

2018年度第1回

ヒトゲノム研究倫理を考える会

—クラウド／データ共有における研究倫理について考える—

2018年6月8日（金）15：00～17：00（14：30開場）

大阪大学（吹田キャンパス） 大阪府吹田市山田丘2-2

最先端医療イノベーションセンター1階 マルチメディアホール

開催趣旨

近年、ゲノム研究においても大量のデータを扱う必要があり、クラウドの利用が始まっていることから、今回は「クラウド／データ共有」をテーマにヒトゲノム研究倫理を考える会を開催いたします。

対象

大学・研究機関の倫理審査関係者、研究者等

定員・参加費

50名・無料



プログラム

15：00～15：05 開会の挨拶 加藤和人（大阪大学・教授）

15：05～15：35 クラウドを活用した研究基盤の構築

合田 憲人（国立情報学研究所アーキテクチャ科学研究系 教授／
クラウド基盤研究開発センター センター長）

15：35～16：05 がんゲノム研究におけるクラウドの活用について

白石 友一（国立がん研究センター研究所 細胞情報学分野 ユニット長）

16：05～17：00 質疑応答・総合討論

参加登録

下記のGSユニットウェブサイトから参加登録をお願いします。

<https://www.genomics-society.jp/news/event/post-381.php/>



主催者：文部科学省科学研究費新学術領域「先進ゲノム支援」ゲノム科学と社会ユニット(GSユニット)

お問い合わせ先：大阪大学大学院医学系研究科医の倫理と公共政策学

06-6879-3688 workshop@eth.med.osaka-u.ac.jp



開催レポート

2018年度第1回「ヒトゲノム研究倫理を考える会」

— クラウド/データ共有における研究倫理について考える —

日時：2018年6月8日(金)／会場：大阪大学（吹田キャンパス）

<https://www.genomics-society.jp/news/event/post-381.php/>

「2018年度第1回ヒトゲノム研究倫理を考える会」が大阪大学で開催された。「第3回ヒトゲノム研究倫理を考える会」が京都大学で開催された。近年ゲノム研究においても大量のデータを扱う必要があり、クラウドの利用が始まっていることから、今回は「クラウド/データ共有」をテーマに取り上げ、この問題に取り組んでいる2名の方に登壇いただいた。国立情報学研究所(NII)アーキテクチャ科学研究所の合田憲人教授(クラウド基盤研究開発センター/センター長)と、国立がん研究センター(NCC)研究所細胞情報学分野の白石友一ユニット長が講演を行い、その後、質疑応答・総合討論に移り閉会となった。

合田氏の講演は「クラウドを活用した研究基盤の構築」というタイトルで、どのようにクラウドを活用して研究に必要な基盤となるプラットフォームをつくっていけるのかを紹介するものだった。まず、クラウド利用の4つの利点、「迅速性・柔軟性」、「運用負担の軽減」、「経費負担の削減」、「最新技術への追従」を説明し、最近実施したアンケートから「ITセキュリティの強化」も利点となってきた現状を紹介した。この利点を活かすためには正しく安全なクラウドとネットワークを利用する事が必要であり、また、クラウドサービスと事業者の内容をよく理解したうえで自分の大学の運用ポリシーに合致した適切なクラウドサービスを選ぶ必要がある。それを支援するためにNIIが始めた「学認クラウド導入支援サービス」を紹介し、チェックリストの項目と重要なポイント（認証、信頼性、サポート、ネットワーク・通信機能、データセンター、バックアップ、ログ、セキュリティ、契約、責任範囲、第三者認証、入札等）について詳細を説明した。最後に、NIIで実施しているゲノム解析についても紹介した。

白石氏は、「がんゲノム研究におけるクラウドの活用について」と題して、がんゲノム研究で行われるヒトゲノムデータ解析を紹介し、なぜ、どのようにクラウドが必要かつ有用なのか、また現状の課題などを説明した。まず、がんゲノム解析研究の現状、臨床シークエンスによるがんゲノム医療の状況についての紹介した。次に、大規模公共がんゲノムデータの解析の有用性について、免疫チェックポイント遺伝子の新規構造異常の発見の実例を交えて紹介した。更に、がんゲノム研究におけるクラウド利用の必要・有用性について、公共データベースのゲノムデータの容量、データ解析規模、および、データ・解析ワークフローのシェアリングの観点から説明した。最後に、学術研究におけるクラウド利用の問題点として、外資系のクラウド事業者のサービスを利用することについての議、パブリック・プライベートクラウドの使い分けの課題について紹介した。クラウドを安全に利用していくには、技術

だけではなく倫理や法律、経済など、様々な観点からの議論を続ける必要がある。

これら 2 つの講演の後、東北大学メディカル・メガバンク機構の荻島創一氏にメガバンクの立場から、また、NBDC (National Bioscience Database Center) の川嶋実苗氏にデータベースを運用する立場からそれぞれコメント・質問を頂いた。その後フロアを交えた質疑応答・総合討論となった。そこで挙げられた主な質問は以下の通りである。

- ・データ所有権をどのように安全に担保できるか。
- ・アクセスコントロールをどうやっていくか。
- ・患者からどのように同意を取る必要があるか。
- ・クラウド上のデータを利用した研究のオーサーシップについて。
- ・データ漏洩が発生した場合、責任はクラウド事業者にあるのか。
- ・クラウドを利用する研究計画の倫理申請があった場合、倫理委員会はどこまで審査するのか。審査としてどのクラウド事業者が安全かを選定する必要があるか。
- ・日本国内において患者のゲノムデータをクラウドに載せた例あるか。
- ・国内ガイドライン、GDPR (EU一般データ保護規則) は日本のヒトゲノム研究を促進するか。
- ・将来的に遺伝研・医科研などのパブリッククラウドの運営はどうなるのか。

これらの質問をもとに議論は活発に行われた。

終わりにあたって、本会では重要な課題について現場で考えなければならない点を共有することができたが、今後様々な立場の方の考え方をまとめて法律やガイドラインなどの形で日本全体として動かせれば、という加藤教授の発言があり、閉会となった。

クラウドを活用した研究基盤の構築

国立情報学研究所

アーキテクチャ科学研究系／クラウド基盤研究開発センター

合田 憲人



国立情報学研究所

研究と事業とを車の両輪として、情報学による未来価値を創成します



NIIが提供する学術情報基盤

クラウド活用支援

- ◆ クラウド利活用による研究教育環境の高度化・IT経費効率化
- ◆ 直結クラウドによる利用の促進

コンテンツ流通

- ◆ 学術情報流通とオープンアクセスの推進
- ◆ オープンサイエンスの推進

学術認証

- ◆ 電子証明書による安全な認証の推進
- ◆ 大学間認証連携による各種資源の相互利用の促進

セキュリティ強化

- ◆ 情報セキュリティ体制の基盤構築
- ◆ 高性能VPNによるセキュアな通信環境の提供

学術情報ネットワーク（SINET）

- ◆ 全ての都道府県を超高速の100Gbps回線で網羅
- ◆ 諸外国と高速国際回線（米国は100Gbps）で接続
- ◆ 多様な通信サービスを最新ネットワーク技術で提供



National Institute of Informatics

3

クラウド基盤研究開発センター

クラウド基盤研究開発センターは、我が国にクラウドを活用した高度な研究教育基盤を整備することを目指し、複数のクラウドを連携させて利用することが可能なインタークラウドを始めとした、クラウド基盤技術に関する以下の研究開発を行います。

1. インタークラウドのアーキテクチャ、ミドルウェア等の基盤技術に関する研究開発を行う。
2. インタークラウド実験環境の整備を大学等の研究者と共同で行う。
3. インタークラウドを活用したアプリケーションソフトウェアに関する研究開発を大学等の研究者と共同で行う。



National Institute of Informatics

4

学術基盤推進部 クラウド支援室

大学・研究機関におけるクラウドの導入・利活用を支援



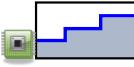
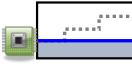
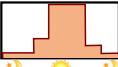
National Institute of Informatics

5

クラウドの導入

National Institute of Informatics

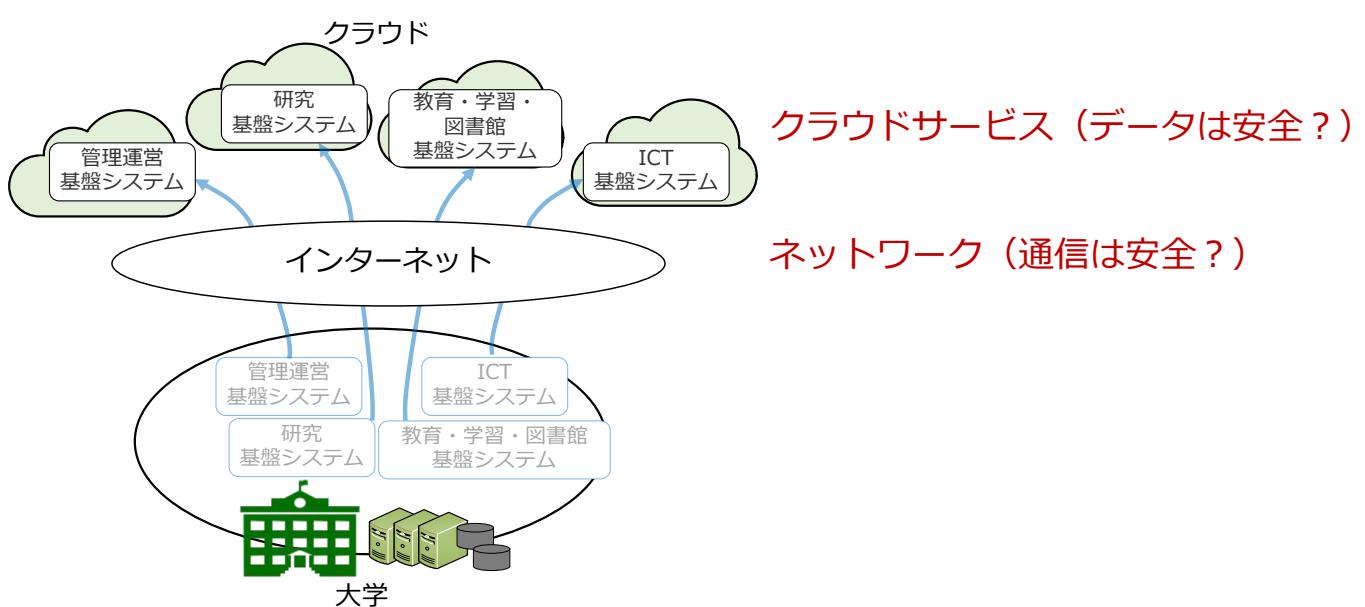
クラウドの利点

	クラウド	オンプレミス（従来）
迅速性・柔軟性の実現	<p>すぐに利用(構成変更も)できる。</p> <ul style="list-style-type: none"> ✓ ハードウェア(やソフトウェア)の購入・設置(設定)が不要。 ✓ 数分でサーバの導入や構成変更が可能。 	<p>サーバ購入・設置に数日～数ヶ月必要。 →利用開始の遅れ 機会損失</p> 
最新技術への追隨	<p>常に最新のサーバを利用できる。</p> <ul style="list-style-type: none"> ✓ 契約期間中でも新型サーバに移行可能。 ✓ 最新機能(例: GPU, SSD)の追加も可能。 	<p>契約期間(耐用年数)は同じサーバを利用。 →技術の陳腐化</p> 
運用負担の軽減	<p>サーバ(ハード)の保守・障害対応不要</p> <ul style="list-style-type: none"> ✓ 障害時はクラウド事業者が(自動的)に復旧。ユーザへの影響最小。 ✓ 電気設備点検の停電対応不要。 ✓ セキュリティ対策負担軽減・徹底 	<p>ハードウェア保守・障害対応のための業務負担大。 →教職員業務圧迫</p> 
経費負担の削減	<p>使った分だけ支払う</p> <ul style="list-style-type: none"> ✓ 従量課金(10分単位～) ✓ 光熱費負担軽減、サーバ室設備整備不要 	<p>繁忙期に合わせたサーバの購入が必要。 →費用増大</p> 

National Institute of Informatics

7

クラウドは安全？



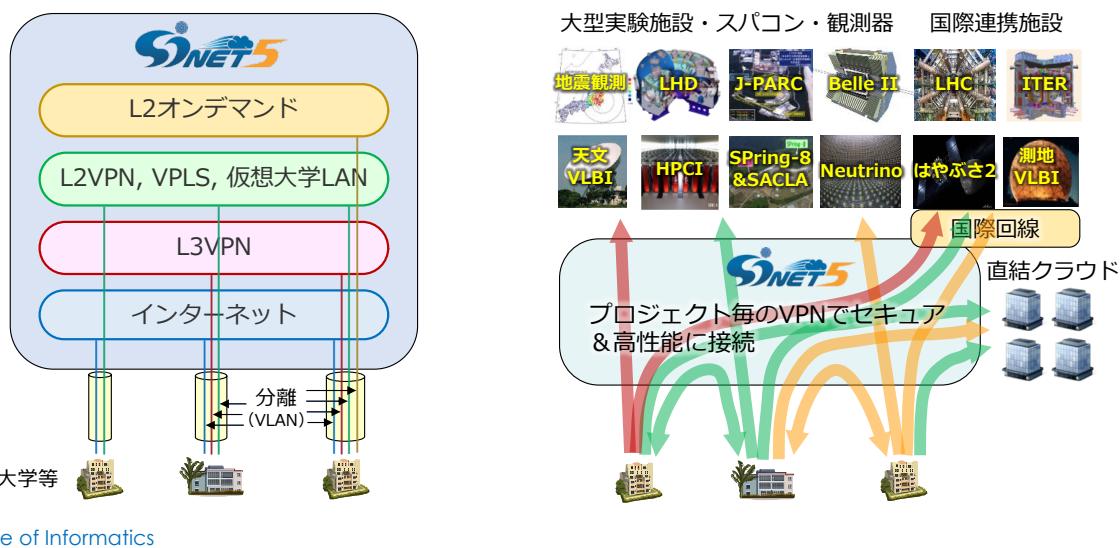
National Institute of Informatics

9

SINET5 VPN

一つの物理ネットワーク上で、インターネットに加え、インターネットと完全に切り離されたVPNサービスを各種提供

VPN: Virtual Private Network, VPLS: Virtual Private LAN Service, VLAN: Virtual Local Area Network

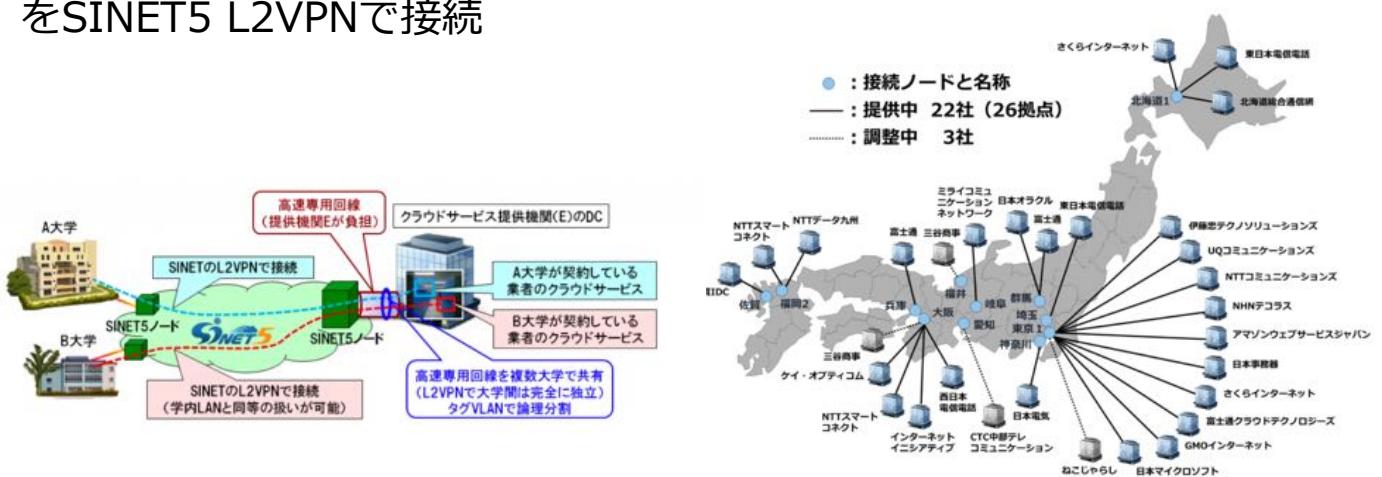


National Institute of Informatics

10

SINETクラウド接続サービス

大学等とクラウドのデータセンター
をSINET5 L2VPNで接続

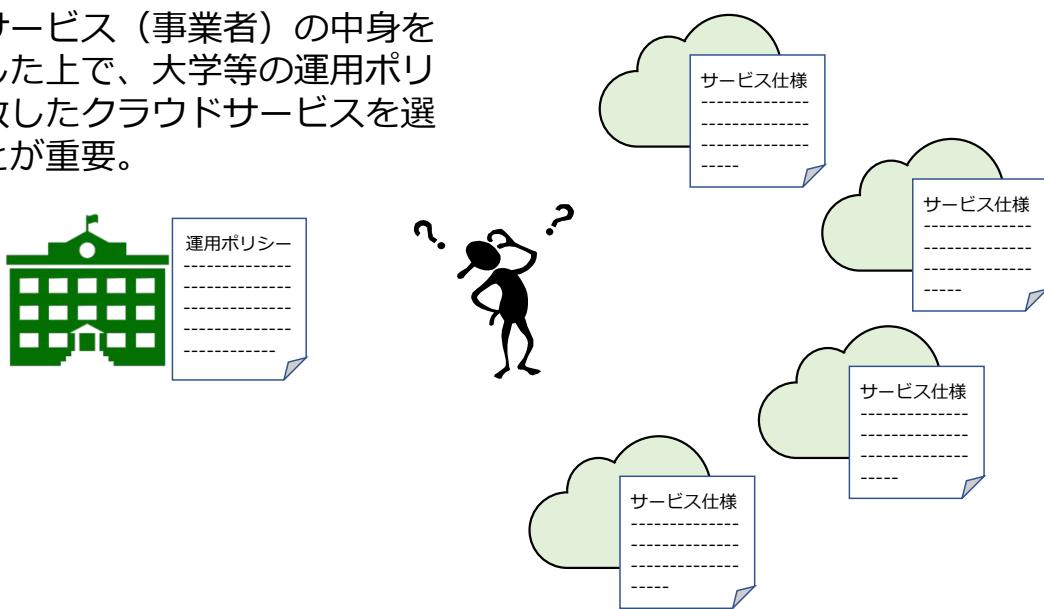


National Institute of Informatics

11

クラウドサービスの選択

クラウドサービス（事業者）の中身をよく理解した上で、大学等の運用ポリシーに合致したクラウドサービスを選択することが重要。

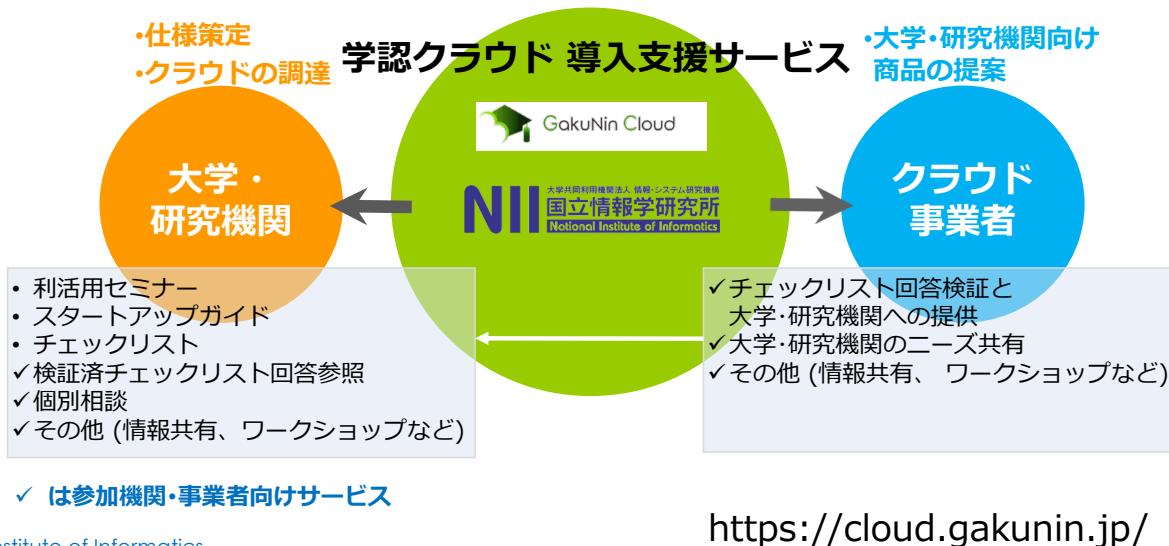


クラウドスタートアップガイド

学認クラウド 導入支援サービス



大学等がクラウドを選択する際の基準やその導入・活用に関わる情報を整備・流通・共有するためのサービス



National Institute of Informatics

14

チェックリスト

大学・研究機関向けコンテンツ

トップ > 大学・研究機関向けコンテンツ

「学認クラウド 導入支援サービス」では、以下のサービスを提供いたします。 (★はご参加いただいた方が利用できるサービスです。)

★ チェックリスト

クラウドを導入する際の選択基準や考慮点となる項目を一覧表としてまとめた、クラウド導入・選択のためのチェックリストを策定しました。「学認クラウド 導入支援サービス」にご参加いただいくと、クラウド事業者が自社サービスについて回答したチェックリスト (NIIによる検証済み) をご覧いただけます。参加申込は[こちら](#)。

 チェックリスト

 本チェックリストはクリエイティブ・コモンズ表示 4.0 国際ライセンスの下に提供されています。

National Institute of Informatics

<http://cloud.gakunin.jp/foracademy/>

15

チェックリスト

学認クラウド 導入支援サービスチェックリストは、
クラウドの調達の際に考慮すべき点を網羅的にまとめた ものであり、サービスの種類によってはチェックリスト内のいくつかの項目について「未対応」や「対応不可」とするクラウド事業者からの回答も存在する。

チェックリストの利用方法として、このような回答が含まれるサービスを無条件に調達の候補から除外するのではなく、大学の求める要件に対応した項目がどれであるかを大学自身が判断し、それらの項目の回答を調達の参考として仕様書を作成するというような利用方法を想定している。

最新のチェックリスト（Ver. 3.0）の項目は19種類のチェック項目（大項目）に分類される。それぞれの大項目は複数の詳細チェック項目を含み、合計で121種類の詳細チェック項目が用意されている。

チェック項目（大項目）	詳細チェック項目数	主な詳細チェック項目
商品 / サービスの概要	4	タイトル、製品概要など
運用実績	2	契約法人数、サービス開始日
契約申込み	12	支払方法、ライセンス体系など
認証関連	3	Shibboleth利用可否、学認対応状況、多要素認証
信頼性	6	サービス稼働率の実績、計画停止の頻度など
サポート関連	5	サポート窓口、サポート回答時間など
ネットワーク・通信機能	9	SINET接続状況、通信の暗号化可否など
管理機能	12	稼働状況の一覧表示機能、利用統計など
動作保証	3	利用可能OS、動作事例など
スケーラビリティ	6	リソースの上限、作成可能なサーバ上限数など
データセンター	7	防犯設備、データセンターの設置地域など
セキュリティ	10	セキュリティ対策、インシデント対応など
データ管理	11	データの多重化、ログなど
バックアップ	6	バックアップサービスの有無、リストアなど
クラウド事業者の信頼性	6	経営状況、委託先での個人情報保護など
契約条件	6	責任範囲の明確化、損害賠償責任など
データの取り扱い	5	データの所有権 / 利用権、削除の方法など
データの引継ぎ	4	契約終了時の移行支援、イメージの移行性など
第三者認証	4	事業継続性、データセンター、セキュリティ、経営・事業

<https://cloud.gakunin.jp>

16

チェックリストの読み方(1)

認証関連

学術認証フェデレーション（学認）に参加している大学等では、クラウドサービスの学認への対応状況（今後の対応予定も含む）は導入検討の参考になる。

多要素認証への対応は認証に関する指標として導入検討の参考になる。

信頼性

クラウドサービスでは、システム保守のための計画停止や障害等による計画外停止に関する情報をクラウド事業者が持つため、これらの情報の利用者への通知方法を確認することが必要である。

大学等が利用するクラウドサービスが事業者の事情（事業撤退等）で終了してしまうと、非常に影響が大きい。

参考 : SLA

SLAとは、クラウドサービスを提供するプロバイダと顧客の間に締結される合意書であり、サービスの定義、範囲、内容、品質、達成目標などを規定する。一般に、SLAは以下のようない内容を含む。

- SLAの目的
- SLAの範囲及び責任
- SLAの改訂方法
- SLA対象となるサービス
- サービスレベルの項目
- サービスレベルの測定手段・報告方法
- サービスレベルの目標
(Service Level Objective : SLO)
- SLO未達時の賠償、賠償要求プロセス
- SLOや賠償が適用されない例外事項

クラウドサービスのSLO未達時の賠償は、利用料金の一部返還(無料化)に留まることが多い。

SLAの項目は多岐に渡るが、代表的なものとして、以下のようなものがある。

- 可用性、信頼性
- 性能
- 資源の追加
- セキュリティ
- サポート
- データの保護(バックアップ、レプリケーション、災害対策、格納地域)

チェックリストの読み方(2)

サポート関連

クラウドサービスでは、システムの状態やサービスに関する情報をクラウド事業者を介して取得する必要があるため、クラウド事業者のサポート体制について確認することが必要である。

ネットワーク・通信機能

クラウドサービスでは、学外のデータセンターのサーバを利用するため、大学等とデータセンター間の通信の安全性および性能を確認することが必要である。また、サーバへのグローバルIPアドレス割当ては、クラウド事業者によって異なるため、大学等の運用との整合性を確認することが必要である。

データセンター

クラウドサービスの信頼性や安全性を判断するため、サーバが設置されるデータセンターの仕様（安全対策等）を確認することが必要である。また、データの保存については、保存場所（国や地域）の確認や保存場所指定の可否を確認することが必要である。

地理的に離れた地域（リージョン）に独立したデータセンター（ゾーン）が設置されるのが一般的である。

チェックリストの読み方(3)

セキュリティ

クラウドサービスでは、提供されるサービスに関するセキュリティ管理はクラウド事業者が責任を持つため、クラウド事業者のセキュリティポリシや対策を確認することが必要である。

また、クラウドサービスでは、複数の利用者（組織）がサーバ等の資源を共有する場合があるため、資源分離のレベル（複数ユーザの仮想マシンが同一の物理サーバを共有等）を確認することが必要である。

データ管理・バックアップ

クラウドサービスでは、データはクラウド事業者が管理するサーバに保存されるため、データの多重化やアクセス制限、バックアップ等について確認することが必要である。

また、クラウドサービスに関するログはクラウド事業者が管理するため、利用者によるログの利用方法について確認することが必要である。

チェックリストの読み方(4)

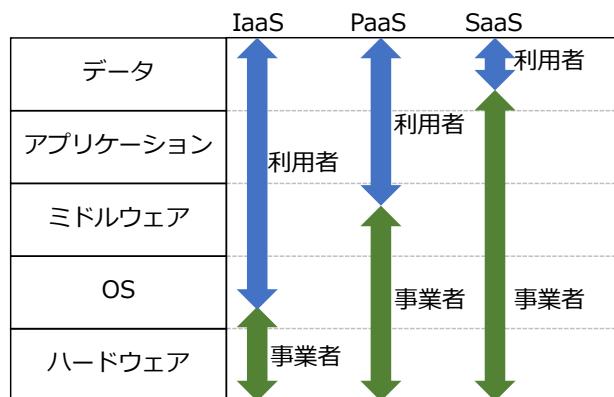
クラウド事業者の信頼性・契約条件

クラウド事業者の信頼性を確認するため、[経営状況や監査](#)等の情報は、導入検討の参考になる。

クラウドサービスの利用は、利用契約に基づいて提供されるため、[準拠法や管轄裁判所](#)等の契約条件を確認することが必要である。

特に、クラウドサービスでは、クラウド事業者が責任を持つ部分と利用者が責任を持つ部分があるため、[両者の責任範囲](#)を確認することが必要である。

クラウド事業者と利用者の責任範囲（一例）



チェックリストの読み方(5)

データの取り扱い・引継ぎ

クラウドサービスでは、データはクラウド事業者のサーバ上に保存されるが、データの所有権は利用者にあるべきである。そのため、データ所有権、および[契約終了時のデータやアカウント情報の取り扱い](#)について確認することが必要である。

第三者認証

プロバイダがデータセンターの中でどのようなセキュリティ対策を行っているかは、利用者側からはブラックボックスとなっており、利用者によるセキュリティ監査も拒絶される場合が多い。

一方、多くのプロバイダは[第三者認証](#)の取得や、利用者が認証を取得するための支援を行っており、これらの確認が必要となる場合がある。

カテゴリ	第三者認証
事業継続性 関連	ISO 20000(ITサービスマネジメントシステム)、 ISO 22301(事業継続マネジメントシステム)、 ISO 27001(情報セキュリティ)
データセンタ ー関連	Uptime Tier(米民間基準)、JDCC FS-001 (日ファシリティー基準)、 ISO 27001(情報セキュリティ)
セキュリティ 関連	ISO 20000(ITサービスマネジメントシステム)、 ISO 27001(情報セキュリティ)、ISO 27017(クラウドサービスにおける情報セキュリティ)、 ISO 27018(クラウドサービスにおける個人情報保護)、SOC2およびSOC3(セキュリティ内部統制)、PCI DSS(クレジットカード情報保護関連)、HIPAA(米医療機関における患者情報のセキュリティ)、FISCガイドライン(国内金融機関向けガイドライン)、FIPS140-2(暗号モジュールに関する米標準規格)、クラウドセキュリティマーク、プライバシーマーク
経営・事業 関連	ISO 9001(品質管理)、ISO 14001(環境マネジメント)、ISO 20000(ITサービスマネジメントシステム)、SOC1(財務諸表の内部統制)、ISAE 3402およびSSAE 16(受託業務の内部統制保証報告に関する基準)

チェックリスト回答の検証結果

回答を参照するためのサービス利用機関向けwebページ

チェックリスト一覧													
サービス種別: SaaS PaaS IaaS 対象者: [] 検索: [] [検索]													
CSV/XLSX ダウンロード													
Show/Hide: サービス種別: SaaS PaaS IaaS 対象者: [] 検索: [] [検索]													
サービス種別	サブ	チェック項目	詳細チェック項目	回答方法	SaaS	IaaS	IaaS	事業者ID	事業者名	サービスID	サービス名	Yes/No	記述回答
SaaS	A	1 商品/サービスの種類 (タイプ:技術サービス)	記述	-	-	-	-	500	N/A	500-01	OC	N/A	半径50km以内
SaaS	A	2 商品/サービスの種類 (事業者ペインター直営店・代理店)	記述	-	-	-	-	500	N/A	500-01	OC	N/A	国立情報学研究所
SaaS	A	3 商品/サービスの種類 (製造業)	記述	-	-	-	-	500	N/A	500-01	OC	N/A	日本の大学・研究所開発のクラウド化を推進します。
SaaS	A	4 商品/サービスの種類 (対象大学)	記述	-	-	-	-	500	N/A	500-01	OC	N/A	特にありません。宇宙経済フレームの「学び」に加えて、
SaaS	B	1 連携実績	契約法人数	記述	-	-	-	500	N/A	500-01	OC	N/A	0件(2018年3月サービス開始)
SaaS	B	2 連携実績	連携年数	記述	-	-	-	500	N/A	500-01	OC	N/A	0年(2018年3月サービス開始)
SaaS	C	1 契約社員	契約社員の使用実績	Yes/No (記述)	-	-	-	500	N/A	500-01	OC	Yes	
SaaS	C	2 契約社員	契約社員の有資格者の他の交付書面の整理	Yes/No (記述)	-	-	-	500	N/A	500-01	OC	Yes	利用規程
SaaS	C	3 契約社員	トライアルの実績	Yes/No (記述)	-	-	-	500	N/A	500-01	OC	No	なし
SaaS	C	4 契約社員	契約期間	記述	-	-	-	500	N/A	500-01	OC	N/A	なし
SaaS	C	5 契約社員	契約せずにいる社員	記述	-	-	-	500	N/A	500-01	OC	N/A	Tel:03-4212-2212 クラウド推進チーム E-mail:cl-office-support@naist.jp
SaaS	C	6 契約社員	支払額	記述	-	-	-	500	N/A	500-01	OC	N/A	費用でのご提供となります。
SaaS	C	7 契約社員	支払時期	記述	-	-	-	500	N/A	500-01	OC	N/A	費用でのご提供となります。
SaaS	C	8 契約社員	支払方法	記述	-	-	-	500	N/A	500-01	OC	N/A	費用でのご提供となります。
SaaS	C	9 契約社員	請求体系	記述	-	-	-	500	N/A	500-01	OC	N/A	費用でのご提供となります。
SaaS	C	10 契約社員	往來料請求の上限設定	Yes/No (記述)	-	-	-	500	N/A	500-01	OC	(Blank)	費用でのご提供となります。

National Institute of Informatics

22

ソフトウェアライセンス

BYOL(Bring Your Own License)はベンダごとに確認が必要

- BYOLを一切認めない場合
- クラウド上で利用できるが、使用コア数などのライセンス条件が異なる場合
 - ✓ ソフトウェアを搭載するVMに対してプロバイダが自動フェイルオーバ機能を提供している場合、フェイルオーバ対象の全物理サーバ分のライセンス取得を要求する、といったケース
- プロバイダによってクラウド上で利用できるかどうかが異なる場合
 - ✓ ソフトウェアベンダが認定したクラウドサービスプロバイダに対してのみ認めるといったケース
- オンプレミスにおけるライセンス形態や契約形態によって、BYOLの可否や条件が異なる場合

National Institute of Informatics

23

支払方法

請求書払いとクレジットカード払い

クラウドサービス利用料の支払方法には、請求書払いとクレジットカード払いがあり、どの方法が可能かはプロバイダによって異なる。また、利用料が高額となる場合には、入札による調達が必要である。

● 請求書払い

大学等における一般的な支払方法であり、通常の支払手続きで処理できることが多い。

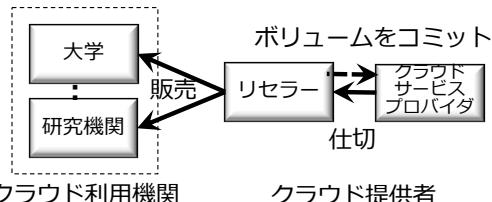
● クレジットカード払い

パブリッククラウドでは、クレジットカード払いしか受け付けないプロバイダもあるが、クレジットカード払いは、大学等の場合、会計・支払制度に適合しない場合も多い。したがって、クレジットカード払いの場合は、以下のいずれかの対応となる。

- ✓ 代理店を利用して、請求代行あるいはパワチャーチャー購入による請求書払いとする。
- ✓ 大学等によっては、クレジットカード払いが可能であったり、個人のクレジットカードで立替え払いすることが可能な場合があるので、会計担当部署に確認する。

参考：請求代行

利用者が代理店と契約し、代理店がクラウド事業者からの請求額に手数料（為替等含む）を加えて利用者に請求する。手数料は代理店によって異なる。なお、代理店によっては、プロバイダとの直接契約より安価となる場合もある（ボリュームディスカウント効果）。



参考：パワチャーチャー購入

代理店がパワチャーチャー（一定金額までの利用権。プロバイダによっては「オープンライセンス」などの名称で販売している）を利用者に販売し、これを利用者は前払いにて購入する。資源が不足すれば、追加購入することも可能である。なお、大学等によってはパワチャーチャーを購入できない場合がある。

入札

クラウドサービスの調達において、入札を行う場合の契約方法には、以下の2種類がある。

● 総価契約

- ✓ 利用期間中の総額（総価）により入札。利用者は落札額を支払う。
- ✓ 利用期間中の資源利用量と金額を見積もある必要がある。（合計金額により政府調達になる場合がある。）
- ✓ 原則として、契約時に決めた利用量を超えて利用することはできない、また、利用実績が契約時の利用量を下回っても返金されない。

● 単価契約

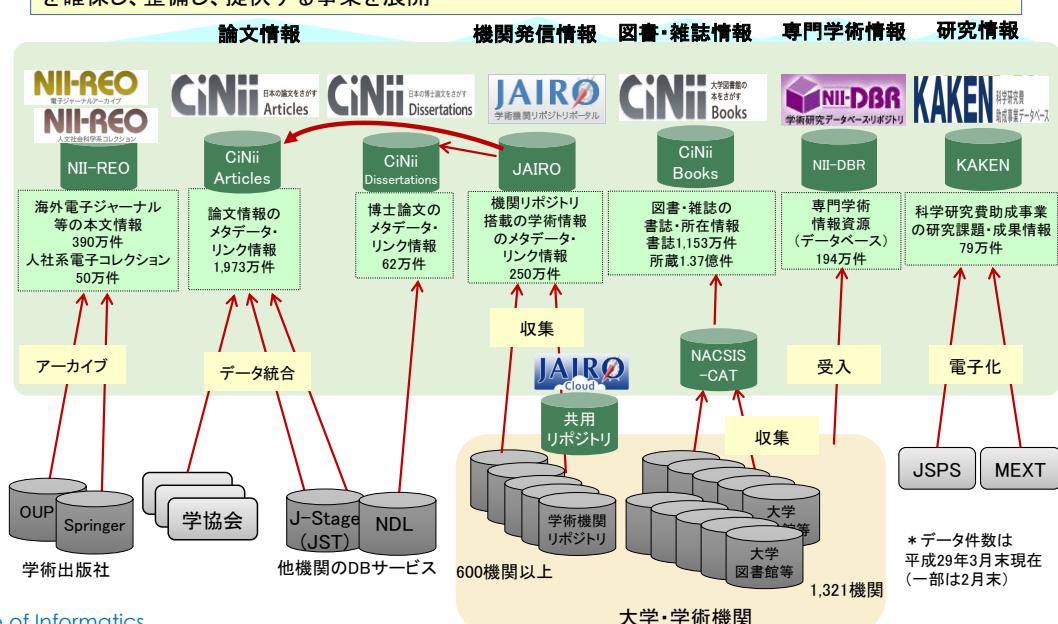
- ✓ 一定の資源等の利用金額（単価）により入札。利用者は資源利用量の実績に応じて利用料を支払う（従量課金）。
- ✓ この場合でも、利用期間中の資源利用量と金額を見積もある必要がある。
- ✓ 合計金額により政府調達となり、プロセスに時間を要する場合がある。

クラウドの調達については確立した方法がまだないので、所属機関の会計担当部署との相談が必要です。

NIIのクラウド利活用事例

NIIの学術コンテンツサービス

学術情報センター以来、30年以上に亘って、大学図書館等と連携しながら、多様な学術コンテンツを確保し、整備し、提供する事業を展開



運用上の課題

可用性の確保が課題

- 年1回の法定停電
- 東日本大震災直後の輪番停電によるサービス休止
- システム全体の多重化が必須
 - ✓ 公的機関ではオンプレミスを複数抱えるためのコストが負担できない
 - ✓ 小さな追加コストで一時的に多重化できるパブリッククラウドを選択

ハードウェアの管理からの脱却

- サービス拡充について、外部からのアクセスやアタックも増えてきた
- 人員を、ハードウェアの管理から解放し、サーバやミドルウェアの管理やセキュリティ管理に人員を割き、より上のレイヤーの保守・管理を強化



基盤システムのクラウドへの移行を推進

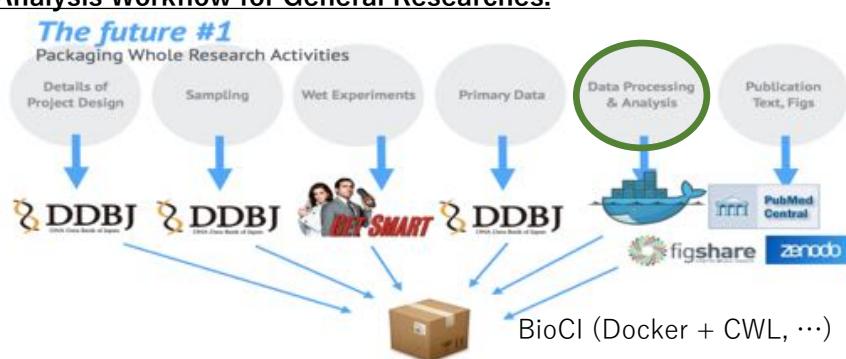
National Institute of Informatics

28

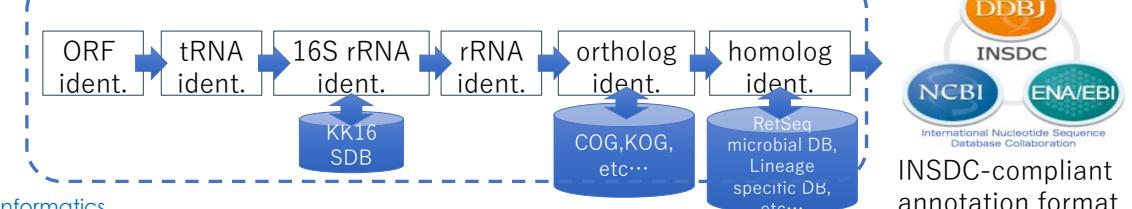
ゲノム解析

Ogasawara@NIG

Genome Analysis Workflow for General Researches.



Genome Analysis Workflow for Data Submission (MiGAP, MeGAP, ...)



National Institute of Informatics

30

ゲノム解析環境の自動構築

- ✓ ゲノム解析環境（Galaxy）をオンプレ+パブリッククラウド上に自動構築
- ✓ Jupyter Notebookによるテンプレート作成



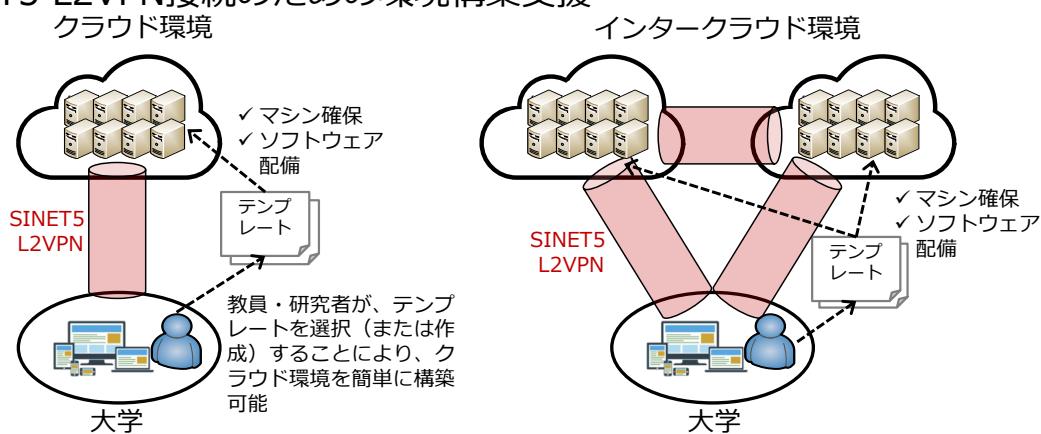
National Institute of Informatics

31

学認クラウドオンデマンド構築サービス（準備中）

研究教育のためのクラウド環境構築を技術的に支援

- クラウド環境をオンデマンドに構築するためのツール提供
- SINET5 L2VPN接続のための環境構築支援



試験運用実施中（6機関参加）

National Institute of Informatics

32

アプリケーションテンプレート

HPCテンプレート

- OpenHPCで提供されているライブラリ+バッチシステムの科学技術計算用クラスタ環境を構築

LMSテンプレート

- Moodleを用いた学習管理システムを構築

VDIテンプレート

- Guacamoleを用いた講義・演習用仮想デスクトップ環境構築

ゲノム解析テンプレート

- Galaxyワークフローツールによるゲノム解析環境の構築

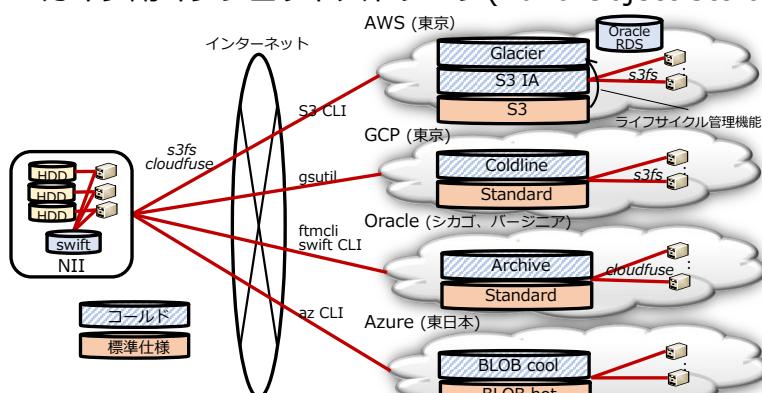
教材テンプレート

- ビッグデータ処理や機械学習(Elasticsearch, TensorFlow)の「実行できる教材」を提供

クラウドコールドストレージ実証実験

KEK、天文台のグループと共同でクラウドコールドストレージの性能・運用性・課金の評価を実施。

- Belle II実験物理シミュレーションデータ + 解析支援ソフトウェア (BASF2)
- ALMA電波望遠鏡観測／解析データ + アーカイブシステム (NGAS)
- 野辺山望遠鏡アーカイブ用オブジェクトストレージ(Adria Object Storage)



まとめ

クラウドの導入では、クラウドサービスの中身をよく理解した上で、大学等の運用ポリシーに合致したクラウドサービスを選択することが重要。

NIIでは、大学等におけるクラウド導入・利活用を支援する取り組みを実施中。

- クラウド導入を検討中の大学等への情報提供・相談受付
- クラウドを利用するためのシステム開発・実証実験・サービス提供

がんゲノム研究における クラウドの活用について

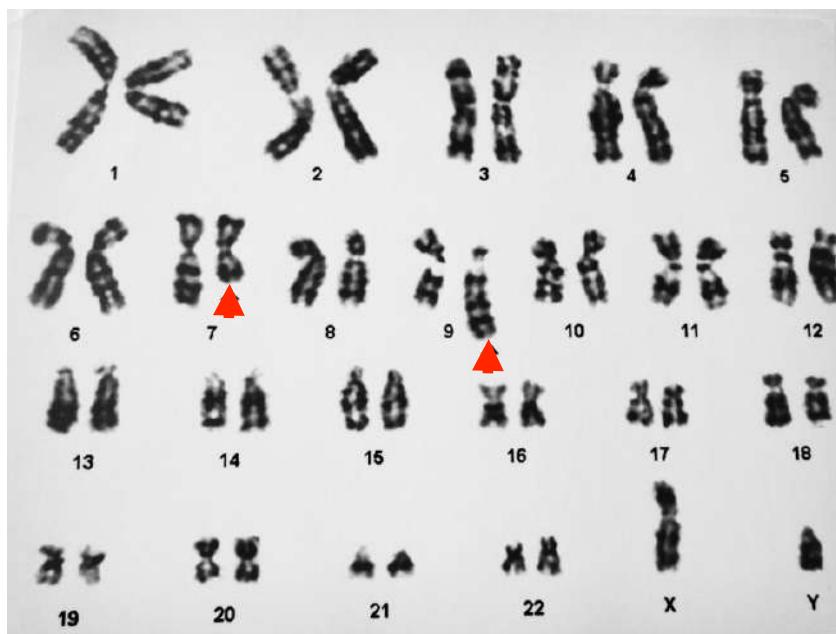
国立がん研究センター
がんゲノム情報管理センター ゲノム解析室
白石 友一

本発表の流れ

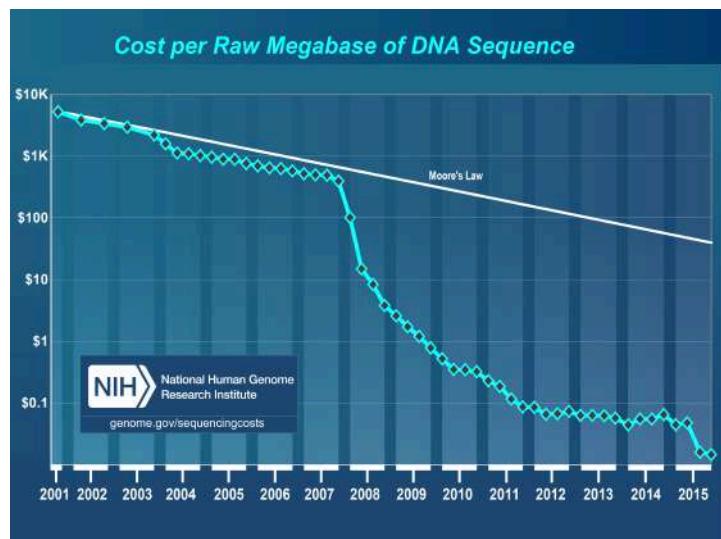
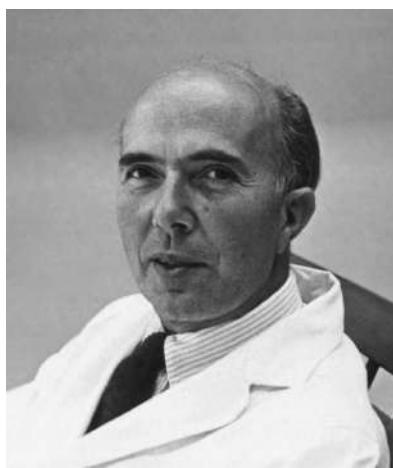
1. がんゲノム解析研究の概要
2. 大規模がんゲノムデータ解析の例
3. がんゲノム研究におけるクラウド利用について
4. クラウド利用の問題点など

がんゲノム解析研究の概要

がんはゲノムの異常が原因



がんゲノムのシークエンス

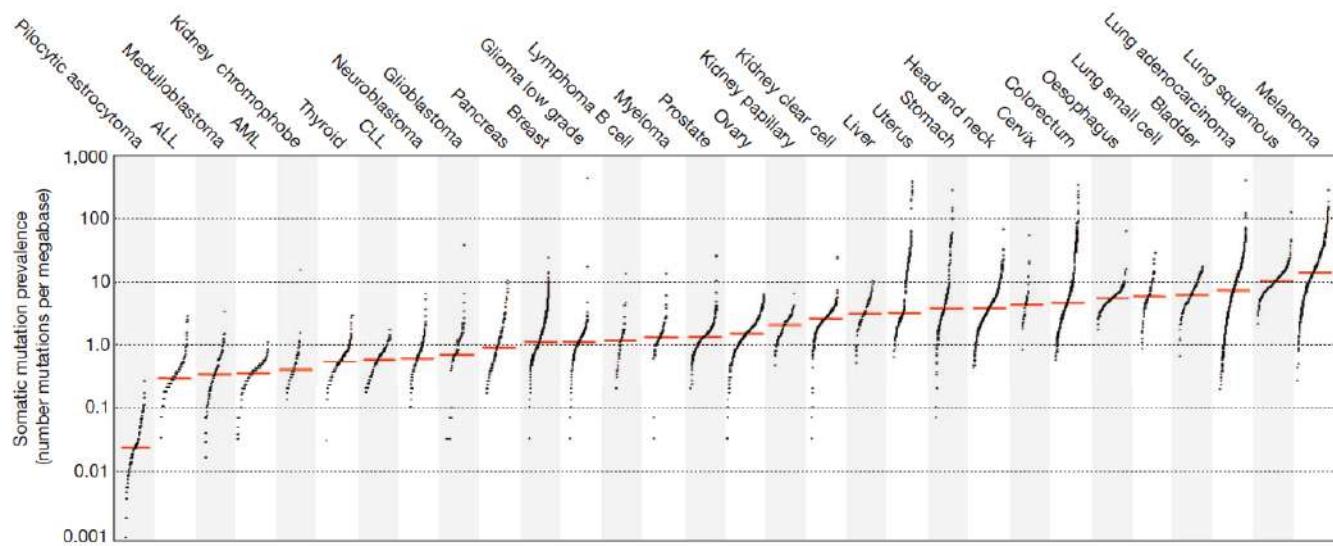


A turning point in cancer research: sequencing the human genome,
Dulbecco, Science, 1986



5

Somatic mutationの全体像



Alexandrov et al., Nature, 2013

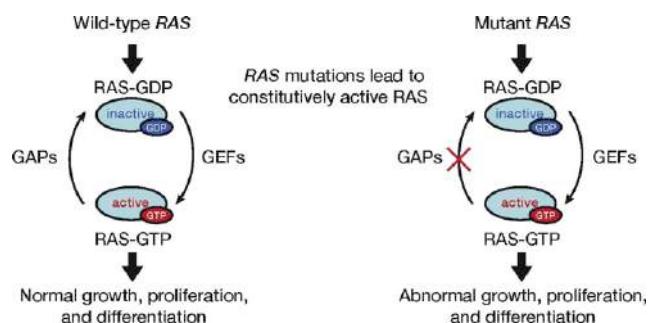
後天的変異の数はがんの種類により大きく異なっている。

- 小児腫瘍や増結気腫瘍は少ない
- 肺がん(タバコ)やメラノーマ(紫外線)で多い

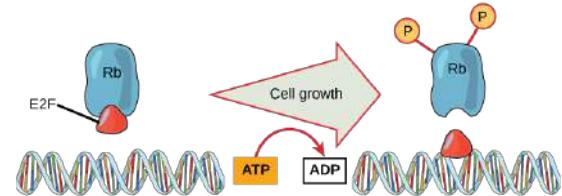
6

Cancer driver gene

- Oncogene
 - 変異によって新しい機能を獲得する。
 - RAS, EGFR, PIK3CAなど



- Tumor suppressor
 - 変異によってある機能が破壊される(DNA修復、細胞周期の調整)
 - TP53, RB1, BRCA1, 2など

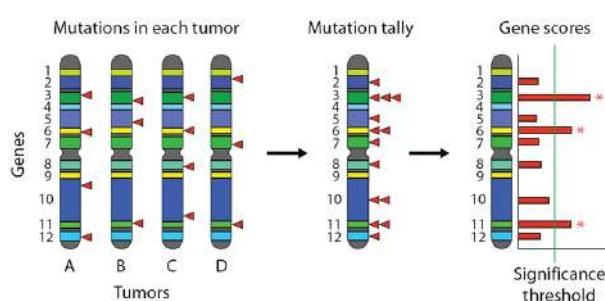


OpenStax, Biology, OpenStax CNX. May 27, 2016

Hecht et al., Cancer Treat Rev., 2015

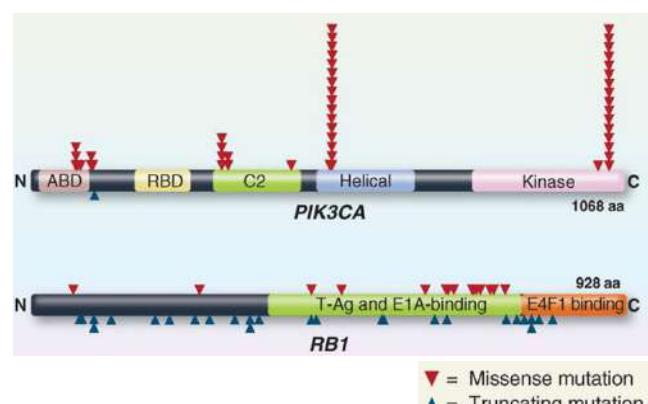
7

がん遺伝子の同定



<https://confluence.broadinstitute.org/display/CGATools/MutSig>

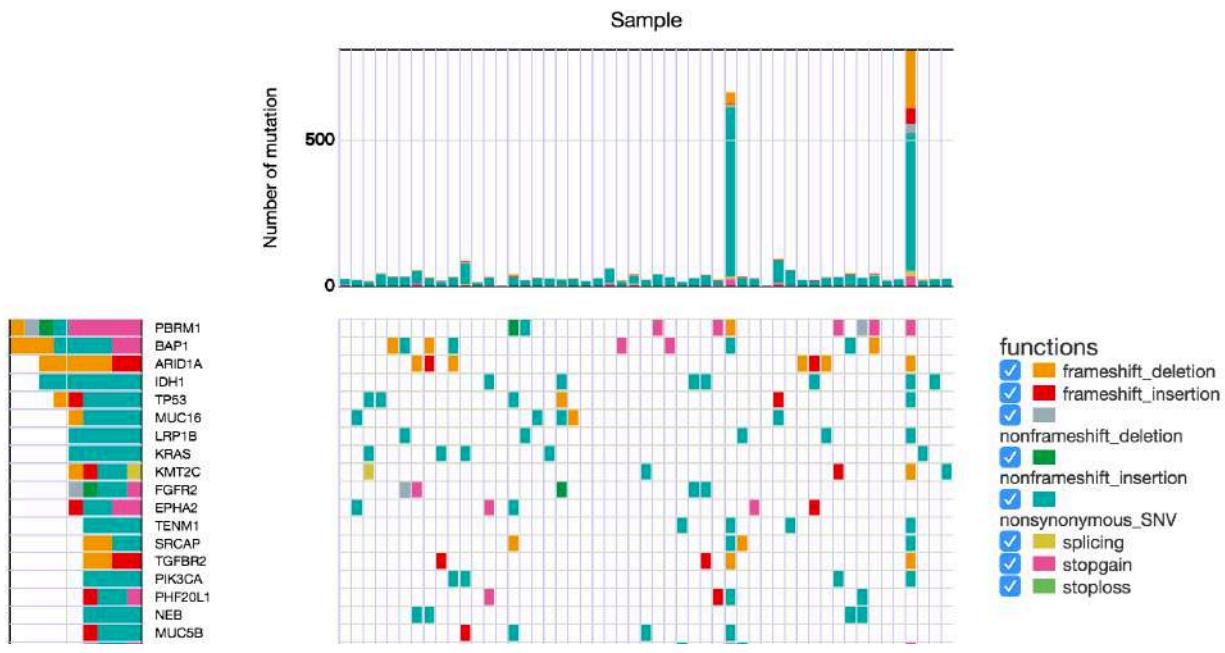
- 多くの検体で見られる変異
- Back ground mutation rateでの補正が必要
 - 遺伝子の長さ(TTNはとても巨大な遺伝子)
 - GC contents, 塩基の組成
 - 遺伝子発現量
 - replication timing
- Software
 - MutSig
 - Music (Dees et al, Genome Research, 2012)



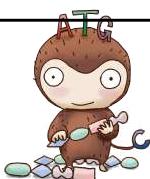
Vogelstein et al., Science, 2013

- 20/20 rule
 - Oncogene
 - 20%以上が集中したミスセンス変異
 - TSG (tumor suppressor gene)
 - 20%以上がtruncating変異

paplotによるがん遺伝子の検出

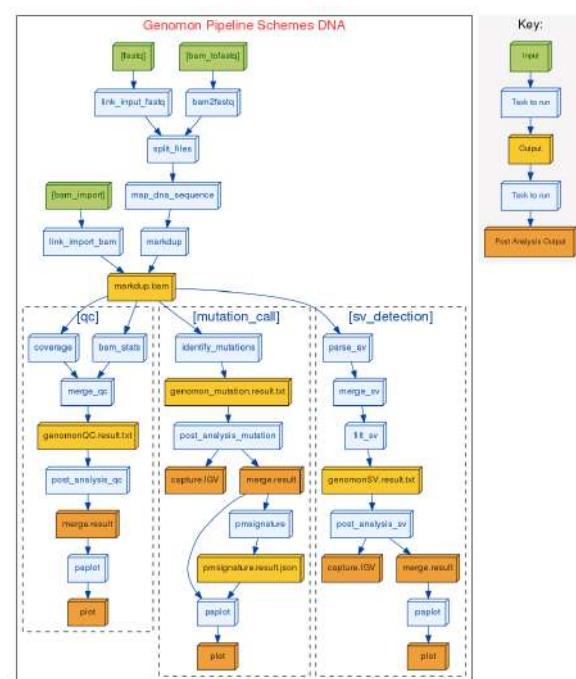


Okada et al.. JOSS. 2017 9



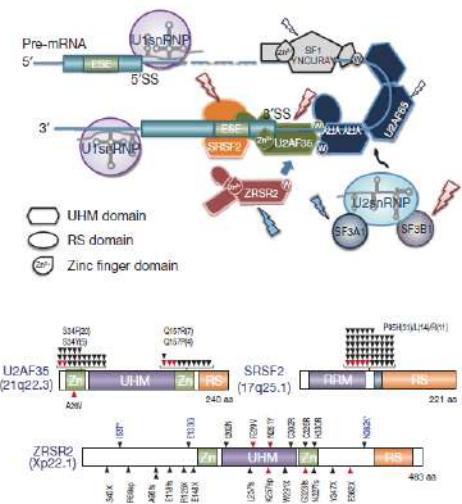
Genomon2について

- Genomon DNA
 - WGS, WES, targetに対応
 - SNV, indel, SVの検出
 - FLT3-ITDも検出可能
- Genomon RNA
 - 融合遺伝子検出
 - 発現量算出
- インタラクティブルレポートの自動生成
- 東大医科研宮野悟研究室、京都大学医学系研究科の小川誠司研究室で共同開発
- 国内では多くのユーザー
 - 京都大学医学系研究科
 - 東大医研
 - 東大小児科
 - 九州大学別府病院



Frequent splicing gene mutations in MDS

- 29検体のMDS(myelodysplasia)患者の whole exome sequencing.
 - 全部で268個の somatic mutation を検出. 12遺伝子が複数の患者で変異が見られた.
 - 8遺伝子はMDSで既に cancer driver geneと知られているものだった(TP53, NRAS, KRAS, RUNX1).
 - 3遺伝子 (U2AF35, SRSF2, ZRSR2) は splicing に関わる遺伝子 (**new cancer driver genes!**)
 - splicingに関する7遺伝子に絞り, 600検体の変異スクリーニングを行い, 約50% の患者で splicing遺伝子の変異が見られるることを確認.



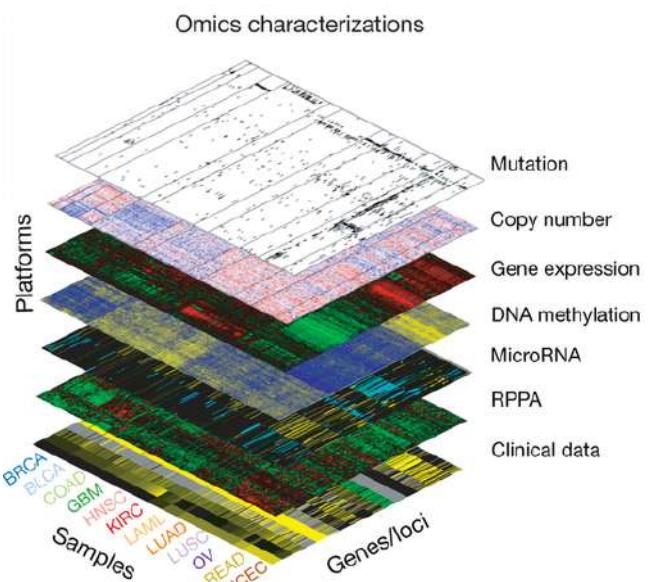
Yoshida et al. Nature, 2011

11

TCGA (The Cancer Genome Atlas)

10種の希少がんを含む
33種類のがんを対象に
11000人のオミックスデータ
を取得

データは取得後すぐに公開され基本的に制限なく利用可能。



The Cancer Genome Atlas



Understanding genomics to improve cancer care

12

ICGC (International Cancer Genome Consortium)

50種類のがんについてのゲノム異常力タログを作成する。

各がん種について500人、計25000人の腫瘍正常ペアの全ゲノムシーケンスデータを取得

- ・アメリカ 21種類
- ・中国 15種類
- ・日本 3種類 (肝臓がん、胃がん、胆管がん)

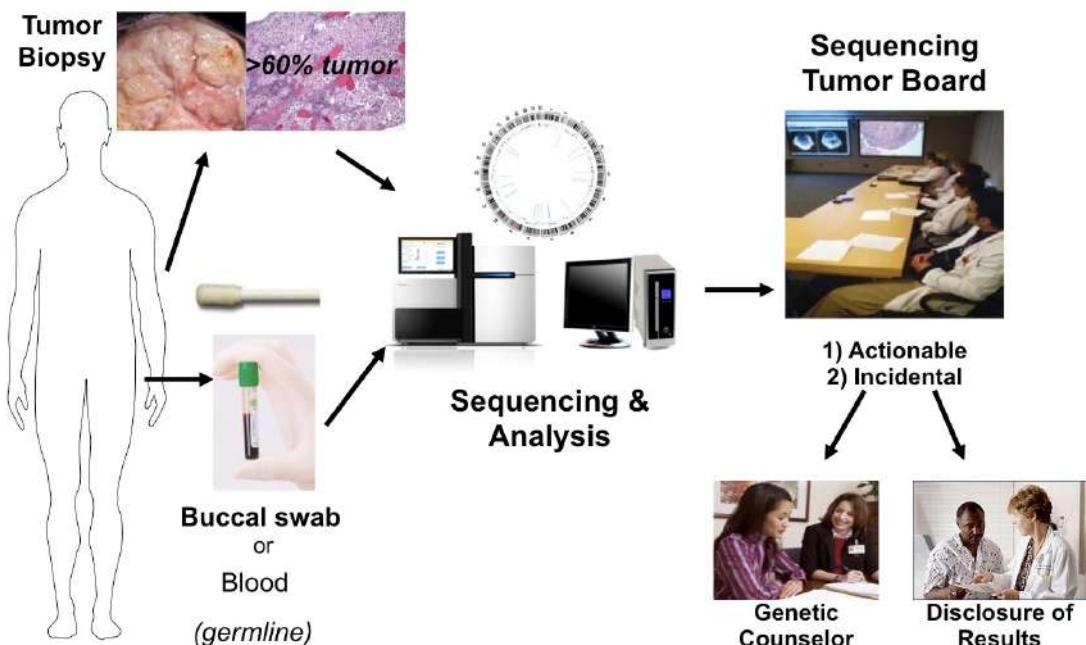


International
Cancer Genome
Consortium

Bladder Cancer United States	Blood Cancer United States	Bone Cancer United Kingdom
Brain Cancer United States	Breast Cancer European Union / United Kingdom	Breast Cancer France
Breast Cancer Mexico	Breast Cancer United Kingdom	Breast Cancer United States
Cervical Cancer United States	Chronic Lymphocytic Leukemia Spain	Chronic Myeloid Disorders United Kingdom
Colon Cancer United States	Endocrine Tissues Cancer <small>No jurisdiction(s) committed</small>	Endometrial Cancer United States

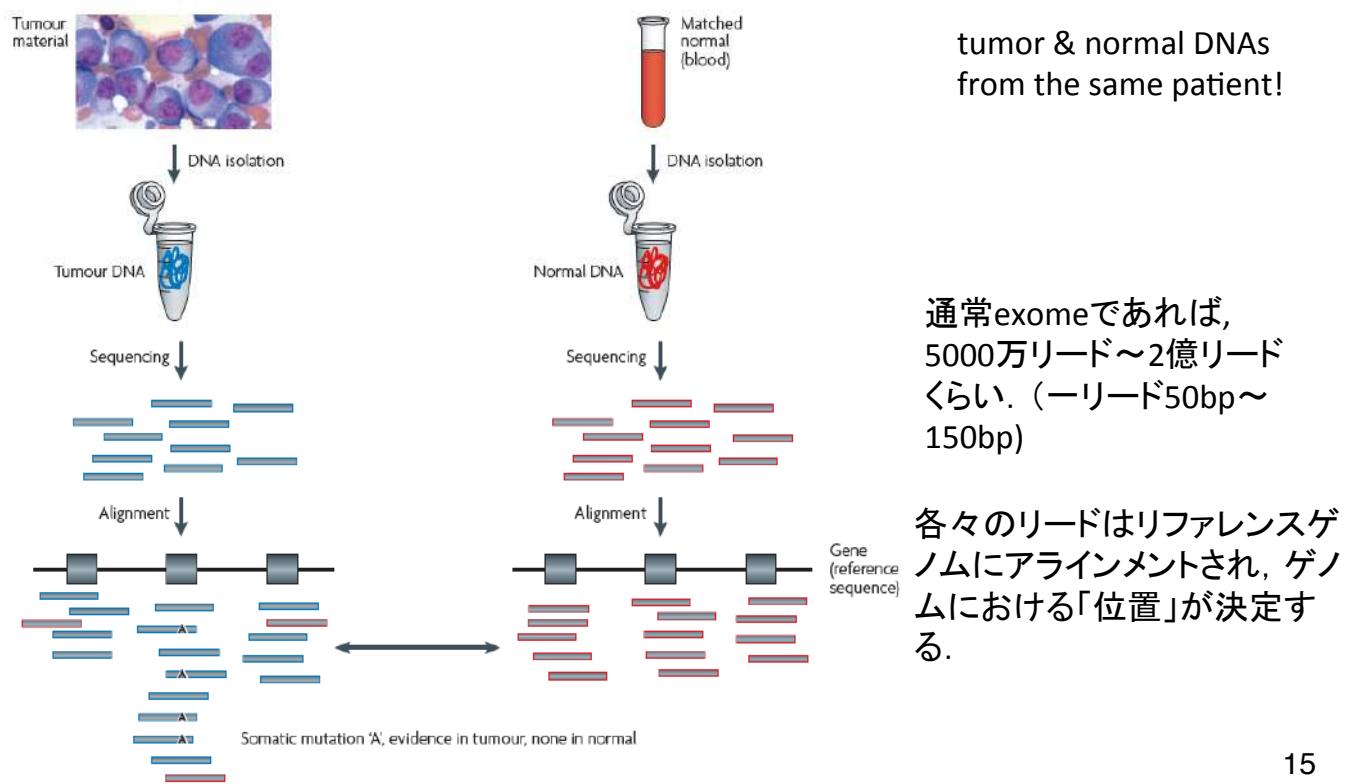
13

Clinical Sequencing

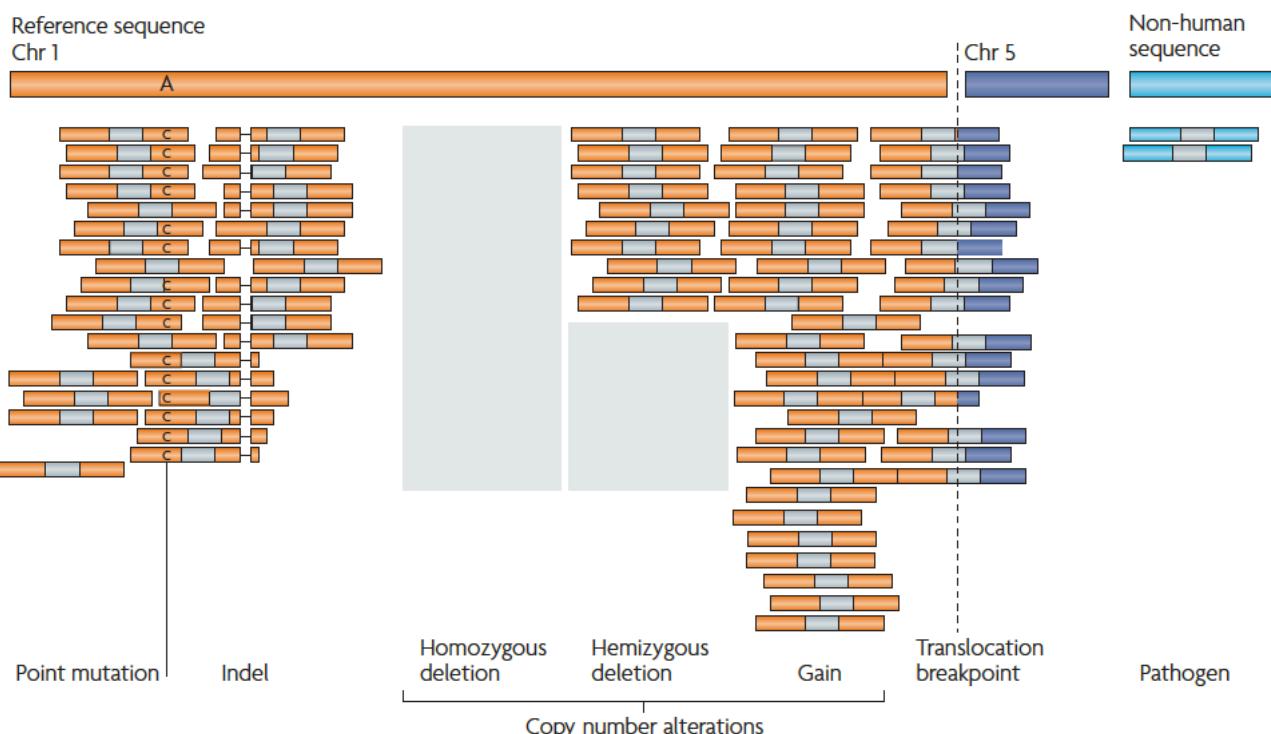


14

Mutation detection using high-throughput sequencing

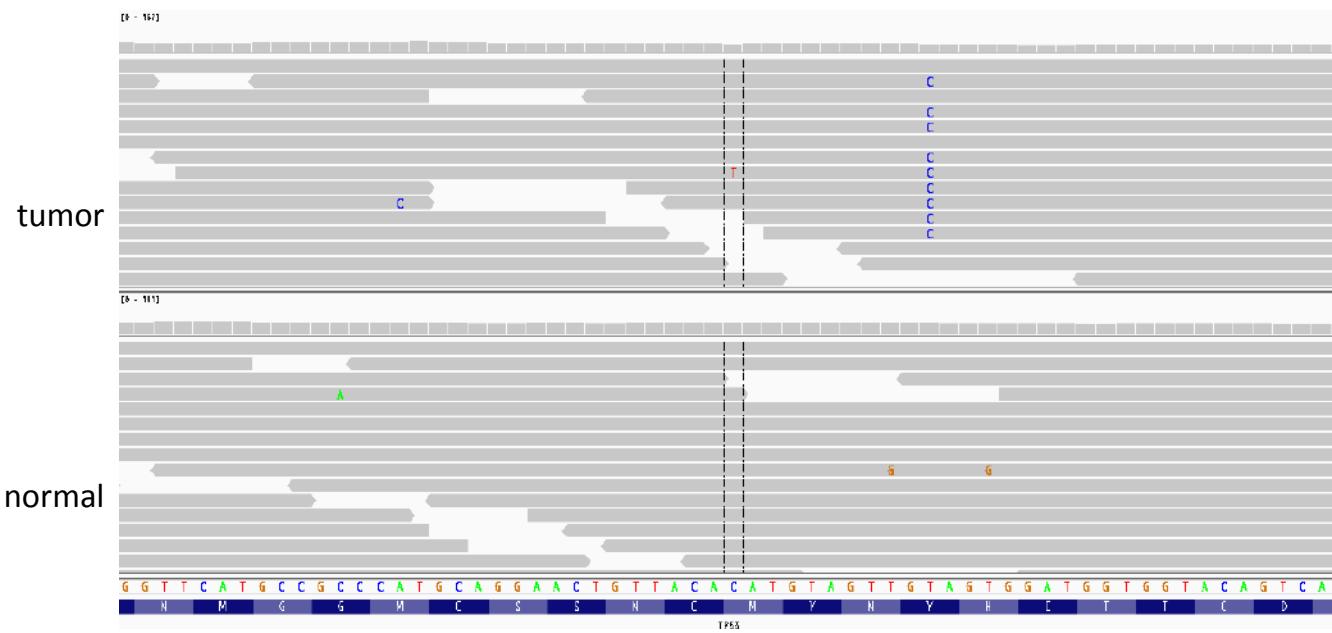


高速シークエンサーで見つかる変異



Mavorson et al. Nature Reviews Genetics, 2010 16

ゲノムワイドな変異探索



- 少数遺伝子のtarget sequenceなら、実はこれも結構いける。
- しかし、exomeやwhole genomeでゲノムの全領域見るのはすごい大変...
- 少し訓練が必要

17

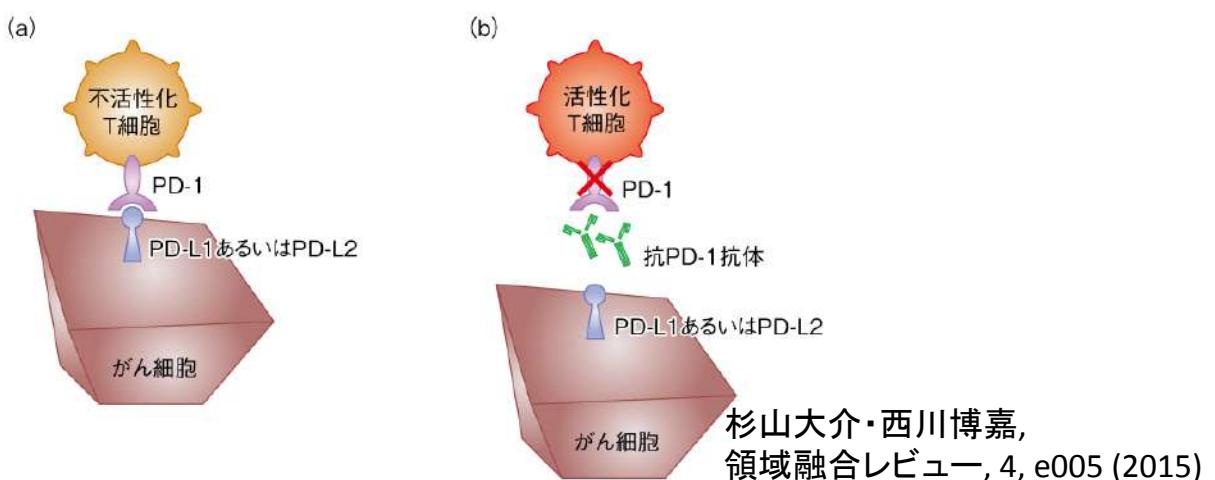
Short summary

- シークエンス技術の発達により、様々なタイプの変異が網羅的に検出できるようになった。
- それに合わせて、数多くの新規がん遺伝子の同定がなされた。
- ゲノムデータは膨大で、変異の検出のためには高スペックの計算機が必要である。

18

大規模がんゲノムデータ解析の例

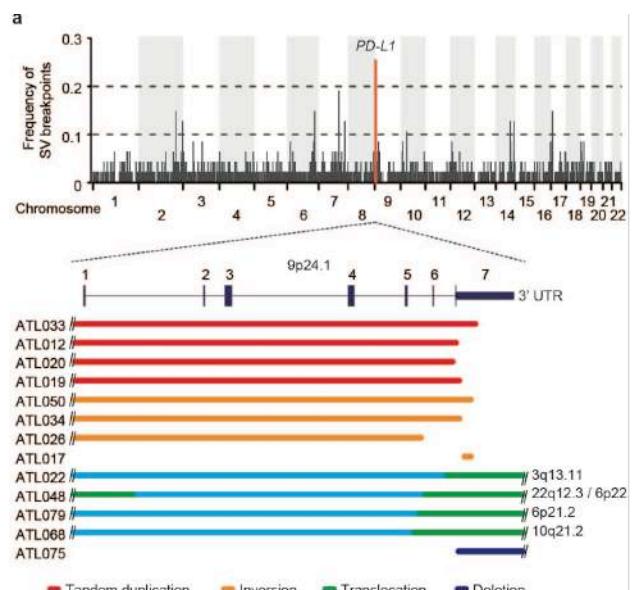
免疫を逃れる仕組み



- PD-1/PD-L1による免疫の回避(がん細胞におけるPD-L1の活性化)
- 抗PD-1抗体によるがん治療革命
- なぜがん細胞でPD-L1が活性化されるかは分かっていなかった

ATLにおけるPD-L1の3'UTRにおけるSVの多発

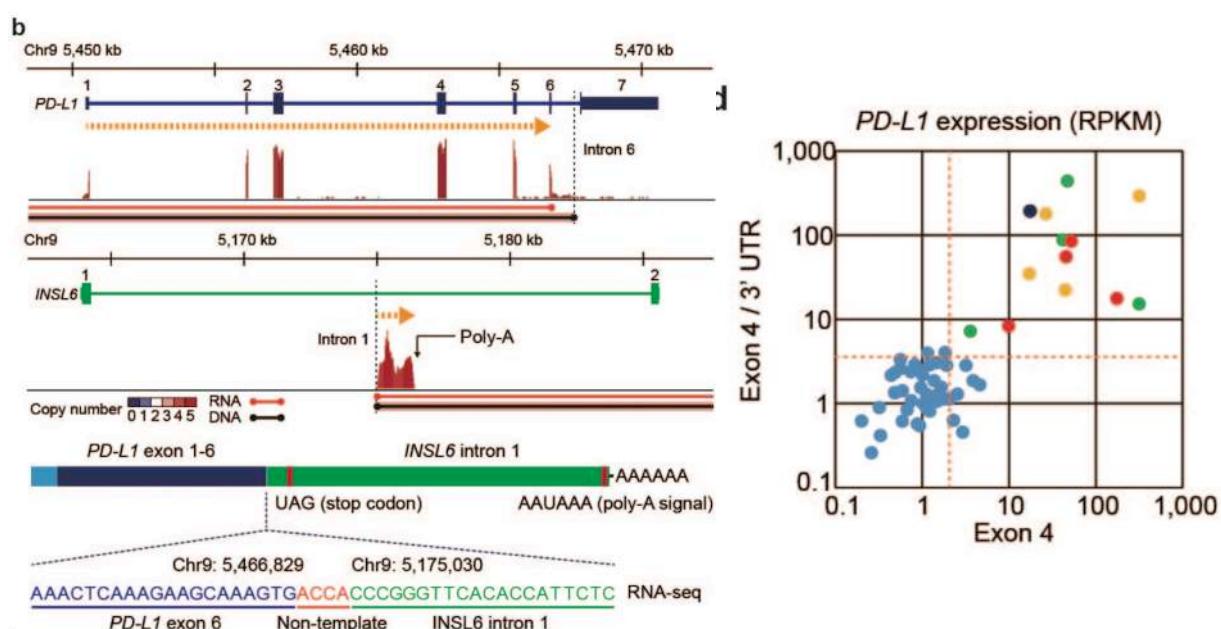
- 成人T細胞白血病(adult T-cell Leukemia)のゲノム解析 (Kataoka et al., Nature Genetics, 2015)において、PD-L1の3'UTR領域に複数検体でSVを検出
 - 約27%の患者で検出。
 - SVの切断点の向こう側の位置は様々であった。
- ATLとは
 - HTLV-1ウイルス感染を原因とする白血病・悪性リンパ腫である。
 - 日本では沖縄県と南九州、海外では中南米諸国に多い。



Kataoka, Shiraishi, Takeda et al., Nature, 2016

21

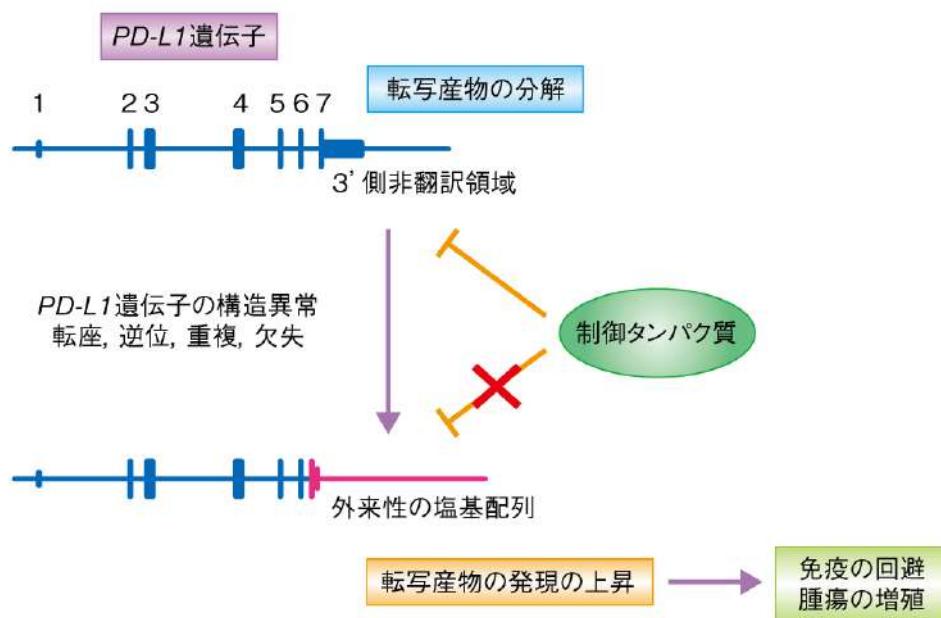
PD-L1のSVの有無と発現量はきれいに相関



Kataoka, Shiraishi, Takeda et al., Nature, 2016

22

3'UTRにおけるSVによるPD-L1の活性化メカニズム

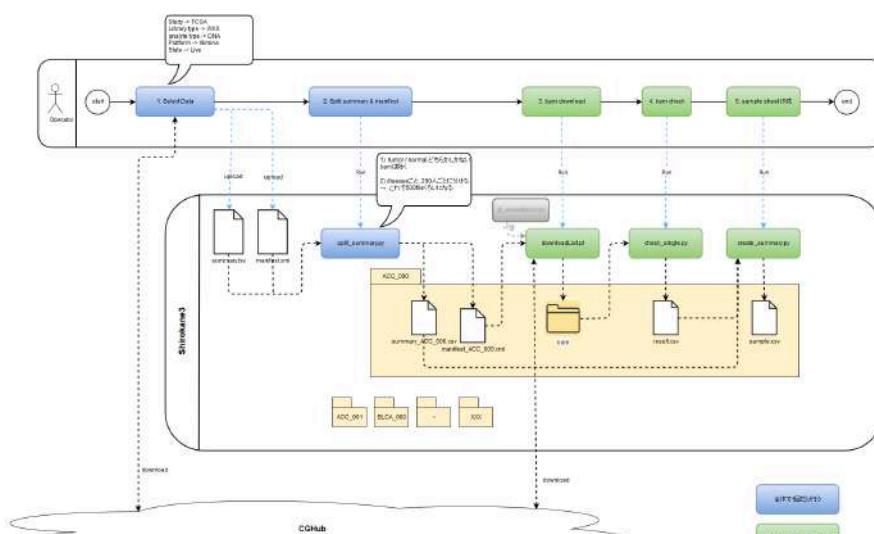


片岡圭亮
ライフサイエンス 新着論文レビュー
DOI: 10.7875/first.author.2016.050

23

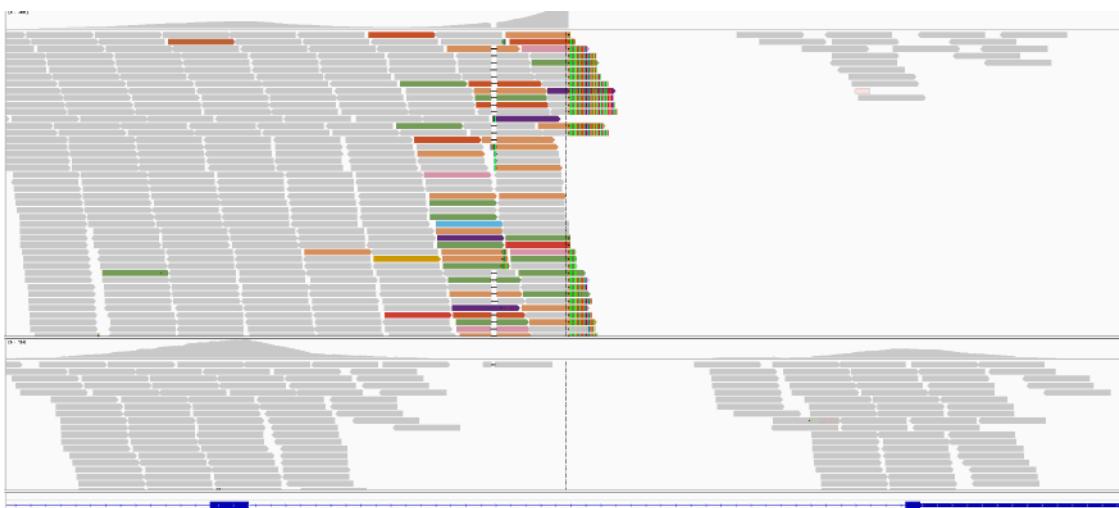
TCGAデータの大量解析

- 10,210検体のTCGA RNA-seqの解析(HGCスパコン)
- 以下をシームレスに実行するフレームワークの構築。
 - サンプルのダウンロード
 - 検体のチェック(サンプルのQC, シングルエンド? ペアエンド?)
 - サンプルシート作成
 - Genomon2 RNA(のvariant)での実行



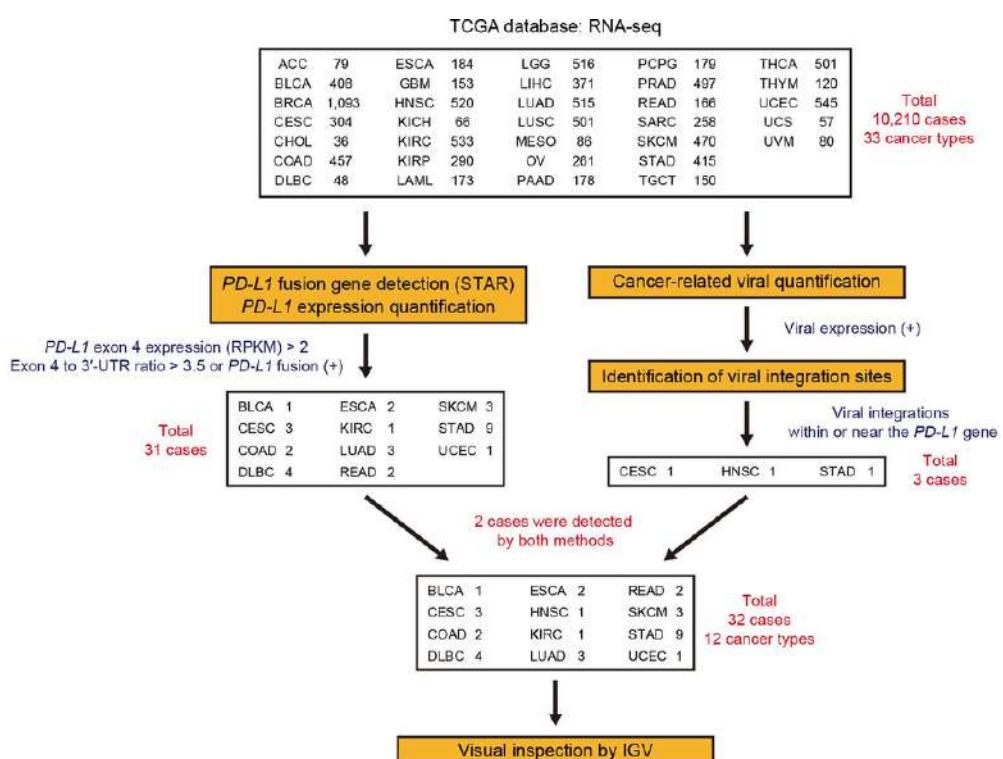
24

HPVウイルスの挿入



25

最終的に決定されたスクリーニング条件

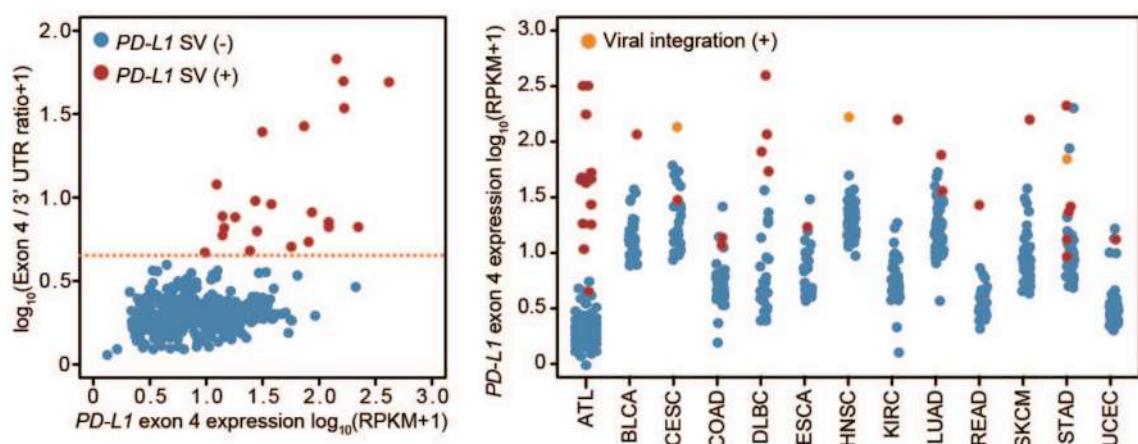


26

Kataoka Shiroishi Takada et al. Nature 2016

TCGAでのスクリーニング結果

a



Kataoka, Shiraishi, Takeda et al., Nature, 2016

- PD-L1の発現が極端に高い検体では、ほぼSVが見られる。
 - PD-L1の高発現のメカニズムにSVは重要であることが示唆される。
- 頻度
 - R細胞リンパ腫・8% 胃がん・2%

27

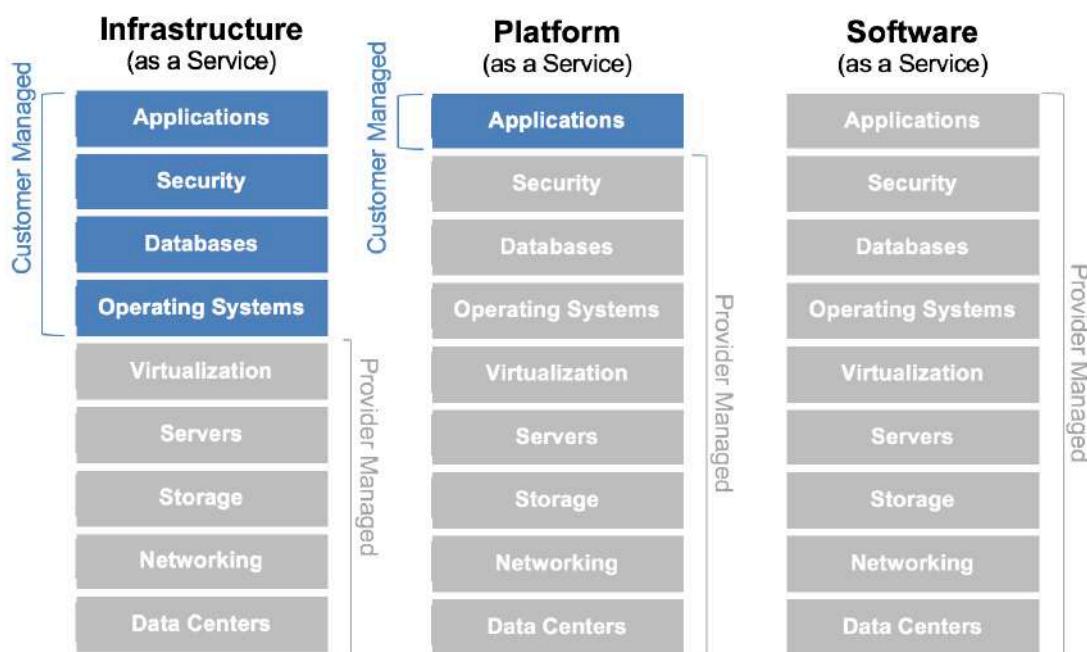
Short summary

- PD-L1の3' UTRのSVの大規模解析を通じて
 - 他のがん種でも、一定の割合で同様の現象が見られることがわかった。
 - Structural variationだけではなくウイルス挿入も重要な役割を果たすことがわかった。
- 多様ながんにおいて、PD-L1の3' UTRの異常が、抗PD-1抗体の効果についてのバイオマーカーになりうる！

28

がんゲノム研究におけるクラウド利用について

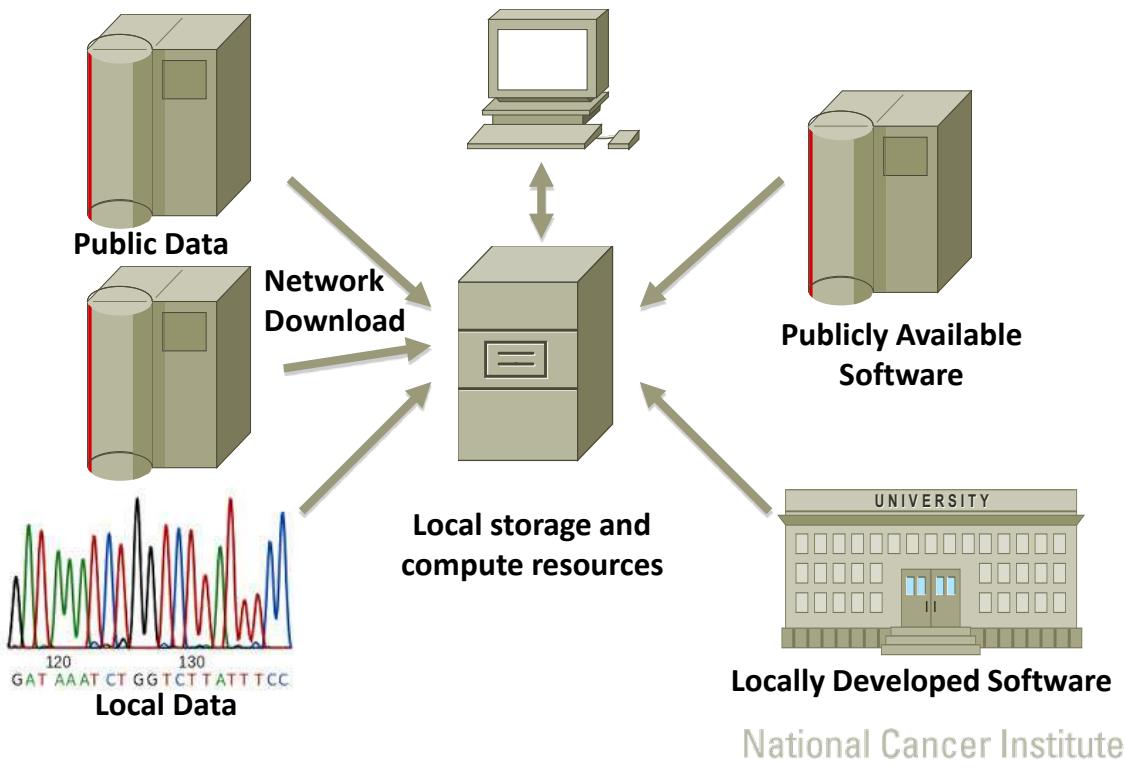
クラウドの分類



<https://mycloudblog7.wordpress.com>

- Amazon AWS
- Google Cloud
- Microsoft Azure
- HGCスパコン
- 遺伝研スパコン
- Seven Bridge Genomics

これまでのシークエンス解析モデル



31

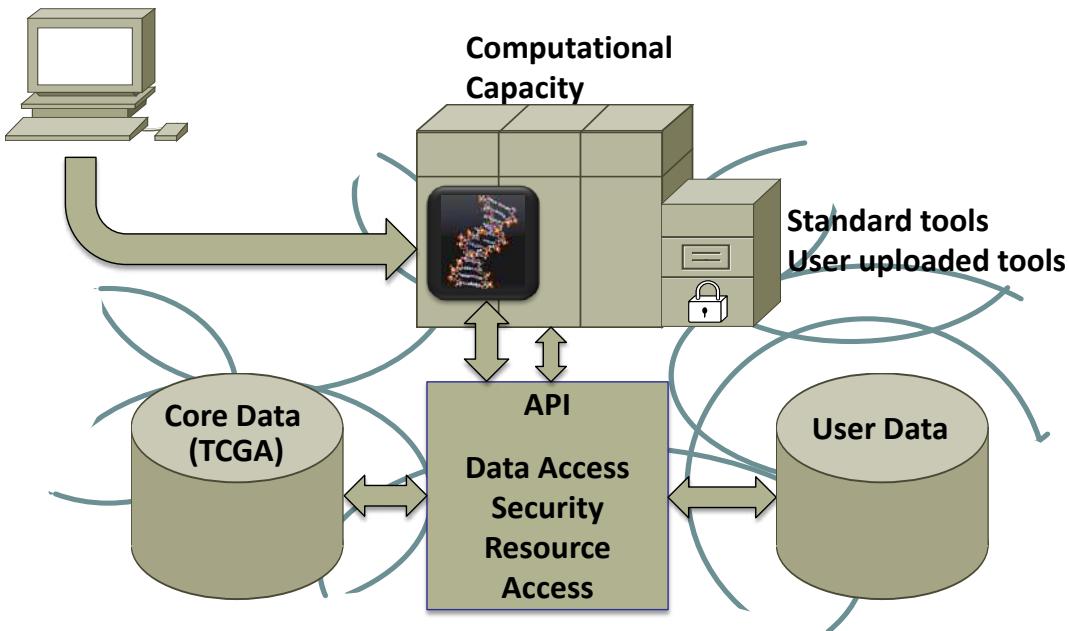
https://www.genome.gov/multimedia/slides/tcgav1/22_davidson.pdf

これまでの解析モデルの問題点

- 公共データの大規模解析
 - TCGAのデータが全部で2.5PB (2015, 5月時点)
 - RNA-seqのbamファイルだけで、約70TB
 - まずダウンロードが大変。。。
 - ミラーサイトの構築が技術的、倫理的に難しい。
 - それぞれの研究グループで、TCGAのデータの利用申請が必要(使い回しができない)。
 - TCGAとの交渉が必要？？
 - 規模の大きい研究室だけしか、大規模解析ができない。。。

32

クラウドを通じた解析モデル



データのダウンロードの必要がなくなり、誰もが大規模ゲノムデータにアクセス可能に！

National Cancer Institute

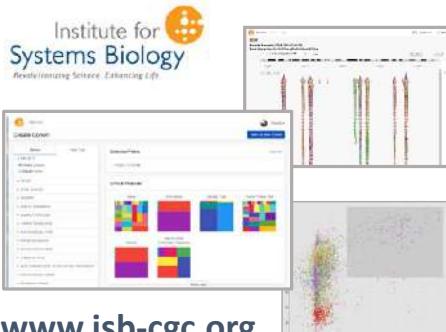
33

https://www.genome.gov/multimedia/slides/tcga4/23_davidsen.pdf

Democratize Cancer Genomics!

- NCI cloud pilot
 - 3つの研究機関でモデルケースの開発
 - 独占が生じないように。

Institute for Systems Biology



www.isb-cgc.org

Broad Institute



www.firecloud.org

Seven Bridges Genomics



www.cancergenomicscloud.org

34

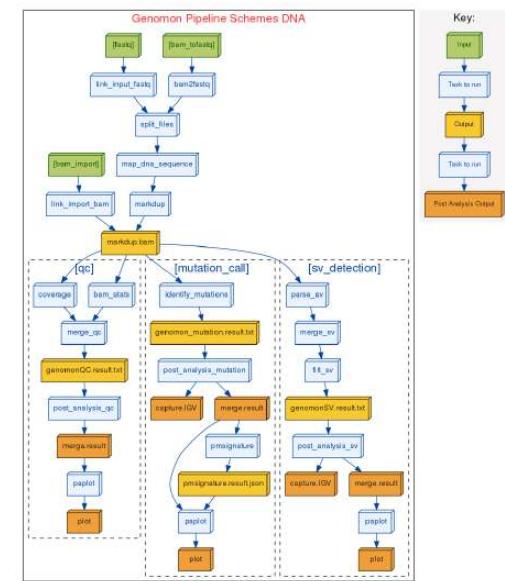
Genomonの依存パッケージ



- GenomonPipeline (2.5.3)
- GenomonSV (0.4.2rc)
- GenomonFisher (0.2.0)
- GenomonMutationFilter (0.2.1)
- EBFilter (0.2.1)
- GenomonPostAnalysis (1.4.0)
- GenomonQC (2.0.1)
- GenomonExpression (0.3.0)
- fusionfusion (0.3.0)
- paplot (0.5.5)
- sv_utils (0.4.0b2)
- annot_utils (0.1.0)
- fusion_utils (0.2.0)
- Python (2.7.10)
- Perl (5.14.4)
- R (3.3.1)
- bwa (0.7.8)
- blat (v34)
- samtools (1.2)
- Biobambam (0.0.191)
- PCAP-core (20150511)
- htllib (1.3)
- bedtools (2.24.0)

膨大な無の基本ライブラリ数

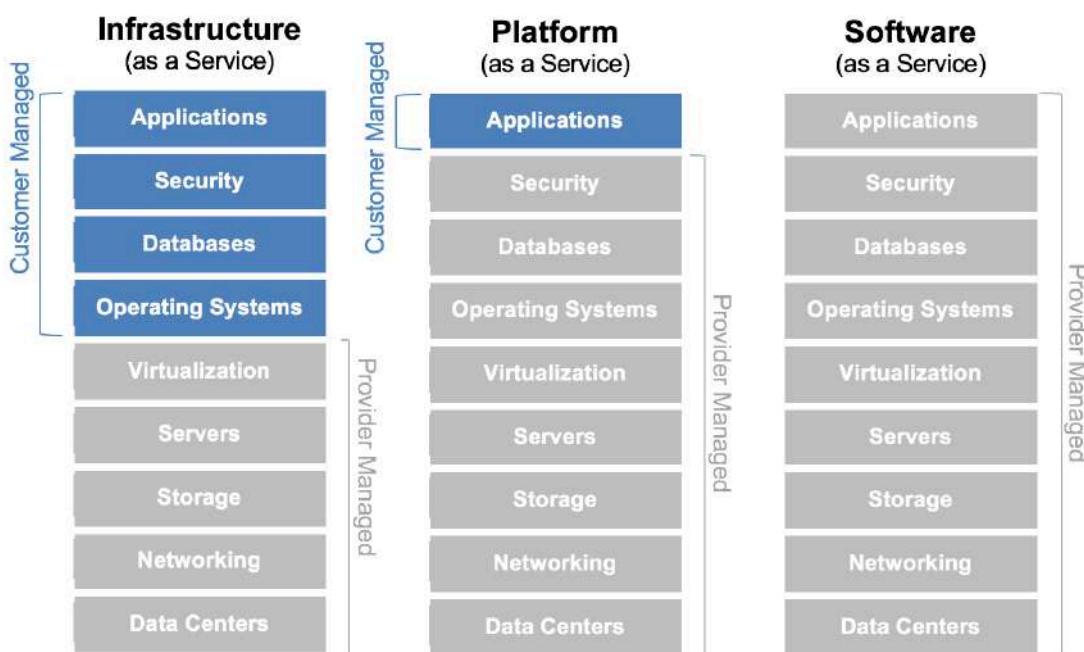
OS



移植にあたりこれらの設定を準備する必要あり！

35

クラウドの分類



<https://mycloudblog7.wordpress.com>

- Amazon AWS
- Google Cloud
- Microsoft Azure
- FUJITSU Cloud Service K5
- HGCスパコン
- 遺伝研スパコン
- Seven Bridge Genomics

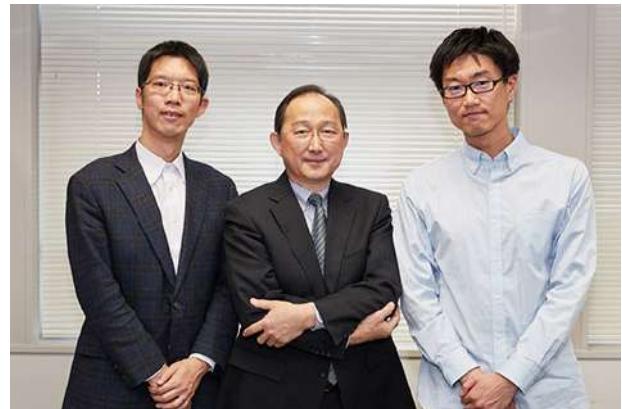
36

Microsoft AzureでGenomon2 RNAを実行 (2016年9月)

- 774検体の細胞株(Cancer Cell Line Encyclopedia (CCLE))のRNA-seqから融合遺伝子の検出を行った。
- STAR + fusionfusion (
<https://github.com/Genomon-Project/fusionfusion>)
- 一検体あたり230円 !!



Bv 千葉健一



<https://www.microsoft.com/ja-jp/casestudies/imsut.aspx>

37

Cloud genome analytical workflow



[ABOUT GLOBAL ALLIANCE](#) [WORKING GROUPS](#) [PRODUCTS & PROJECTS](#) [MEMBERSHIP](#) [NEWS & EVENTS](#) [CONTACT US](#)

Home → Working Groups → Our Work → Containers and Workflows

Working Groups

- Clinical Working Group
- Data Working Group
- Regulatory and Ethics Working Group
- Security Working Group
- Our Work**
- Accountability Policy
- Aging and Dementia
- Automatable Discovery and Access
- Benchmarking
- Clinical Cancer Genome

Containers and Workflows

Overview

The GA4GH containers and workflow group is focused on technologies and best practice methodologies for running portable and reproducible genomic analysis pipelines. This group coordinates efforts around the development of methodologies for running repeatable genomic workflows, as well as tools and APIs for discovering genomic analysis tools. Members of this working group include the developers from several workflow description efforts (such as CWL, <http://commonwl.org/>, and WDL) as well as developers and maintainers of genomic container repositories.

Related Working Groups

Data Working Group »

The Data Working Group concentrates on data representation, storage, and analysis of genomic data, including working with academic and industry leaders to develop approaches that facilitate interoperability.

GA4GH:
Containers and Workflows working group

[Sign Up](#) [Login](#)

Create, Share, Use

Search Docker Tools and Workflows for the Sciences:

Dockstore, developed by the [Cancer Genome Collaboratory](#), is an open platform for sharing Docker-based tools described with the Common Workflow Language used by the GA4GH.

[VIDEO OVERVIEW](#) [SIGN UP TO CONTRIBUTE](#) [NEWS AND EVENTS](#) [GET STARTED](#)

[Browse Tools](#) [Browse Workflows](#)

A tool is a docker container with an associated descriptor describing how to run it.

Dockstore: <https://dockstore.org>

Common Workflow Language

[stars: 507](#) [gitter](#) [join chat](#) [Support](#)

The Common Workflow Language (CWL) is a specification for describing analysis workflows and tools in a way that makes them portable and scalable across a variety of software and hardware environments, from workstations to cluster, cloud, and high performance computing (HPC) environments. CWL is designed to meet the needs of data-intensive science, such as Bioinformatics, Medical Imaging, Astronomy, Physics, and Chemistry.

OpenStand the modern standards organization

CWL is developed by an informal, multi-vendor working group consisting of organizations and individuals aiming to enable scientists to share data analysis workflows. The CWL project is on GitHub and we follow the OpenStand.org principles for collaborative open standards development.

CWL builds on technologies such as JSON-LD for data modeling and Docker for portable runtime environments.

Common Workflow Language:
<http://www.commonwl.org>

38

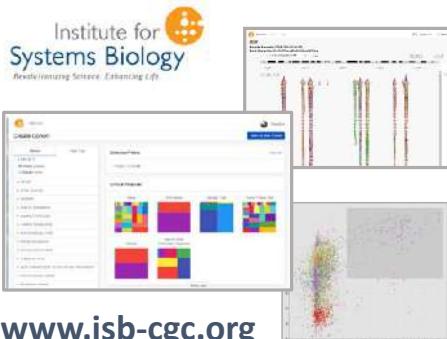
NCI cloud pilot

- Democratize Cancer Genomics!
 - 3つの研究機関でモデルケースの開発
 - 独占が生じないように。



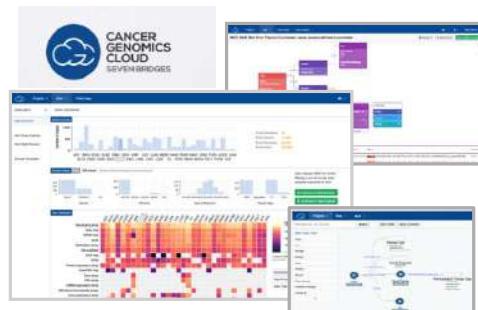
www.firecloud.org

Institute for Systems Biology



www.isb-cgc.org

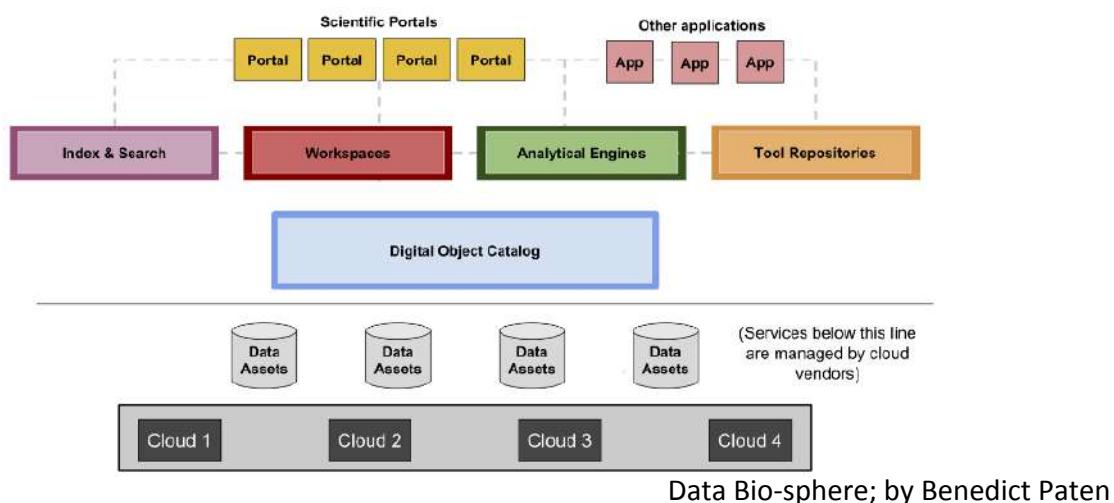
Seven Bridges Genomics



www.cancergenomicscloud.org

39

“bring the analysis to the data”

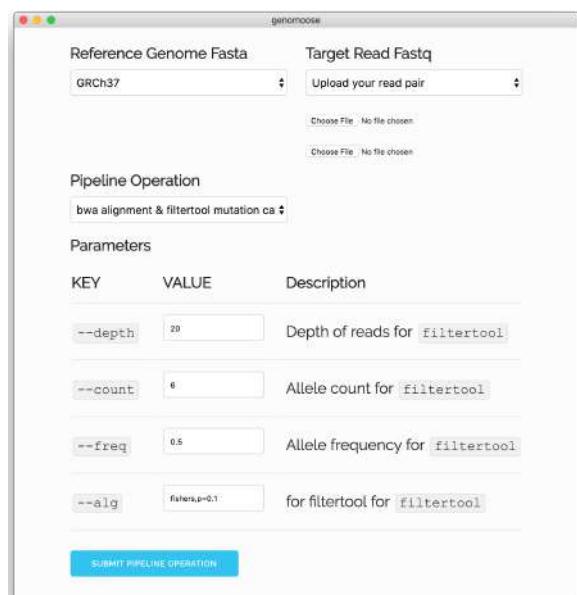


- 大量のシークエンスデータをダウンロードして解析することが不可能になりつつある。
- GA4GHでの議論において、データの提供者はデータを配置するだけではなく、解析するための「環境」を整備することが求められるとされている。
 - IaaS型クラウド環境であり、解析者が自前のワークフローを実行できること。
 - データのセキュリティを「安全」に保つこと。
 - データの利用者が容易に「課金」できるシステムを提供すること。

40

クラウドを使った 新しい解析アプリケーション (SeqPod)

- 新しいシークエンスデータ解析の提案
- 1. ソフトウェアを自分のローカル環境にダウンロード、インストール。
- 2. ソフトウェアを立ち上げる。
- 3. シークエンスデータをドラッグ&ドロップ。
- 4. バックエンドでAmazonクラウドの仮想マシンが立ち上がり、計算が始まる。
- 5. 計算が終わると、結果がメールで送られてくる。



41

Short summary

- シークエンスデータを備えたクラウド環境が整備されることで、誰もが大規模データにアクセス可能になる。
 - NCI cloud pilot
- ハードウェア、OSなども自由に指定可能となり、ソフトウェアのバージョン管理も容易になる。
 - 解析結果をreproducibleにすることが比較的容易に

42

クラウド利用の問題点など

Public IaaS型クラウドの問題点

- 倫理面の問題
 - 日本人のゲノムデータを外資系企業が運用するクラウドに配置して良いのか？
- 危機管理的な問題。
 - 経済制裁を受けるリスク？
- 法律的な問題
 - 欧州でも議論はあるよう。

Molnár-Gábor et al. *Genome Medicine* (2017) 9:58
DOI: 10.1186/s13073-017-0449-6

Genome Medicine

OPINION

Open Access



Computing patient data in the cloud:
practical and legal considerations for
genetics and genomics research in Europe
and internationally

Fruzsina Molnár-Gábor^{1*}, Rupert Lueck², Sergei Yakneen² and Jan O. Korbel²

Abstract

Biomedical research is becoming increasingly large-scale and international. Cloud computing enables the comprehensive integration of genomic and clinical data, and the global sharing and collaborative processing of these data within a flexibly scalable infrastructure. Clouds offer novel research opportunities in genomics, as they facilitate cohort studies to be carried out at unprecedented scale, and they enable computer processing with superior pace and throughput, allowing researchers to address questions that could not be addressed by studies using limited cohorts. A well-developed example of such research is the Pan-Cancer Analysis of Whole Genomes project, which involves the analysis of petabyte-scale genomic datasets from research centers in different locations or countries and different jurisdictions. Aside from the tremendous opportunities, there are also concerns regarding the utilization of clouds; these concerns pertain to perceived limitations in data security and protection, and the need for due consideration of the rights of patient donors and research participants. Furthermore, the increased outsourcing of information technology impedes the ability of researchers to act within the realm of existing local regulations owing to fundamental differences in the understanding of the right to data protection in various legal systems. In this Opinion article, we address the current opportunities and limitations of cloud computing and highlight the responsible use of federated and hybrid clouds that are set up between public and private partners as an adequate solution for genetics and genomics research in Europe, and under certain conditions between Europe and international partners. This approach could represent a sensible middle ground between fragmented individual solutions and a ‘one-size-fits-all’ approach.

doi: 10.1186/s13073-017-0449-6

Private Cloud

- Amazon AWSなどのIaaS型クラウドと同様のインフラを、オンプレミスの環境で配置したもの。
- 主要なOSSのprivate cloudのソフトウェア
 - Openstack
 - Apache Cloud Stack

45

海外の学術系private cloudの状況

Cancer Genome Collaboratory, Canada

The screenshot shows the homepage of the Cancer Genome Collaboratory. At the top, there's a navigation bar with links like 'Request an Account', 'Getting Started', 'Contact', 'Help and Billing', and 'Repository'. Below the header, there's a section titled 'Cloud Computing for BIG DATA Genomics' with a sub-section 'Collaboratory Data Repository: Donor Distribution by Primary Site'. A bar chart displays the distribution of 25 projects and 14 primary sites. Below the chart, it says 'The Collaboratory data consists of: Collaboratory_Teradata 1,569 datasets 48,452 files 547.44 TB FDC_Clinical 802 datasets 4,309 files 254.19 TB'.

Embassy cloud, Europe

The screenshot shows the homepage of the Embassy cloud. It features a large yellow banner with the text 'ANALYSE YOUR LIFE-SCIENCE DATA FASTER IN THE EMBL-EBI CLOUD'. Below the banner, there's a paragraph explaining that big data can be a goldmine for discovery but analysis can be a bottleneck without the right infrastructure. It mentions that Embassy Cloud provides a solution: private, secure, virtual-machine-based workspaces within the EMBL-EBI infrastructure where collaborators can make optimal use of their own customised workflows, applications and datasets.

Open Science Data Cloud, USA

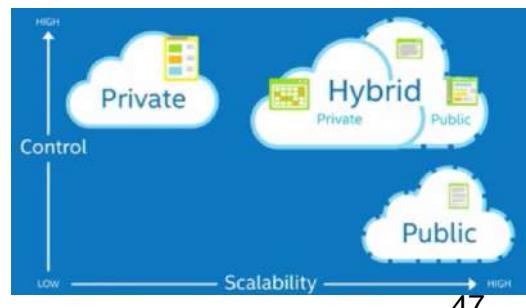
The screenshot shows the homepage of the Open Science Data Cloud (OSDC). The header includes links for 'LOGIN', 'APPLY', 'RESEARCH', 'CLOUDS', 'PUBLIC DATA', 'PIPE', 'HELP', and 'ABOUT'. The main title is 'OPEN SCIENCE DATA CLOUD' with the subtitle 'A Petabyte-scale Scientific Community Cloud'. Below that, it says 'The OSDC enables scientific researchers to easily manage, share, and analyze large datasets.' There are two buttons at the bottom: 'NEW USERS' and 'RETURNING USERS'.

Open Science Data Cloud, USA

The screenshot shows the homepage of EOSCplus. The header includes links for 'ABOUT', 'SCIENCE DEMOS', 'WHO BENEFITS', 'STAKEHOLDER FORUM', 'EVENTS', 'MEDIA', and 'NEWS'. The main visual is a map of Europe with various nodes connected by lines, representing the EOSC network. Overlaid on the map are several text boxes: 'TECHNICAL SOLUTIONS THAT MOST SCIENTISTS NEED', 'ADOPTING NEW, CLEAR COLLABORATIVE WAYS OF WORKING', 'DEPLOYING THE EOSC TO DELIVER OPEN SCIENCE', 'CULTURAL CHALLENGES', and 'SCIENTIFIC CHALLENGES'.

パブリック vs プライベート

- パブリッククラウドのメリット
 - 使い時に使いたいだけ利用が可能。
 - 場所を取らない。
 - コストが安い。
 - 運用をしなくて良い(ソフトウェアエンジニアがいれば良い)。
- プライベートクラウド
 - ポリシーに合わせたシステム構成、高度なセキュリティーが実現可能。
 - 倫理面の説明がしやすい。
- ハイブリッドクラウド
 - パブリッククラウドとプライベートクラウドのいいところ。



まとめ

- クラウドの活用は今後のゲノム研究において必須のものになる。
 - 「ゲノムデータ」、「解析ワークフロー」の円滑なシェアリングに不可欠。
- クラウド技術にもいくつかの分類がある。
 - 商用クラウド (Amazon AWS, Google Cloud Platform, Microsoft Azure)
 - プライベートクラウド (OpenStackなど)
 - データセンターに設置されているクラスターマシンもクラウドと呼ぶかも？
- クラウドの安全な利活用のために、技術だけではなく、倫理、法律、経済などあらゆる観点から議論が必要だろう。