

ライフサイエンス委員会231120 (ライフサイエンスの展望 ＋分野横断的な若手研究者の声)

岩崎 渉

東京大学 大学院新領域創成科学研究科 教授

日本学術会議 若手アカデミー 代表 (2020-2023)

(1) ライフサイエンスの展望

2021 AlphaFold

Article

Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold


<https://doi.org/10.1038/s41586-021-03819-2>

Received: 11 May 2021

Accepted: 12 July 2021

Published online: 15 July 2021

Open access

 Check for updates

John Jumper^{1,4,✉}, Richard Evans^{1,4}, Alexander Pritzel^{1,4}, Tim Green^{1,4}, Michael Figurnov^{1,4}, Olaf Ronneberger^{1,4}, Kathryn Tunyasuvunakool^{1,4}, Russ Bates^{1,4}, Augustin Židek^{1,4}, Anna Potapenko^{1,4}, Alex Bridgland^{1,4}, Clemens Meyer^{1,4}, Simon A. A. Kohl^{1,4}, Andrew J. Ballard^{1,4}, Andrew Cowie^{1,4}, Bernardino Romera-Paredes^{1,4}, Stanislav Nikolov^{1,4}, Rishub Jain^{1,4}, Jonas Adler¹, Trevor Back¹, Stig Petersen¹, David Reiman¹, Ellen Clancy¹, Michal Zielinski¹, Martin Steinegger^{2,3}, Michalina Pacholska¹, Tamas Berghammer¹, Sebastian Bodenstein¹, David Silver¹, Oriol Vinyals¹, Andrew W. Senior¹, Koray Kavukcuoglu¹, Pushmeet Kohli¹ & Demis Hassabis^{1,4,✉}

Proteins are essential to life, and understanding their structure can facilitate a mechanistic understanding of their function. Through an enormous experimental effort^{1–4}, the structures of around 100,000 unique proteins have been determined⁵, but this represents a small fraction of the billions of known protein sequences^{6,7}. Structural coverage is bottlenecked by the months to years of painstaking effort required to determine a single protein structure. Accurate computational approaches are needed to address this gap and to enable large-scale structural bioinformatics. Predicting the three-dimensional structure that a protein will adopt based solely on its amino acid sequence—the structure prediction component of the ‘protein folding problem’⁸—has been an important open research problem for more than 50 years⁹. Despite recent progress^{10–14}, existing methods fall far short of atomic accuracy, especially when no homologous structure is available. Here we provide the first computational method that can regularly predict protein structures with atomic accuracy even in cases in which no similar structure is known. We validated an entirely redesigned version of our neural network-based model, AlphaFold, in the challenging 14th Critical Assessment of protein Structure Prediction (CASP14)¹⁵, demonstrating accuracy competitive with experimental structures in a majority of cases and greatly outperforming other methods. Underpinning the latest version of AlphaFold is a novel machine learning approach that incorporates physical and biological knowledge about protein structure, leveraging multi-sequence alignments, into the design of the deep learning algorithm.

The development of computational methods to predict three-dimensional (3D) protein structures from the protein sequence has proceeded along two complementary paths that focus on either the physical interactions or the evolutionary history. The physical interaction programme heavily integrates our understanding of molecular driving forces into either thermodynamic or kinetic simulation of protein physics¹⁶ or statistical approximations thereof¹⁷. Although theoretically very appealing, this approach has proved highly challenging for even moderate-sized proteins due to the computational intractability of molecular simulation, the context dependence of protein stability and the difficulty of producing sufficiently accurate models of protein physics. The evolutionary programme has provided an alternative in recent years, in which the constraints on protein structure are derived from bioinformatics analysis of the evolutionary history of proteins, homology to solved structures^{18,19} and pairwise evolutionary correlations^{20–24}. This bioinformatics approach has benefited greatly from

the steady growth of experimental protein structures deposited in the Protein Data Bank (PDB)⁵, the explosion of genomic sequencing and the rapid development of deep learning techniques to interpret these correlations. Despite these advances, contemporary physical and evolutionary-history-based approaches produce predictions that are far short of experimental accuracy in the majority of cases in which a close homologue has not been solved experimentally and this has limited their utility for many biological applications.

In this study, we develop the first, to our knowledge, computational approach capable of predicting protein structures to near experimental accuracy in a majority of cases. The neural network AlphaFold that we developed was entered into the CASP14 assessment (May–July 2020; entered under the team name ‘AlphaFold2’ and a completely different model from our CASP13 AlphaFold system¹⁰). The CASP assessment is carried out biennially using recently solved structures that have not been deposited in the PDB or publicly disclosed so that it is a blind test

¹DeepMind, London, UK. ²School of Biological Sciences, Seoul National University, Seoul, South Korea. ³Artificial Intelligence Institute, Seoul National University, Seoul, South Korea. ⁴These authors contributed equally: John Jumper, Richard Evans, Alexander Pritzel, Tim Green, Michael Figurnov, Olaf Ronneberger, Kathryn Tunyasuvunakool, Russ Bates, Augustin Židek, Anna Potapenko, Alex Bridgland, Clemens Meyer, Simon A. A. Kohl, Andrew J. Ballard, Andrew Cowie, Bernardino Romera-Paredes, Stanislav Nikolov, Rishub Jain, Demis Hassabis.

[✉]e-mail: jumper@deepmind.com; dhcontact@deepmind.com

RESEARCH

RESEARCH ARTICLE

MACHINE LEARNING

Accurate proteome-wide missense variant effect prediction with AlphaMissense

Jun Cheng^{1*}, Guido Novati, Joshua Pan¹, Clare Bycroft¹, Akvilė Žemgulytė¹, Taylor Applebaum¹, Alexander Pritzel, Lai Hong Wong, Michal Zielinski, Tobias Sargeant, Rosalia G. Schneider, Andrew W. Senior, John Jumper, Demis Hassabis, Pushmeet Kohli^{1*}, Žiga Avsec²

The vast majority of missense variants observed in the human genome are of unknown clinical significance. We present AlphaMissense, an adaptation of AlphaFold fine-tuned on human and primate variant population frequency databases to predict missense variant pathogenicity. By combining structural context and evolutionary conservation, our model achieves state-of-the-art results across a wide range of genetic and experimental benchmarks, all without explicitly training on such data. The average pathogenicity score of genes is also predictive for their cell essentiality, capable of identifying short essential genes that existing statistical approaches are underpowered to detect. As a resource to the community, we provide a database of predictions for all possible human single amino acid substitutions and classify 89% of missense variants as either likely benign or likely pathogenic.

Genome sequencing has revealed extensive genetic variation in human populations (1–3). Missense variants are genetic variants that alter the amino acid sequence of proteins. Pathogenic missense variants severely disrupt protein function and reduce organismal fitness, whereas benign missense variants have limited effects. Of the more than 4 million observed missense variants, only an estimated 2% have been clinically classified as pathogenic or benign. Classifying the remaining variants of unknown significance is an important ongoing challenge in human genetics (3). Lack of accurate missense variant functional predictions limits the diagnostic rate of rare diseases, as well as the development or application of clinical treatments that target the underlying genetic cause. Although multiplexed assays of variant effect (MAVEs) systematically measure protein variant effects (4) and can accurately predict the clinical outcomes of variants (5), a proteome-wide survey of variant pathogenicity remains incomplete because of the cost and labor required for MAVE experiments (6).

Machine learning approaches could close this variant interpretation gap by exploiting patterns in biological data to predict the pathogenicity of unannotated variants. Machine learning methods follow four broad strategies. The first class of methods train directly on human-curated variant databases (7–10), thereby leveraging prior knowledge to inform the status of unannotated variants. Such strategies will inherit biases from the human curators and previous *in silico* predictors, and they are

prone to leaking data between training and test splits (11).

To overcome such circularity, the second class of methods train with weak labels that do not depend on human classification (12, 13). In the training data, ‘benign’ variants are defined as variants frequently observed in human or other primate species. The ‘pathogenic’ class is approximated with hypothetical variants unobserved in the human population. Such an approach represents a promising direction to mitigate potential human curation biases. However, because the training data contain many false labels, such models require evaluation on more-reliable labels to assess their true performance.

A third class of methods avoid training on variant annotations directly and instead use unsupervised approaches to model the distribution of amino acids at a given sequence position conditioned on an amino acid sequence context (14–16). Recently, deep learning models that learn high-order dependencies between amino acids from protein sequences, such as autoencoders or language models, have achieved strong performance (17–19). In such models, pathogenicity is interpreted as the difference in predicted log-likelihood between reference and alternate sequences. Although such models effectively capture the distribution of naturally evolved sequences, they lack the state-of-the-art understanding of protein structure achieved by AlphaFold (AF) (20, 21).

A fourth strategy is to exploit protein structure to reason about pathogenicity, as the structural context of an altered amino acid provides crucial information to interpret its effects on the protein. Initial explorations with predicted protein structures showed promise (22, 23), and estimates of genetic evolutionary

constraint have been aided by predicted protein structures (24). Although this strategy has improved genetic constraint quantification, using this approach for pathogenicity prediction directly has shown only moderate performance on ClinVar variants (24), likely because of low genetic diversity observed in current human sequence databases.

AF has recently shown that highly accurate protein structures can be predicted at scale using protein sequences as input (21, 25). Such protein structure models may act as foundations for understanding other aspects of protein biology, such as variant pathogenicity. Although AF is largely insensitive to input sequence variation and cannot accurately predict structural changes upon point mutation (26), we hypothesized that AF’s intrinsic understanding of multiple sequence alignments (MSAs) and protein structure provides a valuable starting point for models directly predicting the pathogenicity of missense variants.

Here, we present AlphaMissense, which combines the following elements of existing strategies: (i) training on weak labels from population frequency data, avoiding circularity by not using human annotations; (ii) incorporating an unsupervised protein language modeling task to learn amino acid distributions conditioned on sequence context; and (iii) incorporating structural context by using an AF-derived system. We achieve state-of-the-art predictions in clinical annotation, *de novo* disease variants, and experimental MAVE benchmarks, without explicitly training our model on such data. We predict and characterize the pathogenicity of all single amino acid substitutions in the human proteome and make these predictions available to the community.

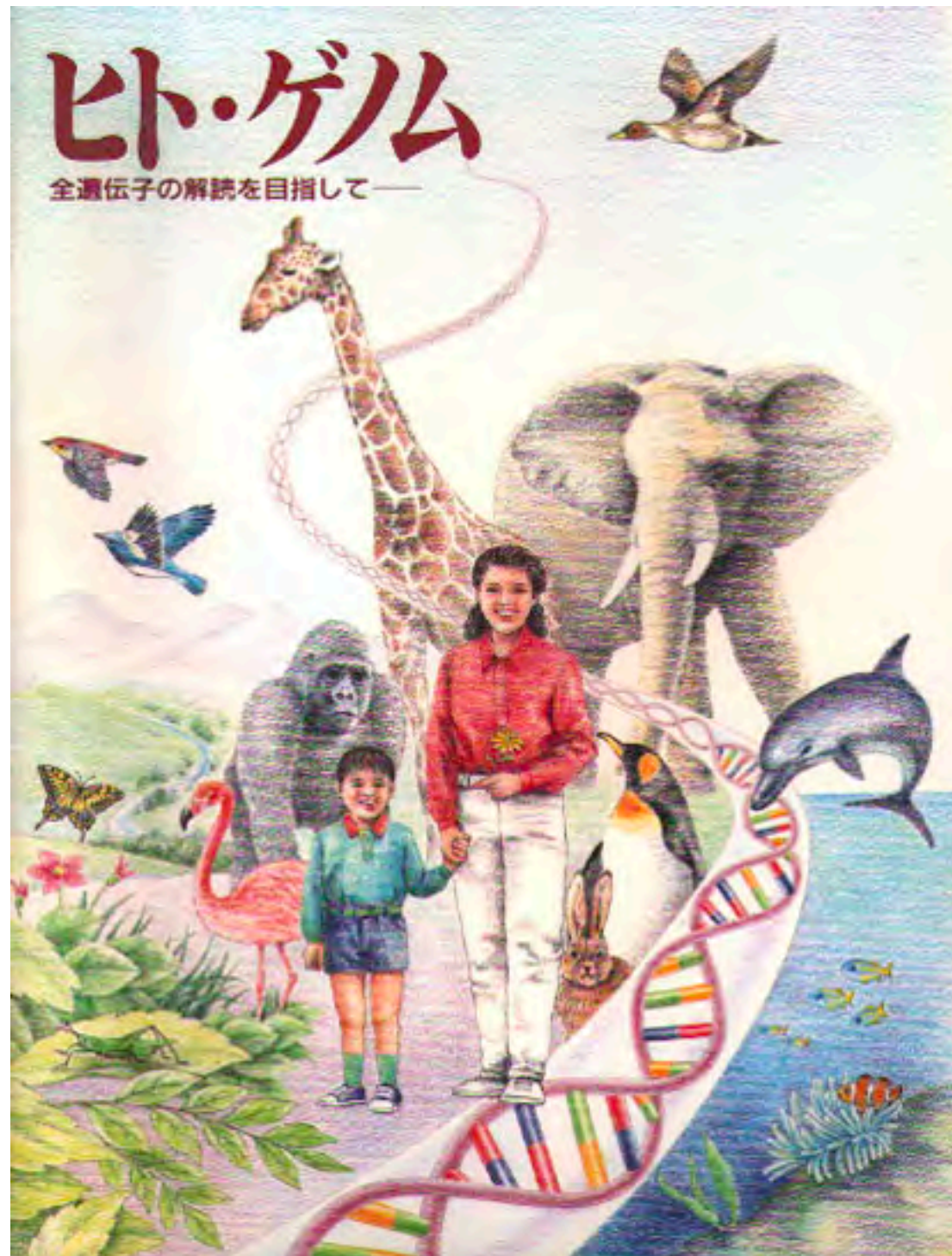
AlphaMissense: Fine-tuning AlphaFold for variant effect prediction

AlphaMissense takes as input an amino acid sequence and predicts the pathogenicity of all possible single amino acid changes at a given position in the sequence. AlphaMissense leverages two key capabilities of AF: its highly accurate model of protein structure and its capacity to learn evolutionary constraints from related sequences (21). Accordingly, the implementation of AlphaMissense closely follows that of AF, with minor architectural differences (Fig. 1 and Fig. S1; and see methods in the supplementary materials). Notably, AlphaMissense does not predict the structural changes of the mutated amino acid sequences but instead predicts pathogenicity as scalar values.

AlphaMissense is trained in two stages. In the first stage, the network is trained like AF to perform single-chain structure prediction (AF pretraining) along with protein language modeling by predicting the identity of the amino acids masked at random positions in

Downloaded from <https://www.nature.com> on November 17, 2023

ゲノムは設計図というフレーズの“再生”



- ヒトゲノム計画からポストゲノムを経て「ゲノムは設計図」の意味がある種、再生したのではないか
- エピゲノムから疾患解析まで
AIの有効性は本質的に見える
- 流行技術と思わず生物学の本質的な変化として取り組む必要

A I 生物学が持つ意味 (大きな枠組)

理論物理学

実験物理学

理論化学

実験化学

理論生物学

実験生物学

A I 生物学が持つ意味 (大きな枠組)

理論物理学

実験物理学

理論化学

実験化学

A I 生物学

実験生物学

A I 生物学が持つ意味（生物学の枠組で）

- 具体例：

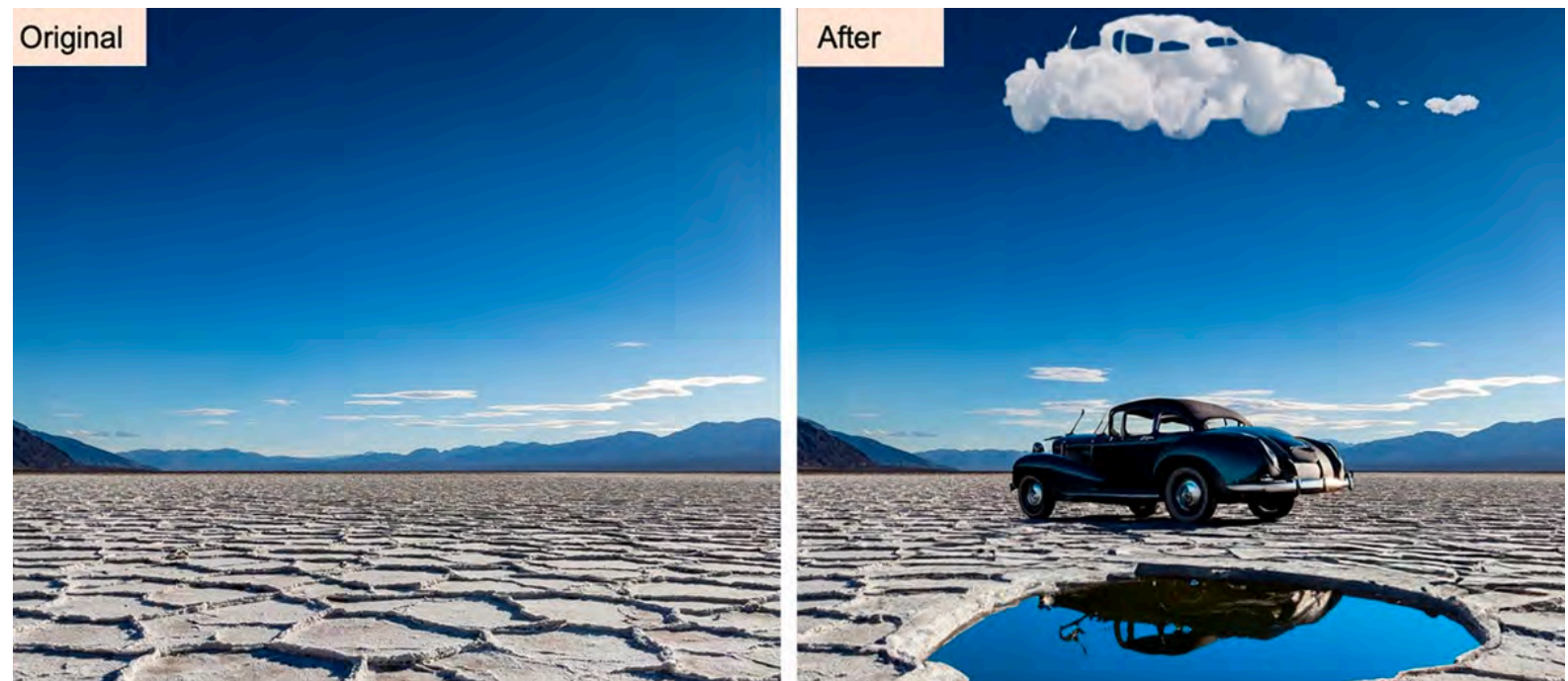
- 膨大な機能未知遺伝子の機能の解明・活用
（国家として戦略的に特許取得することが急務）
- 未知のゲノムからどんな生物かを理解、
有用生物のゲノムを設計・改変
- 疾患ゲノム「コンテキスト」から治療法を選択

AIには何ができて何ができないのか？が重要

A I には何ができて何ができないのか？

- それが高度かどうか、人間から見て「知的」かどうか、ではない
- よりシンプルに、データがどれだけあるかどうか
 - 余談：英語論文執筆

Adobe blogより



A I 生物学の進め方

1. 何をA Iに解かせたいかを検討する



2. データ取得戦略を策定する



3. 大規模なデータを取得する



4. A Iを学習・チューニングする



5. 予測結果を実験的に検証する



A | 生物学の進め方

<<



CHUGAI DIGITAL
| 中外製薬

CHUGAI DIGITALの公式アカウントです。中外製薬のデジタル技術への取り組みや、患者さんに革新的な医薬品を届けるための想いを発信します。

+フォロー



デジタルを活用し実験自動化 新薬創出プロセスを革新する、中外製薬のラボオートメーション

♡ 94



CHUGAI DIGITAL | 中外製薬
2023年5月31日 10:00



A I 生物学に必要な人材

- アカデミアの機能は、革新的な基礎研究を行うことと、人材を社会に供給すること
- データ取得戦略作成や A I の学習・チューニングをできる
A I 生物学人材の育成が（相対的に）もっと必要
- A I は一過性のブームではない
 - 生物学にも本質的な変化
 - 社会の要請でコンピュータ・A I が進歩（生物学はコンピュータや A I の駆動力ではない、暴力的な力）

(1) ライフサイエンスの展望

- AIによる生物学の本質的な変化
- 「ゲノムは設計図」のフレーズの意味のルネッサンス
- 理学・工学・農学・薬学・医学への実質的な影響
- AIの性能を決めるのはデータ、産業界の動向も注視
- AI生物学人材を育成していくことが必要

(2) 分野横断的な若手研究者の声

安全ではありません — scj.go.jp

 **日本学術会議**
SCIENCE COUNCIL OF JAPAN

検索

[お問い合わせ・ご意見](#) [アクセス](#) [サイトマップ](#) [English](#) [Twitter](#) [内閣府](#)

[HOME](#) [日本学術会議とは](#) [提言・報告等](#) [一般公開イベント](#) [委員会の活動](#) [地区会議の活動](#) [国際活動](#) [会員・連携会員等](#) [協力学術研究団体](#)

日本学術会議 [トップページ](#) > 若手アカデミー

若手アカデミー

若手アカデミーについて

代表からのメッセージ

20年後の科学・学術と社会を見据えたりモデリング戦略を考える

日本学術会議若手アカデミー（Young Academy of Japan）は、人文・社会科学と自然科学にまたがる多様な分野において、最先端の研究に取り組む45歳未満の研究者をメンバーとしています。確固たる専門性と多様な背景を特徴とするユニークな組織として、未来の科学・学術を担う若手研究者の立場から、幅広い活動を行っています。その大きなミッションは、研究者コミュニティのみならず政府・産業界・メディア・国民や諸外国の若手アカデミーとも対話・連携することで、世界や日本が直面する諸問題、また、若手研究者をとりまく諸問題に関する解決策を提示し、実行していくことです。



代表 岩崎 渉
東京大学大学院
新領域創成科学研究科教授



副代表 安田 仁奈
宮崎大学農学部
准教授



幹事 小野 悠
豊橋技術科学大学
大学院工学研究科講師



幹事 松中 学
名古屋大学大学院
法学研究科教授

若手アカデミーの最近の動き

- 公開ワークショップ「若手科学者が拓く地域と科学の関係」を開催しました。（令和3年3月1日）（PDF形式：406KB） 

若手アカデミー

- [若手アカデミーについて](#)
- [若手アカデミーの最近の動き](#)
- [若手アカデミーからの発信](#)
 - [「学術の動向」](#)
 - [「若手アカデミーの推薦図書」](#)
- [過去の主要な活動等](#)
- [規則](#)
- [組織](#)
- [構成員](#)
- [若手アカデミー会議 開催状況](#)

ページTOPへ

リンク1: researchmap リンク2: 外部リンク

							
石川 麻乃	今田 晋亮	入江 直樹	岩崎 渉	岩永 理恵	岩村 誠	上村 想太郎	遠藤 求
東京大学・准教授	東京大学・教授	統合進化科学研究センター・教授	東京大学・教授	日本女子大学社会福祉学科・教授	NTTセキュリティ・ジャパン株式会社・特別研究員	東京大学・教授	奈良先端科学技術大学・教授
リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →
							
遠藤 良輔	小野 悠	笠井 久会	加藤 千尋	川口 慎介	岸村 顕広	木村 草太	小森 大輔
大阪府立大学・講師	豊橋技術科学大学・准教授	北海道大学・准教授	弘前大学・准教授	海洋研究開発機構・主任研究員	九州大学・准教授	東京都立大学・教授	東北大学グリーン未来創造機構・特任教授
リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →
							
近藤 康久	坂井 南美	笹倉 香奈	實藤 和佳子	新宅 博文	新福 洋子	相馬 雅代	田井 明
総合地球環境学研究所・准教授	理化学研究所・主任研究員	甲南大学・教授	九州大学・准教授	京都大学医生物学研究所・教授	広島大学・教授	北海道大学・准教授	福岡工業大学社会環境学部・准教授
リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →

							
高瀬 堅吉	高田 知実	高槻 泰郎	武田 宙也	竹村 仁美	田中 和哉	土屋 太祐	寺田 佐恵子
中央大学・教授	神戸大学・教授	神戸大学・准教授	京都大学・准教授	一橋大学・教授	政策研究大学・リサーチ・フェロー	新潟大学・准教授	玉川大学・講師
リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →
							
遠野 雅徳	富永 依里子	中島 裕美子	中西 和嘉	西嶋 一欽	埴淵 知哉	平田 佐智子	藤岡 沙都子
農業・食品産業技術総合研究機構・主任研究員	広島大学・准教授	東京工業大学物質理工学院応用化学系・教授	物質・材料研究機構・主幹研究員	京都大学防災研究所准教授	京都大学大学院文学研究科・准教授		慶應義塾大学・准教授
リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →
							
前川 知樹	松中 学	南澤 孝太	森 章	安田 仁奈	谷内江 望	山川 みやえ	山田 あすか
新潟大学・准教授	名古屋大学・教授	慶應義塾大学・教授	東京大学・教授	東京大学・教授	東京大学・准教授	大阪大学・准教授	東京電機大学・教授
リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →
							
吉永 直子	標葉 隆馬	江端 新吾					
京都大学・助教	大阪大学・准教授	東京工業大学教授					
リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →	リンク1 → リンク2 →					

45歳以下の若手研究者
多様な分野・地域・属性の51名



若手アカデミー設立の背景（１）

分野横断的な若手研究者の声の重要性：欧州での認識

- 1994年 欧州アカデミー協会（ALLEA）設立、
European Young Academyの立ち上げを目指す
→2012年設立
- 2000年 ドイツ若手アカデミー設立
- 2005年 オランダ若手アカデミー設立



若手アカデミー設立の背景（2）

若手研究者の声の重要性：セクターや国を越えた認識

- 世界経済フォーラム
 - 2008年、2009年サマードボス会議における、社会および科学における若手科学者の役割の議論
- インターアカデミーパートナーシップ（IAP）
 - 2009年、欧州各国の若手アカデミーの活動の紹介

(1) 若手アカデミー内での議論

分科会名	活動目的・内容	状況
地域活性化に向けた社会連携分科会	現在国内外の社会経済状況が大きく変化する中、科学と地域社会との関係性が問い直されている。社会課題の解決に科学の知識や手法が有効であるだけでなく、科学する場としての地域社会、科学への市民の参加が見直されている。地域社会における科学者の役割を幅広く検討し、多様な主体との対話を重ねることで、科学と地域社会の持続的な関係性を再定義し、実現方策を検討する。	第1回 R3 1月19日 R3 3月1日公開ワークショップ「若手科学者が拓く地域と科学の関係」 第2回 R3 6月2日 第3回 R3 12月10日 第4回 R4 3月25日 第5回 R4 8月23日
学術界の業界体質改善分科会	研究従事時間の減少とそれ以外の業務の増加が指摘されるなか、研究に集中できる環境整備と健全なライフ・ワーク・バランスの確立は、重要な課題である。学会活動にかかる時間的負担やその他の慣例的な業務負担など、学術界の様々な「業界体質」を可視化し、その改善に向けた調査・議論を進める。	第1回 R3 2月12日 第2回 R3 11月22日 第3回 R4 9月20日 第4回 R5 (1月予定)
イノベーションに向けた社会連携分科会	第25期若手アカデミービジョン・ミッションを共有し、「イノベーション」の概念整理に着手している。現時点で優先すべきイノベーション、イノベーションを起こすために必要なもの、イノベーションを阻むものについて議論する。今後、シンポジウムをし、広く市民との意見交換の場を持つとともに、関係団体と意見交換を行い、議論の内容を意思の表出へとつなげる。	第1回 R3 2月22日 第2回 R3 4月16日 第3回 R3 11月16日 第4回 R3 12月10日 第5回 R4 1月18日 第6回 R4 3月23日 第7回 R4 5月30日
情報発信分科会	若手アカデミーの活動を促進し、その有効性を高めるために、情報発信の媒体や方法を議論し、実践する。国内のアカデミアとその周辺に限定せず幅広い利害関係者をステークホルダーと捉え、若手アカデミーに関する理解や認識を得ながら対話し、双方向的なコミュニケーション活動を目指す。	第1回 R3 4月15日 第2回 R3 7月12日 第3回 R3 12月10日

(1) 若手アカデミー内での議論

分科会名	活動目的・内容	状況
学術の未来を担う人材育成分科会	大学院において専門教育を受けた多様な人材を活かすべく、高等教育が担う教養教育・専門教育の社会的価値を多角的に評価するための調査・議論を進める。また、大学院生が効果的な教育を受け研究に専心できる環境を構築するための調査・議論や精神的・経済的な環境に対して支援する枠組みのあり方について検討をおこなう。	第1回 R3 2月17日 第2回 R3 11月22日 第3回 R3 12月10日 第3回 R4 11月22日
越境する若手科学者分科会	幅広い専門分野を持つ若手科学者間の研究交流を図り、既存の発想にとられない科学分野間の融合によって革新的な研究展開が生じうる新規領域やそれらが生む未来社会のビジョンの提案、新しいテクノロジー等を用いた市民との交流の実践を行う。	第1回 R3 2月26日 研究交流会5回 第2回 R3 5月18日 第3回 R3 12月10日 第4回 R4 10月26日
GYA 総会国内組織分科会	国際的若手学術組織であるグローバルヤングアカデミー(GYA)と共に、科学技術の未来や世界規模の社会課題の解決を考えるGYA総会兼学会を日本でする。GYA共同代表、執行役員およびメンバーで構成される企画組織委員会と連携し、企画内容および登壇者の提案や国内的な準備を行い、かつ若手アカデミー以外の若手研究者や若手以外の研究者、行政官、産業界、一般市民も参加できる議論の場を設定できるよう連絡調整を行う。	第1回 R3 1月21日 第2回 R3 3月12日 第3回 R3 6月17日 第4回 R3 10月8日 第5回 R4 1月5日 第6回 R4 6月1日 第7回 R4 8月25日
国際分科会	世界における日本の学術の役割や、世界におけるわが国の学術をどのように進めていくべきかについて、若手科学者の立場から考える。既に関係の深い国際的若手学術組織であるGYAへの参画を通じ、他国の若手アカデミーとの交流を深め、また我が国との交流連携を深めるとともに、他国のアカデミーと共同して国際的発信を行う。	第1回 R3 2月15日 第2回 R3 3月24日 第3回 R3 12月10日 第4回 R4 12月28日予定

日本学術会議 公開シンポジウム

若手研究者をとりまく評価

調査結果報告と論点整理

世界的な競争、評価をめぐる問題、キャリアパスに関する課題など、若手研究者をめぐる研究・知識生産の環境は多くの課題を抱えています。安定的な活動基盤の獲得のために、時にチャレンジングな研究の回避、あるいは評価指標を過度に気にした活動などの弊害が指摘され、知識生産の可能性を損ねていくことが危惧されています。

日本学術会議若手アカデミーでは、「若手研究者をとりまく評価に関する意識調査」を実施し、全国の多くの若手研究者から回答を得ました。本シンポジウムでは意識調査の結果を報告するとともに、若手研究者をめぐる評価のあり方について幅広い視点から議論し、知識生産をめぐるより良いエコシステムの形成に向けた論点整理を行います。

プログラム

13:00-13:20

開会挨拶 岩崎 渉 東京大学・教授
趣旨説明 小野 悠 豊橋技術科学大学・准教授

13:20-13:50 報告

「若手研究者をとりまく評価に関する意識調査」結果報告
標葉 隆馬 大阪大学・准教授

13:50-15:20 パネルディスカッション

経営学からみる若手研究者評価

服部 泰宏 神戸大学・准教授

研究環境からみる若手研究者評価

江端 新吾 東京工業大学・教授、内閣府・上席科学技術政策フェロー

ライフプラン・キャリアパスからみる若手研究者評価

加藤 千尋 弘前大学・准教授

産官学人材流動からみる若手研究者評価

塚本 直樹 富士フイルム株式会社・技術マネージャー

国際からみる若手研究者評価

新福 洋子 広島大学・教授

コーディネーター：

岸村 顕広 九州大学・准教授

近藤 康久 総合地球環境学研究所・准教授

15:20

閉会挨拶 望月 眞弓 慶應義塾大学・名誉教授

オンライン開催

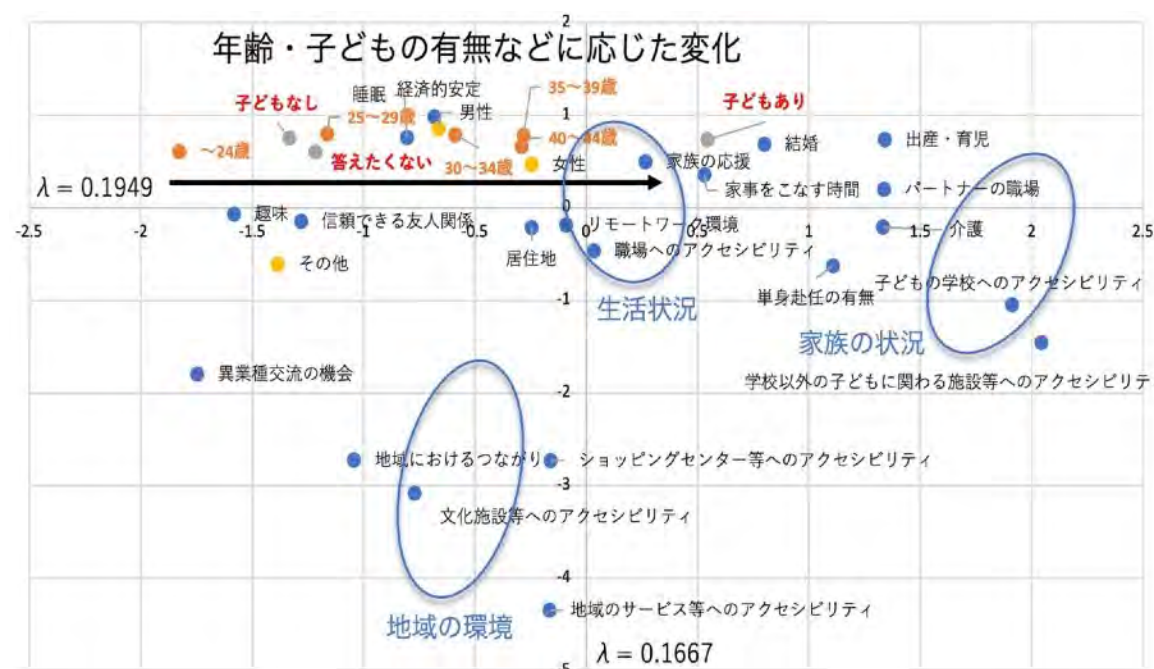
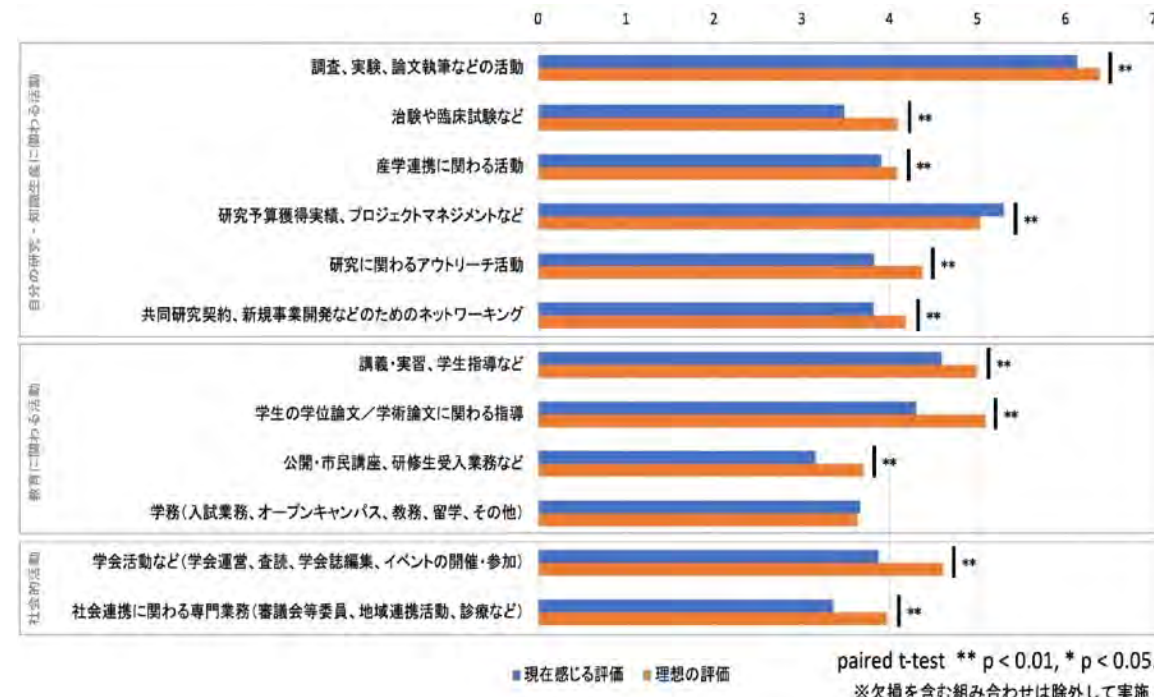
2022年10月6日(木)

13:00 ~ 15:30

こちらからご登録ください▼



主催：日本学術会議若手アカデミー、若手アカデミー地域活性化に向けた社会連携分科会



(2) さらに幅広い若手
研究者の意見の取り込み

那須地域から考える20年後の日本社会 共領域におけるイノベーション創出と地方創生

2022年9月5日(月) 14～17時

那須ハイランドパークイVENT館
(栃木県那須郡那須町高久乙3375)

14:00 開会の挨拶と趣旨説明

加藤 千尋 (日本学術会議若手アカデミー会員・弘前大学准教授)

14:10～15:30 第1部 話題提供

八木澤 玲玖 (株式会社那須旅代表取締役社長)

留目 真伸 (一般社団法人ナスコンバレー協議会理事・SUNDRE株式会社代表取締役)

井上 高志 (一般社団法人ナスコンバレー協議会代表理事・株式会社LIFULL代表取締役社長)

木村 草太 (日本学術会議若手アカデミー会員・東京都立大学教授)

小野 悠 (日本学術会議若手アカデミー幹事・豊橋技術科学大学准教授)

15:50～16:50 第2部 パネルディスカッション

ファシリテーター:

寺田 佐恵子 (日本学術会議若手アカデミー会員・玉川大学講師)

パネリスト:

第1部話題提供者

柿沼 緑 (日本放送協会) ほか

16:50 閉会の挨拶

岩崎 渉 (日本学術会議若手アカデミー代表・東京大学教授)

本シンポジウムでは、那須地域が抱える社会課題の解決のために展開されている「ナスコンバレー」の取組を紹介し、地方創生について専門家を招いて議論します。ぜひご参加ください。

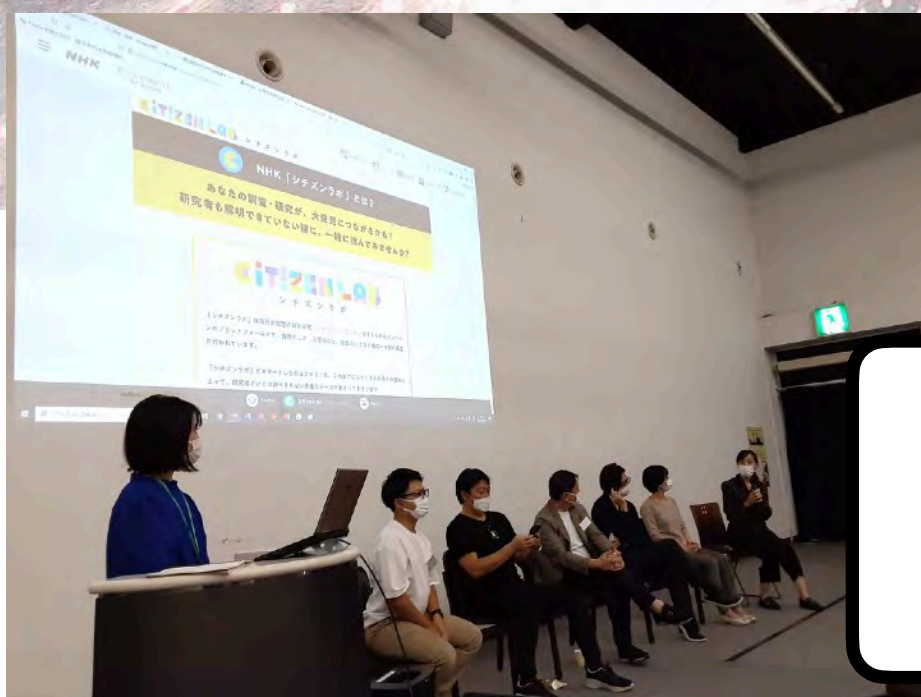
参加費無料・予約不要

主催：日本学術会議若手アカデミー

共催：ナスコンバレー協議会

問い合わせ：公開シンポジウム事務局

tskknkch@yahoo.co.jp



(3) 地域の当事者とイノベーション アクセラレーターの意見の取り込み

小正 瑞季 (一社) SPACE FOODSPHERE、リアルテックホールディングス (株)
地球と宇宙の食の課題解決を目指す共創プログラム

東樹 宏和 京都大学、サンリット・シードリングス (株)
宇宙船地球号と持続可能な生態系

内井 喜美子 大阪大谷大学
環境DNAによる生物多様性観測と自然共生社会実現への道

朝田 将 国土交通省水管理・国土保全局
水と緑、人とまちの、つながりの再構築に向けて

三牧 浩也 柏の葉アーバンデザインセンター
機能や主体が混ざり合うより自由な都市へ

小野 悠 豊橋技術科学大学
つくられる都市からつくる都市へ

岡 祐輔 糸島市企画部経営戦略課
地域の寛容性が未来をつくる

縮退時代において、 20年後のまち・社会を考える

日本学術会議 公開シンポジウム

2022年3月1日 (火) 13:00 ~ 17:00

オンライン開催 事前にこちらからご登録ください ▶



主催 | 日本学術会議 若手アカデミー 越境する若手科学者分科会、土木工学・建築学委員会 感染症拡大に学ぶ建築・地域・都市のあり方分科会、気候変動と国土分科会、都市・地域デザインの多様なアプローチ分科会、環境学委員会・統合生物学委員会合同 自然環境分科会、統合生物学委員会・基礎生物学委員会合同 生態科学分科会、農学委員会 農業生産環境工学分科会



(4) 課題解決のための 越境研究の実践

第12回 グローバルヤングアカデミー総会・学会

HOME 開催概要 ご挨拶 Program Registration 参加者へのご案内 市民公開講座 アート作品 協賛・後援・広告・
寄付金情報 リンク



(5) 世界の若手
研究者との議論

感性と理性のリバランス：
包括性と持続性に向けた科学の再生

2040年の科学・学術と社会を 見据えていま取り組むべき10の課題

見解

2040年の科学・学術と社会を見据えて
いま取り組むべき10の課題



令和5年（2023年）9月28日

日本学術会議

若手アカデミー

5つのポイント：

1. 現場の若手研究者のニーズ
2. 分野横断的かつ多角的な議論
3. 網羅的かつ10点に絞る
4. 公式文書として決定版
5. 引用文献やデータも充実

<https://www.scj.go.jp/ja/info/kohyo/pdf/kohyo-25-k230926-4.pdf>

2040年の科学・学術と社会を見据えていま取り組むべき10の課題

英語版抄録

8/3毎日新聞

10/6日刊工業新聞

Advisory Opinion

Remodeling science and society for the next 20 years:

Ten recommendations from Young Academy of Japan



Young Academy of Japan, Science Council of Japan


Sep 28th 2023

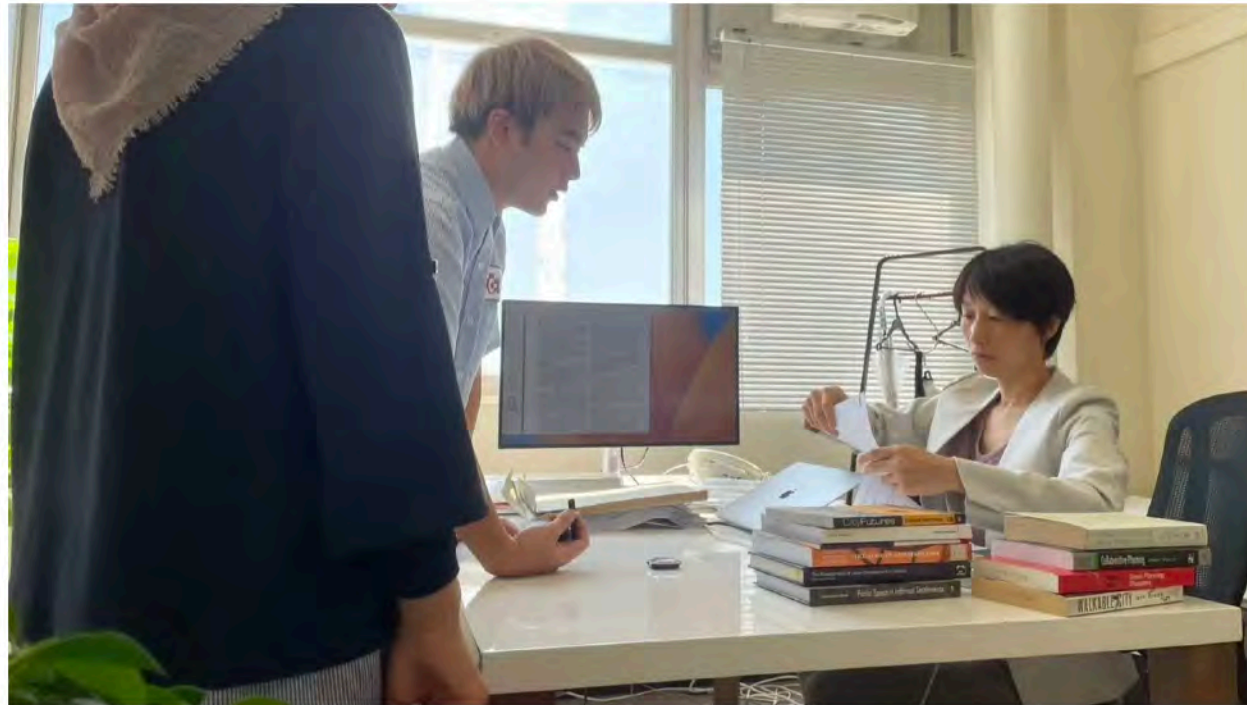


2040年の科学・学術と社会を 見据えていま取り組むべき10の課題

10/7 Yahooニュース

「研究時間は全体の1割」日本の若手研究者が直面する、厳しすぎる現状

市川衛  エキスパート | 医療の「翻訳家」
10/7(土) 9:01



日本の若手研究者は書類作業、社会サービスなどに忙殺されている 写真：小野悠さん

10/25 Nature

nature

[Explore content](#) [About the journal](#) [Publish with us](#) [Subscribe](#)

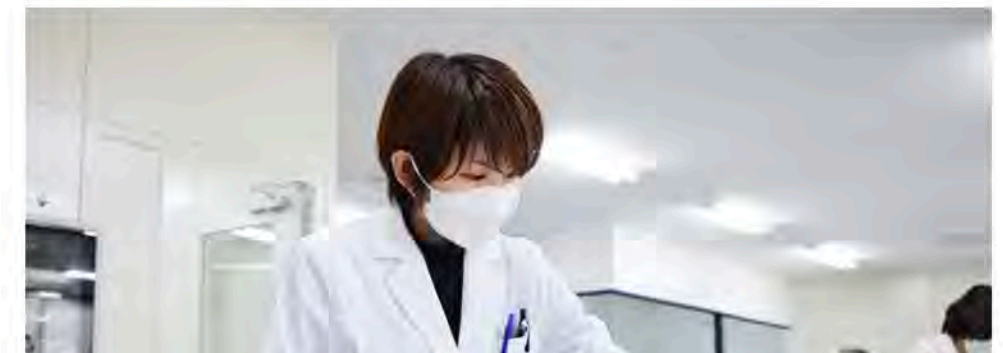
[nature](#) > [news](#) > [article](#)

NEWS | 25 October 2023

Japanese research is no longer world class – here's why

Despite a strong workforce, Japan's research continues to slide down the indicators of quality.

[Anna Ikarashi](#)



2040 年の科学・学術と社会を見据えて

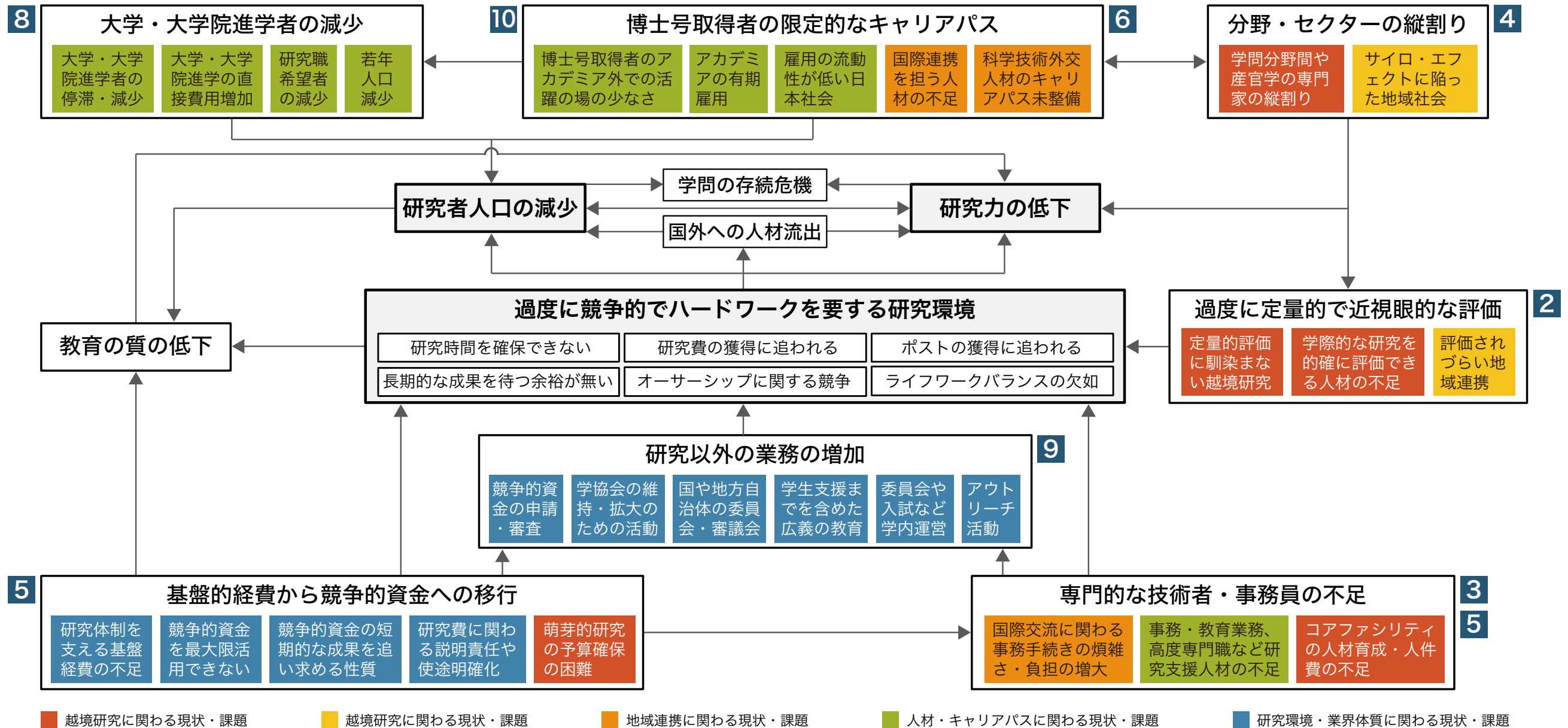
- 近い未来、65 歳以上の人口が全人口の約 35% に
- 労働力不足や医療・介護需要の増大、地方の過疎化、さらなる国際的な地位の低下なども確実
- 継続的な我が国からのイノベーションの創出が必須
- しかし、我が国にはイノベーション創出を阻む多数の構造的要因あり
- 環境を整えてからイノベーションが起こるには 10 年以上かかる
- 産官学民や分野を越えた取り組みがいますぐ必要な「10 の課題」をまとめた



イノベーション創出のために
取り組みが必要な5つの領域

日本からイノベーションを創出していくために分野や垣根を越えて共に協力していきましょう！

イノベーション創出を阻む構造的問題



(2) 分野横断的な若手研究者の声

イノベーション創出のためにいま取り組むべき10の課題

- | | |
|--|--|
| 1 基盤的・伝統的分野における知識や技術の蓄積 | 基盤的・伝統的分野における知識と技術の蓄積こそが我が国の学術研究の根底をなす豊かな土壌であり、その維持と発展が決定的に重要である。 |
| 2 越境研究や地域連携に対する評価や支援の拡充 | 学際的な越境研究や、地域課題を解決するための学術活動を長期的な時間スケールで的確に評価するシステムの確立や、ポストや予算のさらなる措置が急務である。 |
| 3 博士号取得者を擁するコアファシリティの拡充 | 業務過多の中でも多様な人材が活躍し、重要な研究課題に集中するために、諸外国と同様に高度な技術者を擁するコアファシリティの拡充が急務である。 |
| 4 セクターを越えた共創プラットフォームの整備 | アカデミアが産業界・行政・地域社会と連携し、力を合わせて重要な領域横断的課題を解決するとともに、連携できる人材を育成する共創の場の整備が急務である。 |
| 5 競争的資金を活用するための基盤的経費の拡充と研究支援人材の増強 | 基盤的な経費や人材の不足により競争的資金を十分に活用できていない本末転倒な状況を改善するために、基盤的経費の拡充と研究支援人材の増強が急務である。 |
| 6 科学技術外交に関わるキャリアパスの整備 | 科学・学術分野における我が国の国際連携力を根本から強化する人材として、科学技術外交を担うことが出来る人材の育成とそのキャリアパスの整備が急務である。 |
| 7 過度な経営的視点や失敗を許さない前例踏襲主義からの脱却 | 0から1を創り出すイノベーションを支えるため、経営的な視点に依存しすぎた研究費などのリソース配分を改め、失敗を許容する予算配分や運営を行うことが急務である。 |
| 8 教育費の家計負担の低減 | 大学院生の減少を食い止め、イノベーション人材を供給していくための最も効果的なアプローチとして、教育費の家計負担をさらに減らすことが急務である。 |
| 9 アカデミア自身の“業界体質”の改善 | ハードワークを美德とする業界体質を改善し、活動の本質を明確にした上で、自己目的化した活動をアカデミア自らが改善していくことが急務である。 |
| 10 博士号取得者のセクターを越えた活用とジョブ型雇用の推進 | 多様なセクターでの高度専門人材の活用を推進し、雇用の流動性を高めること、そのためのジョブ型雇用の推進が急務である。 |

ヒアリングの際などに分野横断的な若手の声として活用ください