに、利用上、いくつかの課題があることが判明した。データベースを中長期的に維持するために、課題の解決を進める予定である。

4b) SSBD データベースと NII 研究データ基盤システムとのシステムレベルでの連携の確立

ワークフローの実行環境として、国立情報学研究所(NII)が提供しているコード付帯機能の調査を行った。Gakunin RDM を利用することにより、GitHub 上に置かれた Python や R で記述されたワークフローを実行可能なことを確認した。理化学研究所共同利用計算システムにおいても、Gakunin RDM を基盤としたデータ共有プラットフォームが立ち上がっており、同様にコード付帯機能のサービス提供が予定されている。

(2) 若手研究者の多様なキャリアパスの支援

菅原皓研究員(36 歳)の多様なキャリアパスを支援するために、菅原氏の本務先であるエルピクセル株式会社に所属したまま、部分出向の形で理化学研究所に所属し、本プロジェクトに従事させた。また、菅原氏の多様なキャリアパスをさらに支援するために、JST の BOOST プログラムへの応募を行った(採択された場合には、エルピクセル株式会社とのクロスアポイントメントとして理化学研究所に所属し、本プロジェクトにも引き続き参加する)。また、菅原氏が国際的に活躍する研究者に成長するように支援するために、国際学会等への参加・発表を積極的に支援している。2023 年の着任以来 2024 年 8 月までに、国際学会等において 3 件の招待講演、1 件の口頭発表、1 件のポスター発表を行った。

Chentao Wen 基礎特別研究員の多様なキャリアパスを支援するために、本研究に参加させた。本研究への参加により研究データの共有、およびデータベース・リポジトリの重要性を認識し、線虫 *C. elegans* の全脳活動データを集約する国際プロジェクトに参画し、Wen 氏が独自開発したソフトウェア 3DeeCellTracker を用いて Wen 氏が取得したデータを当該プロジェクトに供給し、国際的に共有した。(論文 7)

§4. 主要なデータベースの利活用状況

1. アクセス数

(1) 実績

表 研究開発対象の主要なデータベースの利用状況(月間平均)

種別	2022 年度	2023 年度	2024 年度 (8 月末時点)
訪問数 (Visit)	2,174	3,146	13,286
訪問者数 (Unique)	1,337	1,806	3,101
閲覧ページ数 (Views)	92,614	495,686	1,401,545

(2) 分析

訪問数、訪問者数、閲覧ページ数ともに増加を続けている。

2023 年 6 月末から 7 月初めにかけて Global BioImaging および ABiS によるバイオイメージに関するトレーニングコースが基礎生物学研究所(岡崎市)および理化学研究所生命機能科学研究センター(神戸市)で実施され、SSBD とともに Image Data Resource/IDR および BioImage Archive/BIA と連携したコースが実施されたことから、その期間においてアクセス数が増加した。2024 年 6 月に IUPAB 2024 Congress におけるハンズオントレーニングコースが大阪大学(吹田市)および理化学研究所生命機能科学研究センター(神戸市)で実施され、SSBD とともに解析ツールである ELEPHANT と連携したコースが実施されたことから、その期間においてアクセス数が増加した。また、同 6 月に日本発生生物学会年会においてランチョンセミナーを実施し SSBD のアピールに努めたことから、アクセス数が増加した。

また、SSBD データベースの高機能化にともない、BD5 フォーマットで提供される生命科学定量データおよび OME-Zarr フォーマットで提供を開始した顕微鏡イメージデータへのアクセスが増加している。

2. データベースを利用して得られた研究成果・産業応用の例

1. 理化学研究所脳神経科学研究センターシステム分子行動研究チームの梶山十和子研究員(現・東北大学大学院生命科学研究科分子行動分野助教)と共同研究を実施し、SSBD:repository における ssbd-repos-000266 を基盤として、新たな高付加価値データベース Adult Zebrafish Brain Gene Expression Database (<http://ssbd.riken.jp/azebex/>)を開発し公開した。この結果をプレプリントとして

公開し、

An atlas and database of neuropeptide gene expression in the adult zebrafish forebrain Towako Hiraki-Kajiyama, Nobuhiko Miyasaka, Reiko Ando, Noriko Wakisaka, Hiroya Itoga, Shuichi Onami, Yoshihiro Yoshihara bioRxiv 2023.03.29.534505; doi: <https://doi.org/10.1101/2023.03.29.534505>

以下の論文として再録された。

Towako Hiraki-Kajiyama, Nobuhiko Miyasaka, Reiko Ando, Noriko Wakisaka, Hiroya Itoga, Shuichi Onami, Yoshihiro Yoshihara: An atlas and database of neuropeptide gene expression in the adult zebrafish forebrain, *The Journal of Comparative Neurology*, <https://doi.org/10.1002/cne.25619>

2. 立命館大学の遠里由佳子教授らは、SSBD:repository における ssbd-repos-000140 および SSBD:database における 140-Hirata-MouseBrainSlice にて公開されたマウスの脳スライス画像を用いて、機械学習による解析を行った。その結果を以下の論文として発表した。

Yuki Shimojo, Kazuki Suehara, Tatsumi Hirata, Yukako Tohsato: Segmentation of mouse brain slices with unsupervised domain adaptation considering cross-sectional locations, *IPSJ Transactions on Bioinformatics*, 17, 33-39 (2024/05/01) <https://doi.org/10.2197/ipsjtbio.17.33>

3. 立命館大学の遠里由佳子教授らは、SSBD:repository における ssbd-repos-000140 および SSBD:database における 140-Hirata-MouseBrainSlice にて公開されたマウスの脳スライス画像を用いて、機械学習による解析を行った。その結果を以下の国際会議録として発表した。

Hiroto Kawabata, Yuki Shimojo, Tatsumi Hirata, Yukako Tohsato, Large-scale image processing and three-dimensional reconstruction of mouse brains with neurogenic-tagged neurons, *Proceedings of the 13th International Conference on Biomedical Engineering and Technology (ICBET 2023)*, Tokyo, Japan, 1-7, <https://dl.acm.org/doi/10.1145/3620679.3620680> (2023/06/15-18, 2023/12/19).

3. その他

特に無し。

§5. 中間評価以降の研究実施計画

中間評価以降は、当初計画通り、SSBD:repository の利用者の拡大に向けての活動を引き続き重点的に行っていく予定である。これまでの活動で特に手応えを感じたランチョンセミナーを SSBD アドバイザリーボードにご協力いただいた 11 学会を中心に幅広く実施する予定である。また、当初計画通り、グローバルなデータ共有システムの構築に向けての開発も重点的に進めていく予定である。欧州の BioImage Archive および IDR とのデータ共有に向けての開発は foundingGIDE プロジェクトとして行い、並行して北米とアジア諸国におけるシステムの構築を推進する。特にインドと台湾との関係強化を予定している。さらに、当初計画通り、画像情報処理ソフトウェアの収集と実行環境の提供とデータ検査機能の強化も重点的に進める予定である。日本発の画像情報処理ソフトウェアである ELEPHANT を中心にデータ解析基盤のユーザーへの提供を目指すとともにトレーニングを多数開催して利用者の拡大を目指す。検索機能としては、BioImage Archive および IDR を含むグローバルな検索と、類似画像検索の提供を目指す。そして、当初計画通り、SSBD データベースの中長期的な維持、発展を実現するために、理化学研究所の共同利用計算システムへの移行と NII データ基盤システムとのシステムレベルの連携の確立を重点的に実施する。

§6. 自己評価

本研究課題の研究開発は概ね当初の予定通り順調に進んでいると評価している。中間評価までの達成目標は概ね達成されており、第3年次末までの達成目標も全て達成される見込みである。特に **SSBD:repository** の利用者の拡大に関しては、**SSBD** アドバイザリーボードの構築により11学会と協力関係を築くことに成功したことは特筆に値すると考える。これらの学会の中には、これまで大浪との関係が皆無であった7学会（日本解剖学会、日本癌学会、日本植物生理学会、日本神経科学学会、日本生化学会、日本農芸化学会、日本病理学会）が含まれており、**SSBD:repository** の利用者の多方面への拡大が期待される。また、**Horizon Europe** の助成において **foundingGIDE** プロジェクトが採択されたことも特筆に値すると考える。当該プロジェクトで **SSBD**、**BioImage Archive**、**IDR** の間のデータ共有に向けた綿密な開発計画が策定されたことから、本研究課題が目指すグローバルなバイオイメーシングデータの共有システムの構築が強く推進されることが期待される。中間評価以降の後期の開発では、当初の計画通り、共有されたデータを活用するためのデータベースの機能の開発をこれまでの開発に加えて進めていく予定である。これにより統合化推進プログラムの趣旨に大きく貢献できるものと考えている。

§7. 外部発表等

1. 原著論文発表

(1) 論文数概要

種別	国内外	件数
発行済論文	国内(和文)	0 件
	国際(欧文)	16 件
未発行論文 (accepted, in press 等)	国内(和文)	0 件
	国際(欧文)	1 件

(2) 論文詳細情報

1. Kyoda, K., Itoga, H., Yamagata, Y., Fujisawa, E., Wang, F., Miranda-Miranda, M., Yamamoto, H., Nakano, Y., Tohsato, Y., Onami, S.: SSBD: an ecosystem for enhanced sharing and reuse of bioimaging data. *Nucleic Acids Research*, Vol. 53, Issue D1, 6 January 2025, Pages D1716–D1723, (DOI:10.1093/nar/gkae860)
[概要]SSBD データベース設立を紹介する 2016 年以降の SSBD の機能強化の推移と、バイオイメージングデータのグローバルな共有システムの構築に向けた国際状況と其中での SSBD の役割、そして将来展望を解説した論文。
2. Sugawara, K., Uno, S.N., Kamiya, M., Sakamoto, A., Urano, Y., Funatsu, T., Okabe, K.: Nanoscale dynamics and localization of single endogenous mRNAs in stress granules. *Nucleic Acids Res.* Vol. 52, Issue.15, pp. 8675-8686. (2024). (DOI:10.1093/nar/gkae588)
3. Yamagata, Y., Yamada, R.: Survey on large language model annotation of cellular senescence from figures in review articles. *Genom. Inform.* Vol. 22, 7 (2024). (DOI:10.1186/s44342-024-00011-6)
4. Yamagata, Y., Kushida, T., Onami, S., Masuya, H.: Homeostasis imbalance process ontology: a study on COVID-19 infectious processes. *BMC Med. Inform. Decis. Mak.* Vol. 23, 301 (2024). (DOI: 10.1186/s12911-024-02516-0)
5. Yamagata, Y., Fukuyama, T., Onami, S., Masuya, H.: Prototyping an Ontological Framework for Cellular Senescence Mechanisms: A Homeostasis Imbalance Perspective. *Sci. Data* Vol. 11, 485 (2024). (DOI:10.1038/s41597-024-03331-y)
6. Sprague, D.Y., Rusch, K., Dunn, R.L., Borchardt, J., Bubnis, G., Chiu, G., Wen, C., Suzuki, R., Chaudhary, S., Dichter, B., Ly, R., Onami, S., Lu, H., Kimura, K., Yemini, E.I., Kato, S.: Unifying community-wide whole-brain imaging datasets enables robust automated neuron identification and reveals determinants of neuron positioning in *C. elegans*. *bioRxiv.* (2024). (DOI: 10.1101/2024.04.28.591397)
7. Matsumoto, M., Matsushita, K., Hane, M., Wen, C., Kurematsu, C., Ota, H., Nguyen, B.H., Thai, Q.T., Herranz-Perez, V., Sawada, M., Fujimoto, K., Garcia-

- Verdugo, M.J., Kimura, D.K., Seki, T., Sato, C., Ohno, N., Sawamoto, K., Neuraminidase inhibition promotes the collective migration of neurons and recovery of brain function. *EMBO Mol. Med.* Vol. 16, No. 6, pp. 1228–1253. (2024). (DOI:10.1038/s44321-024-00073-7)
8. Hiraki-Kajiyama, T., Miyasaka, N., Ando, R., Wakisaka, N., Itoga, H., Onami, S., Yoshihara, Y.: An atlas and database of neuropeptide gene expression in the adult zebrafish forebrain. *J. Comp. Neurol.* Vol. 532, Issue 6, e25619. (2024). (DOI:10.1002/cne.25619)
 9. Ichimura, T., Kakizuka, T., Sato, Y., Itano, K., Seiriki, K., Hashimoto, H., Itoga, H., Onami, S., Nagai, T.: Volumetric trans-scale imaging of massive quantity of heterogeneous cell populations in centimeter-wide tissue and embryo. *eLife*, 13:RP93633 (2024). (DOI: 10.7554/eLife.93633.1)
 10. Bajcsy, P., Bhattiprolu, S., Borner, K., Cimini, B., Collinson, L., Ellenberg, J., Fiolka, R., Giger, M., Goscinski, W., Hartley, M., Hotaling, N., Horwitz, R., Jug, F., Kreshuk, A., Lundberg, E., Mathur, A., Narayan, K., Onami, S., Plant, A.L., Prior, F., Swedlow, J., Taylor, A., Keppler, A.: Enabling Global Image Data Sharing in the Life Sciences. *arXiv*. (2024). (DOI: 10.48550/arXiv.2401.13023)
 11. Bialy, N., Alber, F., Andrews, B., Angelo, M., Beliveau, B., Bintu, L., Boettiger, A., Boehm, U., Brown, C.M., Bukar, M.M., Chambers, J.J., Cimini, B.A., Eliceiri, K., Errington, R., Faklaris, O., Gaudreault, N., Germain, R.N., Goscinski, W., Grunwald, D., Halter, M., Hanein, D., Hickey, J.W., Lacoste, J., Laude, A., Lundberg, E., Ma, J., Malacrida, L., Moore, J., Nelson, G., Neumann, E.K., Nitschke, R., Onami, S., Pimentel, J.A., Plant, A.L., Radtke, A.J., Sabata, B., Schapiro, D., Schöneberg, J., Spraggins, J.M., Sudar, D., Vierdag, W.A.M., Volkmann, N., Wählby, C., Siyuan, W., Yaniv, Z., Strambio-De-Castillia, C. : Harmonizing the Generation and Pre-publication Stewardship of FAIR Image Data. *arXiv*. (2024). (DOI: 10.48550/arXiv.2401.13022)
 12. Dohi, E., Kushida, T., Yamagata, Y., Takatsuki, T., Shin, J., Liener, T., Hoehndorf, R.: BioHackJP 2023 Report R1:Improving phenotype ontology interoperability. *BioHackrXiv*. (2024). (DOI: 10.37044/osf.io/d27fw)
 13. Moore, J., Basurto-Lozada, D., Besson, S., Bogovic, J., Bragantini, J., Brown, E.M., Burel, J.M., Casas, Moreno, X., de Medeiros, G., Diel, E.E., Gault, D., Ghosh, S.S., Gold, I., Halchenko, Y.O., Hartley, M., Horsfall, D., Keller, M.S., Kittisopikul, M., Kovacs, G., Küpcü Yoldaş, A., Kyoda, K., le Tournoulx, de la Villegeorges, A., Li, T., Liberali, P., Lindner, D., Linkert, M., Lüthi, J., Maitin-Shepard, J., Manz, T., Marconato, L., McCormick, M., Lange, M., Mohamed, K., Moore, W., Norlin, N., Özdemir, B., Palla, G., Pape, C., Pelkmans, L., Pietzsch, T., Preibisch, S., Prete, M., Rzepka, N., Samee, S., Schaub, N., Sidky, H., Solak, A.C., Stirling, D.R., Striebel, J., Tischler, C., Toloudis, D., Virshup, I., Walczysko, P., Watson, A.M., Wong, F., Yamauchi, K. A., Bayraktar, O., Haniffa, M., Hotaling, N., Onami, S., Royer, L.A., Saalfeld, S., Stegle, O., Theis, F.J., Swedlow, J.R.: OME-Zarr: a cloud-optimized bioimaging file format with international community support. *Histochem. Cell Biol.* Vol. 160, pp. 223-251 (2023). (DOI: 10.1007/s00418-023-02209-1)
- [概要]クラウドに最適化されたフォーマットである OME-Zarr を次世代のバイオイメーシングの標準フォーマットとして提案し、国際コミュニティーがこのフォーマットの利用の幅広い支援を開始したことを報告する論文。
14. Sugawara, K.: Training deep learning models for cell image segmentation with

- sparse annotations. *bioRxiv*, (2023). (DOI: 10.1101/2023.06.13.544786)
15. Azuma, Y., Okada, H., Onami, S.: Systematic analysis of cell morphodynamics in *C. elegans* early embryogenesis. *Front. Bioinform.* Vol 3, 1082531. (2023). (DOI: 10.3389/fbinf.2023.1082531)
 16. Shinkai, S., Itoga, H., Kyoda, K., Onami, S.: PHi-C2: interpreting Hi-C data as the dynamic 3D genome state. *Bioinformatics* Vol. 38, Issue 21, pp. 4984–4986 (2022). (DOI: 10.1093/bioinformatics/btac613)
 17. Ito, E., Ueda, T., Takano, R., Tohsato, Y., Kyoda, K., Onami, S., Nishikawa, I.: Phenotype anomaly detection for biological dynamics data using a deep generative model. *Proceedings of the 31st International Conference on Artificial Neural Networks (ICANN 2022). Lecture Notes in Computer Science (LNCS) 13530*, pp. 432–444 (2022). (DOI: 10.1007/978-3-031-15931-2_36)

2. その他の著作物(総説、書籍など)

1. Wen, C, Deep Learning-Based Cell Tracking in Deforming Organs and Moving Animals. In: Imaging Cell Signaling. Methods in Molecular Biology, vol 2800. Wuelfing, C., Murphy, R.F. eds. (New York, NY: Humana Press), pp. 203–215, (2024). (DOI: doi.org/10.1007/978-1-0716-3834-7_14)
2. 京田耕司, 大浪修一*: ライトシート顕微鏡データの取り扱いと共有. In 実験医学別冊 最強のステップ UP シリーズ ライトシート顕微鏡実践ガイド組織透明化&ライブイメージング, 洲崎悦生編, (東京: 羊土社), pp. 163–169, (2023)
3. 市村垂生, 糸賀裕弥, 垣塚太志, 大浪修一, 永井健治: 巨大データを生み出すトランススケールスコープとその取扱いを可能にする情報プラットフォーム. 光技術コンタクト誌, 日本オプトメカトロニクス協会, Vol. 61, No. 4, pp. 43–50 (2023)
4. 市村垂生, 糸賀裕弥, 垣塚太志, 大浪修一, 永井健治: 細胞画像ビッグデータによるバイオ DX-イメージング装置と情報プラットフォーム. 光アライアンス誌, 日本工業出版株式会社, Vol. 34, No. 11, pp. 48–52 (2023)
5. 京田耕司, 大浪修一: バイオイメージングデータベースの現状と展望. 実験医学別冊 最強のステップ UP シリーズ 空間オミクス解析スタートアップ実践ガイド, 154–159. (2022)

3. 国際学会発表及び主要な国内学会発表

(1) 概要

種別	国内外	件数
招待講演	国内	13 件
	国際	10 件
口頭発表	国内	10 件

種別	国内外	件数
	国際	5 件
ポスター発表	国内	21 件
	国際	10 件

(2) 招待講演

〈国内〉

- 菅原皓：生物画像解析の実践～タスクに応じた適切な手法の選択～. AJACS「生物画像解析を知って・学んで・使う」, オンライン, 2024 年 8 月 15 日.
- 大浪修一：バイオイメーシングのオープンサイエンス. 第 76 回日本細胞生物学会大会, つくば, 2024 年 7 月 17-19 日.
- 大浪修一, 糸賀裕弥, 京田耕司: SSBD: バイオイメーシングデータのグローバルな共有システム. The 57th Annual Meeting of the Japanese Society of Developmental Biologists, 京都, 2024 年 6 月 19-22 日.
- 大浪修一：バイオイメーシングの威力を最大化する情報科学. 第 252 回原医研セミナー/第 16 回放射線災害・医科学研究 機構・拠点研究推進ミーティング, オンライン, 2024 年 1 月 23 日.
- 大浪修一：Data-driven life sciences using large-scale bioimage data and beyond!. 立命館大学大学院生命科学研究科 ゲノム情報学特論(A), オンライン, 2024 年 1 月 19 日.
- 大浪修一：Global Image Data Ecosystem, and CREST Multicell imaging data management and sharing. CREST 多細胞領域 第 5 回領域会議, 浜松, 2023 年 12 月 19-21 日.
- Wen, C., Kimura, K., Onami, S.: Developing an Accurate Method for Tracking Signal Dynamics in Cell Populations within Deforming Organs. 第 32 回日本バイオイメーシング学会学術集会, 札幌, 2023 年 11 月 3-5 日.
- 大浪修一：SSBD: バイオイメーシングデータのグローバルな共有と生命科学の未来. 第 96 回日本生化学大会, 福岡, 2023 年 10 月 31 日-11 月 2 日.
- 大浪修一：バイオイメーシングデータの解析、管理、公開に関する情報科学技術の現状と将来展望. 第 45 回日本分子生物学会年会, 千葉, 2022 年 11 月 30 日-12 月 2 日.
- 大浪修一：SSBD データベースによるグローバルなバイオイメーシングデータの共有. 第 45 回日本分子生物学会年会, 千葉, 2022 年 11 月 30 日-12 月 2 日.
- 大浪修一：データベース SSBD、データ共有プラットフォーム OMERO が開くオープンサイエンス. 日本学術会議 公開シンポジウム「異なるモダリティを統合するバイオ計測の最前線と展望」, 東京, 2022 年 11 月 15 日.
- 大浪修一：バイオイメーシングデータのグローバルなデータ共有システムの構築. トーゴーの日シンポジウム 2022, オンライン, 2022 年 10 月 5 日.
- 大浪修一：先端バイオイメーシングデータのデータ駆動解析とオープンサイエンス. 第 31 回日本バイオイメーシング学会学術集会, 吹田, 2022 年 9 月 3-5 日.

〈国際〉

1. Onami, S.: Image data-driven modeling of biodynamics systems and a platform for image data-driven biology. NCBS-RIKEN BDR Joint Meeting, Bangalore, India, Jul 10-11, 2024.
2. Onami, S.: SSBD and Global Sharing of Bioimaging Data. 21st IUPAB Congress 2024 (IUPAB2024), Kyoto, Japan, Jun 24-28, 2024.
3. Onami, S.: Cell Tracking and Data Management for AMATERAS. 21st IUPAB Congress 2024 (IUPAB2024), Kyoto, Japan, Jun 24-28, 2024.
4. Onami, S.: SSBD update and RIKEN Open Life Science Platform. OME 2024 Community Meeting, Dundee, UK, May 29-31, 2024.
5. Onami, S.: SSBD: Systems Science of Biological Dynamics. ABiS-GBI 2023 course - Image data: image analysis, data management and reuse, Okazaki and Kobe, Japan, Jul 5-7, 2023.
6. Sugawara, K.: ELEPHANT: tracking cells in 2D/3D+t using interactive deep learning. NEUBIAS Pasteur course on Bioimage Analysis, Paris, France, May 31, 2023.
7. Sugawara, K., Averof, M.: Cell image segmentation with deep learning using sparse annotations. 22nd International European Light Microscopy Initiative Meeting. Noordwijkerhout, The Netherlands, Jun 6-9, 2023.
8. Sugawara, K., Averof, M.: Deep learning with sparse annotations in cell image segmentation. The 5th NEUBIAS Conference. Porto, Portugal, May 11-12, 2023.
9. Onami, S.: Image data-driven modeling of developmental systems and open bioimaging DX. IPR x RIKEN (BDR) Symposium 2023 Dive into Data of Life, Toyonaka, Japan, Feb 21-22, 2023.
10. Onami, S.: General overview of Image Data Management WG. Exchange of Experience VII, Montevideo, Uruguay, Sep 14-16, 2022.

(3) 口頭講演

〈国内〉

1. 菅原皓: 細胞追跡ソフトウェア ELEPHANT を拡張した細胞動態計測技術 の開発と普及への取り組み. JST-CREST 多細胞 若手の会 2024, 金沢, 2024 年 8 月 26-28 日.
2. 山縣友紀, 山田涼太, 大浪修一, 榊屋啓志: オントロジー開発のための大規模言語モデルを用いた生命医学論文図アノテーションの試み. 2024 年度人工知能学会全国大会 (第 38 回), 浜松, 2024 年 5 月 28-31 日.
3. 菅原皓: ELEPHANT: an image analysis platform for 2D/3D cell tracking using incremental deep learning. CREST 多細胞 Rising Star Webinar, オンライン, 2023 年 12 月 13 日.
4. Kyoda, K., Itoga, H., Wang, F., Yamamoto, H., Miranda-Miranda, M., Yamagata, Y., Tohsato, Y., Onami, S.: SSBD:repository/SSBD:database: A global sharing of bioimaging data. The 56th Annual Meeting of the Japanese Society of

Developmental Biologists, Sendai, Jul 22-25, 2023.

5. 京田耕司, 糸賀裕弥, 王放放, 山縣友紀, ミランダミゲル, 山本春菜, 遠里由佳子, 大浪修一: SSBD: バイオイメーシングデータのグローバルなデータ共有. 第 75 回日本細胞生物学会大会, 奈良, 2023 年 6 月 28 日-30 日.
6. 山縣友紀, 大浪修一, 榊屋啓志: 老化制御を目指した細胞老化オントロジーモデリング. 2023 年度 人工知能学会全国大会(第 37 回), 熊本, 2023 年 6 月 6-9 日.
7. 京田耕司, 糸賀裕弥, 王放放, 山縣友紀, 遠里由佳子, 大浪修一: SSBD:repository/database: バイオイメーシングデータのグローバルなデータ共有, 第 64 回日本植物生理学会年会, 仙台, 2023 年 3 月 15 日.
8. 大浪修一: 理研オープンライフサイエンスプラットフォームの紹介および活動報告. 理研シンポジウム: 理研オープンライフサイエンスプラットフォーム 研究課題成果報告会, 和光, 2023 年 3 月 14 日.
9. 大浪修一: シンギュラリティ生物学のためのデータサイエンスプラットフォーム: 現状と今後の展望. 新学術領域「シンギュラリティ生物学」成果報告シンポジウム, 東京, 2023 年 3 月 10 日.
10. 東裕介, 大浪修一: データ駆動型および仮説検証型アプローチによる細胞形態変化の定量解析. 第 45 回日本分子生物学会年会, 千葉, 2022 年 11 月 30 日-12 月 2 日.

〈国際〉

1. Sugawara, K.: Training deep learning models for cell image analysis with sparse annotations. CNRS RtmFm Webinar. Online, Dec 8, 2023.
2. Kyoda, K., Itoga, H., Wang, F., Yamamoto, H., Miranda-Miranda, M., Yamagata, Y., Tohsato, Y., Onami, S.: SSBD:repository/SSBD:database: A global sharing of bioimaging data. The 20th International Microscopy Congress, Busan, Sep 10-15, 2023.
3. Ito, E., Ueda, T., Takano, R., Tohsato, Y., Kyoda, K., Onami, S., Nishikawa, I.: Phenotype anomaly detection for biological dynamics data using a deep generative model. The 31st International Conference on Artificial Neural Networks (ICANN2022). Bristol, UK, Sep 6-9, 2022.
4. Azuma, Y., Onami, S.: An image processing and deep learning-based pipeline for quantitative analysis of cellular (morpho)dynamics. 55th Annual Meeting of the Japanese Society for Developmental Biologists. Kanazawa, Japan, May 31-Jun 3, 2022.
5. Kyoda, K., Ho, H.L.K., Itoga, H., Tohsato, Y., Onami, S.: BD5: an open data format for representing quantitative biological dynamics data. 2022 European HDF5 Users Group (HUG). Online, Saint Paul-lez-Durance, France, May 31-Jun 2, 2022.

(4) ポスター発表

〈国内〉

1. 京田耕司, 大浪修一: バイオイメーシングデータの次世代フォーマットとグローバルな共有. 第 1 回 R-COMS 技術支援ネットワーク・現場の会. 和光, 2024 年 6 月 4-5 日.

2. 糸賀裕弥, 藤澤絵美, 山本春菜, Miranda-Miranda Miguel, 山縣友紀, 京田耕司, 遠里由佳子, 大浪修一: SSBD: Global sharing of bioimaging data, 第 27 回異分野交流の夕べ, 2024 年 2 月 22 日.
3. 菅原皓, 大浪修一: ELEPHANT: an image analysis tool for 2D/3D cell tracking using incrementally trainable deep learning. 第 27 回 異分野交流の夕べ. 神戸, 2024 年 2 月 22 日.
4. 京田耕司, 糸賀裕弥, 大浪修一: Next generation file formats of bioimaging and biosystems dynamics data. 第 27 回 異分野交流の夕べ. 神戸, 2024 年 2 月 22 日.
5. Miranda-Miranda, M., Kyoda, K., Itoga, H., Onami, S.: BD5Viewers: Visualization tools on quantitative biological dynamics in the SSBD. 第 46 回日本分子生物学会年会, 神戸, 2023 年 12 月 6-8 日.
6. 櫛田達矢, 臼田大輝, 高田豊行, 山縣友紀, 榎屋啓志: ヒト哺乳類表現型オントロジーマッピングを活用したヒト疾患モデル生物の推定方法の検討. 第 46 回日本分子生物学会年会, 神戸, 2023 年 12 月 6-8 日.
7. Kyoda, K., Itoga, H., Wang, F., Miranda-Miranda, M., Yamamoto, H., Yamagata, Y., Tohsato, Y., Onami, S.: SSBD:repository/SSBD:database: バイオイメーjingデータ グローバルな共有. 第 61 回日本生物物理学会年会, 名古屋, 2023 年 11 月 14-16 日.
8. 糸賀裕弥, 王放放, 藤澤絵美, 山本春菜, Miranda Miranda Miguel, 山縣友紀, 京田耕司, 遠里由佳子, 大浪修一: SSBD: バイオイメーjingデータのグローバルなデータ共有, JST NBDC 統合化推進プログラム 2023 年度研究交流会, 東京都江東区, 2023 年 10 月 5 日.
9. 京田耕司, 糸賀裕弥, ミランダミゲル, 大浪修一: OME-Zarr/BD-Zarr: バイオイメーjing関連データの次世代フォーマットの開発, JST NBDC 統合化推進プログラム 2023 年度研究交流会, 東京都江東区, 2023 年 10 月 5 日.
10. Miranda Miranda Miguel, 糸賀裕弥, 京田耕司, 山縣友紀, 王放放, 藤澤絵美, 山本春菜, 遠里由佳子, 大浪修一: SSBD: A database of images and data on biological dynamics. An infrastructure to preserve and share science resources. 線虫研究の未来を創る会 2023, 神戸, 2023 年 8 月 17-18 日.
11. 糸賀裕弥, 王放放, 山縣友紀, 京田耕司, 遠里由佳子, 大浪修一: SSBD:database / SSBD:repository – global sharing of bioimaging data. 日本生理学会第 100 回記念大会. 京都, 2023 年 3 月 15 日.
12. 東裕介, 大浪修一: 画像処理による細胞動態の定量解析, 新学術領域「シンギュラリティ生物学」成果報告シンポジウム. 東京, 2023 年 3 月 10 日.
13. 糸賀裕弥, 王放放, 山縣友紀, 京田耕司, Miranda Miranda Miguel, 山本春菜, 遠里由佳子, 大浪修一: SSBD:database, SSBD:repository, Data platform and Data portal for Singularity Biology - シンギュラリティ生物学のための SSBD、データプラットフォーム、データポータル の取り組み, 新学術領域「シンギュラリティ生物学」成果報告シンポジウム. 東京, 2023 年 3 月 10 日.
14. 京田耕司, 糸賀裕弥, 大浪修一: バイオイメーjingデータの次世代フォーマット開発と解析ワークフロー基盤の開発構想. 新学術領域「シンギュラリティ生物学」成果報告シンポジウム, 東京, 2023 年 3 月 10 日.

15. 糸賀裕弥, 王放放, 山縣友紀, 京田耕司, 遠里由佳子, 大浪修一: SSBD:database/SSBD:repository バイオイメージングデータのグローバルなデータ共有, 第 14 回光塾, 大阪, 2022 年 1 月 18 日-19 日.
16. 京田耕司, 糸賀裕弥, 王放放, 山縣友紀, 遠里由佳子, 大浪修一: SSBD:database/repository バイオイメージングデータのグローバルなデータ共有. 第 45 回日本分子生物学会年会, 千葉, 2022 年 11 月 30 日-12 月 2 日.
17. 山縣友紀, 大浪修一, 榊屋啓志:オントロジーに基づく細胞老化プロセスの知識記述モデリング, 第 45 回日本分子生物学会年会, 千葉, 2022 年 11 月 30 日-12 月 2 日.
18. 東裕介, 大浪修一: 細胞のセグメンテーションデータ作成と公開. 第 25 回情報論的学習理論ワークショップ, つくば, 2022 年 11 月 20-23 日.
19. 糸賀裕弥, 王放放, 山縣友紀, 京田耕司, 遠里由佳子, 大浪修一: SSBD:database/repository バイオイメージングデータのグローバルなデータ共有, トーゴの日シンポジウム 2022, オンライン, 2022 年 10 月 5 日.
20. 京田耕司, ホーケネス, 糸賀裕弥, 大浪修一: BD-zarr: 生命現象の時空間動態データを記述するための次世代フォーマットの開発. トーゴの日シンポジウム 2022, オンライン, 2022 年 10 月 5 日.
21. 糸賀裕弥, 王放放, 山縣友紀, 京田耕司, 遠里由佳子, 大浪修一: SSBD:database/repository バイオイメージングデータのグローバルなデータ共有, 第 31 回バイオイメージング学会学術集会, 吹田, 2022 年 9 月 3-5 日.

〈国際〉

1. Ichimura, T., Kakizuka, T., Itano, K., Seiriki, K., Hashimoto, H., Sato, Y., Itoga, H., Onami, S., Nagai, T.: Volumetric imaging of micrometer-scale cellular dynamics in centimeter-scale multicellular systems, 21st IUPAB Congress 2024 (IUPAB 2024), Kyoto, Japan, June 24-28, 2024.
2. Chang, J.C., Azuma, Y., Onami, S.: Towards an Integrated Data Platform in RIKEN. OME 2024 Community Meeting, Dundee, UK, May 29-31, 2024.
3. Itoga, H., Fujisawa, E., Yamamoto, H., Miranda, M. M., Yamagata, Y., Kyoda, K., Tohsato, Y., Onami, S.: SSBD: Global sharing of bioimaging data. OME 2024 Community Meeting, Dundee, UK, May 29-31, 2024.
4. Itoga, H., Fujisawa, E., Yamamoto, H., Miranda-Miranda, M., Yamagata, Y., Kyoda, K., Tohsato, Y., Onami, S.: SSBD: Global sharing of bioimaging data. RIKEN BDR Symposium 2024 "Time Across Scales: Development, Homeostasis and Aging", Kobe, March 4-6, 2024.
5. Sugawara, S., Onami, S.: ELEPHANT: an image analysis tool for 2D/3D cell tracking using incrementally trainable deep learning. RIKEN BDR Symposium 2024 "Time Across Scales: Development, Homeostasis and Aging", Kobe, March 4-6, 2024.
6. Kyoda, K., Itoga, H., Wang, F., Yamamoto, H., Miranda-Miranda, M., Yamagata, Y., Tohsato, Y., Onami, S.: SSBD:repository/SSBD:database: A global sharing of bioimaging data. The 56th Annual Meeting of the Japanese S

society of Developmental Biologists, Sendai, Jul 22-25, 2023.

7. Yamagata, Y., Onami, S., and Masuya H.: Ontology Development for Knowledge Organization of Cellular Senescence Processes. RIKEN BDR Symposium 2023, Kobe, Mar 7-9, 2023.
8. Itoga, H., Wang, F., Yamagata, Y., Kyoda, K., Tohsato, Y., Onami, S.: SSBD:database and SSBD:repository – Global sharing of bioimaging data -, RIKEN BDR Symposium 2023, Kobe, Mar 7-9, 2023.
9. Yamagata Y., Onami S., Masuya H.: Knowledge Systematization for Cellular Senescence Processes by Homeostasis Imbalance Process Ontology. The 2022 International Conference of Biomedical Ontology (ICBO 2022), Ann Arbor, MI, USA and Online, September 25-28, 2022.
10. Kyoda, K., Ho, H.L.K., Itoga, H., Onami, S.: BD-zarr: a zarr-based format for representing quantitative data of biosystems dynamics. I2K 2022 (From Images to Knowledge – 2022). Online, May 6-10, 2022.

4. 知財出願

(1) 出願件数

種別		件数
特許出願	国内	0 件
	国外	0 件
その他の知的財産出願		0 件

(2) 一覧

① 国内出願

1. 該当なし

② 海外出願

1. 該当なし

③ その他の知的財産権

1. 該当なし

5. 受賞・報道等

(1) 受賞

1. *2023 年度人工知能学会全国大会(第 37 回)全国大会優秀賞, 山縣友紀, 大浪修

一, 榊屋啓志. 2023 年 7 月 19 日.

(2) メディア報道

1. NBDC ブログ"生物画像データの標準化で、科学を加速する 国際的な標準ファイル形式「OME-Zarr」の開発”公開. <https://biosciencedbc.jp/blog/20240619-01.html>, 2024 年 6 月 19 日.
2. 理化学研究所 プレスリリース”ゼブラフィッシュ脳遺伝子発現データベースの作製・公開ー哺乳類の脳との類似性を発見ー”, https://www.riken.jp/press/2024/20240604_1/index.html, 2024 年 6 月 4 日.
3. Euro BioImaging プレスリリース”foundingGIDE - Laying the foundations of a Global Image Data Ecosystem”, <https://www.eurobioimaging.eu/news/foundinggide--laying-the-foundations-of-a-global-image-data-ecosystem-/>, 2024 年 2 月 14 日
4. Nature, How open-source software could finally get the world’s microscopes speaking the same language, 2023 年 10 月 2 日. <https://www.nature.com/articles/d41586-023-03064-9>
5. NBDC ブログ”生体組織の立体モデルをぐりぐり動かせる・時間変化を観察できるビューア「QTBD5Viewer」(開発者インタビュー)”公開. 2023 年 7 月 7 日. <https://biosciencedbc.jp/blog/20230707-01.html>
6. Marx, V. To share is to be a scientist. Nat Methods 20, 984–989. <https://doi.org/10.1038/s41592-023-01927-7>.
7. 名古屋市立大学 プレスリリース”Seg2Link:三次元立体画像中の細胞の形態を人工知能と共同して解析するためのソフトウェアの開発”, <https://www.nagoya-cu.ac.jp/press-news/202305221800/>, 2023 年 5 月 22 日.

(3) その他

1. QtBD5Viewer. ソースコード公開, 2023 年 5 月 18 日.

§8. 研究開発期間中の活動

1. 進捗ミーティング

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
2022年 4月5日	所内ミーティング (非公開)	オンライン	5人	理研CBSデータリポジトリ について情報収集
2022年 4月13日	チーム内ミーティ ング (非公開)	オンライン	6人	研究進捗報告のためのミー ティング
2022年 4月27日	チーム内ミーティ ング (非公開)	オンライン	3人	研究進捗報告のためのミー ティング
2022年 5月12日	OLSP Workshop 2022	オンライン	20人	理研オープンライフサイエ ンスプラットフォームプロ ジェクト主催イベントにて 国際連携や理研が開発した 主要 DB の連携等について 意見交換
2022年 5月25日	チーム内ミーティ ング (非公開)	オンライン	6人	同上
2022年 6月23日	チーム内ミーティ ング (非公開)	オンライン	6人	同上
2022年 7月25-26日	Euro-BioImaging Scientific Advisory Board	Truku, フィンラ ンド	20人	バイオイメージングの国際 連携について意見交換、情 報収集
2022年 8月5日	チーム内ミーティ ング (非公開)	オンライン	9人	同上
2022年 8月9日	David Osumi- Suherland (EMBL- EBI) との意見交換 会 (非公開)	理研神戸地区内 居室	7人	研究に関する意見交換、情 報収集
2022年 9月1日	チーム内ミーティ ング (非公開)	オンライン	5人	データ集積に関するミー ティング
2022年 9月6日	チーム内ミーティ ング (非公開)	オンライン	7人	研究進捗報告のためのミー ティング
2022年 10月18日	チーム内ミーティ ング (非公開)	オンライン	4人	同上
2022年 10月19日	チーム内ミーティ ング (非公開)	オンライン	8人	同上
2022年 11月16日	チーム内ミーティ ング (非公開)	オンライン	4人	同上
2022年 11月22日	チーム内ミーティ ング (非公開)	オンライン	8人	同上
2022年 12月21日	チーム内ミーティ ング (非公開)	オンライン	8人	同上
2023年 2月22日	チーム内ミーティ ング (非公開)	オンライン	8人	同上

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
2023 月 2 月 28 日— 3 月 4 日	OME-SSBD ミーテ ィング	University of Dundee、英国	14 人	共同研究のための情報交 換、打合せ
2023 年 3 月 2 日	Matthew Hartley (EMBL-EBI) との ミーティング	London, 英国	2 人	Euro-BioImaging/ Bioimaging UK Meeting に おいてバイオイメージング の国際連兼について情報収 集、意見交換
2023 年 4 月 5 日	チーム内ミーティン グ (非公開)	非公開	5 人	研究進捗報告のためのミー ティング
2023 年 4 月 10 日	チーム内ミーティン グ (非公開)	非公開	7 人	同上
2023 年 4 月 24 日	チーム内ミーティン グ(非公開)	非公開	4 人	同上
2023 年 4 月 28 日	チーム内ミーティン グ(非公開)	非公開	3 人	同上
2023 年 5 月 9 日	国際コミュニティで のミーティング (非 公開)	オンライン	15 人	GBI Image Data WG を 主催
2023 年 5 月 12 日	チーム内ミーティン グ(非公開)	非公開	3 人	研究進捗報告のためのミー ティング
2023 年 5 月 17 日	チーム内ミーティン グ (非公開)	非公開	7 人	同上
2023 年 5 月 19 日	チーム内ミーティン グ (非公開)	非公開	2 人	ELEPHANT tutorial sess ion
2023 年 5 月 23 日	国際コミュニティで のミーティング (非 公開)	オンライン	10 人	GBI Image Data WG を 主催
2023 年 6 月 2 日	チーム内ミーティン グ (非公開)	非公開	4 人	研究進捗報告のためのミー ティング
2023 年 6 月 13 日	NBDC とのミーテ ィング (非公開)	非公開	3 人	SSBD での DOI 登録につ いて打合せ
2023 年 7 月 10-11 日	共同研究打合せ (非 公開)	理研神戸 (ハイ ブリッド)	10 人	IDE (OME)と共同研究打 合せ
2023 年 7 月 10-11 日	共同研究打合せ (非 公開)	理研神戸 (ハイ ブリッド)	10 人	BIA(EMBL)と共同研究打 合せ
2023 年 7 月 19 日	チーム内ミーティン グ (非公開)	オンライン	9 人	研究進捗報告のためのミー ティング
2023 年	文科省視察 (非公	理研神戸	10 人	文科省ライフ課視察にお

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
7月21日	開)			いて研究紹介
2023年 9月4日	国際コミュニティでのミーティング（非公開）	オンライン	19人	GBI Image Data WG を主催
2023年 10月24日	チーム内ミーティング（非公開）	オンライン	8人	研究進捗報告のためのミーティング
2023年 10月31日	RIKEN-ZEISS Joint Research: Cloud based Image analysis by ZEISS arivis Cloud and RIKEN HOKUSAI（非公開：所内公開）	オンライン	20人	RIKEN-ZEISS Joint Research: Cloud based Image analysis by ZEISS arivis Cloud and RIKEN HOKUSAI
2023年 11月6日	SSBD アドバイサリ ーボード説明（非公開）	京都大学	2人	農芸化学会へ SSBD アドバイサリ ーボードについて紹介
2023年 11月7日	チーム内ミーティング（非公開）	オンライン	8人	研究進捗報告のためのミーティング
2023年 11月8日	SSBD アドバイサリ ーボード説明（非公開）	名古屋大学	2人	日本バイオインフォマティクス学会へ SSBD アドバイサリ ーボードについて紹介
2023年 11月13日	SSBD アドバイサリ ーボード説明（非公開）	オンライン	3人	日本植物生理学会へ SSBD アドバイサリ ーボードについて紹介
2023年 11月15日	SSBD アドバイサリ ーボード説明（非公開）	オンライン	3人	日本解剖学会へ SSBD アド バイサリ ーボードについて紹介
2023年 11月21日	SSBD アドバイサリ ーボード説明（非公開）	オンライン	3人	発生生物学会と ABiS へ SS BD アドバイサリ ーボードについて紹介
2023年 11月21日	チーム内ミーティング(非公開)	オンライン	8人	研究進捗報告のためのミーティング
2023年 11月21日	チーム内ミーティング(非公開)	オンライン	3人	同上
2023年 11月22日	国際コミュニティでのミーティング（非公開）	オンライン	20人	GBI Image Data WG を主催
2023年 11月27日	チーム内ミーティング(非公開)	オンライン	3人	研究進捗報告のためのミーティング

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
2023 年 11 月 28 日	所外関係者とのミーティング（非公開）	オンライン	3 人	メタデータアノテーション業務に関する打合せ
2023 年 11 月 28 日	SSBD アドバイサリーボード説明（非公開）	東京大学	2 人	日本癌学会へ SSBD アドバイサリーボードについて説明
2023 年 12 月 27 日	所内ミーティング（非公開）	理研北京事務所、中国	3 人	中国でのバイオイメーキングデータの利活用や日中交流イベントについて意見交換
2023 年 12 月 28 日	国際連携について打合せ（非公開）	Institute of Biophysics（北京）、中国	5 人	Li 助教授と、日本と中国のバイオイメーキングデータ共有の国際連携について情報収集・意見交換
2024 年 1 月 10 日	チーム内ミーティング（非公開）	オンライン	3 人	研究進捗報告のためのミーティング
2024 年 1 月 30 日	所外関係者とのミーティング（非公開）	オンライン	3 人	メタデータアノテーション業務に関する打合せ
2024 年 1 月 31 日	所外関係者とのミーティング（非公開）	オンライン	7 人	SSBD プロジェクト用バイオイメーキングデータ解析基盤システム導入について打合せ
2024 年 1 月 31 日	国際コミュニティでのミーティング（非公開）	オンライン	10 人	QUAREP-LiMi WG7 subgroup3 meeting 出席
2024 年 2 月 7 日	企業との意見交換（非公開）	オンライン	3 人	ISO 標準案、SSBD について意見交換会
2024 年 2 月 8 日	チーム内ミーティング（非公開）	オンライン	3 人	研究進捗報告のためのミーティング
2024 年 2 月 13 日	所外関係者との打合せ（非公開）	オンライン	4 人	メタデータアノテーション業務に関する打合せ
2024 年 2 月 13 日	公開イベント打合せ（非公開）	オンライン	5 人	GBI_EoE2024 打合せ
2024 年 2 月 20 日	チーム内ミーティング（非公開）	オンライン	7 人	研究進捗報告のためのミーティング
2024 年 2 月 20 日	国際コミュニティでのミーティング（非公開）	オンライン	21 人	GBI - Working Group: Image Data Management 出席
2024 年 3 月 8 日	チーム内ミーティング（SSBD core Meeting）	オンライン	3 人	研究進捗報告のためのミーティング

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
2024 年 3 月 14 日	公開イベント打合せ (非公開)	オンライン	5 人	GBI_EoE2024 打合せ
2024 年 3 月 19 日	所外関係者との打合せ (非公開)	オンライン	3 人	メタデータアノテーション 業務に関する打合せ
2024 年 3 月 26 日	チーム内ミーティング (DB meeting)	オンライン	8 人	研究進捗報告のためのミー ティング
2024 年 3 月 27 日	国際コミュニティで のミーティング (非 公開)	オンライン	20 人	GBI Image Data WG を 主催
2024 年 4 月 10 日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	3 人	研究進捗報告のためのミー ティング
2024 年 4 月 5 日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	3 人	研究成果発表のためのミー ティング
2024 年 4 月 16 日	国際コミュニティと のミーティング (非 公開)	オンライン	20 人	QUAREP-LiMi Annual meeting に出席
2024 年 4 月 26 日	国際連携に関する打 合せ (非公開)	オンライン	8 人	foundingGIDE BioImage Stream meeting に出席
2024 年 5 月 17 日	所外関係者との打合 せ (非公開)	オンライン	5 人	メタ情報抽出ソフトウェア の開発業務に関する打合せ
2024 年 5 月 22 日	チーム内ミーティン グ (非公開)	オンライン	8 人	研究進捗報告のためのミー ティング
2024 年 5 月 24 日	国際連携に関する打 合せ (非公開)	オンライン	9 人	foundingGIDE BioImage Stream meeting に出席
2024 年 5 月 24 日	所外関係者との打合 せ (非公開)	オンライン	2 人	AJACS での講演に関する打 合せ
2024 年 6 月 10 日	チーム内ミーティン グ (非公開)	オンライン	3 人	研究進捗報告のためのミー ティング
2024 年 6 月 13 日	チーム内ミーティン グ (非公開)	オンライン	8 人	研究進捗報告のためのミー ティング
2024 年 6 月 23 日	IUPAB Round Table Discussion	京都	10 人	IUPAB Round Table Discussion に出席
2024 年 6 月 24 日	国際連携に関する打 合せ (非公開)	京都	12 人	Caterina Strambio-De- Castillia 博士 (The University of Massachusetts Medical School, USA)、Josh Moore 博士 (German BioImaging, Germany)、 Oluwaseun Gakenou 氏 (Stellenbosch University, South Africa)らと共同研究 打合せ、意見交換
2024 年 6 月 28 日	国際連携に関する打 合せ(非公開)	オンライン	7 人	foundingGIDE BioImage Stream meeting に出席

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
2024年7月2日	チーム内ミーティング（非公開）	オンライン	3人	研究進捗報告のためのミーティング
2024年7月5日	共同研究打合せ（非公開）	オンライン	3人	ELEPHANT を用いた AMATERAS データの解析について打合せ
2024年7月9日	国際連携に関する打合せ（非公開）	Bangalore、インド	5人	NCBS 訪問
2024年7月12日	国際連携に関する打合せ（非公開）	Pune、インド	5人	IISER PUNE 訪問
2024年7月10日	所外関係者との打合せ（非公開）	オンライン	4人	メタ情報抽出ソフトウェアの開発業務に関する打合せ
2024年7月12日	所外関係者との打合せ（非公開）	オンライン	2人	AJACS での講演に関する打合せ
2024年7月12日	所外関係者との打合せ（非公開）	オンライン	3人	メタデータアノテーション業務に関する打合せ
2024年7月17日	国際連携に関する打合せ（非公開）	オンライン	5人	OME チームとのミーティング
2024年7月18日	imaging DX meeting	オンライン	5人	Imaging DX に関するミーティング
2024年7月22日	所外関係者との打合せ（非公開）	オンライン	4人	メタ情報抽出ソフトウェアの開発業務に関する打合せ
2024年7月23日	所外関係者との打合せ（非公開）	オンライン	2人	AJACS での講演に関する打合せ
2024年7月24日	チーム内ミーティング（非公開）	オンライン	8人	研究進捗報告のためのミーティング
2024年7月24日	所外関係者との打合せ（非公開）	オンライン	5人	NLP-オントロジー連携打ち合わせ
2024年7月26日	国際連携に関する打合せ（非公開）	オンライン	9人	foundinGIDE BioImage Stream meeting に出席
2024年8月5日	所外関係者との打合せ（非公開）	オンライン	3人	metadata and data form について産学連携に関する打合せ
2024年8月6日	所外関係者との打合せ（非公開）	オンライン	4人	メタ情報抽出ソフトウェアの開発業務に関する打合せ
2024年8月7日	国際連携に関する打合せ（非公開）	オンライン	12人	GBI International WG meeting に参加
2024年8月9日	所外関係者との打合せ（非公開）	オンライン	5人	研究に関する意見交換、情報収集
2024年8月16日	チーム内ミーティング（非公開）	オンライン	3人	研究進捗報告のためのミーティング
2024年8月16日	所外関係者との打合せ（非公開）	オンライン	4人	メタ情報抽出ソフトウェアの開発業務に関する打合せ
2024年8月19日	チーム内ミーティング（非公開）	オンライン	8人	研究進捗報告のためのミーティング
2024年8月23日	国際連携に関する打合せ（非公開）	オンライン	7人	foundinGIDE BioImage Stream meeting に出席

2. 主催したワークショップ、シンポジウム、アウトリーチ活動等

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
2022 年 8 月 9 日	BDR Seminar (所内 セミナー)	理化学研究所神戸 地区セミナー ルーム・オンライ ン	30 人	David Osumi-Suherland 先 生による講演
2023 年 7 月 3-5 日	ABiS-GBI 2023 course - Image data: image analysis, data management and reuse	NIBB カンファ レンスセンター (岡崎市)、理研 BDR (神戸市)	21 人	顕微鏡施設などで画像を取 得する研究者や画像解析を 行う研究者、顕微鏡施設管 理やデータ管理を行う担当 者を対象としてとした、画 像解析、データ管理、及び画 像データリポジトリなど、 画像データの包括的なトピ ックを学ぶワークショップ
2023 年 7 月 10 日	BDR Seminar (所 内セミナー)	理研 BDR	30 人	Matthew Hartley 博士によ る講演
2023 年 7 月 25 日	DECODE セミナー (所内セミナー)	理研 BDR	20 人	菅原研究員による講演
2023 年 10 月 31 日	RIKEN-ZEISS Joint Research: Cloud based Image analysis by ZEISS arivis Cloud and RIKEN HOKUSAI (所内公開セミナ ー)	オンライン	20 人	ZEISS 社との共同ですすめ ているデータ解析について 紹介
2023 年 11 月 3 日	理化学研究所神戸事 業所一般公開	理化学研究所	400 人	SSBD データベースのデモ ンストレーションおよび公 開データを用いたコンピュ ータゲームによるアウトリ ーチ活動
2023 年 11 月 20 日	BDR Seminar (所内 セミナー)	理研 BDR	30 人	野崎慎博士による講演
2024 年 6 月 18-20 日	IUPAB2024 Hands- on training program Program A: Millions of single live cell analysis with the automated trans-scale-scope, AMATERAS	大阪大学、理研 BDR	8 人	IUPAB2024 のプログラムの 一環として、AMATERAS を 用いた情報工学に基づく画像 処理を学ぶワークショップを大 阪大学とともに主催。
2024 年 6 月 22 日	57th Annual Meeting of the JSDB ランチョンセミ	京都市勧業館「み やこめっせ」	120 人	SSBD の宣伝活動をおこな い、発生生物分野の画像デ ータ登録および共有を推進す

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
	ナー			る
2024 年 6 月 25 日	IUPAB2024 Hands-on training session-A	京都国際会館	30 人	IUPAB2024 において、「Millions of Single Live Cell Analysis with the Automated Trans-scale-scope, AMATERASscale-scope, AMATERAS」をテーマとする Session を大阪大学 永井健治教授とともに主催。
2024 年 6 月 26 日	RIKEN Symposium Challenges in Bioimaging: beyond the scales and beyond the borders	理研 BDR	40 人	近年発展してきた、電子顕微鏡と光学顕微鏡の関連技術「関連顕微鏡法」、および、「データ共有」技術の両分野の最先端研究を紹介しながら、新しい生命研究の時代を築くために、研究分野の境界を超えて議論することを目指し、理研渡邊朋信チームリーダーとともにシンポジウムを主催。
2024 年 6 月 28 日	IUPAB2024 Symposium 33	京都国際会館	30 人	IUPAB2024 において、「Data Sharing and Open Science」をテーマとする Session を UMass Chan Medical School Caterina Strambio-De-Castilli 博士とともに主催。
2024 年 8 月 15 日	AJACS「生物画像解析を知って・学んで・使う」	オンライン	340 人	菅原研究員による、生物画像解析に関するワークショップ
2024 年 8 月 9 日	Instagram アカウト名：bioimagram	オンライン	77 人 (2024 年 9 月 5 日現在)	SSBD で共有しているバイオイメージングデータの紹介を通して、一般の人々が科学に関わる機会を提供する。

以上

別紙 研究開発対象のデータベース等

No.	正式名称	別称	概要	URL	公開日	状態	分類	生命科学系 データベース アーカイブ	NBDCヒト データベース	NBDC RDF ポータル	関連文献 (論文リストに記載があれば、その番号でも可)
1	SSBDデータベース	SSBD:database	豊富なメタデータと可視化・解析基盤と共にデータを共有することでユーザーに対するデータの再利用を容易にする高付加価値データベース。	https://ssbd.riken.jp/database/	2013年9月2日	継続・発展	データベース等	公開済	対象外	公開済	Tohsato, Y., Ho, K.H.L., Kyoda, K., Onami, S. SSBD: a database of quantitative data of spatiotemporal dynamics of biological phenomena. Bioinformatics 32, 3471–3479 (2016). (DOI: 10.1093/bioinformatics/btw417)
2	SSBDリポジトリ	SSBD:repository	最小限のメタデータと共にデータを共有することで、データ公開を行うユーザーに対して迅速なデータ公開サービスを提供するデータリポジトリ。	https://ssbd.riken.jp/repository/	2016年5月22日	継続・発展	データベース等	提供前	対象外	提供前	
3	Biological Dynamics Markup Language/BD5	BDML/BD5	BDMLのスキーマと仕様、BD5の仕様について	https://ssbd.qbic.riken.jp/BDML4DViewer/index.html	2013年9月2日、 2020年7月23日	継続・発展	ツール等	対象外	対象外	対象外	https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu767 https://doi.org/10.1371/journal.pone.0237468
4	BDML4DViewer		BDML形式で記述された時空間定量データをImageJ上で可視化するためのプラグイン	https://ssbd.qbic.riken.jp/BDML4DViewer/index.html	2014年5月30日	継続・発展	ツール等	対象外	対象外	対象外	https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu767
5	BD5		BD5形式の時空間定量データの入出力および簡単な解析を行うサンプルコード	https://github.com/openssbd/BD5_samples	2020年7月23日	継続・発展	ツール等	対象外	対象外	対象外	https://doi.org/10.1371/journal.pone.0237468
6	phenochar		BDML形式で記述された時空間定量データから表現型特徴をオフラインで解析するためのツール	https://ssbd.qbic.riken.jp/phenochar/index.html	2015年11月27日	継続・発展	ツール等	対象外	対象外	対象外	https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu767
7	BDML2BD5		BDMLからBD5に変換するコンバーター	https://github.com/openssbd/BDML2BD5	2020年7月23日	継続・発展	ツール等	対象外	対象外	対象外	https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu767 https://doi.org/10.1371/journal.pone.0237468
8	BD5LINT		BD5形式で記述されたデータファイルの検証を行うツール	https://github.com/openssbd/BDML2BD5	2020年7月23日	継続・発展	ツール等	対象外	対象外	対象外	https://doi.org/10.1371/journal.pone.0237468
9	SSBD OME-NGFF Samples		SSBDデータベースで共有している一部データに対するome-zarrファイルセットを公開している	https://ssbd.riken.jp/ssbd-ome-ngff-samples/	2023年3月23日	新規	データベース等	対象外	対象外	対象外	https://doi.org/10.1007/s00418-023-02209-1
10	BD-Zarr		BD-Zarrの仕様およびI/Oおよび可視化のサンプルコード	https://github.com/openssbd/bdz	2022年4月8日	新規	ツール等	対象外	対象外	対象外	
11	QTBD5Viewer		BD5ファイルを可視化するQtをベースとしたデスクトップアプリケーション	https://github.com/openssbd/bdz	2022年10月18日	新規	ツール等	対象外	対象外	対象外	