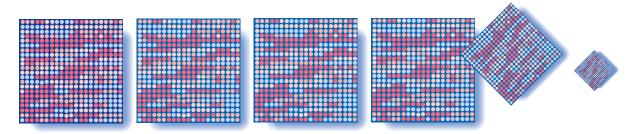


JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS



日本バイオインフォマティク(で)会ニュースレター 第6号

学会ホームページ http://www.jsbiorg/ Te l 0 3 5 7 9 3 4 4 3 1 Fax 0 3 5 7 9 3 4 4 3 2 E m a il: jm u@ jsb i.o rg

CONTENTS

巻 頭 言}······2	[ISCBからのメッセージ]・・・・・・7
研究会およびワーキンググループの活動報告]・・・・2	[ゲノム情報科学研究教育機構の紹介]・・・・・・8
・バイオシミュレーション研究会	
・アレイインフォマティクス研究会	国際会議レポート ・・・・・・・・・・・・9
旧本学術会議登録の報告]・・・・・・・・・・3	• ECCB 2 0 0 2 (European Conference on Computational Biology 2002)
[G W 2 0 0 2 レポート]・・・・・・・・・・・4	・韓国バイオインフォマティクス学会年会参加報告
・ GW2002 レポート	[学会議事録等]・・・・・・・・10
・ Oxford University Press Bioinformatics Prize 受賞ポスター	
・ The Best Paper Award 受賞論文	
・ GW2002 レポート	編集後記]・・・・・・・12

· GW2003のお知らせ

参頭 言

昨年の12月10日、私はストックホルムのコンサートホールで、シドニ ー・ブレナー博士がスウェーデンのグスタフ国王からノーベル賞を受 け取るのを見つめていた。プレナー博士は、1961年に、線虫という 多細胞生物を新たなターゲットとして研究プログラムを推し進めるこ とで、それまでの細菌や細胞を主体とした研究から、発生や生体シ ステムの研究へと分子生物学を発展させた原動力となった。線虫 を使うことで、内臓や神経系が完備しているが成体で約 1000細胞 というサイズから、網羅的な理解が可能であると考えたのである。そ の後、細胞系譜、神経回路、ゲノム配列などが次々に解明され、現 在の網羅的解析に基づくバイオロジーの先駆けとなったのである。 ある意味で、システムバイオロジーの礎を作られたともいえる。 2000 年に初めて開催された第一回システムバイオロジー国際会議 (ICSB 2000 に、バンケット・スピーカーとして参加していただいたこ ともある。ノーベル賞晩餐会における彼のスピーチも、ウイットにとん だ楽しいものであった。私は、シドニー・プレナーの夢は、システムバ イオロジーの研究の中で完成すると考えている。

ところで、2002年の ICSBは、ノーベル賞授賞式翌日からストックホルムにあるカロリンスカ研究所で開催され、非常な盛況であった。 特徴的なことは、実験と理論を密に融合した研究スタイルがより鮮明になっていることであった。生命のシステムとしての本質、ロバストネス、回路パターン、機能発現の原理などを探求する理論的追及 など、実験の裏付けを持ちながら進展しつつある研究が始まっており、もはや、単純なシミュレーションは、よほどのインパクトのある結果を提示しないと影が薄いという状況で、システムバイオロジーの目指す研究方向がより明確に現れてきた会議だったといえる。今年の会議は、1月にワシントン大学セントルイスで開催される。

国際的には、急速に認知され盛り上がり始めているシステムバイオロジーであるが、国内的には、研究者人口も多いとは言えず、今後何らかの対策が必要な状況になるのではないかと危惧している。システムバイオロジーの研究は、網羅的に定量測定をしていくビッグ・サイエンス的な研究と、それらのデータなどから理論的な発展を目指す探索的独創研究、さらには、創薬などに応用する研究と、幅が広い。バランスの取れた施策による学問分野の振興と、国内での質の高いフォーラム・学会などの形成が重要になると思われる。情報基盤・情報理論からの貢献が大きく期待されるところであり、日本バイオインフォマティクス学会が果たしつる役割は大きなものがあると考えている。是非、今後ともより積極的な活動を期待したい。

北野 宏明(ERATO 北野共生システムプロジェクト)



研究会およびワーキンググループの活動報告



バイオシミュレーション研究会

冨田 勝(慶應義塾大学先端生命科学研究所)

2002年9月1日から1日の、日間、慶應義塾大学鶴岡タウンキャンパス先端生命科学研究所にて、日米合同ワークショップ「有用微生物のシステム生物学」が開催されました。このワークショップは、日本バイオインフォマティクス学会のほか、米国エネルギー省・(財)バイオイングストリー協会・慶應義塾大学先端生命科学研究所の主催、

NEDOの後援で開催されたものです。米国研究者 11名を含む、国内外の21名の研究者がバクテリアのシステム生物学に関する口頭発表を行い、59の演題のポスター発表が行われました。

http://nedo-doe.jtbcom.co.jp/

関連会議報告

SGSM02

International Society for Computational Biology (ISCB)のSpecial Interest Group for Biological Simulation (SIGSM)の研究会は8月2日に ISM B2002のサテライトニーティングとして 2002年 月 :日にエドモントン(カナダ)で開催され、参加者 70名が活発な議論を行いました。 http://www.ismb02.org/workshops.htm

Workshop on Metabolome Analysis and Systems Biology

代謝物の網羅的解析(メタボローム)は細胞モデリングやバイオシュレーションに不可欠ですが、2002年12月1日にメタボロームに特化したワークショップが International Conference on Systems

Biology (ICSB02)のサテライミーティングとしてスウェーデンのストックホルムで開催されました。分析技術からデータ解析、モデリング理論からビジネスまで、様々な視点から参加者 66名が活発な議論を行いました。 http://metabolome.jtbcom.co.jp/

Future Plan

International E.coli Alliance (ECA)

大腸菌を丸ごとコンピュータ上にシミュレーションして再現する、という生物学の究極の目標達成に向けて、各国の主要な研究プロジェクトがお互いに協力しあい、国際コンソーシアムが設立されることになりました。2002年 1月 8日から 10日にかけてロンドン郊外にある

G laxo Sm ithK lineの研修施設に9カ国21人の大腸菌研究者とバ イオインフォマティクス研究者が集まり、この国際コンソーシアムのミッ ションや協力方法などを話し合いました。発起人となったのは、 Barry Wanner (米国、EMC2プロジェクト), Mike Ellison(カナダ、プロ ジェクトCyberCell) IgorGoryanin(英国、GlaxoSmith Kline E.coliWCMプロジェクト)、そして冨田勝(慶大、ECell E2coli プロジェクト)の4人。この他に会議には森浩禎奈良先端科学技術

大学院大・慶大教授をはじめ、ドイツ、フランス、デンマーク、メキシコ 、イスラエルの各国の大型プロジェクトのリーダー達が出席しました。

その第1回の国際会議「1st IECA Conference on Systems B io logy of E .co liuが、2003年 6月 2日~ 2日、慶應義塾大学鶴岡 タウンキャンパス先端生命科学研究所で開催することが決定しまし た。日本バイオインフォマティクス学会の共催となる予定です。

http://ieca2003.jtbcom.co.jp/

アレイインフォマティクス研究会

久原 哲(九州大学大学院農学研究院)

本年度はDNAチップ研究会としては、ゲノムフロンティア(代表 金久 實)との共催で国際ワークショップ「バイオインフォマティク スに基づくポストゲノム研究のフロンティア」Frontiers of Bioin form atics Based PostGenome Analysisを東京国際交流館

「プラザ平成」において平成 14年 10月 11、12日に開催した。外国か ら4件の招待講演、国内から8件の招待講演と同時に、36件のポス ター発表を行った。講演の内容は以下のとおりであった。

金久 實 基調講演 From data-driven biology to principle-driven biology

招待講演 Pat Langlay Revising Qualitative B io logical Models Using Gene Expression Data

招待講演 宮野 悟 In ferring, Modeling and Simulating Biopathways - A Strategy for Systems Biology

招待講演 久原 哲 酵母遺伝子発現ネットワーク解析 招待講演 谷口 寿章 プロテオミクスで細胞を解剖する

招待講演 伊藤 隆司 Exploring the yeast protein interactome

招待講演 Wolfgang R.Hess Experimental bioinformatics of marine cyanobacteria

招待講演 大森正之 Petit genomics of cAMP signal cascade in cyanobacteria

招待講演 JeffE Ihai Analysis of intergenic sequences in the cyanobacterium Nostoc by intergenic and intragenic comparisons.

招待講演 福澤 秀哉 ラン藻における網羅的遺伝子機能の解析系とCO2濃縮機構解明への利用

(System atic analysis of gene function in Cyanobacteria: Application to studies on CO2 concentrating mechanism)

招待講演 池内昌彦 Functional Genomics of Synechocystis: motility and photosynthesis

招待講演 D. Stephen Charnock Jones

The use of gene arrays to define the processes underlying endothelial cell apoptos is and rescue from apoptos is.

シグナル伝達系に関する知識の再構成 招待講演 高井貴子、福田賢一郎、高木 利久

このほかに36件のポスター発表があり、参加者は122人であっ た。内容としては、ポストゲノムシークエンシングを網羅するもので、

マイクロアレイを用いた転写解析を中心として、タンパク質相互作用 等の研究法と実際の応用が討議された。



○ 日本学術会議登録の報告



日本学術会議への登録がみとめられました

日本バイオインフォマティクス学会は、平成 11年 12月 13日に東京 恵比寿ガーデンプレースのガーデンルームに於いて設立総会が開 催され、新たに学会としてスタートしました。学会としては、その時点 で設立を表明したわけですが、日本学術会議に登録された正式の 学会ではありませんでした。しかし、その後の審査の結果、平成 14 年 9月 13日に日本学術会議に学会として正式に認められ、その会 員となることができました。日本学術会議の活動についてはホーム ページ http://www.scj.go.jp/をご覧になっていただければわかる とおり、科学研究費の分野の構成や審議員の推薦など特に大学 などの研究者にとってはとても重要なミッションをもっており、その会 議に学会として発言できるようになったわけです。バイオインフォマ ティクスについては、国の指導もあってかややトップダウンにいろい ろなことが決められていますが、この学術会議のポームアップに日本

の学術についての意見をまとめているところで、日本バイオインフォ マティクス学会の会員の考えがこの会議を通して、国などの政策に 反映できるようになったとお考えいただければと思います。

日本学術会議への登録申請は、3年に1度、9月ごろに行われて おり、様々の制約があります。その制約の大きなものとしては「設立 後3年以上活動をしていること」という規定があります。前回の登 録申請は平成 1年 (引にあり、今回の申請はその 3年後の平成 14 年に満たないため申請は認められないとのことでした。この機会を 逃すと、次回は平成 17年になり、学会事務局としては、なんとかこ の条件をクリアできないものかと考え、本学会の母体が平成2年に 金久實会長が始められたゲノム情報ワークショップであることを主張 すべく、12年間に亙る活動状況を詳細に説明する文書を作成し、 その根拠となる資料を積み重ねて提出しましたところ、「実質上の

活動が3年以上であること」が主張が認められ今回の認可となりま した。その他にも会員数、年会、出版など様々の制約がありますが 本学会はまったく問題がありませんでした。特に、会員数の増加傾 向は他の学会には見られないほど大きいとのことでした。

日本学術会議第19期学術研究団体登録は次のように行われ ました。今後の予定とともに以下に示しておきます。

(1)申請

平成 14年 5月 3日 金) 日本学術会議事務局にて登録申請 申請にあたって提出した書類はざっと以下の通り。

- a.設立趣意書·会則·細則
- b 学会としてのこれまで 過去三年間 の活動を記した書類等 Genome Informatics Series Vol.10-12
 - G W 99 G W 2000 G W 2001のプログラム
 - Call for Paper **査読制度を明らかにするため**)
- (但し、学会としての活動期間がH14.3の時点で3年未満で あったため、実質の活動がゲノムワークショップ事務局として 10年以上に及ぶ旨記した書面も併せて提出した。)
- 過去の総会の議事録

- c. 学会員、役員に関するもの
 - 平成 13年度に発行した会員名簿
 - 平成 14度の役員の職歴、研究歴、所属期間等を記した「役 員力一ド」
- d. 会計状況を明らかにするもの 年度ごとの収支決算報告及び収支簿
- e.登録申請カード

過去三年間の会員数及び性別、所在地、代表者、入会資 格活動期間、学術領域、領域:情報学、研究連絡委員会の 名称:情報学研究連絡委員会 を記入したもの。

(2)登録の通知

平成 14年 9月 13日、日本学術会議会員推薦管理会より、第 19 期学術研究団体に登録の通知が届く。

関連研究連絡委員会は、情報学関連研究連絡委員会である。

(3)今後の予定

平成 15年 3月 1日までに、日本学術会議第 19期会員候補者、 及び推薦人を一名ずつ届け出る。

幹事 宮野 悟 (東京大学医科学研究所)



GW 2002レポート 🔘



GW 2002レポート

中井 謙太(東京大学医科学研究所)

昨年度に続いてGWのレポートを書くようにとご指名を受けた。 昨年度はいわば参加者の一人としての立場だったが、今年度は R ichard H. Lath rop (UC Irvine)と共同でプログラム委員会の議 長を務めさせていただいたので、若干内部からの視点を加えて報 告したいと思う。

GW 2002 正式名称は The 13th International Conference on Genome Informatics)は2002年12月16-18日に東京の恵比寿 ガーデンプレイスで開催された。参加人数の増大により、来年から は会場を横浜に移すということなので、長らく日本のバイオインフォ マティクス関係者にとっての歳末の風物詩(昨年は有馬記念にた とえさせてもらった)だった、おしゃれな恵比寿の学会もこれで最後 になるらしい。少し寂しいが、ここはGWの順調な発展を素直に喜 ぶべきだろう。

今年度の参加者は700名で、うち海外からの参加者が70名と 過去最大の規模であった。企業関係者とそうでない参加者の割 合はおよそ1対1だったそうである。また、ポスター発表が174件、ソフ トウェアデモが 9件あり、ポスターは3階エリアにも大きく進出し、後述 の優秀ポスター選出にあたっていた人たち(筆者を含む)は皆うれ しい悲鳴をあげていた。投稿論文数も56本と記録的で、これを37 人のプログラム委員会で審査し、どの論文にも平均4人、最低でも3 人の査読者が割り振られた。彼らの査読レポートをもとにしたオンラ 个ノのプログラム会議の結果、23本の論文が口頭発表用に採択さ れた。このプログラム会議は、超多忙の委員を多く抱え、時差の問 題もあって、議長としてはなかなか頭の痛いものであるが、自画自 賛を許してもらえれば、まずまず公正な論文評価が行えたのではな いかと思う。Best Paper Award は、Kin, Tsuda, and Asaiの

'M erg inalized Kernels for RNA Sequence Data Analysis に与 えられたが、これも最初から評価が高く、その後の議論でもこれを推 薦する委員が多かった。

招待講演には、現在HUGO会長を務められている榊佳之教授 (東大医科研・理研)と、RECOM Bなどの国際会議で有名な Sorin Istrail博士(Celera Genomics)をお招きした。神教授の講 演は、いわゆるヒトゲノム計画における日本からの貢献の話題はも とより、機能解析・比較ゲノム解析・蛋白質間相互作用解析など、 榊研で展開されている多方面にわたる研究成果が盛りだくさんに 詰め込まれて圧巻であった。一方、Istrail博士の講演は、Eric Davidson (CIT) のところで永年行われてきたウニのプロモーター 解析結果の紹介に力点が置かれ、真核生物のプロモーターがい かに精妙な構造をしているかが紹介された。これらの研究における Istrai博士らの貢献がどのようなものであるのかがよくわからなかっ たきらいがあるが、今後の転写制御ネットワーク研究の方向性はよ くわかった。

ポスターとソフトデモについては、昨年に引き続き、Oxford University Press Bioin formatics Prize の選考が、JSB の役員と プログラム議長によって行われた。一つ残念だったことは、この賞 の対象になるには、実際の発表者が JSB の会員であることが求め られているが、多くの優秀なポスターがこの条件を満たしていなか ったことである。特に学生さんにもっと積極的に学会員になってもら えるような方策があればと思われた。Best Paper Awardと違って、 こちらの選考はすんなりとはいかなかった。一つには、賞の対象を 文字通り最優秀のポスターに与えるのか、若手研究者のオリジナリ ティーあふれる研究に励ましの意味をこめて与えるのかというよう

な、賞のあり方にまで議論がわたったからである。その結果、少なく とも今回はすでに世界的に知名度のある皿井明倫(理研)博士ら O "Target Prediction of Transcription Factors: Application of Structure Based Method to Yeast Genome さい こうポスターが選 出された。同博士らの永年の研究の一つの到達点であることが評 価された。

来るべきG W 2003は特別なイベントをはさんで、開催日がさらに 一日増える予定であるとうかがった。この長い歴史をもつ会議のま すますの発展を祈念したい。





榊佳之氏

Dr Sorin Istrail

Oxford University Press Bioinformatics Prize

受賞ポスター: "Target Prediction of Transcription Factors: Application of Structure Based Method to Yeast Genome",皿井明倫¹, M. M. Gromiha゚, S.Selvara, J. G. Siebers, Pon raj Prabakaran, and河野秀俊(理研・筑波研究所, 産総研・生命情報科学センター, 源研・関西研究)

皿井 明倫(理化学研究所)

多くの生物種において完全ゲノムが次々と明らかにされ、機能 解析へとすすみつつある。転写因子やそのターゲットの同定は重 要な機能解析の一つである。一方、これまでに多くの蛋白質・ DNA**複合体の構造が明らかにされているが、蛋白質による**DNA 配列の認識機構についてはまだよくわかっていないし、認識配列 を精度よく予測することもできていない。このことは構造情報がまだ 十分に利用されていないことを意味している。そこで我々は、構造 データを解析することにより、認識の特異性を定量化し、ターゲット 配列を予測する方法を開発している (12)。まず構造データの統計 解析から、アミノ酸と塩基の相互作用の統計ポテンシャルというも のを求める。このポテンシャルを用いて実際の蛋白質・DNA複合 体の相互作用エネルギーを計算する。次に、複合体中のDNA配 列を別の配列に置き換えて(th reading)配列と構造の適合度を 計算する。th read indまともと蛋白質のアミノ酸配列と構造の適 合度を計算し構造予測を行なうために考え出されたものであるが、 ここでは、DNA配列を th read ingすることにより複合体構造に対す るDNA配列の適合度を計算する。実際のゲノム配列を th reading すれば、転写因子のターゲット予測が可能となる。また、複合体中 のアミノ酸配列を th readingすれば、転写因子のデザインにつなが る。さらに、ランダムな DNA配列と比較することにより、複合体に対 する特異性スコア(Zscore)を計算できる。特異性の定量化によっ て、結合における協同性など、構造と特異性の関係を定量的に解 析することができる。

一方、転写因子は、塩基と直接相互作用して配列を認識するメ カニズム以外に、曲がったDNAなど特異な構造からターゲットを間

接的に認識するメカニズムもある。この場合には、複合体中の DNA配列とDNA構造の適合性を調べるという問題になる。そこ で、間接認識についても、複合体克・造を統計的に解析することに よりDNAの構造パラメータについての経験ポテンシャルを求め、特 異性を定量化した。両者の統計ポテンシャルを組み合わせることに より、全体の特異性が上昇することも確かめられた。そこで、両者の 統計ポテンシャルを組み合わせて、実際のゲノム配列上での転写 因子の結合配列を予測することを試みた。MAT 2/MCM 1は、酵 母のmating typeを決定するのに重要な転写因子であるが、複合 体の構造がわかっており、ターゲット遺伝子に関する実験的な解析 もすすめられているので、これについて予測を行なった。ターゲット 候補をZ-scordこよってランク付けしたところ、実験的にわかってい るターゲットとそうでないものがうまく分離できた。

この構造情報に基づく予測法はまだ改良すべき点が多くあるが 、他の配列情報を用いる方法などと相補的に用いれば、精度良いタ ーゲット予測が行なえるようになるであろう。現在蓄積している膨大 な配列・構造情報を用いて、多くの機能未知の遺伝子産物の3次 元構造が予測できるようになっている。転写因子の構造が予測でき ればさらにそのターゲット遺伝子を予測することが可能である。つまり 、この方法の利点は、新たな実験をすることなく転写因子のターゲッ トを予測することができることにある。現在、構造ゲノムプロジェクトが 各国ですすめられており、ここで述べたような構造から機能を予測 する方法の開発は今後ますます重要になるであろう。

- (1) H. Kono and A. Sarai Proteins 35, 114 (1999).
- (2) S. Se Waraj, H. Kono and A. Sarai J. Mol. Biol., 322, 907 (2002).

The Best Paper Award

受賞論文: 'M arg inalized Kernels for RNA Sequence DataAnalysis",Taish in K in ,Ko jiTsuda,K iyosh iAsai

BestPaperAward受賞に関して -

金 大心(産業技術総合研究所生命情報科学研究センター)

最初に、私と津田宏治、浅井潔による研究 "Marginalized Kernels for RNA Sequence Analysisが昨年GW 2002において 高い評価をいただき、関係諸氏に感謝したい。

DNA配列やタンパク質配列を相互に比較して、互いに共通す る部分配列を調べることを相同性検索とよぶ。相同性検索といえ ば、BLASTや FASTAといった手法がよく用いられるが、これらの手 法では、比較する二つの配列で対応する塩基やアミノ酸の類似度 が最大になるような比較が行えない。このような方法は、生物配列 の比較において必ずしも適切とはいえない。 例えば、タンパク質配 列を比較する際には、アミノ酸の一致よりも、むしろタンパク質の機 能を決定する上で重要な、タンパク質の高次構造を考慮した配列 比較が望ましい場合が多い。しかしほとんどの場合、比較したい配



列について高次構造がわかっている場合は少ない。そこで、配列から予測できるあらゆる高次構造を考慮しながら配列を比較するためのフレームワークを前回提案した¹)。

本研究²)は、前回提案したアイデア を発展させ、配列上の遠距離相互作 用を考慮しながら、配列類似度を比較

する手法を提案するものである。配列上の遠距離相互作用として 一本鎖 RNAの例を挙げると、この一本鎖 RNAでは、配列上の互い に相補的な領域どうしが対合し、ステムとよばれる熱力学的に安定 した構造を形成しており、このステム構造が転移 RNAやリボソーム RNAの二次構造形成を担っている。このような構造をRNA配列か ら予測するには、確率文脈自由文法 (SCFG が適している。図 は RNA配列の構造情報がSCFG内部でどのように扱われるかを模 式的に示している。我々の提案したMarginalized Kerneという手 法を用いると、SCFG内部のパラメーターを活用することによって、 任意長の配列を、構造情報を含む一定長のベクトルに落とし込 むことができる。このベクトル化によって、主成分分析やサポート ベクターマシン等の多変量解析手法を導入することが可能となる 。本研究の意義は、SCFGについてMarginalized Kerneを定 義したことで、従来には無い新しい配列比較の手法を可能とした 点にある。図 2では、ヒト転移 RNA74本を用いたカーネル主成分 分析の結果を示した。3つのグループがほぼ完全に分離されて いる点に注意されたい。

RNA配列の2次構造を完全にとらえるには、対象となるRNA配列に特異的で精緻なSCFGの設計が必要であると考えるのが通例である。しかし、2次構造があらかじめどのようなものかわからない場合、SCFCを設計することはできない。Marginalized Kemeによれば、確率モデルの設計とカーネルの設計とは分離して考えることができ、カーネルの設計が確率モデルを規定することはない。このことは、特異性の無い一般的なSCFGを用いたとしても、カーネ

ルの設計によって、緻密な特徴量を抽出するという、新しいアプローチを示唆している。生物配列をカーネル空間に持ち込むことで、 従来の配列解析では用いることが難しかった様々な手法が使える ようになるが、そのようなアプローチについての研究はまだ始まった ばかりである。

最後に、隠れマルコフモデルでは取り扱えない複雑な構造を持っ配列についても取り扱うことが可能なSCFGと、カーネルとの組み合わせを骨子とする本研究の適応範囲を広めるため、今後とも努力していきたい。

図1 RNA配列への構造 情報ラベルを対応させる

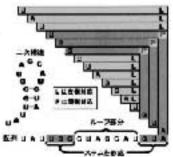
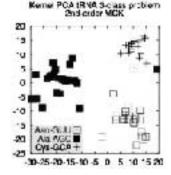


図2 ビト転移 RNA3種の カーネル主成分分析



参考文献

- 1) K. Tsuda, T. K in and K. Asai: "M arg inalized Kernels for B io bg ical Sequences", B io in form atics, Vol. 18, Suppl. 1, S268 275, (2002).
- 2) T.K in, K. Tsuda and K. Asai: "M arg inalized Kernels for RNA Sequence Data Analysis", Genome Informatics 13:112422 (2002).

GW2002 Report

Michiel Jan Laurens de Hoon (Human Genome Center, University of Tokyo)

This December, the annual Genome Informatics Workshop was held at the Yeb isu Garden Place in Tokyo. Since its inception in 1990, GW has progressed from a largely national conference to one of the main international conferences in the Pacific region, usually with one Japanese and one foreign program committee co-chair. Almost 40% of the accepted papers were submitted by foreign participants of GW.

At an acceptance rate of slightly more than 40% in 2002, GW has become increasingly competitive in recent years. In addition to the papers, more than 170 scientific posters were presented, as well as eight software demonstrations. As always, GW was exceptionally well organized.

The Genome InformaticsW orkshop featured Yosh iyuk i Sakak i of the University of Tokyo/R IKEN Genomic Sciences Center and Sorin Istrail of Celera Genomics as keynote speakers. As a member of the International Human Genome Sequencing Consortium, the R IKEN Genomic Sciences Center contributed to the draft sequence of the human genome. Currently, Yosh iyuk i Sakak i's group is focused on comparitive genomics between the human and the yeast, fruit fly, and mouse genomes. What struck me as particularly interesting was the comparison of the human and chimpanzee genomes in order to identify genotypes that form the basis for human intelligence and language skills.

Sor in Istrail's keynote address was especially of interest as it described an example of systems biology. Sor in Istrail presented a mathematical analysis of the work done by Eric Davidson at the California Institute of Technology on cis-regulation in the sea urchin. Davidson and collaborators focused on the Endo16 gene, inferring its gene regulatory network with unprecedented accuracy.

The nextGW will be held at the Pacifico Yokohama in December of 2003. As the number of participants has been increasing each year, GW will be extended to a four-day conference.

GW 2003 のお知らせ

来年度のGW及び、日本バイオ个ノフォマティクス学会年会は、場所を横浜に移して開催することとなりました。詳細は以下の通りです。

G IV 2003 (The 14th International Conference on Genome Informatics)

平成 15年度日本バイオインフォマティクス学会年会・総会

期 間: 2003年12月15日月~17日伙)

場 所:パシフィコ横浜(横浜みなとみらい)

事務局:東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター DNA情報解析分野内

E-mail: giv@ ims.u-tokyo.ac.ip http://giv.ims.u-tokyo.ac.ip/

Tel: 03-5449-5615 /Fax: 03-5449-5442 〒108-8639 港区白金台 4-6-1

SCBからのメッセージ (

Message from SCB

MichaelGrbskov (President, InternationalSociety forComputationalBibbgy)

Computational biology-the unique mix of biology at different scales and computer science-has come of age in recent years, earning status as a scientific discipline in its own right. The development of the field and the high demand for qualified professionals have given rise to the International Society for Computational Biology, an organization dedicated to the advancement of scientific understanding of living systems through computation.

Since its founding in 1997, the ISCB has grown to over 1700 members, with a gain of 23 percent in the past year, and boks to sustain strong membership growth in the near future. Bioinformatics, the official journal of the Society, has moved from 12 to 18 issues per year and the scientific impact factor continues to rise. The ISCB's annual meeting, Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB) will be held in Brisbane, Australia, this year, and promises to be the best yet. A Iready we have received a record number of paper and tutorial submissions, an indication that this year's program will be very high in quality.

The ISCB stands to benefit greatly from becoming as wide-ranging as possible to further our mission to support an increased understanding of computational biology through communication and meetings. Toward that end, last year the ISCB established an in termational Affiliated Regional Groups program that includes 13 affiliates in 10 countries over 4 continents, with more groups set to pin in the next few months. An excellent example of the value of international collaborations is the interaction between the ISCB and the JSB i.which shares common goals with us.

Current ISCB Vice President Anna Tramontano of the University of Rome "La Sapienza" has been a particularly strong supporter of the Affiliated Regional Groups program. She recommended that affiliates be invited to submit nominees from within their membership for ISCB Board of Director seats. Another initiative advocated by Tramontano was to allow the Affiliated Regional Groups to apply for conference support from the ISCB. Although our finances are primarily tied to matters directly involved with our Society and its membership, the ISCB has earmarked limited funds toward external conference support, and that includes our affiliates.

ISCB Affiliated Regional Groups benefit from the following:

- * C ross-v is ib ility with in one another sweb pages, conferences, journals, and bulletins
- * A ffiliated Regional Groups may request access to facilities at ISM B-the ISCB's official conference-for regional meetings
- * Appointment of an ISCB Board member as affiliate Point of Contact to consider regional matters relevant to the ISCB
- * Solicitation for nominations to the ISCB's Board from Affiliated Regional Groups through the Society's regional Point of Contacts
- * Eligibility for support of regional activities: Travel funds for a recognized scientist in the field to lecture at a regional meeting or workshop; travel fellowships for scientists from the region to travel to ISMB.

Looking forward, the ISCB faces both challenges and opportunities. With our growth has come increasing recognition; on the part of policy makers, who have requested our input on funding issues; on the part of universities who are considering founding bioin formatics or computational biology training programs; and on the part of scientists, searching for help in advancing science in their region and specialty. We also face great challenges in building a truly international society one that brings together scientists from around the world. Establishing stronger ties between the ISCB and JSB is an important step in building amore representative international ISCB and we look forward to closer interactions.

🤍 ゲノム情報科学研究教育機構の紹介 🔘



金久 實(京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター)

文部科学省の科学技術振興調整費により、昨年度に発足した4 つのバイオインフォマティクス人材養成プログラム(学会ニュースレター 第5号参照)に続き、京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセ ンターと東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センターは、「ゲノム情 報科学研究教育機構」となづけた5番目の人材養成プログラムを開始 した。京大に「ゲノム个ノフォマティクス」人材養成ユニット(担当教授・藤 博幸 を、東大に「バイオスタティスティクス」人材養成ユニット(担当教授 ・堀本勝久を設置し、両センターの既存の研究領域・分野と共同で、 以下のプログラムを実施している。(1日本バイオインフォマティクス学 会が策定した新しい教育カリキュラムを用いた大学院教育、および 一部の学部教育、(2)大学院生とポストナクトラルフェローに対する先 端的な研究指導、(3)民間や公的機関からの受託研究員に対する 短期間の研修、(4)一般を対象とした啓蒙的な講義や技術指導。

本プログラムの目玉は何と言っても、両センターの教官を中心に約 25名の豪華な講師陣による講義である。日本バイオインフォマティク ス学会が策定した教育カリキュラム(学会ニュースレター第4号参照)に は、バイオインフォマティクスの学問体系を確立していくため、情報科 学の実用面を重視するだけでなく、情報科学の基礎的な側面や数 学とのつながり、また物理学や化学とのつながりを明らかにしていく という基本理念がある。非常に幅広い内容になっているので、これ を実際に講義できるのか、学生もついてこられるのかといった心配も あったが、半年近く実践してみて、その心配は無用であった。毎週

火曜日と金曜日の午後4時半から6時まで、遠隔講義システムで結ば れた京大と東大の講義室は、単位をもらうためにではなく、本当にバ イオインフォマティクスを学ぶために、多くの学生や研究者が集まって 熱気にあふれている。

この講義は、京都大学大学院理学研究科生物科学専攻(金久 研究室 \ 同情報学研究科知能情報学専攻(阿久津研究室) 東京 大学大学院情報理工学系研究科コンピュータ科学専攻(宮野研究 室)に所属する大学院生が正規の受講生であるが、それ以外でも登 録すれば(簡単な審査の後)聴講生として受講することができる。講 義スケジュール他、詳しいことはゲノム情報科学研究教育機構のホ ームページ http://www.bic.kyoto-u.ac.ip/egis/をご覧いただきたい。 平成 15年度からは講義の一部をW ebで配信し、いつどこからでも受 講できるようにしていく予定である。また、所定の単位を取得した者 に対しては、日本バイオインフォマティクス学会から認定証を出してい ただくよう準備中である。

平成 15年度からのもう1つの試みとして、本プログラムは米国ボス トン大学バイオインフォマティクスプログラムとの交換留学制度を開始 する。京都大学の大学院生に海外でのインターンシップを経験させ、 またポストン大学の大学院生には日本でのインターンシップを経験さ せ、国際的視野をもった研究者として育成する。このような海外との 交換留学制度を、さらに多くの大学と協力して拡大していきたいと 考えている。

🔘 バイオインフォマティクス春の学校の案内 🧶

藤 博幸(京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター)

現在、文部科学省の科学技術振興調整費により、5つのバイオ インフォマティクス人材養成コースが開設され、教育が行われていま す。しかし、バイオインフォマティクスに興味はあるけど、どんな分野な のか、何の役にたつのか、どこでどんな研究が行われているのか、何 をどのように勉強したらよいのか、そんな疑問をもっている学生もまだ 多いのではないかと思います。今回、このような学生の疑問に答え、 多くの学生にこの分野に興味を持ってもらうため、5つの人材養成コ ースの共催で「バイオインフォマティクス春の学校」を開校します。「春の 学校」では、バイオインフォマティクスの基礎から最新の知見までを、 最前線で活躍されている研究者の方々に講義とコンピュータを使っ た実習をしてもらいます。対象は学部3、4年生から修士の学生を想 定していますが、それ以外の方も受講できます。福岡、東京、大阪の 3ケ所で開催しますので、お近くの会場においでください。各会場と も定員 100人までとさせていただきますので、事前に参加登録をお願 いします。参加費は無料です。「春の学校」についてのウェップ上の 案内は http://www.genomead.jp/Japanese/gakkohtmlにあり、そこか ら参加申し込みができます。

(福岡会場) 日 時:3月19~20日(水、木)

場 所:九州大学留学生会館

(東京会場) 日 時:3月24~25日(月、火)

場 所:東京国際フォーラム

(大阪会場) 日 時:3月27~28日(木、金)

場 所:千里ライフサイエンスセンタービル

問合せ先:京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンタ -藤研究室

> Tel: 0774-38-3092 Fax: 0774-38-3059 E mail: ich hara@ ku icr.kyo to-u ac.jp

主 催:ゲノム情報科学研究教育機構(京大・東大)

東京大学理学部生物情報科学学部教育特別プログラム 奈良先端大蛋白質機能予測学人材養成ユニット

産総研生命情報科学人材養成コース

慶応大システム生物学者育成プログラム

後 援:日本バイオインフォマティクス学会

・プログラム(各会場とも共通)

1日目

10:00 - 10:05 開校のあいさつ 小笠原直毅(奈良先端)

10.05 - 11.20	ゲノム生物学入門 小笠原直毅(奈良先端)	10:00 - 11:00	ゲノム機能解析 油谷幸代(九大)
11 20 - 11 30	休憩	11:00 - 11:30	実習
11 30 - 12 30	配列情報解析 大安裕美(京大)	11:30 - 12:30	パスウェイ解析とシミュレーション 五斗 進(京大)
1230 - 1330	昼食	12:30 - 13:30	昼食
13:30 - 14:00	実習	13:30 - 14:00	実習
14.00 - 15.00	ゲノム進化学 渡辺日出海(奈良先端)	14:00 - 16:50	ゲノム研究最前線 金久 實(京大)
15:00 - 15:30	実習		高木利久(東大)小笠原直毅(奈良先端大)
15:30 - 16:30	構造生物学 川端 猛(奈良先端)		久原哲(九大)秋山 泰(産総研)
16:30 - 17:00	実習		榊原康文(慶応大)
2日目		16:50 - 17:00	終了のあいさつ 藤 博幸(京大)

◯ 国際会議レポート ◯

ECCB2002 (European Conference on Computational Biology 2002)参加報告

有田 正規(産業技術総合研究所生命情報科学研究センター)

互いに競い合いつつも反米というベースラインで一致するヨーロ שעל, European Conference on Computational Biology (ECCB) という学会はまさにそんな雰囲気を漂わせる。根底に見え隠れする のは、ISM Bと双璧をなす国際会議をヨーロッパ主体で作ろうとい う思惑だ。まず、プロシーディングズは雑誌バイオインフォマティクスの 増刊号にした。スポンサーにはヨーロッパのベンチャー企業が名を 連ね、招待講演も充実させた。会場内には300人以上の参加者が 居たように思う。 ISM Bには及ばずとも、規模や内容から見てナン バー2の国際会議に仕上がったことは確かである。

伝統を重んじるヨーロッパでこれだけの会議を成功させるのは難 しかっただろう。全く新しい会議を立ち上げても普通は人がなかな か集まらない。そこで考えたのが、これまで各国が独自に開いてきた 会議と共催にするという発想だ。第一回と銘うつものの、ドイソのザ ールブリュッケンで開催された 2002 年会議の実体は 1985年から続 くGerman Conference on Bioinformatics (GCB), 2003年は場 所をパリに移し、JOB Mと呼ばれるフランスの学会と共催になる。 2003年度にGCBが企画されていないことから察するに、こうして地 方学会を一つ一つまとめ上げてゆく計画なのだろう。

一回の参加で会議の質を推し量るのは難しいが、以前のGCB

に比べだいぶレベルが上がったように思う。新しい手法の提案が 少ない点では ISM Bに劣るが、ヨーロッパの動きを概観できる充実 した内容であった。(中身はhttp://www.eccb2002.de/を参照して 欲しい。)内容の傾向は雑誌バイオベンチャーに書いてしまったの でそちらも参照してほしいが、一つ挙げるならば、Tim Hubbard(サンガーセンター)の「遺伝子特許を国際的な圧力でちゃらにしよ う」という招待講演が非常に面白かった。反米潮流の一端ととれ なくもないが、僕自身、配列や機能推定だけで権利を認めるよう なバイオ特許は(発明者の権利を守るために作られた)特許法 の精神にもそぐわない気がしている。一招待講演で終わって欲 しくない内容であった。

ECCBの評価は今年のフランス開催で分かれるのではないだろ うか。ドイソでの開催計画は綿密に検討されたに違いなく、会場の オーガナイズも非常によく仕上がっていた。(会議の最後に現地オ ーガナイザが演壇に上が入会場から拍手が起こった。しかしフラン ス会議の内容はいまだに宣伝もされず、その詳細もセンスが良いと はいえないウェブサイトでしかわからない。これは憂慮すべき傾向だ ろう。ドイツとフランスの違いといえばそれまでだが、そういうお国柄 の差を吸収してお釣りのくる会議に育って欲しい。

韓国バイオインフォマティクス学会年会参加報告

阿久津 達也(京都大学化学研究所)

韓国バイオインフォマティクス学会の年会 (2002 Korean Society for B io in form atics Annual Meeting に参加したので報告する。韓 国のバイオインフォマティクス学会は数年前より設立され、研究会な どは何度も行われてきたそうであるが、年会として開催されたのは今 回が最初とのことである。なお、韓国バイオインフォマティクス学会の 会員数は千人以上とのことである。ちなみに、昨年11月の時点で日 本バイオクンフォマティクス学会の会員数が700名程度だそうである。 年会当時の会長はSam M yo K in教授 (Kyungpook National Univ.) で、現在は、Hong Gil Nam教授 (Pohang Univ. of Science and Techno bgy が会長だそうである。

この年会は2002年11月1日より1日まで、釜山のリゾート地にある 海雲台グランドホテルで開催された。年会への参加人数はわからな いが、300から400人程度ではないかと思われる。16日は昼過ぎには 閉会となったため、実質的には、日半の会議ではあったが、初日はレ セプションパーティー後も午後9時まで講演が行われるというように非 常に密度の高い会議であった。招待講演、口頭発表およびポスター 発表などで構成される点はGWと似ているが、発表や論文などに英 語を用いなくても良いところはGWとは異なる。

外国からの招待講演者は筆者を含め5名であった。Keynote講 演を行ったのは、当時 ISCBの会長であったUC San D iegoの Philip Bourne教授である。他の招待講演者は、台湾からのChen Yan Kac教授 (National Central Univ、台湾バイオインフォマティクス学会会長 とUeng Cheng Yang 試m (National Yang Ming Univ.)、オーストラリアからのRohan Teasdak博士 (Univ. Queens land)であった。なお、筆者は日本バイオインフォマティクス学会の評議員であることから、学会の交流のために出席する運びとなった。

外国からの招待講演以外の口頭発表としては、韓国人研究者による数件の特別講演と30件程度の一般講演が行われた(二日目は二部屋に分かれて講演が行われた)。韓国語で行われた講演が多かったこともあり詳細は理解できなかったが、多岐に渡る内容

の発表があり、韓国でもバイオインフォマティクスに関して幅広い研究が行われているとの印象を受けた。比率はわからなかったが、情報系、生物系の両方の研究者が参加しており、なかなか良好な関係を築いているようであった。また、日本人の参加者はおそらく私だけであったが、日本に留学している二名の韓国人学生も年会に参加していた。

今回の参加によりアジア地区でもバイオインフォマティクス研究が 着実に発展しつつあることを実感した。今回の会議をきっかけに、ア ジア地区における研究者の交流をより深めるための方策が検討され つつある。今後の進展に期待したい。

学会議事録等 🔵

日本バイオインフォマティクス学会第10回幹事会議事録

日 時: 平成 14年 12月 17日(火) 12:00 -13:20 場 所: 東京、恵比寿ガーデンプレイス、ザ・ガーデンホール3階会議室 楽屋側) 出席者: 金久(会長)、宮野、阿久津、矢田、諏訪、高井 議事録)

報告及び議事

- 1.平成14年度総会の議事進行について確認があった。
- 2. As an Association of Bioinformatic (AAB)の対応について 韓国のバイオインフォマティックス研究者より、SB へ、アジア地区の各国 のバイオインフォマティック学会の連合会 AABの設立に関する相談が届 いている。各拠点で委員会を設立し、その合同委員会をネットワーク形 式で設けることが好ましい、との意見があった。 JSB としては、引き続き 対応を継続することとなった。
- 3.GW(JSB総会)について
 - (1 抄録集のHTM L化については、200年度分が終了し、今年度中に公開できる運びとなった。JSB iのホームページにリンクする。今後継続して他の年度についても作業を進める。作業は基本的には、TeXファイル形式を HTM Lに変換するだけであるが、実作業では、図表の組み込みや、参考文献(PubMedへのリンク付加)の間違いの訂正等、予想を越える多大な作業が伴うことが分かった。作業の軽減策として、投稿者にWebから直接入力してもらい、それを非整形でHTM L化に組み込む案が提案されたが、この方式では、学会投稿の不正利用を防止することが困難であるため、見送られた。
 - (2韓国のパイオインフォマティックス研究者より、G Wの共催に関する相談が届いている。これを受け来年度のG Wでは、Steering Comm itteを日韓で組織すること、G Wは日本で開催するがサテライ・ミーティングを韓国で開催すること、サテライ・ミーティングにおける selected papeを JBCBの Special issueに掲載すること、について検討することになった。
 - (3)年会誌(GW抄録集)の出版を、Universal Academy Press社から WorldScientific社に移す準備を進めている。JSBのCopyrighを保持したままで移行できる見込みである。したがって論文の電子テキストを学会のWebから公開して良い旨、World Scientifi社に確認済みである。移行の利点は、コストの低減、distributionの良さである。欠点は、出版までの日数が3ヶ月と長引くこと、Medlineへの再登録が必要なことである。欠点のうち、出版までの日数については、交渉次第で短縮できる見込みである。Medlineへの再登録については、雑誌のタイトルをより適正なものに改める好機と捉えることもできる。
 - (4) 年会誌(GW抄録集)の出版を、Universal Academy Press社から World Scientifi社に移行した場合、査読付き論文とポスター抄録

- を別冊化すべきか、検討する。出版社の移行に伴い、年会誌を BCBに含める案もあり、その場合にはポスター要旨を掲載することが できない。また、その場合のGW誌の扱い等、慎重に検討を進める 必要がある。
- (5来年度のG Wは横浜パシフィコにて、分子生物学会の翌週の月~水の日程で行う予定である旨、宮野委員より報告された。横浜パシフィコに変更する利点は、収容人数の増大(1000名/プロア)、会場費の低減、インターネットがあらかじめ設置されていること、である。再来年度は東京国際フォーラムも候補に入れて検討する。来年度は参加費を若干引き上げること、企業展示を増やす、スポンサーシップを導入する、抄録集のコスト見直し、等で、収支パランスの改善に努める。
- 4 . SM Bへのサポート

ISM B2003の**開催、**ISM B2004の申請について、学会としてサポートすることになった。

5 .広報活動

科学技術振興調整費による人材養成プログラムが主催する「バイオインフォマティックス春の学校」において、JSB の紹介を行う旨、金久会長より報告があった。

6.研究会活動

「若手の夏の学校」について、来年度夏休み期間に開催する計画で、 準備を進めることになった。担当は矢田委員に決まった。矢田委員が 若手研究者を中心にSteering Comm itteを組織し、計画を進める。時 期は (月の第一週、期間は 2泊 (日程度、場所は中央アルプス付近、が 候補に挙がった。

7.日本学術会議

宮野委員より、、SBが日本学術会議の学術研究団体に正式に登録された(第15期)旨、報告があった。申請には設立から3年の活動期間が必要となり、、SBはこの条件を満たしていなかったが、1990年からのGW活動からの継続性が認められ、正式に登録の運びとなった。

JSB については、科研費の項目があるのに学会がなかったこと、会員数が増大していること、から、日本学術会議は登録について歓迎している。

平成14年度日本バイオインフォマティクス学会総会議事録

日 時: 平成 14年 12月 12日 火)16:00 -16:30 場 所: 東京、恵比寿ガーデンプレイス、ザ・ガーデンホール

司 会:阿久津幹事 議事録:高井 議 長:金久会長

報告及び議事

8.総会は学会員の1/10の出席により成立する。

学会員数 717名、委任状 182通、出席者は 30名を越えるので、本総会 が成立することが確認された。

- 9.議長として金久会長が推薦され、拍手をもって承認された。
- 10.平成13年度事業報告として下記が報告された。

本事業報告は出席者により承認された。

(1)総会·評議委員会

総会が12月に開催された。

評議委員会が1月と3月に開催された。

- (2)平成 13年度の学会年回が第 12回ゲノム情報国際会議にて行 われた。
- (3)研究会とワーキンググループの活動について、アレイインフォマティク ス研究会、バイオシミュレーション研究会、バイオインフォマティクス講 習会の活動を行った
- (4対外活動として、国際高等研究所情報生物学適塾集中トレーニン グコース、財団法人神奈川県科学技術アカデミー教育講座、 ICBP2001、IPABシンポジウム 2001、人工知能学会第 42回人工知 能セミナーについて、学会として協賛した。
- 11 平成 13年度収支決算が報告された。

主要な支出項目は、年会のポスターセッションの運営とニュースレターの 発行である。事務局は東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター DNA情報解析分野内に置いている。会員数の増加により繰越金が 増えているので、来年度では新しい支出項目について検討を行う予 定である。拍手をもって、本収支決算は承認された。

12 平成 14年度事業中間報告として下記が報告された。

本事業中間報告は出席者により承認された。

(1 総会·評議委員会

第1回評議委員会を6月に開催し、第2回評議委員会の開催を3 月に予定している。

来年度の総会は2003年12月横浜パシフィコにて開催する予定 である。

挙を行い、 須に評議委員により次期会長の選出し、続いて 須に 会長による幹事の指名、が予定されている。

- (3)来年度の学会年会は横浜パシフィコを会場として行う予定である。
- (4)研究会・ワーキンググループ:研究会活動としては、第3回バイオイシ ミュレーション研究会(9月)、第7回バイオインフォマティクス講習会(7 ムが主催する「バイオインフォマティックス春の学校」への共催を予定 している。来年度は、夏の学校の主催を予定している。
- (5)広報活動

ニュースレター第5号(3月)を発行した。第6号を3月に発行する予 定である。

G Wを機会に外人の会員が増えていることもあり、学会のホーム ページの英文化を行った。ほぼ完成しており、近日中にオープンで きる見诵しである。

G W要旨集のHTM L化を行った。2001年度分が完成し、他の年 度についても、徐徐に進める予定である。

(6)科研費·学術会議

科研費の審査委員の推薦を行った。

日本学術会議の学術研究団体に登録(第19期)された。申請に は学会が設立してから3年間の活動期間が必要であり、JSBとし **ての活動期間が3年に不足しているにも拘わらず、GWの1990年** からの活動の継続性が認められ、正式に登録される運びとなった。

(7国際対応

JSBが ISCB Regional Affiliatesのひとつとなった。ホームページ に ISCBのロゴが入ることになった。

ISM B2003の開催サポートを、金久会長がorganizer comm ittee に参加する形で行う。ISM B2004についても申請サポートを行っ ており、今後 ISM B2003と同様のサポートを行う予定である。

Asian Association of Bioinformaticsとして日本、韓国、台湾、シンガポー ルを中心にアジアにおけるBioinformaticsSocietを設立する動きがあ り、協力を行っている。GW開催に合わせ、本Societのサテライト・ミ ーティングの開催を検討している。内容は今後検討の上決定する。

🥏 学会からのお知らせ 🌘

バイオインフォマティクス入門プラクティカルコースのご案内

主 催:ゲノム情報科学研究教育機構 京大·東大) 日 時: 2003年 4月 2:日水曜日

場 所:東京大学医科学研究所ピーゲノム解析センター 東京都港区白金台) 3階コンピュータ実習室

定員:30名 定員になり次第締め切ります)

申込み: http://erogis.ims.u-tokyo.ac.p/bioinfo/onlinereg.htm より

詳細: http://www.hgc.ims.u-tokyo.ac.ip/organize/Biostat/practical_course.html

バイオインフォマティクス夏の学校開催のお知らせ(予定)

日 時: 2003年3月6日~8日(二泊三日)場 所:熱海 詳細は決定次第お知らせ致します。

🥏 学会の現況 🔵

平成 14年度 役員一覧

会 長	金久 實(京都大学化学研究所)	任期 H14.4.1~ H15.3.31
		12,43 1114.4.1 1110.5.51
副会長	江口 至洋(三井情報開発株式会社)	
会計監査	永井 啓一(株式会社日立製作所中央研究所)	
ZHIME	美宅 成樹(東京農工大学工学部)	
幹事	阿久津達也 (京都大学化学研究所)	
	有田 正規 (産業技術総合研究所生命情報科学研究センター)	
	諏訪 牧子(産業技術総合研究所生命情報科学研究センター)	
	高井 貴子(東京大学情報理工学系研究科)	
	宮野 悟(東京大学医科学研究所)	
	矢田 哲士 (東京大学医科学研究所)	
評 議 員	浅田起代蔵(宝酒造株式会社)	任期 H13.4.1~ H15.3.31
	麻生川 稔 (日本電気株式会社)	
	梅山 秀明(北里大学薬学部)	
	荻原 淳(東京医科大学)	
	河合 隆利 (エーザイ株式会社)	
	菅原 一秀 (日本アイ・ビー・エム株式会社)	
	諏訪 牧子 (産業技術総合研究所生命情報科学研究センター)	
	西川 哲夫(株式会社日立製作所)	
	深川 浩志(インテックW&Gインフォマティクス株式会社)	
	松尾 洋(理化学研究所ゲノム総合科学研究センター)	
	阿久津達也(京都大学化学研究所)	任期 H14.4.1~ H16.3.31
	大山 彰(株式会社ザナジェン)	
	岡本 正宏(九州大学大学院農学研究科)	
	木寺 詔紀(横浜市立大学大学院総合理学研究科)	
	後藤修(産業技術総合研究所生命情報科学研究センター)	
	佐藤 賢二 (北陸先端科学技術大学院大学)	
	高井 貴子(東京大学情報理工学系研究科)	
	西岡 孝明(京都大学大学院農学研究科)	
	松田 秀雄(大阪大学大学院情報科学研究科)	
	矢田 哲士 (東京大学医科学研究所)	

賛助会員一覧(平成15年2月10日現在)

#劍番号 会社名	#会員番号 会社名	#劍翻 会社名
C0001 株式会社ユニバーサル・アカデミー・プレス	C0017 明治製菓株式会社	C0030 アクセルリス株式会社
C0002 サン・マイクロシステムズ株式会社	C0018 第一製薬株式会社	C0031 日本新薬株式会社
C0003 日本SG 株式会社	C0019 塩野義製薬株式会社	C0032 日本オラクル株式会社
C0004 CTC ラボラトリーシステムズ株式会社	C0020 株式会社富士通九州システムエンジニアリング	C0033 三井情報開発株式会社
C0005 田辺製薬株式会社	C0021 武田薬品工業株式会社	C0034 旭化成株式会社
C0006 グラクソスミスクライン株式会社	C0022 三井物産株式会社	C0035 サントリー株式会社
C0007 コンパックコンピュータ株式会社	C0023 三共株式会社	C0036 中外製薬株式会社
C0008 山之内製薬株式会社	C0024 エーザイ株式会社	C0037 株式会社ジーエヌアイ
C0010 株式会社シーティーアイ	C0025 大鵬薬品工業株式会社	C0038 イム力株式会社
C0011 アプライドバイオシステムズジャバン株式会社	C0026 富士通株式会社	C0039 科学技術振興事業団
C0012 大日本製薬株式会社	C0027 株式会社日立製作所	C0040 インテックウェブアンドゲノムインフォマティクス(株)
C0014 藤沢薬品工業株式会社	C0028 アマシャムバイオサイエンス株式会社	C0041 日本アイ・ビー・エム株式会社
C0016 タカラバイオ株式会社 / ドラゴンジェノミクス株式会社	C0029 株式会社マホレックス	C0042 伊藤忠テクノサイエンス株式会社









まずは、ご多忙中にもかかわらず記事をご執筆くださった方々に心 より感謝申し上げます。ありがとうございました。今年の東京は、何 十年かぶりに強烈に寒いです。昔は冬ってこんな感じだったような 気がします。通勤の途上、水溜りに張った氷を割ったり、アスファルト

の横っちょの地面に霜柱が立っていたりするのを見かけるなんて久 しぶりでした。

最後になりましたが、掲載記事に関するご意見やご要望を受け付け ております。随時事務局までお知らせください。(鈴木麻子)

JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS