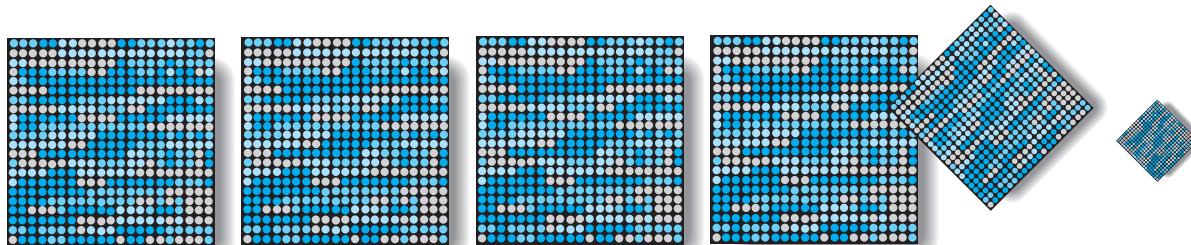


JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS



## 日本バイオインフォマティクス学会ニュースレター 第8号

学会ホームページ <http://www.jsbi.org/>  
Tel:03-5793-4431 Fax:03-5793-4432 E-mail:jimu@jsbi.org

### ◆ C O N T E N T S ◆

[巻頭言].....	2	[AASBi発足について].....	12
[研究会およびワーキンググループの活動報告] .....	2	[ISCBからのメッセージ].....	12
[新研究会発足の案内・創薬インフォマティクス研究会] .....	4	[学会からのお知らせ].....	13
[特集：賛助会員からのメッセージPart I].....	4	[学会議事録等].....	14
[GIW2003レポート].....	9	[学会の現況].....	16
[国際会議レポート・ECCB2003].....	11	[編集後記].....	16

# 卷頭言

まず会計監査役として、日本バイオインフォマティクス学会の会計管理は明確で健全に行われていることをこの場を借りてご報告いたします。

本学会が果たすべき重要なミッションのひとつとして、企業と強く連携した活動を通じてバイオインフォマティクスに関連する産業の振興に寄与する、という方針が宮野会長を中心とする現執行部から発せられました。1990年代はゲノム配列解析に代表される基礎生物学の分野でバイオインフォマティクスが発展し、貢献をしてきましたが、今世紀に入りそれらの基礎研究成果の上で展開される応用研究分野への発展へと期待がシフトしてきています。実際に産業利用する場面を考えると、医療、創薬、食糧、材料など、生物がかかわるあらゆる領域が挙がってきます。これらの領域での異なる学問分野の方々の出会いとニーズの発掘、解析法の模索と解析結果の産業応用という、学問と産業を相互に啓発し合っていく場の創生に本バイオインフォマティクス学会は大きな役割を果たしていくものと考えています。

そういった場を作り出す最初の試みとして、創薬の過程に必要なさまざまなインフォマティクスの技術開発と応用例に焦点を当てる「創薬インフォマティクス研究会」が発足します。創薬の現場では、次々と新しい測定技術が開発され多量の数値データや画像データが、あるときは時系列的にまたあるときは多検体に対して生み出され、有用情報とゴミ情報が渾然一体となった、データの洪水状態を引き起こしています。ここではあらゆる場面でバイオインフォマティクスが必要とされていますが、ひとつとしてスタンダードなものではなくデータ密着型の即時対応可能な柔軟性のあるなものでないと機能しません。さらに創薬においては化合物との関係をつねに考える必要があり、今まで別々の道を歩いてきたケモインフォマティクス、計算化学、メディシナルケミストリーなどを融合し、新しいタイプのデータ創出や解析技術の開発が強く求められています。

この過程では、理論研究者と実験研究者の強固な連携もしくは一体感の醸成が重要です。実験研究者のデータ解析要求のみを仕様書の形で実現していくようなツール開発をしていたのでは学問的にも産業的にも発展性がなく、実験研究者の興味対象の推移にともなって使われないツールになっていくでしょう。また、理論研究者が実験データと最新既知情報を組み合わせて解析し、途中がブラックボックスで答えだけ出してくれる一見夢のようなツールを作ったとしたらどうでしょうか。このようなツールは、実験研究者の思考回路を刺激するような部分が抜け落ちるため答えを実証する実験も滞り、やはり使われないものになるのではないか。また、バイオインフォマティクスは若い学問領域であるがゆえ、これまで情報処理や化学情報学の分野で常套手段となっている手法を、バイオの世界に持ち込むだけで新しい研究として成り立ってきた部分がありました。これからはバイオ独自の問題を取り扱うための新しいアルゴリズムなり学問パラダイムがもっと生まれてこなければなりません。そのためにも実験研究者と理論研究者が、データが生まれる現場に密着し、ともに悩み、ともに考えるバイオインフォマティクスが求められていると思います。それに企業へのインターンシップや大学・研究機関の社会人教育制度、関連他学会との交流、出産育児などで第一線をしばらく離れていた方々の人材発掘、産官学にわたる人材流動化など、日本バイオインフォマティクス学会が寄与する場面は多方面にわたることが予想できます。これから日本バイオインフォマティクス学会の活動がますます活発なものになり、学問の発展と産業の振興に大きく寄与するよう期待しております。



河合隆利(エーザイ株式会社シーズ研究所)

## 研究会およびワーキンググループの活動報告

### ■ 生物情報ネットワーク研究会

主査 堀本 勝久(東京大学)／副査 麓 雅樹(インフォコム株式会社)

#### ～第1回生物情報ネットワーク研究会～

第1回研究会「数理モデルに基づくネットワーク推定—現状と展望」は、2003年12月18日に東京大学医科学研究所第一講堂において開催されました。午前10時より、堀本(主査、東京大学)の

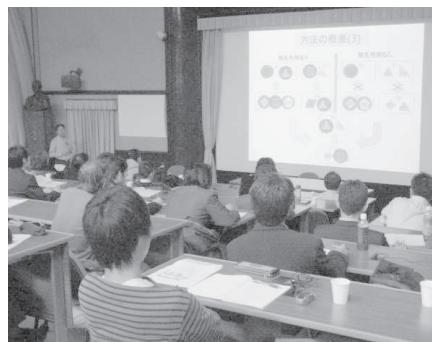
簡単な挨拶と研究会設立趣旨の説明の後、5名の先生方の御講演いただき、麓(副査、インフォコム)のまとめと今後の活動予定の説明をもって、午後6時に予定通り無事終了いたしました。先生方の講演タイトルは以下の通りです。

講 師	・久原 哲 (九州大学)	演 題	アレイインフォマティクスの必要性と今後の課題
	・岡本正宏 (九州大学)		S-systemを用いたサイクリックな制御関係を含む遺伝子ネットワークの推定
	・阿久津達也(京都大学)		タンパク質相互作用頻度データからのドメイン間相互作用推定
	・井元清哉 (東京大学)		ペイジアン・ネットワークによる遺伝子発現プロファイルからの遺伝子制御関係の推定
	・油谷幸代 (東京大学)		グラフィカル・ガウシアン・モデルによる遺伝子発現プロファイルから遺伝子制御関係の推定

講演タイトルからおわかりのように、主に遺伝子発現プロファイルからネットワーク推定を行う際に採用される主要な数理モデルを網羅した講演会を意図したものでした。講演頂きました先生方には、約1時間の講演において数理モデルの基礎的な部分から現実のデータ解析での困難な点まで、率直且つ判り易く説明していただきました。お蔭様で意図したとおりの講演会が実現することができました。

記名していただきました参加者は、総数81名で、そのうち、大学関係者(学生も含む)は40名、企業関係者は36名でした。また、記名していただけませんでした学内の参加者も多数見受けられましたので、参加者の総数は100名近くなると思われます。そのため、会場は終日立ち見(聞き)ができるほどの盛況でした。会場でのアンケート調査の結果も、概ね「有意義」で「よく理解できた」と好評でした。また、意図した数理モデルの網羅的な解説が好評を得たこと

がわかりました。一方、一日で多くのモデルに関する講演であったため、参加者との討論の時間が制限されたことが、今後検討すべき点として考えられます。



参加者数やアンケート調査からネットワーク推定への関心の高さが肌で感じられ、今後の研究会の活動をさらに積極的に行う意欲と責任を感じております。

注) アンケート結果の集計データにつきましては、<http://www.hgc.ims.u-tokyo.ac.jp/~masumi/NW/report.htm>をご覧ください。

## ■ システムバイオロジー研究会

### 主査 松野 浩嗣(山口大学理学部)

今年度から発足しましたシステムバイオロジー研究会のお世話を九州工業大学の倉田博之先生とさせて頂いております山口大学の松野と申します。どうぞよろしくお願ひいたします。ラジオ少年だった私は中学校のときにアマチュア無線を始め、大学は電子工学科へ進学しました。卒業研究でオートマトン理論をテーマとしたことがきっかけで情報科学の道に進むようになりました。

情報科学関係の学会として電子情報通信学会、情報処理学会、人工知能学会などがあります。これらの学会では研究会活動が盛んで、例えば情報処理学会には33もの研究会があり、2,3ヶ月に1回の割合で研究会が開催されています。情報系の私は、研究

会での発表や議論のなかで育てられたという思いがあるものですから、システムバイオロジー研究会の主査を引き受けるにあたって、運営スタイルはこれら情報系の研究会にならうことをまず考えました。倉田先生と相談し、発表の機会を多く提供することで国内におけるシステムバイオロジー研究の裾野を広げることを狙い、年4回研究会を開催しうち2回は地方で行うことを基本としました。

これまでに開催した2回の研究会の内容は以下の通りです。これからは、関係の深いバイオシミュレーション研究会との共同開催なども行う予定です。多くの会員の方々の参加をお待ちしております。

#### [第1回研究会] 2003年10月22日 東京大学医科学研究所

- 「システムバイオロジー研究会のはじめに」宮野悟(学会会長、東京大学)
- 「大腸菌熱ショック応答システムの複雑な制御が生み出すロバスト性」倉田博之(九州工業大学)
- (招待)「人工遺伝子ネットワークの設計と数理解析」小林徹也(東京大学)
- (招待)「超ミクロ、ミクロ、そしてマクロゆらぎから見た世界」松浦弘幸(政策研究大学院大学)
- 「生体分子ネットワーク構造の性質」大澤智興(九州工業大学)
- 「ザゼンソウを模倣した植物型温度制御アルゴリズムの抽出および再構成」伊藤孝徳、伊藤菊一(岩手大学)
- 「確率的シミュレーションアルゴリズムにおけるステップサイズ選択戦略」菅原一秀(日本アイ・ビー・エム)

#### [第2回研究会] 2004年2月2日~3日 海峡メッセ下関

- (招待)「simBio: 生物学的ダイナミックモデル開発基盤」皿井伸明、野間昭典(京都大学)
- 「遺伝子発現データに基づく遺伝子ネットワークの推定」  
井元清哉<sup>1</sup>、樋口知之<sup>2</sup>、玉田嘉紀<sup>3</sup>、金順暎<sup>1</sup>、坂内英夫<sup>1</sup>、久原哲<sup>4</sup>、田代康介<sup>4</sup>、宮野悟<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>東京大学、<sup>2</sup>統計数理研究所、<sup>3</sup>京都大学、<sup>4</sup>九州大学)
- 「遺伝子の発現量との相関による、転写因子結合部位の効率的な予測法」  
坂内英夫<sup>1</sup>、稻永俊介<sup>2</sup>、篠原歩<sup>2</sup>、竹田正幸<sup>2</sup>、宮野悟<sup>1</sup>、(<sup>1</sup>東京大学、<sup>2</sup>九州大学)
- 「細胞内情報伝達系モデル化のためのネットワークシミュレーションと分子シミュレーションの融合」  
畠山眞里子、末永敦、木村周平、仲隆、高田直樹、川崎琢治、泰地真弘人、小長谷明彦(理化学研究所)
- 「細胞内情報伝達系モデル化のためのネットワークシミュレーションと分子シミュレーションの融合」  
岡本正宏<sup>1</sup>、河内尚<sup>1</sup>、平川幹和子<sup>2</sup> (<sup>1</sup>九州大学、<sup>2</sup>福岡国際大学)
- (招待)「炭素同位体を利用した代謝解析と大腸菌の遺伝子欠損株についての代謝調節制御機構の解明」  
清水和幸(九州工業大学/慶應義塾大学)

## 新研究会発足の案内

### ■ 創薬インフォマティクス研究会

主査 白井 宏樹(山之内製薬株式会社)、宮野 悟(東京大学医科学研究所)／副査 江口 至洋(三井情報開発株式会社)

このたび日本バイオインフォマティクス学会におきまして創薬インフォマティクス研究会を発足致しましたのでご案内申し上げます。

「ゲノム創薬」という用語が使われるようになってから久しい間がありますが、確かにここ数年間で、機能未知であった新規な遺伝子について、多型解析、ノックアウト動物を用いた表現型の解析、発現情報解析、プロテオーム解析などにより機能を同定し、疾患との関連を明らかにすることで、新規な医薬品ターゲット分子の候補が多数見つかるに至っています。そしてこれら様々な手法におけるデータ解析や、互いの情報を相互に有効活用できる仕組みを用いる際に、バイオインフォマティクス技術が利用されています。しかしながら、今まで以上に効果的に情報を導き出すことが求められており、それには個別の実験技術におけるより強力な解析法の開発・利用と並行して、既知情報の相互利用をさらに促進し相乗効果を発揮できるように洗練されたシステムの構築・導入などが必要です。

一方、バイオインフォマティクス技術は創薬の別のステップにも有効活用されるに至っています。リード創製段階で行われる化合物のハイスクロットスクリーニング(HTS)やコンピュータ上での仮想スクリーニングについては、現状ではコンピュータ化学の技術が有効に利用されていますが、今後バイオインフォマティクス技術を併用することで、より多角的な解析が可能になると考えられます。またファーマコジェノミクスにおいては、多型解析技術を利用した新規疾患関連遺伝子を見出すときと同様にハプロタイプ推定技術の進展や、多型情報を調べるゲノム上の位置を合理的に絞り込む手段の開発が望れます。トキシコジェノミクスにおいては、生物試料の状態をより詳細に分類するなどの試みが必要と思われます。

このようにバイオインフォマティクスは今や創薬の全ての段階にまたがって利用されるに至っていますが、いずれの段階においても確定的な利用法は存在せず、常に改良が加えられている状況といえましょう。方法論に進展があると、それに応じて実験プロトコルや実施計画・コストの変更が起こり、ひいては全体的な研究戦略にまで影響を与えます。この点を考慮しますと、バイオインフォマティクス技術の進展を創薬に反映させる試みは、創薬戦略にまで影響を与える大きな課題であるといえま

す。今までの「実験主導型;個別の経験主導型創薬」の時代から「インフォマティクス駆動型創薬;経験・知識の統合型創薬」の時代を切り開く推進力となる研究会でありたいと考えます。

今では製薬企業だけでなく、その他の生物系企業や情報系企業、さらには大学など公的研究機関においてもバイオインフォマティクスの創薬への活用に興味が持たれるに至っております。

したがいまして、関係者の有意義な情報交換の場となることを期待しまして、このたび日本バイオインフォマティクス学会において、創薬インフォマティクス研究会を発足するに至りました。

当研究会の内容は下記の通りです。

- 1) 新規ターゲット探索や検証のための新規バイオインフォマティクス技術の開発や応用例に関する研究;それらを支援するシステムの構築に関する研究
- 2) リード化合物創製や最適化のための新規ターゲット探索のための新規バイオインフォマティクス技術の開発や応用例に関する研究;ケモインフォマティクスとの融合、HTSデータの有効利用に関する研究およびそれらの支援システム構築に関する研究
- 3) 前臨床、臨床、市販後再調査のための新規バイオインフォマティクス技術の開発や応用例に関する研究;臨床インフォマティクスとの融合、ファーマコジェノミクス研究
- 4) 上記を総括的に統括して「インフォマティクス駆動型創薬」の基盤整備を進めるための研究・議論;日本発の技術の有効利用による欧米に先駆けた戦略的創薬の実現を目指す、総合的な討論の場

研究会発足にあたり、会員の皆様のご意見を広く募集したいと考えております。皆様ご意見、ご質問、ご要望などお知らせ頂けましたら幸いに存じます。研究会は、2004年は2回程度開催する予定です。会員(賛助会員の企業の社員の方も含む)は無料で参加可能です。

なお、第一回会合を、産官学の熱き意見交流の場として、6月30日に東京大学医科学研究所第一講堂で開催すべく、現在準備中です。特に民間企業の研究者の方々からの発表を期待しております。ご希望の方は学会事務局までご連絡下さい。

### 特集:賛助会員からのメッセージ Part I

#### サンマイクロシステムズ株式会社

篠原 雅彦、松本 英津佐

～Sun Microsystems(以下弊社)の  
バイオインフォマティクス分野での取り組みについて～  
日々蓄積されていく超大容量のデータを、どのように共通基盤を通して有効利用していくかという、我々が直面している根本的かつ最大の課題を「乗り越えること」が、弊社のバイオインフォマティクス分野に対する取り組みです。Sunは、数量的(IT)アプローチと記述的(Bio)ア

プローチの融合を、Computational Biologyと位置づけし、大学・研究機関、ISV/IHV/SIerとのパートナーリングを行うことによって共通基盤環境を開発し、この課題を「乗り越え」ていきます。Sunがその誕生から提唱し続けているVisionのひとつであるOpen Standard/Open Network Computingが、我々の取り組み姿勢の基礎となっています。現在、多数のバイオインフォマティクス分野のアプリケーションがSolaris

にて動作していることがその成果と言えます。

Computational Biologyへのアプローチは、弊社が注力する以下5点以外にも多く存在し、上記で既に示した通り、それぞれ共通の最大課題を内包しています。

- 1) Bioinformatics
- 2) BioSimulation
- 3) Macromolecular Structure
- 4) Clinical Informatics
- 5) Chemoinformatics

Sunは上記課題に対して、1) 弊社が提唱するGrid Everywhere技術、2) 強固、高セキュリティ、容易な運用管理でかつ、大容量メモリアプリケーションに最適なSolaris環境、3) 高い可用性を実現するSun StorEdge ストレージシステムや 4) 全く新しい考え方を持った基幹業務ソフトウェア Java Enterprise System、5) お客様のベストチョイスに基くコストパフォーマンスに優れたLinux x86/Opteronサーバ等のテクノロジーをご提案しています。

Sun Center of Excellence (注1) プログラムや Sun Asia Pacific Science and Technology Center(注2) 等のご支援を元に、弊社研究開発部門とのコラボレーションや簡単なインストール作業で Bioinformatics ソフトをグリッド環境で使用可能な Sun BioBox ツール

等のご提供を行っています。日本においても、北海道大学様向け寄付講座(注3)を元にした各種支援や各先進的研究機関・団体への積極的なご支援を行っています。

最後に、Sunは、1) 弊社がご提供する共通基盤、2) Open Standardへの積極的な取り組み、3) Computational Biology Community の更なる活性化を目指しています(注4)。

Best of Breed という信念のもと、Open Infrastructureを基盤とした、Informaticsのデータマネジメントを通じ諸課題へのSolutionsをご提供していきます。

注1)<http://www.sun.com/products-n-solutions/edu/programs/coe>  
以下は、一例:

Center for Development of Fingerprint Daignostics in India  
Blueprint Worldwide in Interam Canada  
Tokyo University of Science in Japan  
INFOBIOGEN in France  
University of Chicago in America

注2) <http://apstc.sun.com.sg/>

注3) <http://jp.sun.com/Press/release/2003/1022.html>

注4) <http://www.sun.com/edu/commofinterest/compbio/sig>

## 日本SGI株式会社

大久保 宏一

### ～日本SGIのバイオインフォマティクスへの取り組み～

IT企業である日本SGIにおいてバイオインフォマティクス事業への参入は、大学や研究所へのサーバー導入が端緒となっている。特に、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によって運営されているGenomeNetのためのシステムの構築・運用サポートを長年にわたって行なってきた。GenomeNetのサーバーでは、世界中に散在する遺伝子やタンパク質、モチーフなどの30種類以上の主要なデータベースを日々収集し、各種のデータベース検索、配列解析等に使用できるようインデックス処理をして常に最新の状態に保つことが要求される。さらに統合データベース検索システムDBGETによって、あらゆるデータが相互に関連付けられる。実際のところデータベース更新は煩雑な作業であるが、ここ数年のうちに勢いを増して増大するデータベースサービスへの対処から信頼性のあるシステム構築の経験を積むことができた。また、多様なデータベースに記載される個別のデータ間の関連付けを行なうために、それらの記述形式や意味をひとつひとつを把握してゆく作業は、我々にとって非常に価値のあるものとなった。このような経緯からBioSerendipを京都大学と共同開発した。BioSerendipは公共データベース更新システムをベースとし、DBGET、配列解析システムおよびモチーフ検索システムから構成されており、パッケージ化された統合的な研究支援ツールである。いくつかの研究所をはじめ、製薬企業、IT企業で導入されている。

新しい取り組みとしては2002年より、酒蔵バイオVIL(ベンチャービジネス・インキュベーション・ラボラトリー)においてバイオインフォマティクスを活用したソリューション事業を開始した。酒蔵バイオVILは、京都

バイオシティ構想にもとづいて国の創業・経営革新支援施設提供事業を活用した施設で、バイオベンチャー企業の創業を円滑に進めるために、(財)京都市中小企業支援センターが月桂冠(株)の旧酒蔵を開設したものである。日本SGIはバイオベンチャーの支援を目的として酒蔵バイオVILにオフィスを設置し、バイオベンチャー企業との交流を通してソリューション事業を展開している。ここでいうソリューションとは、バイオインフォマティクスの実用化といったような意味である。この事業ではタンパク質の立体構造予測、ソフトウェアの製品化を中心としてサイエンス全般に対する研究支援や受託開発なども行なっており、例えば、量子化学計算に対する技術コンサルタントや受託計算、材料設計の分野では物性予測コンサルタント、結晶解析研究支援など、非常に幅広い支援による顧客の問題解決を行っている。ここでも製薬企業や研究機関をはじめ、IT企業へも研究開発支援のためのソリューションとして提供することができた。今後、このようなソリューション事業の本格化に備えて、我々の持つ技術と相互補完的な技術をもつ企業との提携や研究機関などの協力関係を通して、バイオインフォマティクスを含むサイエンス産業を支援できる情報技術の充実を図っていく。

バイオインフォマティクスに期待することは持続的な発展である。計算機上の生命現象の再現とその総合的的理解を目指すシステムバイオロジーは専門家でなくともわくわくするものがある。もちろん実用面においても、医療・製薬では、生命シミュレーションが決定的に重要な役割を果たすようになる。バイオインフォマティクスの発展とその成果を技術インフラとして敷衍することに貢献したいと考えている。

## CTCラボラトリーシステムズ株式会社

木村 暁宏(ライフサイエンス部バイオコンサルテーショングループ)

### ～「システムバイオロジー」を目指して～

ご存知の通り、バイオインフォマティクスがもたらす情報とその技術は医薬品や食品業界の研究開発に大きなインパクトを与えており、今後さらなる広がりや融合が期待されています。弊社CTCラボラトリーシステ

ムズはユニークなバイオインフォマティクス技術を持つ欧米の会社とパートナーシップを持っており、バイオインフォマティクスソフトウェアとデータベース、ならびに独自バイオインフォマティクスサービスを提供しております。

中でも、今もっとも注目を集めている「システムバイオロジー」を実現す

るために、弊社は2つのバイオインフォマティクスソリューションに注力しています。

一つはその膨大な情報/データ/知識管理です。

この場合「システム・バイオロジー」という研究アプローチを構成する各種実験から出されるデータの管理、データの解析と、さらにデータを情報にする二次加工がそれにあたると考えられます。これまで、ホモジナーサーに代表されるような配列から知ることのできる情報ならびに知識だけでなく、リガンドや立体構造情報から推測できるような生体ネットワーク情報、さらに既知医薬品と標的分子の特徴と標的分子が形成するネットワークによる表現型など、様々な情報を収集・管理する必要があると考えています。さらに、このような状況下では、データの種類として、数値や配列だけでなく、画像などの形態学的な情報などを加えて取り扱う必要があり、まさに「High Throughput」のみならず「High Contents」データをいかに統合ならびに処理するかが、重要な課題となると思われます。

今後、バイオインフォマティクスだけでなくケムインフォマティクスと融合

したナレッジマネージメント技術とその基盤システムの構築が、疾病メカニズムや生命現象の解明を支援するものと思われます。

このソリューションの第一歩として、弊社ではタンパク質-化合物相互作用データベースならびにニューラルネットワークによる自動画像解析システムの販売を開始しました。

もう一方は、それらの実験から得られた情報を体系的に解析する「生体シミュレーション」です。実験やバイオインフォマティクスによって得られた生理学的知見を数学モデルに置き換え、人生体内で起こった生物分子学的挙動とPhenotypeの関係を予測できるような生命システムモデル構築の実例も欧米ではできています。このようにコンピュータ上に構築されたVirtual Patientを使い、医薬品の臨床開発段階での効果を予測したり、疾患原因の探索に役立てるなどの例が出てきています。

弊社は、今後さらに「システムバイオロジー」に関するユニークなソリューションを広く用意しますので、ご期待ください。

## 山之内製薬株式会社

研究主管 根本 靖久

### ～JSBiに対する要望～

JSBiも本年で創設から早五年目を迎える。初代評議員としての自画自讃ではないが、これほどその内容が短期間で大きく進歩し、変貌した学会もそうはない。当初はヒトゲノム配列の解読やマイニング技術、配列からの高次構造予測、データベースの構築などが中心であったが、今日ではトランск립トームやプロテオーム、遺伝子ネットワーク、シミュレーション、パスウェイ解析などウェット研究での展開で新たな成果が出てきており、学問の多様性も顕著に増大しつつある。さらに学会員の意識の高まりもさることながら、学会評議員の構成も産学連携を意識した成り立ちから産業面での有用性、実用面で要請を確実に反映してきた。融合学問領域の新たな方向性は、いかに新興分野でのアプリケーションを押さえてゆくかというところにあると思うのだが、それには、臨床医学、遺伝学、薬学、ナノテクノロジー、環境分野などの異なる学会とのジョイントセッションなどを今後積極的に開催して、異分野研究者のバイオインフォマティクスに対する興味を惹きつけ、研究者がバイオインフォマティクスを利用した新たな研究に参入し、研究交流や新たな展開を推進することが学会の発展の大きな原動力になろう。場合によってはそのような学会にブースを設置して、研究の紹介や共同研究の枠組みを広げるための窓口を設けるのも良い。特に、今後のトピックスとしては、遺伝子の機能を細胞、化合物、組織、個体レベルで解析した情報から意味を抽出する学問、セルインフォマティクス、ケモインフォマティクス、ティッシュインフォマティクス、疾患インフォマティクスなどでの展開への可能性、あるいは分子間(蛋白質、DNA、RNA、低分子化

合物)の相互作用やそれらの振舞い、影響などの膨大な情報の整理、それらの情報と文献や特許との関連、意味ある情報抽出や収集を行うような言語処理方法など、現象の解明からknowledge(知識)の整理・抽出、そして新たな知識の統合化へと知の創造に向かうための技術に社会の関心は益々向かってゆくだろう。対象もミクロとマクロの間を取り持つ複雑な情報の流れとなる。その中ではシミュレーションの様に生体機能のプロセスを予測したり説明するための手法も重要な学問であるし、意味ある情報を収集・蓄積する取り組みも必要である。教育面では、研究者養成は勿論のこと、新たな知識基盤を構築するための技術者養成、たとえばアノテーターの養成や統計解析ツールを使いこなす企業技術者を養成するようなカリキュラム、健康インフォマティクスをキーワードとした生物情報の統合化など、教育システムや学術政策の面でも積極的に提案を行ってゆくべきだと思う。特にバイオインフォマティクス関連の技能検定や資格を設けるのも良い。そのような可能性を広げるためにも是非、「若い精神をもつ産業人」によりほぼ同時に結成された(社)バイオ産業情報化コンソーシアム(<http://www.jbic.or.jp/>)などとも連携し、組織レベルでの産学連携の枠組みを構築することを望みたい。成熟した学会はおのずと会員の平均年齢も高くなっている。JSBiはまだまだ若さに満ちあふれた若い学会だが、今後も「若い頭脳(精神)」を持った研究者がいつでも果敢に新たな学問領域を構築し活躍できる機会を設けてもらいたいとこの場を借りて提案したい。

## 第一製薬株式会社

創薬開拓研究所 堀内 正

### ～第一製薬におけるバイオインフォマティクスの取り組みについて～

第一製薬においては、企画部門が中心となり、研究部門全体として創薬インフォマティクスの基盤整備を進めている。その中で、私が所属する創薬開拓研究所は、主にバイオインフォマティクス基盤技術の整備・拡充と、ゲノム研究に留まらないバイオインフォマティクスの広範な創薬研究への応用を担当している。

我々のバイオインフォマティクスの取り組みで、先ず説明しなければならないのはセレスター・レキシコ・サイエンシズ(以下CLSと略す)社と

の共同研究であろう。CLS社は2000年8月に富士通(株)からスピンアウトしたIT(バイオ)ベンチャーである。本共同研究において、CLS社はこれまで明らかにされているゲノム情報をもとに、「遺伝子機能予測プログラム」を駆使して、癌、循環器、痴呆、感染症などの疾患に関連すると予測される遺伝子を効率的に、且つ精度良く予測し、第一製薬は社外研究機関との連携のもと、分子生物学やタンパク質化学の最新手法を駆使して、これらの遺伝子の疾患との関連を生物学的に検証・実証している。現在、共同研究中であり、興味ある結果が既に得られ

つつある。

次に述べる取り組みは、米国Gene Logic社のBioExpressの活用である。BioExpressは、正常あるいは特定疾患のヒト組織および動物組織や細胞株における遺伝子発現情報と臨床情報を網羅的に集約した遺伝子発現データベースであり、我々は、BioExpressと市販あるいは自前の解析ソフトウェアを用いて、迅速かつ効率的に新規遺伝子の同定、機能解析などを行うと共に、CLS社との共同研究の推進に活用している。また、新規遺伝子の同定だけでなく、探索研究における標的の妥当性の検証など、広範な創薬研究に応用している。

また、我々はタンパク質の立体構造をベースにした有用なデータベース(Biopendium)も大いに活用し、研究を進めている。Biopendiumは、英国Inpharmatica社(日本ではファルマデザイン社が窓口)が開発したタンパク質の配列・立体構造・機能の関係を網羅的に提供する世界に比類ないデータベースである。Biopendiumには286万のアミノ酸配列の解析結果が格納されており、創薬ターゲット分子を発見し機能予測するための強力な武器となっている。タンパク質の立体構造は、機能を知る上で重要な情報であると同時に、創薬においては薬の形を教えてくれる貴重な情報源でもある。薬を創るまでの標的の質、いわゆるdruggabilityを考える上で、第一製薬ではこれらの情

報は鍵となると考え研究を進めている。

我々は、上記のCLS社共同研究、及び導入したデータベースを、それぞれ組み合わせて有効に活用し、質の高い創薬標的の獲得を目指すと共に、創薬研究を強力に推進している。また、我々は、インフォマティクスの手法を駆使してHTSの実施で得られた膨大な生物情報を化合物情報と組み合わせたデータベースの構築も実施しているが、詳細は紙面の都合上ここでは割愛する。

最近感じる事は、様々な点においてバイオインフォマティクスとケモインフォマティクスとの接点が現実的なものとなってきた点である。ゲノム解析に端を発するバイオ関連情報の爆発的増加だけでなく、HTSの進歩による化合物情報も急激に増えており、さらには構造ゲノムのようなタンパク質と化合物を結びつける情報も間違いなく増加していくと考えられる。創薬という点からは、バイオインフォマティクスとケモインフォマティクスをどう繋げていくかが、今後より大きな課題になると考えている。

日本バイオインフォマティクス学会への要望としては、技術面からの研究の推進とともに視点を変えた(ケミストから見た)試みも進めなければと思われる。また、「バイオインフォマティクス春の学校」で行った様な初步的なレベルから、知識レベルに合わせた数段階の講習会を定期的に開催して頂きたいと思っている。

## 塩野義製薬株式会社

### 創薬研究所 基盤技術 田中 玲爾

#### ～バイオインフォマティクスへの期待～

創薬をおこなう立場からいうとヒトゲノムの完全解読は切実な意味合いを持っていました。薬というのは抗生素質や抗ウイルス剤を除けばほとんどが人自身の持つタンパク質を標的とした化合物だからです。その標的となる可能性のある遺伝子がゲノム配列の解読完了によってすべて配列がわかつてしまつた。少なくとも人のゲノム配列に記されている以上の情報は存在しないということをみんな目の当たりにしたのです。人の遺伝子が3万であっても5万であっても今からそれが増えることはない。ということは薬の標的となる遺伝子の数というのもおのずと限られてきます。もちろん昔だって人のゲノムは同じで限られたものでした。10年前から遺伝子が減ったわけではない。しかし現在ではたとえ数万という数であってもすべて人間が見ることができるようになったという心理的な影響は計り知れないものがあります。

実際にこの数万の遺伝子の中に薬のターゲットとなるものがいくつあるのかというのは難しい問題で、新たに見つかるのは数十という人もいれば数百という人もいます。実際のところはまだわかりません。しかし、いずれにせよ限られた数の中でさらにそのほんの一部が創薬ターゲットになりうる遺伝子であることは間違いありません。製薬企業はその事実に常にさらされています。創薬の現場ではゲノム時代の遺伝子やタンパク質の解析の手法としてDNAチップ解析やプロテオーム解析が実用として使われています。その技術を支えるバックグラウンドとしてバイオインフォマティクスの一分野であるゲノム情報のIT化があります。世界で公開されているデータベースへのアクセスなどネットワークを基盤として発展した技術はすでに欠かす

ことのできないツールとなっています。ゲノムプラウザとしてのEnsemblなどはゲノムプロジェクトの申し子といってよいかもしれません。これらの情報は現在も増加中であり、それをつかう技術も年々進歩しています。しかしこのような情報のハイエイ化だけで解決しない問題もたくさんあります。

バイオインフォマティクスの必要性が強く呼ばれている大きな要因のひとつはゲノム解読にはじまる大量の生データの出現に対してそれを理解するための方法論が不足していることでしょう。配列情報としてのゲノムがわかつてもそれを生き生きとした生物の活動と結びつけるにはまだまだ多くの努力が必要なのは明らかで、発現の仕方、産物のプロセシングのされ方など配列から次のステージを考えただけでも全く知識が不足しています。その次には個々の遺伝子産物の機能、他の分子との相互作用という膨大な情報が扱わなければなりません。このためにはこれらの生データや概念をうまく取り扱うための新しい方法論が必要でそれが扱う情報量の大きさからもコンピュータを駆使したバイオインフォマティクス技術の進展が必要不可欠であるのは間違ひありません。

これらの情報は単に配列情報だけからではもたらされないものかもしれませんし、配列に限ってもDNAのメチル化など別の情報も不足しています。しかし音声認識に使われていた隠れマルコフ過程のアルゴリズムがコーディング領域の予測やタンパク質ドメインの同定において大きな役割をおこなったように、情報を取り扱うための学問自体の進展がゲノムに隠されている真実を解読するためにさらに大きく貢献するであろうことを私は強く信じています。そしてそれが日本からどんどん生まれてくることを望んでやみません。

## 株式会社富士通九州システムエンジニアリング

### PLMソリューション統括部 ライフ・サイエンスシステム部 担当部長 木部 昭生

当社は創立以来、特長ある技術の涵養に努めるとともに、九州から世界へとビジネスの裾野を広げ、なかでもCAD等のニッチな分野に注力してビジネス形成を行ってきた。その後CADビジネスで培ったグラフィックス技術を転用して分子軌道法計算や化合物合成展開など化学分野のシステムに参入し、新たな柱を築いたのは15年前の事である。更に、蛋白質立体構造関連のシステム開発を皮切りにバイオインフォマ

ティクス分野に参入し今日に到っている。当社のバイオインフォマティクスグループが飛躍的に拡大したのはゲノムプロジェクトへの参画が契機であった。NEDO、JST、JBICの政府系バイオプロジェクトへの参画、自社製品開発、ポーランド子会社設立と拡大していったのである。当時の黎明期に参画していたメンバーの1人に、北海道大学に留学していたポーランド人がいた。その後、彼は故国に帰り当社ポーランド子会

社の社長に就任している。優秀な人材が豊富で、欧州市場でのビジネス展開が容易な地勢学的利点を有するポーランドの事は以外と知られてないが、今や我々の強力なパートナーとして欠かせない存在となっている。最近当社が関わった特徴的なバイオインフォマティクスプロジェクトについて幾つか紹介する。一例目はNEDOプロジェクトの(財)化学物質評価研究機構様の「高精度・簡易有害性(ハザード)評価システム開発」である。本プロジェクトは発がん性をターゲットに、独自マイクロアレイを用い、発がんメカニズムに基づいた高精度な短期予測モデルの確立を中心課題としている。当社は既知化学物質の毒性、遺伝子・タンパク質発現プロファイル、論文や遺伝子機能などの関連データを有機的に組み合わせたデータベースの整備と解析作業に協力させて頂いている。これら集積されたデータから発がん性予測のマーカー遺伝子セットを抽出してマイクロアレイを設計している。二例目は、薬物代謝酵素の代表的な蛋白質であるチトクロームP450データベース研究開発への取組みである。P450は、医薬品と作用することで、薬効や副作用におおきく影響する酵素である。また、P450が主原因とされる医薬品併用

による薬物相互作用が医薬品の安全性に重大な障害をもたらす例も多数報告され、併用時における安全性や有効性の予測に活用できるデータベースが求められてきた。当社は、これらのニーズに対し情報を提供するために、P450の薬物代謝機能情報を収集したデータベースシステムを研究開発した。三例目として「スーパーコンピュータネットワークの構築」プロジェクトの一部である化合物と蛋白質の相互作用データベース開発を大阪大学様向けに実施している。製薬企業様が実際のリード探索として活用できるようなデータベース検索を確立させるべく研究開発を試みている。最後にバイオインフォマティクス学会様へのお願いとして、現在も推進されている「バイオインフォマティクス春の学校／夏の学校」のようなバイオインフォマティシャン育成の継続、強化と人材の輩出をお願いしたい。バイオインフォマティクスはこれから急激に伸張する学問分野である。当社も今後爆発的に増大するバイオ関連の情報を瞬時かつ有機的に処理し、将来の医療診断や治療決定に貢献できるような時代の到来に備えたいと考えている。

## 三共株式会社

バイオメディカル研究所 品川 朗

ゲノム関連のデータベースは、生命科学分野の研究に必須の極めて重要なツールの一つとなっている。ゲノム関連データの量と複雑さが急速に増加していくにしたがい、データベースの果たす役割も急速に増大してきた。Nucleic Acid Research誌の新年号で恒例のデータベース特集をするだけでも実に様々なデータベースが存在することがわかる。このような種々の公的データベースに加え、有償のコマーシャルデータベースの特性を評価し、その概念やデータ構成、データ解析手法を再検討し、「創薬」というニーズに合ったコンテンツを社内データベースに再構築することは、製薬企業におけるバイオインフォマティクスが取り組むべき重要な仕事の一つである。対象となるデータは、塩基配列データ、アミノ酸配列データ、多型情報などに加え、遺伝子発現情報、タンパク質を始めとする生体高分子の立体構造や機能のデータ、生体反応のパスウェイデータなどの要素データベースまで広範にわたる。これらの外部から入手するデータに加え、社内の研究から発生するマイクロアレイやDNAチップデータ、NMR、マススペクトロメトリーあるいはX線回折などの構造データや化合物とタンパク質の分子認識に関するデータなど、膨大な実験データの整理、統合も重要な課題である。そのためには、多種多様なデータの品質管理や柔軟な統合運営を可能とする情報技術の整備、オントロジーによる統合などが必要となる。ここで重要な点は、個々の遺伝子と対応するタンパク質の構造と一般的の機能のようなデータを静的に蓄積したものに留まらず、既存データとモデルを元に、遺伝子ネットワークの構造と時間的動きを理解可能な仕様にしていくことである。また、統合したデータから情報と知識を抽出するためには、データマイニングの技術開発が必要であり、得られた結果の直感的理解を

助ける可視化の作業も必須要件となる。

典型的なバイオインフォマティクスの創薬応用は、低分子化合物の標的分子(所謂druggable gene)探索であるが、例えば、疾患モデル動物やノックアウトマウスで特徴的な発現変動をする遺伝子の中から新規な標的分子を探査し、その遺伝子の機能解析とターゲットバリデーションを行うプロセスは、全て実験研究者との密な連携に基づく。したがって、専門外の研究者がゲノム科学の専門的な領域のデータや解析結果により容易にアクセスし、日常的に活用ができるインターフェースの開発は重要であり、我々は独自に開発したインターフェースや解析ツールを社内で提供している。また、薬効は示すが作用機構未知な化合物の作用標的分子の同定、薬効メカニズムの解明における我々への期待も大きい。

今日の創薬プロセスを成立させるには、バイオインフォマティクスなくしては考えられない。病態の発症メカニズムの解明や創薬標的分子の探索における全てのステージで、間接的、直接的にバイオインフォマティクスに基づく解析データが活用されている。遺伝子発現プロファイル等を利用して薬剤候補化合物の毒性を予測評価するトキシコジエノミクスや、医薬品の効果、副作用に関する個人差をSNPやハプロタイプから解析するファルマコジェノミクスにおいても、その解析でバイオインフォマティクスは深く関わる。昨年の11月、FDA(米国食品医薬品局)は新薬の治験届及び承認申請におけるファルマコジェノミクスデータ提出に関するドラフト・ガイダンスを公表した。当面データ提出は推奨であり、義務ではないが、近い将来データの取得は必須となると予想され、製薬企業におけるバイオインフォマティクスの役割は益々増大すると思われる。

## マホレックス株式会社

中村 彰久

～KNOB (KNOPPIX for Bio) を用いたユビキタスな

バイオインフォマティクス教材開発、教育環境の整備～

株式会社マホレックスは、2001年4月に設立された、バイオインフォマティクス教育・研修を主な事業とするベンチャー企業です。今回は、弊社が行っているバイオインフォマティクス教育用教材を開発する取り組みに関して紹介させていただきます。

近年急増してきたバイオインフォマティクス分野の人材需要に対応するため、様々な教育機関でバイオインフォマティクスの教育活動が

行われています。バイオインフォマティクス学会から教育指針となるカリキュラムが公開されたことも、日本各地における教育プログラムの開催を促進させたものと思います。弊社でもバイオテクノロジー分野で活躍するITエンジニアを育成すること目的として、“バイオITアカデミー(<http://www.bi-academy.jp>)”というスクールを運営しております。

バイオインフォマティクスの教育研修を行っている教育機関あるいは講師の先生方の中には、研修環境がハードウェア環境やソフトウェア環境に制約されたために、研修環境の準備に多大な時間を要したり、

講義内容を変更せざるを得なかつたりした経験のある方も多いと思います。

弊社では、そういう経験から、当アカデミー内の短期講習や、他の教育機関における教育研修(経済産業省「バイオ人材育成システム開発事業(H15年度)」)において、JBICが受託した「バイオインフォマティクス人材育成事業」での企業研究員向け教育研修等)を行う際には、教育環境にできるだけ制約を受けないようにするために、KNOPPIXを利用したバイオインフォマティクス教育用教材を開発し、利用しています。

KNOPPIXとは、「CDのみでブート可能なLinuxディストリビューション」で、日本語版は独立行政法人産業技術総合研究所が作成し無料公開しています(<http://unit.aist.go.jp/it/knoppix/>)。マシン内部のHDへのインストールなしにLinux環境を実現できるので、演習内容に応じてカスタマイズ(演習に必要なソフトウェアのインストール、ユーザー設定、プロキシ設定等)することにより、WindowsがインストールされたクライアントPC上で、Linuxベースの演習を実現することができます。CD上にデータを保存することはできませんが、外付けHD、USB

メモリやネットワーク接続されたファイルサーバ等へデータを保存することができます。教育機関としては、研修受講者が変わる度にマシンをClean Upする必要がありませんし、受講者としては、配布されたCDを利用すれば自宅／会社のマシンでも同じ環境で予習・復習できるというメリットがあります。

弊社では、KNOB(KNOPPIX for Bio)という、KNOPPIXをベースにBLAST, EMBOSS, BioPerl等のバイオインフォマティクスにおける代表的なソフトウェアをインストールした、バイオインフォマティクスの利用・学習用に特化したKNOPPIX CDを開発するプロジェクトに参画しております。無料でダウンロードできますので、是非一度お試しください。また、KNOBを用いたユビキタスなバイオインフォマティクス教育システムの構築も承っております。ご興味のある方は、お気軽にご相談下さい。

KNOB プロジェクト:<http://knob.sourceforge.jp/>  
KNOBの利用法:<http://www.mahorex.com/knob.php/>  
ダウンロードサイト:<http://ftp.mahorex.com/knob/>

## GIW2003レポート

### The 14th International Conference on Genome Informatics (GIW 2003)の報告

宮野 悟(東京大学)

1996年よりYebisu Garden Hallで開催してきましたGIWは、今年は場所をPacifico Yokohamaの国際会議場に変えて、2003年12月15日(月)～17日(水)の3日間開催されました。プログラム委員長は金久實(京都大学)、Michael Gribskov (UCSD, ISCB President)の両博士で、44件の投稿論文から25件の論文が採択されています。基調講演は、赤池弘次博士(元統計数理解析研究所長)、Charles DeLisi博士(Boston University)、Michael Zuker博士(Rensselaer Polytechnic Institute)が行いました。本学会の主催である、ポスター及びソフトデモによる発表では、ポスター発表201件、ソフトデモ発表16件があり、過去最

大の数になりました。参加者数は約610名に達しました。

GIW 2003の開催前日の2003年12月14日には、The First Annual Symposium on Association of Asican Societies for Bioinformatics (AASBi 2003)が同じ場所で開催されております。またAkaike Information Criterion (AIC)の30周年を記念したAIC 2003 (2003年12月14日～17日)とポスター発表が共同開催され、また赤池博士の基調講演は、AIC 2003と共同主催となりました。今回は、韓国(論文発表3件、ポスター発表23件)、シンガポール(論文4件)、台湾(1件)、などのアジア地域からの参加が目立ちました。



赤池弘次博士



Prof. Charles DeLisi



Prof. Michael Zuker

### The Best Paper Award

受賞論文："Reducing False Positives in Molecular Pattern Recognition", Xijin Ge, Shuichi Tsutsumi, Hiroyuki Aburatani, Shuichi Iwata  
～False Positive In Award Selection?～

Xijin Ge

Genome Science Division, Research Center for Advanced Science and Technology,  
The University of Tokyo, 4-6-1 Komaba, Meguro-ku, Tokyo 153-8904

In the morning of Dec. 16, 2003, when I was rushing towards the main conference hall of Pacifico Yokohama for the morning session of GIW2003, I was stopped by the conference staff near the receptionist's desk and was told to be sure to attend the banquet that night. False positive? This is the first impression when the secretary explained that our paper, "Reducing false positives in molecular

Dr. Xijin Ge



pattern recognition", was selected for the Best Paper Award of that year's GIW conference.

The work reported in our paper started as early as 2000, when I was still a postdoc in Prof. Shuichi Iwata's lab and our major focus was artificial intelligence. At that time, we just started our collaboration with Prof. Hiroyuki Aburatani's lab of cancer genomics. At the very beginning, we were interested in establishing an algorithm that can classify multiple tumor types with gene expression profiles. This was actually a very bad research topic. The reason is many students and researchers like me, with some machine learning background but very little knowledge of biology, are doing the same thing. But we tried very hard and built a system for cancer classification based on an algorithm called prototype matching. The algorithm is simple: it stores expression patterns of each cancer type and compares new samples with these prototypes. We also introduced a novel "cluster-and-select" procedure for feature selection, with which we classify genes into different groups and then select a given number of genes from each group. Such procedure reduces the redundancy of gene set while preserving its diversity. To evaluate the false positive error rates, we proposed two novel procedures: "leave-one-class-out-cross-validation" and "null test". Both tests evaluate the robustness of classifiers by independent patterns that do not belong to any of the tumor types in the training dataset. We were able to show that this simple algorithm actually out-performs many popular and complex ones.

The writing of this paper took more than one year, during which critical comments from many friends and colleagues helped greatly. Thanks to these suggestions, we finally realized that the algorithm we developed was of less importance than we thought. Rather, the strategies and the benchmark datasets we used for the evaluation of false positives might be more useful for other researchers, because most previous works mainly concerned false negatives. Also our comparison of several algorithms gives hints on how to minimize false positives and provides guidelines for selecting algorithms for a particular problem. So we decided that our paper should focus on the evaluation of algorithms, rather than on the development of one particular new algorithm. Although the main results remained the same, we changed the title and introduction section, reformulating a very different objective. These changes seem to make sense to the reviewers as our paper was accepted by GIW.

After the acceptance of our manuscript, we were told to shorten it to no more than 10 pages. That means we must throw away about half of the texts and figures into supplementary information. Dr. Shuichi Tsutsumi and my wife Jiang Fu helped remove needless words and non-essential figures. But sometimes we added new figures to make our story easy to tell. We went through the manuscript again and again, just like a woman trying everything she can to lose weight in order to fit into a new dress. That was painful. But we had to take the pain and do our homework. Finally, we looked at the revised version and it surprised us! It covers exactly 10 pages — no space was wasted. And, at least to me, it is concise and well-structured. The over-weighted woman became slim and attractive.

For the convenience of researchers, we made available online all materials related to the paper, which includes benchmark datasets, source code, PowerPoint files, and gene lists etc. All can be accessed at our web site: [www2.genome.rcast.u-tokyo.ac.jp/pm/](http://www2.genome.rcast.u-tokyo.ac.jp/pm/).

Finally, I want to thank my co-workers, Dr. Shuichi Tsutsumi, Prof. Hiroyuki Aburatani, and Prof. Shuichi Iwata, whose encouragement and inspiration is essential to make the paper possible. I also want to thank Prof. Sigeo Ihara for stimulating discussions, Jiang Fu for critical proof-reading, Prof. Todd R. Golub for reading our manuscript, and many other people for helpful comments, and, of course, GIW organizers for providing a great opportunity for communication.

## Oxford University Press Bioinformatics Prize

### 受賞ソフトウェアデモンストレーション：

#### "MutationView : An Integrated Knowledge Base for Mutations and Polymorphisms in Human Disease Genes — Automatical Extraction of Disease-Associated Knowledge —"

Masafumi Ohtsubo,

Susumu Mitsuyama, Takashi Kawamura, Nobuyoshi Shimizu, Shinsei Minoshima

大坪 正史(慶應義塾大学医学部)

#### ～Oxford University Press Bioinformatics Prize 受賞に関して～

今回の受賞に際し、Oxford University Press社、日本バイオインフォマティクス学会など関係各位に心よりお礼を申し上げます。

ゲノムシーケンシングの完了以後、遺伝子疾患の原因遺伝子探索も加速度的に進んでおり、現在、遺伝病・癌などの“遺伝子に傷がついて起こる病気”（遺伝子疾患）の原因遺伝子は約1,300にまで達しています。我々も、自己免疫疾患APECEDのAIRE、若年性パーキンソン病のPARKIN A線内障のMYOC、遺伝性聴覚障害DFNB10/8のTMPRSS3など単一遺伝子疾患の原因遺伝子をいくつか発見してきました。また、生活習慣病である糖尿病、高血圧などの多遺伝子疾患に関する疾患感受性遺伝子の解明が進みつつあります。これらの遺伝子の変異情報は、遺伝子疾患の診断や遺伝子治療の方策、薬剤の開発研究などのための必須データとして極めて重要な情報であり、全てをデータベース化することが急務です。

MutationViewは、我々が1996年よりゲノム情報ワークショップにて進歩を報告し続けてきた疾患遺伝子の変異情報のグラフィカルオンラインデータベースです。MutationViewでは、眼科疾患、神経疾患、筋肉疾患、家族性腫瘍、聴覚疾患、心臓疾患を中心に、現在約250遺伝子の変異を閲覧することができます。これらの単一遺伝子疾患の原因遺伝子に関する疾患の変異データをグラフィカルな環境で検索、表示、解析できるシステムです。個々の遺伝子がコードするタンパク質の機能ドメインの表示や、変異に伴う諸情報（患者の民族、疾患症状など）を用いた変異分類機能など、様々な機能を有しています。今回の受賞は、開発コンセプトとともに、その具現化という永年の努力を評価していただけたものと受け止め、大変嬉しく思います。

現在は、データ作成の自動化を行うと共に、第一世代システムMutationViewを核として、多因子疾患、薬剤感受性などの遺伝形

質や原因遺伝子未確定の疾患責任領域へも対応できるゲノムワイドな表現力を装備した“ゲノム多様性総合知識ベース”への発展を意図しており、また、それらのデータを様々な切り口から閲覧し得る機能、特に疾患情報など、知識ベース化が困難なものに対する支援機能の充実を行っています。

今回の発表では、1) ゲノムワイドへの展開として、公共ゲノムデータベース情報を利用した基盤データの自動構築、2) 総合知識ベース化への基本検討として、OMIMエントリー内の単語間の共起と相関をもとにした単語同士の関連づけを行い、(単なる単語検索ではない) 関連単語の自動提示と知識の抽出による疾患情報の拡充と検索機能強化の試みを報告しました。

今後、既知の疾患と確定した原因遺伝子の対応関係の閲覧(第一世代版)から、原因遺伝子未確定の疾患に関しても、原因遺伝子

推定のための資材を与えるデータベースへ進化させることを目指して開発を進める予定です。一層のご支援をお願いいたします。

(大坪正史、満山 進、河村 隆、清水信義、蓑島伸生)



大坪正史博士

## GIW2004、平成16年度年会のお知らせ

### The 15th International Conference on Genome Informatics (GIW2004) 平成16年度日本バイオインフォマティクス学会年会・総会

期 間：2004年12月13日(月)～15日(水) 場 所：パシフィコ横浜  
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  
〒108-8639 東京都港区白金台4-6-1 giw2004@ims.u-tokyo.ac.jp <http://giw.ims.u-tokyo.ac.jp/>

## 国際会議レポート

### ～ECCB2003～

丸山 修(九州大学大学院数理学研究院・九州大学大学院システム生命科学府)

昨年の9月27から30日にフランスのパリにおいて開催されたECCB 2003(European Conference on Computational Biology, <http://www.inra.fr/eccb2003/eccb.htm>)に参加しましたのでご報告いたします。

ECCB2003は第2回目であり、JOBIM (Journees Ouvertes: Biologie, Informatique, Mathematique)2003との共同開催です。ちなみに、第一回目のECCB2002(2002年10月6日～9日、ドイツのザルブリュッケン)はGCB(German Conference on Bioinformatics)との共同開催です。

会場は、パリの北東部にありますラ・ヴィレット・エリアの科学・産業シティ(Cite des Sciences et de l'Industrie)でした。会場の雰囲気はお台場の日本科学未来館のようでした。

招待講演 8件、long paper 27件(投稿件数127件)、short paper 15件(同117件)、ポスター284件、そして参加者は約860名でした。

long paperとshort paperのセッションは、genetic networks, genetic networks and gene expression, gene expression and motifs, proteomics and repeats, metabolic networks and RNAs, RNAs and gene finding, sequence analysis and gene finding, functional genomics and evolution, protein structure, multiple alignment and phylogeny, comparative genomicsでした。ちょっとク

ラシカルになりつつあると思われるgene expression and motifsのセッションが3つもある一方で、勢力拡大中のシステム・バイオロジー関連の発表が意外に少なかったです。short paperには15分のプレゼンテーションの機会が与えられ、ポスター集に掲載されます。これは、第1回目のECCBでやり始めたことだそうです。また、JOBIMの慣例に従い、特別に採択されたポスターに対しては5分のフラッシュ・プレゼンテーションの機会が与えられます。今回は、21のポスターが遺伝子ネットワーク、遺伝子発現、タンパク関係等の分野から採択されました。

さて、このニュースレター第7号のISMB2003レポートで慶應大学の榎原先生がふれておられるように、2004年のECCBは世界最大のバイオインフォマティクス会議ISMBとの共同開催です。このISMB/ECCB 2004(<http://www.iscb.org/ismbeccb2004/>)は、スコットランドのグラスゴーにて7月31日から5日間にわたって開催される予定です。規模も大きくなり、質の高い研究成果の発表が期待できるのではないでしょうか。

## AASBi 発足について

阿久津 達也(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)

GIW 2003の際にシンポジウムが行われたのでご存知の方も多いと思われるが、AASBi(Association of Asian Societies for Bioinformatics)が2003年12月14日に発足した。同日、開催されたシンポジウムでは各学会から推薦された10名の講演者による招待講演が行われ、日曜日開催であったにも関わらず、多くの参加者を集めることができた。講演はいずれも興味深いものであり、アジア地区においてもバイオインフォマティクスが活発に研究されていることをうかがうことができ、今後の発展を期待させるものであった。

ところで、AASBiは独立した学会ではなく、アジア・オセアニア地区におけるバイオインフォマティクス関連学会の連合体である。2002年に開催された韓国のバイオインフォマティクス学会の際に韓国から提案があり、2回の打ち合わせ、および、メールによる議論を経て発足の運びとなつた。会長は1年ごとに交代するが、12月14日に開催された役員会においてJSBiの会長でもある宮野悟教授がAASBiの初代会長に選出された。副会長としては韓国バイオインフォマティクス学会の会長であるHong Gil Nam教授が選出された。

当面の活動内容としては、各学会の年会などとあわせて年1回シンポジウムなどの会議を開催していく予定である。ホームページも準備中である。AASBiは国の連合体ではなく、学会の連合体という形式をとつておらず、個人会員は設けない方針である。現在のところ、日本、オーストラリア、韓国、シンガポール、台湾の各学会などが加盟しているが、今後は中国の関連学会などにも加盟を呼びかけていく予定である。なお、2004年のシンポジウムは韓国で開催されることが決定しており、具体的な日程、場所、形式に関しては、後日、ニュースレター、もしくは、ホームページなどで案内する予定である。



第1回シンポジウム 於:パシフィコ横浜

## ISCBからのメッセージ

Michael Gribskov(President, International Society for Computational Biology)

Once again I am pleased to be invited to address the members of JSBi. This has been a strong year for bioinformatics around the world with great activity among the various societies affiliated with the International Society for Computational Biology. JSBi is one of the largest of these, and is consistently one of the most active. At the invitation of JSBi, and its president Dr. Miyano, I had the great pleasure of serving as the co-chair of the GIW program committee this year, together with Dr. Kanehisa. This gave me the opportunity to attend the GIW meeting and I was highly impressed with the excellent organization, high quality of the science, and enthusiastic attendance. GIW clearly ranks as one of the top bioinformatics meetings in the world.

I am personally committed to strengthening our ties with affiliated regional groups that serve memberships within defined geographic areas. In addition to attending GIW, I was also able to attend the annual meetings of the Korean and Taiwan bioinformatics societies. In both cases I met hundreds of enthusiastic young researchers and had discussions with many of the leaders of bioinformatics from these countries. Their membership numbers are strong, their conference programming is excellent, and their interest in contributing their voice to the international scene is clearly evident.

A basic framework for ISCB affiliations was introduced in early 2002. Currently we are working to further develop this idea to provide for closer interaction between ISCB and its affiliated societies. Toward that end, ISCB recently created the Affiliates & SIGs Committee to explore and develop interactions with affiliated regional groups and special interest groups. A key function of this committee is to develop a mechanism for greater interaction between ISCB and affiliated societies - one that provides tangible mutual benefits. I highly support these efforts and welcome the opportunity to work together with our affiliates in any way we can.

As we work towards formal mechanisms for closer affiliation, I invite and encourage JSBi members to participate in ISCB activities, committees and projects. In particular, ISCB has active groups in education and public policy that would benefit from the perspective and experience of JSBi members. On the education front, efforts are underway to collect and describe bioinformatics programs currently in place throughout the world. A logical follow-on to this effort will be to develop model curricula for bioinformatics and computational biology programs. In the long run, this will have a deep effect on how bioinformatics and computational biology are defined both within and outside of our discipline. There are many important policy issues being discussed today that, in my opinion, both ISCB and JSBi members should be concerned with. Among these are the Public Library of Science/open access initiative, rules for access to and publication of raw and processed data, a wide variety of data standards, and issues related to how computational biology should be funded. While some of these issues take on a local perspective in specific countries, the general facts and parameters of the debate are in common throughout the world.

In summary, we have an exciting and busy year ahead of us. I look forward to the possibility of closer interaction with JSBi, and hope to have the opportunity to visit Japan again in the near future.

## ISCB加入の案内

阿久津 達也(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)

ISCB(The International Society for Computational Biology)はバイオインフォマティクス分野における中心的な国際学会で、各種国際会議を主催・共催し、また、Bioinformatics誌はISCBの公式論文誌となっています。ISCBには、JSBiを含め、多くの地域の関連学会がRegional Affiliateとして協力しております。JSBiではISCBとの密接な連携を保っていく方針で、このニュースレターにも、毎号、ISCB会長より

記事をいただいている。バイオインフォマティクス分野の国際的な発展のために、会員の皆様にも是非、ISCBに加入していただけると有難く存じます。ISCBに加入しますと各種会議や論文誌の割引きなどの特典もあります。加入方法その他の詳細につきましては、ISCBのホームページ(<http://www.iscb.org/>)をご欄下さい。

## 学会からのお知らせ

### バイオインフォマティクス春の学校開催案内

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)

バイオインフォマティクスとは何か、どこでどのような研究が行われているのか、何をどのように勉強したら良いのか、そんな疑問をもっている方のために、文部科学省の科学技術振興調整費で行われている4つのバイオインフォマティクス人材養成コースの共催で、昨年に続き「バイオインフォマティクス春の学校」を開校し、基礎から最新の知識までを講義します。対象は、本分野の知識を有さない学部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。以下の会場で開催します。

仙台会場 3月18日～19日

東北大学マルチメディア研究棟

名古屋会場 3月26日～27日

名古屋大学ベンチャービジネスラボラトリー・ベンチャーホール

京都会場 3月29日～30日

ばるるプラザ京都

#### プログラム

##### 1日目

- 8:40- 8:50 : 開校のあいさつ
- 8:50-10:20 : 分子生物学概論(美宅(名大))
- 10:20-10:30 : 休憩
- 10:30-12:00 : ゲノム配列決定と解析(平川(九大))

12:00-13:10 : 昼食

13:10-13:50 : 体験コース十人材養成ユニット紹介

13:50-15:20 : 蛋白質の配列解析(大安(京大))

15:20-15:30 : 休憩

15:30-17:00 : 蛋白質の立体構造解析(川端(奈良先端大))

17:00-18:00 : 体験コース十人材養成ユニット紹介

##### 2日目

8:50-10:20 : ゲノム比較(渡邊(奈良先端大))

10:20-10:30 : 休憩

10:30-12:00 : ランスクリプトームとプロテオーム(油谷(東大))

12:00-13:10 : 昼食

13:10-13:40 : 体験コース十人材養成ユニット紹介

13:40-15:10 : パスウェイ解析(五斗(京大))

15:10-15:20 : 休憩

15:20-16:50 : システムバイオロジー(岡本(九大))

16:50-17:00 : 閉校のあいさつ(藤(京大))

春の学校HP: <http://www.genome.ad.jp/Japanese/>

主催: ゲノム情報科学研究教育機構(京大・東大)、奈良先端大蛋白

質機能予測学人材養成ユニット、九州大学大学院医学研究院

システム生命科学人材養成ユニット、慶應義塾大学システム生

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

### バイオインフォマティクス夏の学校開催案内

佐藤 賢二(北陸先端科学技術大学院大学)

2003年に熱海で行われた夏の学校の成功を受けて、今年は能登半島の輪島で夏の学校を開催いたします。滅多に行かない所だと思いますが、輪島塗や朝市が有名で、昨年夏に能登空港がオープンしてからは関東方面からの移動もぐっと楽になりました(羽田から能登空港まで65分)。以下に現在の予定を示しますので、研究室の合宿等も兼ねて、多数の御参加を御願い致します。

日時: 2004年7月21日～23日(2泊3日)

場所: 輪島ロイヤルホテル八汐(<http://www.yasio.com>)

費用: 1泊2食×2で2万円程度

人数: 100名程度

講師: 現在交渉中

備考: 詳細は変更になる可能性もありますが、学会のページ等で随時お知らせ致します。また、昨年の開催報告については <http://www.jsbi.org/bioinfo2003/summerschool.html> を御覧下さい。



## オンライン会員個人情報管理システムの運用開始について

この度当学会では会員情報データベースシステムを刷新いたしました。昨年、評議員会において、プライバシーポリシーを制定致しましたが、これに基づいて、学会員の個人情報管理システムを立ち上げ、2004年1月23日 PM12:00より運用を開始いたしました。今後は、学会のホームページ( <http://www.jsbi.org/> )より、会員専用ページにアクセスして頂くことにより、会員の皆様の個人情報は会員ご自身で管理して頂くことになります。既に、Member ID 及びパスワードをお送りしておりますので、管理をお願い致します。まずは、パスワードの変更をお勧め致します。ご意見ご質問などございましたら、事務局までお知らせください。

### プライバシーポリシー :

[http://www.jsbi.org/society/privacy\\_policy.html](http://www.jsbi.org/society/privacy_policy.html)

### 個人情報管理ページ :

[https://www.jsbi.org/JSBi/JSBi\\_member\\_login.html](https://www.jsbi.org/JSBi/JSBi_member_login.html)

### 日本バイオインフォマティクス学会プライバシーポリシー

(平成15年7月14日制定)

#### 1条(目的)

日本バイオインフォマティクス学会プライバシーポリシー(以下プライバシーポリシーと略す)は、会員および本学会の活動に参画する非会員の個人情報の保護及びその有効利用を目的とする。

#### 2条(個人情報の収集)

日本バイオインフォマティクス学会が会員あるいは本学会の活動に参画する非会員の個人情報を収集するのは、本学会の事業目的に沿って行う、サービスの提供、会員名簿の作成、調査、および過去に集められた個人情報を更新する場合に限るものとする。

#### 3条(学会による個人情報の管理)

日本バイオインフォマティクス学会は、収集した個人情報が外部へ漏洩したり、破壊や改ざんを受けたり、紛失することの無いよう厳重に管理することとする。登録情報の管理については、漏洩の防止措置を講ずるものとするが、不正なアクセスなどにより漏洩した場合には、本学会はその責を負わないものとする。

#### 4条(会員による個人情報の管理)

会員個人の情報を管理するために、会員には、会員番号と会員

個人で管理するパスワードを提供する。会員は、会員番号とパスワード及び会員からの直接的な学会事務局への連絡によって個人情報を管理することとする。会員は、パスワードを第三者に開示、譲渡貸与してはならないものとする。会員はパスワードを適宜変更するなどして自己の責任で管理するものとする。パスワードの不正使用により会員及び第三者に損害が生じた場合でも、本学会では一切責任を負わないものとする。会員は、パスワードを忘れた場合や、パスワードの不正利用や盗用を知った場合は速やかに本学会に届け出ることとする。

#### 5条(個人情報の利用)

ア) 日本バイオインフォマティクス学会が収集した個人情報は、本学会業務を外部に委託する場合、同意を得ることなく委託者に提供することがある。また、情報の統計を、個人を特定する情報を含まない形で第三者に提供する場合がある。

イ) 個人情報については、次のいずれかの場合には収集目的以外の目的に利用または提供することがある。

1. 法令の規定に基づくとき。
2. 提供者の同意があるとき。
3. 事前に承諾を得て提供する情報配信サービスや本学会運営上必要となる事務連絡等の目的で電子メール等を送付するため、個人情報を利用する場合。
4. その他、総会で承認された事業計画を達成するために正当な理由があるとき。

#### 6条(免責)

前条イ) 3.の場合、本学会は、本学会の情報配信サービスにおいて利用者(情報を受け取った会員または非会員)に提供する情報または提供された情報の正確性、信頼性、遅延、中断等についてその原因のいかんを問わず一切責任を負わない。本学会は、情報配信サービスに基づいて利用者が被ったいかなる損害についても一切責任を負わない。

#### 7条(改定について)

プライバシーポリシーの改定は、評議員会において議決する。その場合、すべての改定は本学会より会員に速やかに通知するものとする。

#### 附 則

本プライバシーポリシーは、平成15年7月14日から施行する。

## 学会議事録 等

### ■ 日本バイオインフォマティクス学会 第13回幹事会 議事録

日 時：平成15年12月15日(月) 12:00 - 13:30 場 所：横浜、パシフィコ横浜会議センター、3階会議室  
出席者：宮野(会長)、江口(副会長)、金久、阿久津、矢田、白井、高井

#### 報告及び議事

1. 平成15年度総会の議事進行について確認があった。
2. 平成16年度年会について  
来年度の年回もパシフィコ横浜会議センターで行う予定である。来年度は企業からの参加を増やすよう努力すべきとの提案があった。企業向けの特別セッションの設置が提案され、実現に向けて研究会を

立ち上げ検討することになった。また日本以外のアジア企業の賛助会員を募る案が検討された。

#### 3. ニュースレター

賛助会員に関する特集記事を継続して組むことになった。記事の分量は1社につき半頁程度とし、賛助会員全社を対象として、全社が終

わるまで掲載を継続する。また次号のニュースレター(3月)では、ISCB (The International Society for Computational Biology)からのメッセージを掲載する。

#### 4. 夏の学校

今年度は大変盛況に終わった。来年度も継続して実施する。来年度の幹事は佐藤賢二先生(北陸先端大)が引き受けてくださることになった。時期は8-9月、場所は検討中である。

#### 5. 学会員になっていることのメリットについて

プライバシーポリシーを制定し、メーリングリストが利用可能となった。これは会員の大きなメリットとなると考えられる。会員情報管理システムは2004年から運用開始となり、これも会員のメリットとなると考えられる。

#### 6. 評議委員および会長選挙

1月に評議委員選挙、3月に会長選挙を行うよう準備を進めている。

#### 7. 研究会

主査が2年に一度変わらるような規定の制定について検討された。今

期中に案を作り、3月の評議委員会で諮るよう準備することになった。企業が中心となる創薬関係の研究会設立については、立ち上げを検討したものの、企業側の要望とは合致しないことが判明したため、このまま進めるのは難しいとの報告があった。創薬以外のテーマに修正する等、継続して検討することになった。

#### 8. 学術会議

日本学術会議の代表者選出については、本学会が所属する情報学関連研究委員会では、武市正人教授(東京大学)が代表として選出された旨、報告があった。

#### 9. 國際対応

AASBi (Association of Asian Societies for Bioinformatics)の第1回ミーティングが2003年12月14日に開催された。次年度以降は毎年開催することになっている。本年度の会長は宮野が就任した。次期会長としてKSBI (Korean Society for Bioinformatics)のメンバが検討されている。

## ■ 日本バイオインフォマティクス学会 平成15年度総会 議事録

日 時：平成15年12月16日(火)16:00 - 16:30 場 所：横浜、パシフィコ横浜会議センター、メインホール  
司 会：阿久津 幹事

### 報告及び議事

1. 学会員の出席者数(委任状を含む)が総学会員数の1/10を超えており、規定により、本総会は成立することが確認された。

2. 平成14年度事業報告があり、承認された。

#### 2-1 総会・評議員会

総会は平成14年12月17日(恵比寿ガーデンプレイス、ザ・ガーデンホール)に開催した。評議員会は平成14年6月4日(東京ステーションホテル)と平成15年3月25日(八重洲富士屋ホテル)に開催した。

#### 2-2 年会

平成14年度学会年会は第13回ゲノム情報国際会議との共催で、平成14年12月16日- 18日(恵比寿ガーデンプレイス、ザ・ガーデンホール)に開催した。

#### 2-3 研究会とワーキンググループ

バイオインフォマティクス講習会を平成14年7月23日- 24日(東京大学医学研究所及び東京農工大学)に開催した。第3回バイオシミュレーション研究会を日米合同ワークショップ「有用微生物のシステム生物学」として平成14年9月16日- 18日(慶應義塾大学鶴岡キャンパス)に開催した。

#### 2-4 後援・協賛

下記の後援・協賛を行った。

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、神奈川科学技術アカデミー教育講座、情報計算化学生物学会、CBI2002年大会、平成14年度産業技術総合研究所国際シンポジウム、計測自動制御学会、システム・情報部門学術講演会、IPAB2002並列生物情報処理イニシアティブシンポジウム、DBWeb2002データベースとWeb情報システムに関するシンポジウム

3. 平成14年度収支決算の報告があり、承認された。

4. 平成15年度事業中間報告があった。

#### 4-1 総会・評議員会

第1回評議員会(2003年5月13日、八重洲富士屋ホテル)を開催した。第2回評議員会は2004年3月に新旧評議員合同で開催予定である。来年度の年会・総会は、2004年12月にパシフィコ横浜

会議センターで開催予定である。

#### 4-2 平成16年度役員選挙

会員による評議員選挙を2004年1月、評議員による会長選挙と会長による幹事の指名を2004年3月に予定している。

#### 4-3 研究会・ワーキンググループ

第4回バイオシミュレーション研究会を2003年6月23日- 25日(鶴岡)に開催した。バイオインフォマティクス夏の学校を2003年7月23日- 25日(熱海)に開催した。第1回システムバイオロジー研究会2003年10月22日(東京)に開催した。第1回生物情報ネットワーク研究会(2003年12月18日(東京))を開催した。第2回システムバイオロジー研究会を2004年2月2日- 3日(下関)に開催予定である。

#### 4-4 協賛・後援

下記の協賛・後援を行った。

バイオインフォマティクス春の学校、バイオインフォマティクス入門プログラミングコース、ゲノムテクノロジーフォーラム2003 & BioIT World Japan 2003、バイオインフォマティクスコース(KAST主催)、計測自動制御学会システム・情報部門学術講演会2003、IPABシンポジウム2003 A日経バイオインフォマティクスフォーラム

#### 5. 広報活動

ニュースレター第7号を2003年8月に発行した。ニュースレター第8号を2004年2月に発行予定である。

#### 6. 科研費・学術会議

日本学術会議の代表者選出に当たり、本学会では金久(元)会長を推進した。投票の結果、本学会が所属する情報学関連研究委員会では、武市正人教授(東京大学)が代表として選出された。

#### 7. バイオインフォマティクス事典の編纂事業を開始した。

#### 8. 國際対応

AASBi (Association of Asian Societies for Bioinformatics)を設立し、第1回ミーティングを2003年12月14日に開催した。

9. オンライン会員情報システムを整備した。2004年より運用予定である。

10. Genome Informatics On-line事業を行った。

11. プライバシーポリシーの制定を行った。

# 学会の現況

## 平成15年度 役員一覧

会長	宮野 悟 (東京大学医科学研究所)	任期 H15.4.1～H16.3.31
副会長	江口 至洋 (三井情報開発株式会社)	
会計監査	浅井 潔 (東京大学大学院新領域創成科学研究科) 河合 隆利 (エーザイ株式会社)	
幹事	阿久津達也 (京都大学化学研究所) 金久 實 (京都大学化学研究所) 白井 宏樹 (山之内製薬株式会社) 高井 貴子 (東京大学情報理工学系研究科) 高辻 博史 (日本アイ・ビーム株式会社) 矢田 哲士 (東京大学医科学研究所)	
評議員	阿久津達也 (京都大学化学研究所) 大山 彰 (三井物産株式会社) 岡本 正宏 (九州大学大学院農学研究院) 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)	任期 H14.4.1～H16.3.31
	江口 至洋 (三井情報開発株式会社) 白井 宏樹 (山之内製薬株式会社) 高辻 博史 (日本アイ・ビーム株式会社) 高橋 勝利 (独立法人産業技術総合研究所) 中井 謙太 (東京大学医科学研究所) 永井 啓一 (株式会社日立製作所) 西川 建 (国立遺伝学研究所) 古谷 利夫 (株式会社ファルマデザイン) 宮野 悟 (東京大学医科学研究所) 森本 伸彦 (オリンパス光学工業株式会社)	任期 H15.4.1～H17.3.31

## 賛助会員一覧(平成16年2月12日現在)

#会員番号	会社名	#会員番号	会社名	#会員番号	会社名
C0002	サン・マイクロシステムズ株式会社	C0019	塩野義製薬株式会社	C0035	サントリー株式会社
C0003	日本SGI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	C0036	中外製薬株式会社
C0004	CTCラボラトリーシステムズ株式会社	C0021	武田薬品工業株式会社	C0037	株式会社ジークスアイ
C0005	田辺製薬株式会社	C0022	三井物産株式会社	C0039	科学技術振興事業団
C0007	日本ヒューレット・パッカード株式会社	C0023	三共株式会社	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)
C0008	山之内製薬株式会社	C0024	エーザイ株式会社	C0041	日本アイ・ビー・エム株式会社
C0010	株式会社シーティーアイ	C0025	大鵬薬品工業株式会社	C0042	伊藤忠テクノサイエンス株式会社
C0011	アブラガバイオシステムズジャパン株式会社	C0027	株式会社日立製作所	C0043	株式会社日立ハイテクノロジーズ
C0012	大日本製薬株式会社	C0029	株式会社マホレックス	C0044	インフォコム株式会社
C0014	藤沢薬品工業株式会社	C0030	アクセルリス株式会社	C0045	東レ株式会社
C0016	タカラバイオ株式会社	C0031	日本新薬株式会社	C0046	株式会社情報数理研究所
C0017	明治製薬株式会社	C0032	日本オラクル株式会社		
C0018	第一製薬株式会社	C0033	三井情報開発株式会社		

JSBi News Letter

## 編集後記

過去三度編集後記を書きましたが、改めて読み直すと内二回が天気の話!やれやれ私も完璧な年寄りだなどと実感しました。何を隠そう実は今回も「梅の香もほのかに漂い、春らしくなって…」などと常套句で誤魔化そうと思っていました。そこで、天気の話以外で老若男女を問わず食い

付きの良い話題を提供できぬものかとあれこれ思い巡らしましたが、今のところ妙案見えず、今回は断念せざるを得ないようです。どなたか名案をお持ちの方、ぜひ事務局までご一報ください。(鈴木麻子)

JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS