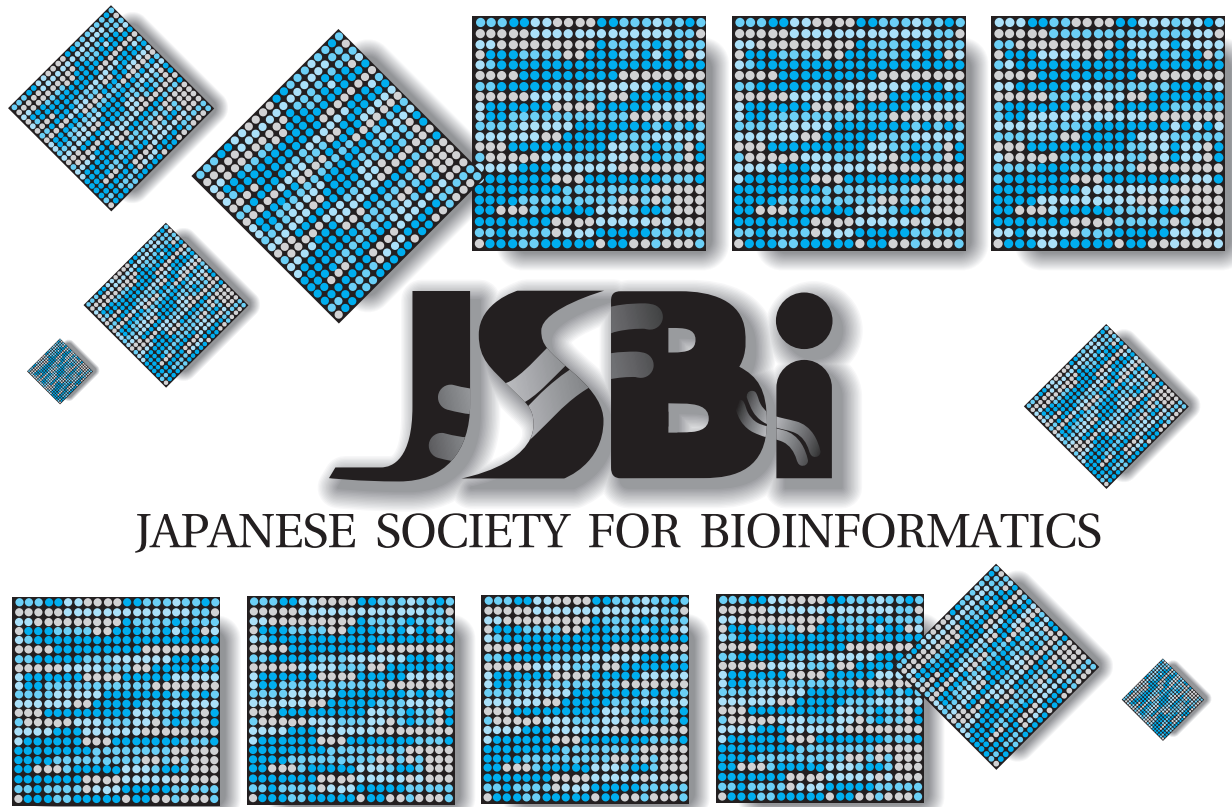




JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS

日本バイオインフォマティクス学会ニュースレター 第10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	[国際会議レポート].....10
[研究会の活動報告] 2	[学会からのお知らせ].....12
[新研究会発足のご案内].....5	[学会議事録等].....13
[特集:賛助会員からのメッセージ Part III].....6	[学会の現況].....15
[GIW2004レポート].....7	[編 集 後 記].....16

巻頭言

ごくごく最近のことだが、私たちの研究所は隣の建物に引っ越した。これは非常に大変な作業で面倒くさく思えるが、私としてはなんとなくワクワクする。これまでのレイアウトを思いっきり変えたり、机の片隅に数年溜まっていたものを一挙にひっくり返して捨てる良い機会になるからである。引越し作業中は、わき目も振らずにさっさと作業をこなしていかなければならないのは充分承知しているつもりだが、私の癖でついつい昔の物を掘り出しては懐かしんで時間をつぶしてしまう。今回も埃をかぶった数年分のGIWの予稿集を見つけてしまった。1997年から2000年当時のものを開いて読んでみると、今では定番となっているような方法論やデータベースなどが、新しいアイデアとして登場し始めておりとても初々しい。この時期は、日々、生物データがものすごい勢いで生産され、それにリアルタイムに対処するために新しい方法論や技術が右肩上がりの急カーブを描いて発信されていた。この分野への世間の期待感が非常に大きく“バイオインフォマティクス”という言葉が巷に溢れかえていたのも同時期である。

それから数年、さまざまな研究の大発展があった後、今では一見、その勢いは収まってきたように見える。例えば、解析技術で言えば既に定番とも言える規格が定まって来ており、後は精度をより向上させ製品化する方向に向かっている。またデータベースで言えば、200を越える生物種のゲノムが明らかになっているなど、大量の生物データが既に手元に確保されたうえ、重要でよく使われるデータベースは凡そ世に知られるようになり、後は維持管理の方向に流れている。引越しに例えると、家具の大まかなレイアウトが決まり、棚の中の本を並べかえたり、机の中の小物を整理している段階だろう。ここで誤解の無いように書いておかねばならないが、私は決して研究の勢いがなくなっていると言っているのではない。

むしろ逆なのだが、バイオインフォマティクスに求められる課題自体がより細分化、具体化し、深化してきた結果、一見静かに見えるということなのだと思う。

さて、この状況でもう一度冷静になって考えたときに、これまで以上に研究者の個性が重要視される時代になったのだと思う。細分化されてきた課題の選択肢は無数にある。いったいどちらの方向に研究の一步を踏み出せば良いのか？そしてその方向はどのような生物学面白みがあるのか。データがすでに手元に確保されているのでそれをどのように料理すれば明快な結論が見えるのか？料理を行うためには、これまで発信されてきた定番の技術をどのように組み合わせれば必要な情報が抽出できるのか？、、、などなど、研究者個人の工夫の余地が多く残されている。さらに、より個性的になろうとするなら、もう一度、引越しを行って（高いポテンシャルを要求されるが）大幅なレイアウト変更で新しい領域に踏み込むのも極めて重要だろう。一見、静かになったように見えるバイオインフォマティクス分野は、むしろこれからが本番の体制に入ったと言えるのではないだろうか。

今回の特集では、GIW2004、PSB2005、APBC2005、ICSB2004の参加報告が組まれている。多くの研究者が参加する中で、どのような個性的な研究があったのだろうか？できれば、もう一回引越しにチャレンジした研究を見てみたい。

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）



研究会の活動報告

■ 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） 副査 倉田 博之（九州工業大学情報工学部）

2004年8月27日に京都キャンパスプラザ2Fホールにて、京都大学細胞・生体機能シミュレーションプロジェクト（文部科学省リーディングプロジェクト）と共催し、第4回の研究会を開催しました。今回は金沢医科大学の倉田康孝先生に招待講演をお願いし、「モデルを用いた生体機能の定量的解析」をテーマにお話して頂きました。この他に7件の一般講演があり（下記のプログラム参照）、質疑応答も活発に行われました。医学・生物学・情報学・工学といった幅広い分野から全体で非会員を含めて52名の研究者の方にご参加頂きました。

第5回研究会は、2004年11月8日に東京大学医科学研究所一号館講堂にて開催し、代謝のシステムバイオロジーに関する招待講演と一般講演を行いました。参加者は企業や大学の研究者を含めて約50名でした。招待講演としては、大阪大学大学院の清水浩先生に「バイオインフォマティクスデータを統合する代謝情報工学」、協和発酵工業株式会社東京研究所の森英郎先生に「次世代代謝工学プラットフォーム：大腸菌ミニゲノムファクトリー」として話題を提供して頂きました。一般講演では、代謝に関わる話題のほか、システムバイオロジーに係る広範囲

の話題がありました(下記のプログラム参照)。また、今回は、招待/一般講演の他に、コマーシャルプレゼンテーションとして企業による関連製品の紹介機会を設ける等の新たな試みも行ない、大学や研究所だけにとどまらず、企業をも含めた交流の場となりました。

既にご案内の通り、第6回研究会は2005年3月4日に千里ライフサイエンスセンターで開催されます。また、第7回は初夏に沖縄で開催する計画をすすめています。多くの方々のご参加をお待ちしております。

第4回研究会

(京都大学細胞・生体機能シミュレーションプロジェクトと共同開催)
2004年8月27日 キャンパスプラザ京都2Fホール

(招待講演)

「ヒト心室筋モデルの分岐構造解析(自動能・EAD 発生機序の解析、バイオペースメーカーシステム設計への応用」
倉田康孝, 松田裕之, 芝本利重(金沢医科大学)
久留一郎(鳥取大学)

(一般講演)

「心筋電気刺激における非線形性・非対称性膜電位変化の top-down アプローチによる再現:除細動効果判定システムへの応用を目指して」
芦原貴司(京都大学, 米国Tulane大学),
Natalia A. Trayanova(米国Tulane大学)
「A Constructive Approach to Gene Expression Dynamics」
T. Ochiai, J.C. Nacher, T. Akutsu (Kyoto University)
「Propositional Calculus に基づく遺伝子ネットワークモデルの制御」
田中寛人, 中山英生, 潮俊光(大阪大学)
「大腸菌窒素同化システムのシミュレーションとシステム解析」
真崎浩一, 倉田博之(九州工業大学)
「応答曲面法に基づく細胞シミュレーションのパラメータ最適化」
酒井晃二, 小山田耕二, 伊藤貴之, 比戸将平, 皿井伸明(京都大学)
「細胞シミュレーションのパラメータ最適化システムへのWeb サービス技術の応用」
比戸将平, 伊藤貴之, 小山田耕二, 酒井晃二, 皿井伸明(京都大学)
「平安京ビューを用いた細胞シミュレーションのパラメータ最適化GUI」
伊藤貴之, 比戸将平, 小山田耕二, 酒井晃二, 皿井伸明(京都大学)

第5回研究会

2004年11月8日 東京大学医科学研究所一号館講堂

(招待講演)

「バイオインフォマティクスデータを統合する代謝情報工学」
清水浩(大阪大学)
「次世代代謝工学プラットフォーム:大腸菌ミニゲノムファクトリー」
森英郎(協和発酵工業)

(一般講演)

「バクテリア代謝ネットワークのscale-rich構造」
田中玲子(理化学研究所)
「心筋細胞におけるミトコンドリアモデルの構築とエネルギー代謝シミュレーション」
齊藤隆太(三菱ウェルファーマ株式会社)
皿井伸明, 松岡達(京都大学)

(コマーシャルプレゼンテーション)

「インフォコムが提案する最先端パスイ解析ソリューション」
金子舞子(インフォコム)

(一般講演)

「シミュレーションを前提としたパスイのためのペトリネットを用いた知識表現」
土井淳(山口大学), 長崎正朗, 植野和子(東京大学)
松野浩嗣(山口大学), 宮野悟(東京大学)
「配列モチーフ共有タンパク質の同定のための グラフを利用したクラスタリング手法」
川路英哉(NTTソフトウェア) 竹中要一, 松田秀雄(大阪大学)
「大規模遺伝子制御・代謝ネットワークの動的モデルの最適化」
吉田圭介, 倉田博之(九州工業大学)



■ 生物情報ネットワーク研究会

主査 堀本 勝久(東京大学医科学研究所) 副査 麓 雅樹(ノーザンサイエンスコンサルティング)

第3回研究会「構造バイオインフォマティクス」は、2004年11月25日に東京大学医科学研究所第一講堂において開催された。今回の研究会の企画は木寺詔紀先生(横浜市立大学大学院総合理工学研究科・教授)にお願いした。午前10時より、木

寺先生の基調講演の後、招待講演の5名の先生方に続き、2名の一般応募の先生に御講演いただき、堀本(主査、東京大学)のまとめをもって、予定より少し遅れて午後6時に無事終了した。先生方の講演タイトルは以下の通りである。

木寺 詔紀(横浜市立大学大学院総合理学研究科)
 「はじめに」
 木下 賢吾(東京大学医科学研究所)
 「「蛋白質の立体構造と機能に関するデータベースからの知見と今後の課題」」
 廣明 秀一(横浜市立大学生体超分子)
 「蛋白質のドメイン解剖学・配列情報解析から構造決定まで」
 河野 秀俊(日本原子力研究所中性子利用研究センター)
 「立体構造からみたDNA結合タンパク質のDNA配列認識機構」
 長野 希美(産業技術研究所・生命情報科学研究センター)
 「酵素の立体構造に基づく触媒反応の解析・分類」
 千見寺 浄慈(神戸大学理学部)
 「第一原理的タンパク質立体構造予測の現状と立体構造構築原理」
 広川 貴次(産業技術総合研究所)
 「GPCRモデリングとバーチャルスクリーニングへの試み」
 金城 玲(国立遺伝学研究所)
 「タンパク質三次元構造を復元できる一次元構造表現」
 堀本 勝久(東京大学医科学研究所)
 「終わりに」

「物に基づかない科学は滅びる」という古いひとつの箴言の基、ネットワーク研究を生体分子の構造・物性からの研究と捉え、構造・物性的側面と情報的側面の融合を意図したものがある。講演頂きました先生方には、それぞれ1時間の講演においてネットワークの相互作用に関する構造・物性的な側面の基礎的な部分から実際まで、率直且つ判り易く説明していただいた。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た。

記名していただいた参加者は、総数27名で、そのうち、大学関係者は16名、企業関係者は11名であった。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」と好評だった。構造・物性的側面からネットワークを研究する話は大変好評であった。ただし、研究会開催の広報が遅れたこともあるが、生物情報関連の研究者の出席が少なく、残念であった。



第3回研究会

第4回研究会「遺伝子・代謝ネットワークの構造と動的挙動の解析」は、2004年12月16日に東京大学医科学研究所第一講堂において開催された。今回の研究会の企画は阿久津達也先生(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・教授)にお願いした。午前10時より、阿久津先生の基調講演の後、5名の先生方の御講演いただき、堀本(主査、東京

大学)のまとめをもって、予定より少し遅れて午後6時に無事終了した。先生方の講演タイトルは以下の通りである。

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)
 「はじめに」
 小林 徹也(東京大学生産技術研究所情報・システム部門)
 「細胞内反応ネットワークにおける揺らぎの数理解析」
 時田 恵一郎(大阪大学サイバーメディアセンター)
 「大規模生物ネットワークモデルにおける多様性、複雑性および安定性」
 望月 敦史(基礎生物学研究所)
 「遺伝子制御の数理解析—遺伝子ネットワーク恐れるに足らず?」
 有田 正規(東京大学大学院新領域創成科学研究科情報生命科)
 「お気楽代謝マップエディタで見る代謝ネットワーク」
 落合 友四郎(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)
 「Stochastic process for gene expression dynamics」
 堀本 勝久(東京大学医科学研究所)
 「終わりに」

近年のネットワーク研究では、「スケールフリー」「スモールワールド」などネットワークの構造に関する性質が注目を浴びている。また、そのような性質をもつネットワークに関する動的な振る舞いが、大規模なsimulationを主とする Systems Biologyとは異なる立場からの研究が盛んになっている。第4回研究会は、ネットワークに関する諸問題を広く取り上げることが意図したものがある。ネットワークの構造とその動的性質について、まとまったかたちでお話を伺うことができる稀な機会であり、ネットワーク研究の最新の状況や展望について理解することのできる貴重なチャンスを提供できたと考えます。講演頂きました先生方には、それぞれ1時間の講演においてネットワークの動態について数理生物学、物理学、情報学の手法から解析した結果を、率直且つ判り易く説明していただいた。また、活発な意見の交換も行われ、意図したとおりの講演会が実現することができた。

記名していただいた参加者は、総数34名で、そのうち、大学関係者は21名、企業関係者は13名であった。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」と好評だった。理学的な話は好評を得たが、そのためか企業関係者の出席が少なかった。



第4回研究会

■ 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)

～ 第三回創薬インフォマティクス研究会 報告 ～

日 時 2005年1月26日 午後1時—6時

場 所 東京大学医科学研究所第一講堂

参加者数 72名

挨拶 中井謙太(東京大・医科学研究所)

講演 富井健太郎(産総研・生命情報科学研究センター)

廣明秀一(横浜市立大学大学院・総合理学研究科)

小田晃司(大正製薬株式会社・研究システム部)

竹田・志鷹真由子(北里大学・薬学部)

座 長 松末朋和(持田製薬株式会社)

総 括 江口至洋(三井情報開発株式会社;研究会副査)

本研究会は、「インシリコ駆動型創薬」を実現する推進力となることを目指して2004年度に発足したばかりの研究会です。創薬に用いる種々の「情報」について、その情報をもつ有用性と限界について正確に把握しておくことが肝要と考え、第3回目となる今回は、創薬の幅広い段階で利用価値のある「蛋白質の立体構造情報」をトピックスとして、現状と展望を議論しました。参加者は約70名、産学双方から参加があり、充実した議論が行われました。

創薬における蛋白質立体構造は、新規機能予測、ドラッグデザイン、臨床効果の個人差解析などに有用ですが、その基本となる技術の一つが立体構造予測技術です。今回の演者のうち富井博士と竹田博士からは、2004年に開催された立体構造予測に関する国際的な評価会議であるCritical Assessment of techniques for protein Structure Prediction6; CASP6)のご報告を頂きました。それぞれ独自に開発された手法(FORTE(富井博士ら)、CHIMERAとFAMS(竹田博士ら))を用いて参加され、主催者から優秀な成績を挙げたグループのみに依頼される、大会<2004年12月イタリア>での口頭講演を行われました。最先端の予測技術を用いた現状と限界、展望について分かりやすく説明頂きました。創薬現場ではすでにFold認識などを利用した構造予測を介した機能解析が行われていますが、現状ではアラインメント精度が低く、擬陽性ヒットも多数存在している状況です。このため、JSBi会員の研究員から、現存手法を凌駕する新手法の開発

が望まれます。

また、実際の創薬現場では、バイオインフォマティクス単独ではなく、実験による機能解析や化合物スクリーニングと組み合わせて利用されていますが、重要な解決すべき方向の一つがドメイン解剖学研究にあります。廣明博士からは、新規の機能性蛋白質ドメインを発見実験的にドメイン境界を高速に決定するのに適したベクター構築法"PRESAT-vector法"の開発を行い、他のバイオインフォマティクスの手法と組み合わせることで独自のドメイン解剖学研究を紹介頂きました。

さらに、小田博士からは、ドラッグデザインにおける蛋白質構造の利用法について幅広く解説頂きました。最近ではバーチャルスクリーニング技術が、ハイスループットスクリーニングよりも格段に高い確率でヒット化合物を取得でき、コストや実験期間の削減に貢献していることをご紹介頂きました。またヒトと真菌での化合物選択性が、蛋白質の表面の静電的性質の差異に依存している可能性を具体例とともにご紹介頂きました。

なお今回の開催にあたり座長を引き受けて下さいました松末朋和博士(持田製薬株式会社)には企画についての多くのご相談をさせて頂きました。

さて、2005年度は基本的に2回の研究会(トピックスは創薬バイオDB、バイオケモインフォマティクス)開催を予定しております。バイオケモインフォマティクスに関しては薬学会情報化学部会との共同開催を検討しております。

会員の皆様からの幅広いご意見・ご要望をお待ちしております。



新研究会発足のご案内

■ オントロジー研究会

主査 五斗 進(京都大学化学研究所)

副査 福田 賢一郎(産業技術総合研究所生命情報科学研究センター)

ゲノムプロジェクトとそれに続くポストゲノムプロジェクトにおいて

多種多様なデータが大量に得られるようになってきた。また、

文献や教科書にはゲノムワイド・ハイスループットデータに限らず豊富な知識が蓄えられている。そこには、ゲノムから得られる遺伝子の情報だけでなく、低分子化合物、糖鎖、脂質などの生体内の物質や生物種、組織、病気に関する情報も含まれている。生命を系統的に理解し、その成果を創薬や環境問題に応用するためには、これらの膨大な知識を統合し、そこから新たな知識を発見する必要がある。

様々なプロジェクトから得られる膨大な知識を統合したり、プロジェクト間のデータ交換を容易にするためには、遺伝子や化合物などの分子の名前から組織や生物種の名前まで用語の統一を進める必要がある。また用語と意味との関係を明示的に表現し計算機で扱えるようにするための階層的な分類の枠組みも必要であろう。そのような必要性からバイオインフォマティクスにおいてもオントロジー研究の重要性が近年認識されつつある。さらに、その成果を用いたデータベースの統合・統合されたデータベースからの知識発見、文献からの知識抽出といった研究も進められている。

日本発のデータベースも数多く存在する中で、これらを有効に

組み合わせて開発するための枠組みを構築することは日本のバイオインフォマティクス研究にとって有効であると考えられる。そこで、本研究会では大規模情報からの知識ベースの構築、それに続く知識発見、そのためのオントロジー構築に関する研究を主な対象として、以下のような活動を行なう。

1. 遺伝子やタンパク質のみならず、低分子化合物、糖鎖、脂質などの生体内の物質、物質間の相互作用、生物種、組織、病気に関する多種多様なデータにおけるオントロジー構築に関する研究。
2. 文献や教科書からの情報抽出に関する研究。
3. データベースの統合および知識発見に関する研究。
4. 上記を総合的に議論して、日本からのオントロジー発信を行なうための討論の場。

研究会は年2回程度開催する予定。

特集:賛助会員からのメッセージ Part III

■ 株式会社ジーエヌアイ

CTO 田中 純一

～創薬ベンチャーにおけるバイオインフォマティクスへの取り組み～

株式会社ジーエヌアイ、Gene Networks International (GNI) は、グローバルな活動を行う日本の創薬ベンチャー企業です。日本に本社（東京）とR&D拠点（久留米）を置き、英国にR&D拠点（ケンブリッジ）、米国に事業開発拠点（サンノゼ）を持っています。

GNIは、微生物やヒトの遺伝子制御ネットワーク情報を利用して、疾患治療に最も有効なターゲット遺伝子をゲノムレベルで探索する道を開きました。すなわち、バイオロジーとインフォマティクスの両技術を活用して、遺伝子制御ネットワークを創出し同定することにより、効率的な創薬ターゲットングの方法を確立しました。今回新たに構築された遺伝子制御ネットワークは、倫理規定に沿って入手された健常人の血管サンプルから調整されたヒト血管内皮細胞を対象にしています。さらにヒト血管内皮細胞の知的財産を生かし、特にヒト血管内皮細胞にフォーカスした自社R&Dや他の製薬企業との共同研究開発を行っています。GNIは、この合理的なアプローチをシステム創薬と名づけました。

ヒト細胞には3万個以上の遺伝子が含まれ、個々の遺伝子は相互に作用しあいながら、遺伝子群として複雑な機能を果たしています。GNIはヒト細胞の全遺伝子に及ぶ網羅的な相互作用の相関図を、遺伝子制御ネットワークとして世界に先駆けて完成しました。これは特定遺伝子のRNAiノックダウンによる

全遺伝子の発現変化を、DNAマイクロアレイで解析するという作業を数百の特定遺伝子について繰り返すことにより成し遂げられました。

解析の対象となるデータの収集に当たっては、ノックダウン対象の特定遺伝子の数に応じた個々のDNAマイクロアレイデータについて、実験条件の差、さらにはマイクロアレイのロット間差（メーカーは否定しているが）などを考慮してノーマリゼーションを行う必要があります。ノックダウンという、ゼロ百でない現象からの遺伝子相互の支配関係の推定は、ベイジアンネットワークモデルに基づいた独自の解析法を用いて行います。また遺伝子制御ネットワークには、当該細胞の全遺伝子の全相互作用の情報が網羅的に蓄積されており、特定の作用に関連する遺伝子群を効率的に発見するために、複数のデータベースにリンクして、各遺伝子のアノテーションが容易に行えるシステムとなっています。

このような、あらゆる生命作用に関する情報、すなわち遺伝子制御ネットワークの情報なしには、遺伝子相互の作用を予測したり制御したりすることは不可能と言えます。新しい「遺伝子ターゲット」薬が、副作用と特異性情報の欠如のために、思いがけない副作用が出て、結局は臨床試験段階で次々に脱落して行くという厳しい現実の背景には、こうした基本情報の不足が存在しています。

現在GNIには、心臓血管系疾患、炎症、癌(腫瘍)治療のための自社R&Dプログラムがあります。これらの疾患は、いずれも多くの人たちがその治療を待ち望む大変重要な分野です。GNIの使命は、その先駆的なシステム創薬のアプローチを応用して、従来行われているような薬理作用のメカニズムをブラックボックス化したままのトライ・アンド・エラー的なアプローチから、ブ

ラックボックス内部の因果関係を解き明かす遺伝子制御ネットワークを利用した論理的・科学的なアプローチへと、創薬のパラダイムを変換させることにあります。パラダイムシフトこそが、効率的に創薬ターゲットを発見し、これらの疾患に苦しむ患者さんにご家族を救う近道であるとGNIは考えています。

■ インテックウェブアンドゲノムインフォマティクス株式会社

小森 隆

～インテック・ウェブ・アンド・ゲノム・インフォマティクス株式会社における バイオインフォマティクスへの取り組み～

インテックグループは1964年の創業よりIT企業として歩んでまいりましたが、バイオインフォマティクスへの取り組みは、弊社の前身であるインテック・システム研究所から東京大学医科学研究所に研究生を派遣したのが始まりでした。ヒトゲノム解読プロジェクトこそ始まっていたものの、ゲノムという言葉が今ほど広く知られる以前の1993年のことでした。以来、ゲノム研究分野での受託研究やシステム開発の実績を積み重ね、2000年にはインテック・ウェブ・アンド・ゲノム・インフォマティクス株式会社と改称、社名に「ゲノム」を冠する事業会社となるに至りました。

この間、私どもは、ゲノムインフォマティクス技術プロジェクト、SNPs解析プロジェクトなどの委託事業を受け、遺伝子ネットワーク解析や多型解析の研究開発を実施するとともに、製薬企業、バイオ関連企業、医療機関等への研究支援サービスを提供してまいりました。その一方、独BIOBASE社や米Genaissance Pharmaceuticals社などと提携し、遺伝子情報データベースやソフトウェアの販売にも携わってまいりました。事業会社である一面、学界との共同研究も弊社にとって重要な活動であり、富山医科薬科大学を中心とした産官学共同研究「漢方方剤テラメド治療法の開発」、理化学研究所 発生・再生科学総合研究センターとの共同研究「プロモトームデータベースを用いた細胞機能解析」、産業技術総合研究所や東北大学などを中心としたコンソーシアム型産官学共同プロジェクト「麹菌ゲノム解析」などを継続しております。

ゲノム研究とITの融合は、今後の医療のあり方を大きく変える可能性を秘めています。弊社では、医療分野での取り組みとして、一昨年より病理細胞診検査業務支援システムEXpathシリーズの販売を開始しております。さらに、地域医療機関を結ぶセキュリティネットワークの提案やオーダーメイド・ヘルスケア事業への参画を通じて、先進的な医療の実現に向けた努力を始めています。昨年10月には、独立行政法人国立病院機構東京医療センターでのインターネットを利用した感覚器疾患オンライン症例登録システムの開発を担当いたしました。

分子生物学研究の世界に単に計算機やネットワークを持ち込み、大量データを効率よく扱えるようにすることだけがバイオインフォマティクスの役目ではありません。情報科学の成果をITによって実現することを通じて、実験的手法だけでは得られなかった新たな生物学的知見を発見し、また、再びITを使ってそれを医療や産業に応用できてこそ、バイオインフォマティクス本来の存在意義があると言えましょう。バイオインフォマティクスは、生物学(biology)と情報科学(informatics)という異なる学術研究の融合領域であるばかりでなく、基礎研究と実応用というやはり異なる世界の間に横たわる「デス・バレー」(死の谷)を越えなければならないという宿命を負っていると感じています。様々な大学や研究機関の方々からのご協力を賜りながらこの困難な課題を克服することが、企業の立場でバイオインフォマティクスに携わる我々の使命であると考えております。

GIW2004 レポート

■ GIW2004 レポート

長崎 正朗(東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター)

1990年に始まったGenome Informatics Workshopは、1996年に現在の名称International Conference on Genome Informatics (GIW)に改称され現在に至ります。15年というバイオインフォマティクスの国際会議としては非常に長い歴史をもちます。今年

も昨年に引き続き横浜パシフィコで12月13日(月)～15日(水)の3日間開催されました。今年は64本の中から29本の論文が採択され、投稿数がGIW史上過去最高となりました。ポスター発表は185件、ソフトウェアデモが14件、参加者は556名となりここ数

年増加傾向にあります。来年の1月には、Pacific Symposium on Biocomputing (PSB) 2005とThe Third Asia Pacific Bioinformatics Conference (APBC) 2005が控えているにもかかわらず盛況ぶりを伺わせていました。またバンケットにおいても、今年は昨年に比べ量質ともに向上しました。なお例年のことですが、GIWの進行は非常に手際よく円滑に進められました。これも歴史があるからこそと思われます。

基調講演は、Alessandro Sette博士(La Jolla Institute), Ron Shamir博士(Tel Aviv University), 金子邦彦博士(東京大学大学院)が発表されました。

金子先生の話は、複雑系の研究と統計力学のアプローチを

用いて生物の基本性質を抽出し、実際に単純化された生物の実験システム系上でその基本性質を確認するプロセスを通して生命システムを構成的に理解していこうという話でした。この構成的生物学の方法論は、近年頃に大量に得られるようになった実験データをデータベースとしてまとめることで生物を理解しようとする方法論とは異なり生物の理解が進むにつれて今後より重要な研究の方向性であると持つと思われます。

来年も、GIWは12月中旬にパシフィコ横浜で行われる予定です。バイオインフォマティクス関係の雑誌、国際会議が増加傾向にありますがGIWはバイオインフォマティクスの中では15年という歴史を活かして発展し続けて欲しいです。



Dr. Aressandro Sette



Dr. Ron Shamir



金子邦彦博士



会場の様子



ソフトデモ



ポスター

■ The Best Paper Award

受賞論文：“Computational Prediction of Operations in *Synechococcus* sp. WH8102”,
Xin Chen, Zhengchang Su, Ying Xu, Tao Jiang

Tao Jiang (University of California, Riverside)

Thanks for inviting us to write this article for JSBi News Letter vol. 10. I saw the email from Professor Akutsu on the morning of Dec. 13, just before I was about to leave for the Los Angeles International Airport, to inform me that our paper entitled “Computational prediction of operons in *Synechococcus* sp. WH8102”, coauthored by Xin Chen, Zhengchang Su, Ying Xu, and myself, has just won the Best Paper Award at GIW'04. It was of course a very pleasant surprise. I forwarded the email to my coauthors immediately to share the great news, which also made the long flight to Tokyo seemingly much shorter and more enjoyable. On behalf of all of my coauthors, I would like to thank the program committee for giving us this honor. I am sure that there were many other equally good, if not better, papers accepted to GIW'04 that deserved the Award, and we feel very fortunate that our paper was finally selected. As we all know, research is fun and rewarding by itself, but recognitions from our colleagues such as this Award really provide us with a great deal of reassurance and confidence to move forward.

By the way, I wonder if you have realized that Dr. Xin Chen might be the only person who has won the Best Paper Award twice at GIW as the first author. I know that he treasures the Award a lot and always wants to submit his best papers to GIW.

On the other hand, this was my first trip to GIW (my first GIW paper was presented by coauthor Ying Xu last year). I had to miss the first two days of the conference because of a final exam that I had to proctor and grade. I am grateful to Professor Akutsu for accommodating my schedule. Although I have never attended GIW before, I am aware of it since its first meeting and have always followed its papers. Thanks to the organizers of GIW, the conference has been successfully run for 15 years, and is now recognized as one of the major international meetings in bioinformatics. I was quite impressed with the quality of the papers presented at

GIW'04 and their focus in computational systems biology. Of course, the beautiful venue of Pacifico Yokohama, pleasant climate in late December, joyful holiday spirit, and delicious food also helped make the meeting more memorable. I look forward to the next GIW meeting.

Again, thanks for giving me the opportunity to express our gratitude, and on behalf of all of my coauthors, I would like to wish everyone a happy and productive new year!



Dr. Tao Jiang

■ Oxford University Press Bioinformatics Prize

受賞ポスター：“Markov Property and Scale-free Organization of Gene Expression”,
Tomoshiro Ochiai, Jose C. Nacher, Tatsuya Akutsu

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

落合 友二郎 (京都大学化学研究所)

20世紀から21世紀にかけて、生命科学の発展には目を見張るものがあります。このような時代に、バイオインフォマティクスおよびシステムバイオロジーの研究ができることに大きな喜びを覚えます。具体的には、数学、物理学、コンピューター、統計学を援用しながら、遺伝子発現、代謝パスウェイをはじめとする生命現象のダイナミクス、相関、及びスケールフリー性の研究をしています。特に現在、確率過程を用いた遺伝子発現量の解析の研究に興味を惹かれております。

論文内容を具体的に説明します[1]。まず遺伝子発現量がマルコフ性をもつ確率過程に従うと仮定します。すると、このことから遺伝子発現量はマスター方程式に従うことが数学的に知られています。このマスター方程式を解くことは、一般的には困難です。ところが、短時間における遷移確率を代入すると、このマスター方程式は、興味深いことにコルモゴロフ方程式といわれる微分方程式に帰着されます。すると、このコルモゴロフ方程式はある種の伊藤の確率過程に等価であることが理論的に知られており、伊藤の公式を使うことにより解析的に完全に解くことができます。この結果として、遺伝子発現量の時間発展を求めることができます。つまり、遺伝子発現量のダイナミクスを知ることができるのです。さらにこのことから、十分時間がたった後、遺伝子発現量がスケールフリー性に従うことが示せます。これは、実験事実とよく適合しており、理論の妥当性を強く支持しています。

この論文で最も重要なことは、マルコフ性というたった1つの仮定から、この遺伝子発現のダイナミクスとスケールフリー性が自然に導かれていることです。また、この方法は理論構成が大変に自然であることにより、遺伝子解析に限らず、揺らぎのあるさまざまな生物系に応用が利くと思われ、大変に有望な方法といえます。

なお、現在、複数間の遺伝子発現量の制御、代謝パスウェイ、たんぱく質相互作用等の生命にとって重要な現象を統合して扱う、確率過程を用いた総合生命モデルの構築を目指しています。この研究手法が、バイオインフォマティクスの標準的な方法になることを期待しています。

最近の生命情報科学の発展には目を見張るものがあります。

大量の実験事実が蓄積された現在、次のテーマはその情報から、どういった規則性を見つけるかなど、より数理的なアプローチが重要になりつつあります。このことはちょうど、20世紀初頭の量子物理学の誕生のころの状況を思い起こさせます。そのときは混沌とした大量の実験データを、関数解析、ヒルベルト空間論、ゲージ理論等の高等数学を駆使し、徐々に整理され、現代量子物理学の大きな体系が完成しました。数学が大きく活躍している分野は物理学だけではなく。経済、金融の世界では、大量の金融データを理解し処理するのに確率微分方程式が使われ、大きな成果をあげています。このような例からもわかるように、数理的なアプローチがすばらしい成果をあげているという事例は本当に数多くあります。そして現在、これと同じことが、生命情報の分野においてもおきつつあることに興奮しています。そのひとつとして今回の研究を評価していただいたことに、関係者各位に厚くお礼申し上げます。

(落合, J.C. Nacher, 阿久津)

参考文献：T. Ochiai, J.C. Nacher, T. Akutsu: Physics Letters A, 330 (2004) pp.313-321.



落合友二郎博士

国際会議レポート

■ PSB2005 レポート

蒔田 由布子(名古屋大学工学研究科)

もしバイオインフォマティクス関係者に「一度は参加してみたい/もう一度参加したい学会BEST10」アンケートを取ったならば、上位入賞確定学会の一つがこのPSB(Pacific Symposium of Biocomputing <http://psb.stanford.edu/>)ではないでしょうか。毎年お正月にハワイの各島を移動しながら開催され、10周年にあたる今年は1月5日より4日間にわたりハワイ島で開催されました。

全体的な雰囲気としては、お正月のハワイという雰囲気もあり比較的のんびりしています。多くの研究者が自前のアロハシャツ姿を披露していましたし、会場となったホテルもリゾート気分満点。学会スケジュールにおいてもCold Spring Harbor系の学会などの様に、時差ぼけの中を夜の11時まで延々と会議が続くということもなく、リフレッシュして新しいアイデアを探そうという心意気です。ポスターセッションにおいても2時間半×2回の合計5時間も取られており、じっくり全ポスターを見て回ることができます。

各セッションは毎年、応募されたテーマの中から選択されるようになっており、今年の内容は以下の6つでした。

- ・ Inferring SNP Function Using Evolutionary, Structural and Computational Methods
- ・ Biogeometry: Applications of Computational Geometry to Molecular Structure
- ・ Inferring Function from Structural Genomics Targets
- ・ Computational Approaches for Pharmacogenomics
- ・ Joint Learning from Multiple Types of Genomic Data

・ Biomedical Ontologies

セッションごとに参加者全体で議論する時間が設けられているのもPSBの特徴の一つで、各セッションの座長を中心にそれぞれの内容に対して議論が進められます。その盛り上がりは座長に依存している部分が大きく、セッションごとに様々でした。ホテルの都合から参加人数が約300名に限られているにも関わらず、非常に広い範囲を網羅しているという印象を受けました。その中でも今年はオントロジーが発表数も一番多く、参加人数も多かったようです。

もう一つ学生にとっては嬉しいこの学会の特徴は、旅費の援助に対して積極的なところです。マイノリティに優先して援助するというアメリカらしい精神で、私も口頭発表するにあたり申し込んだところ、ホテル代と学会参加費の一部を援助して頂きました。

今年は10周年ということもあり、予稿集の始めに過去10年にPSBで発表された論文の中で最も引用回数の多かった10論文が紹介されていました。その中には日本人によるものも2つほどあり、福田賢一郎先生(PSB 1998,産総研)と松野浩嗣先生(PSB 2000,山口大)の論文が掲載されておりました。これらの論文はいずれも新しい研究分野の先駆けをなすもので、日本人の独創性も捨てたものではないと自信を持たせてくれます。

来年は1月3-7日マウイ島で開催されます。セッションの内容は3月中旬に決定されるので、自分の研究に合ったセッションがあれば、また挑戦したいものです。

■ APBC2005 参加報告

李 晨(山口大学大学院理工学研究科)

今年1月17日～21日に開催された国際会議APBC2005(TheThird Asia Pacific Bioinformatics Conference, <http://www.deakin.edu.au/~phoebe/APBC2005/>)に参加しましたので報告いたします。

APBC2005は第3回目であり、第1回目(2002年2月4日～7日)と第2回目(2003年1月18日～22日)はAustraliaのAdelaideとNew ZealandのDunedinでそれぞれ開かれました。今回のAPBCは2005年1月15日～21日シンガポール国立大学(NUS: National University of Singapore)キャンパス内にあるInstitute for Infocomm Research(I2R)で行われました。

今年のAPBCでは、サテライト会議としてGraduate Student Satellite Symposium(15日,発表22件),ポスターセッション(17日～21日,発表90件),Informatics Inspired Biology Symposium(16日)とAPBC Tutorials(17日,2件)が行われたため、参加者数(21カ

国)と例年に比べて増加しました。APBC本体の会議への今年の投稿論文数は118件で、2004年が108件、2003年は61件でしたので、投稿件数も年々増加しています。今年の採択件数は35件で、約30%の採択率でした。

私は15日のStudent Symposiumで発表を行いました。Student Symposiumは大学院生に議論する機会を与えることで、アジアと太平洋地区などのバイオインフォマティクス分野を促進することを目的に行われる会議です。

18日からのPaper Sessionでは、Keynoteが3件あり、そのうちの一人は2004年度GIWの"Best Paper"を受賞したProf. Tao Jiang(UC Riverside)でした。他の講演者は、シンガポールInst. for Infocomm ResearchのVladimir Bajic教授と大阪大学蛋白質研究所の中村春木教授でした。招待講演として、Bioinformatics Inst of Singapore

のSantosh K. Mishra博士が、バイオインフォマティクス分野における今後の研究発展の傾向及びシンガポールがなすべきこの分野での役割について論じました。

Paper Sessionの口頭発表のトピックとしては、Protein Structure, Protein Sorting, Sequence Alignment, Microarray, PCR Primer, Motif, Database Indexing and Querying, Bacteria and Virus, Systems Biology, Proteomicsがあり、特にProtein StructureとMotifに関する発

表が多かったです。また、Paper Sessionでの日本からの発表者は京都大学阿久津研究室の大学院生Dukka Bahadur K.C.さんと山口大学の松野浩嗣先生でした。来年のAPBCは台湾の台北市で開催されます。

APBCの規模と内容がより充実することで、アジア・太平洋地区の研究者の交流がより深くなり、バイオインフォマティクス研究がより活発になることを期待しています。



APBC2005 Paper Session会場の様子

■ 5th international conference on Systems Biology - ICSB (Heidelberg, Germany) 参加報告

畠山 眞里子 (理化学研究所ゲノム科学総合研究センター)

第5回 international conference on Systems Biology (ICSB)は2004年10月9日-13日ドイツ ハイデルベルグにて開催された。参加者は約700名。第1回の参加者から3倍強に増えたとのことである。

サテライトミーティング: EUSYSBIO: Industrial perspectives of Systems biologyに参加した。Bayer社の発表が印象的: Bayer社ではゲノムのアプローチやOmics研究が主流になってからFDAへの新規登録化合物数が以前の年間50化合物から20台にまで減少したそうで、この巻き直し戦略としてSystems Biologyに期待しているとのこと。Bayer社としては、physiological based modelのような、薬の影響を予測できるような、臨床試験の補助的モデルを作るつもりであるとのこと。方法論のスマートさよりも実用ベースでの有為性重視との印象を得た。

口頭およびポスターセッションは、Metabolic systems, Signal transduction, Microbial systems biology, Method and software, Spatial models, Medicine applicationに分類発表された。筆者の興味のSignal transductionセッションでは、1) signal amplitudeおよびdurationとkinaseおよびphosphataseの速度定数との関係: 特にRafはシグナリングの中で高い制御性を持つ (Hornberg, Vrije Univ., Amsterdam), 2) ECM (細胞外マトリクス)とシグナル伝達系のモデル化: ECM-integrin-Rho-Racとmechanical forceの関係で記述 (Schwartz, MPI of Colloids and Interfaces, Potsdam), 3) databased modelingによる細胞内シグナリングの解析: 定量的実験解析、parameter estimation, sensitivity analysis、マイクロアレイデータからのAP-1を中心としたgene network 予測など、応用化を視野に入れた解析 (Bentele, German Cancer Research Center (DKFZ), Heidelberg) が印象的であった。また、Metabolome data (酵素反応物)をgene expression dataと統合させる研究は多かった。

UCSDのPalssonはSystems biologyアプローチを用いた遺伝子

ターゲット予測技術を微生物の育種(evolution)に利用。この方法をもとにベンチャー企業を立ち上げたい。また、最近中国政府がドイツのMax Planck研究所に巨額投資を行い、Systems Biologyのラボを中国に設立するという噂もある。細胞内情報伝達系研究で有名なAxel UllrichはシンガポールのBioinformatics Instituteに移るなど、生物情報分野の拠点は大きく変化しつつあり、その視点もしっかりと産業界に向き始めたとの印象を受けた。



学会からのお知らせ

■ 新ホームページ開設

松野 浩嗣(山口大学理学部)

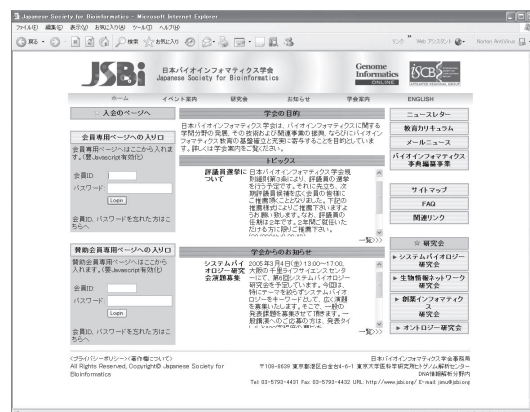
宮野 悟(東京大学医科学研究所)

学会のホームページでは、学会主催、共催の会議などの案内、研究会の開催案内などのほか、入会申し込みや会員情報の管理などを行っており、会員と学会をつなぐ重要な窓口の役割を担っています。最近では取り扱う情報が多く、また多様になってきましたので、学会のホームページのリニューアルを行うことになりました。(上、下、右、左、適切なものを選択)が現在作成中のホームページです。

現在のホームページのコンテンツを再整理し、トップページからスムーズに必要な情報にアクセスできるように工夫しました。例えば、最新の情報は常にトップページに現れるようにし、研究会のページにもトップページからダイレクトにアクセスできるようにしました。また、学会が出版しているGenome Informatics Online へもバナーをクリックすればジャンプできるようにしています。

会員情報データベースへのリンク作業が終了次第、新ホーム

ページの運用を開始します。準備が整いましたら、メーリングリストにて会員のみなさまにお知らせいたします。



■ 平成17-18年度評議員選挙開票結果

2月14日月曜日、選挙管理委員立会いの下、平成17-18年度評議員選挙の開票作業を行ない、以下の方々に新評議員として平成17年度より二年間ご就任いただくこととなりましたのでお知らせ致します。

秋山 泰	(産業技術総合研究所)	有田 正規	(東京大学)
小長谷 明彦	(理化学研究所)	五斗 進	(京都大学)
榊原 康文	(慶應義塾大学)	田中 博	(東京医科歯科大学)
藤 博幸	(京都大学)	西川 哲夫	((株)リバースプロテオミクス研究所)
松野 浩嗣	(山口大学)	馬見塚 拓	(京都大学)

選挙期間中には、会員の皆様のご協力を賜り誠にありがとうございました。これからどうぞ宜しくお願い致します。

■ 平成17年度会費納入のお願い

平成16年度はこの3月をもちまして終了いたします。来年度も引き続き会員の継続を賜りますようお願いを宜しくお願い致します。詳細は、二月中にお手元に郵送いたしました「会員継続のご案内」をご覧ください。

■ その他のお知らせ

~The First International Conference of the Metabolomics Society~

日 時：平成17年6月20日(月)~23日(木) 会 場：慶應義塾大学鶴岡タウンキャンパス

主 催(国内)：慶應義塾大学先端生命科学研究所

URL：www.metabolomicssociety.org/japan2005 E-mail：metabolomics@jtbcom.co.jp

学会議事録

■ 日本バイオインフォマティクス学会 平成16年度総会 議事録

日 時：平成16年12月14日(火) 16:00 ~ 16:30 場 所：パシフィコ横浜 会議センター 303/304
 司 会：佐藤賢二 幹事 議 長：宮野悟 会長

報告および議事

1. 今総会は、出席者62名および、正会員563名のうち、209名の会長委任をあらかじめ受けており、会員数の10分の1を超えているため、規定により、成立することが確認された。
 また、議長として会長の宮野悟が指名された。(佐藤)

2. 平成15年度事業報告

(1) 総会・評議員会

総会は平成15年12月16日にパシフィコ横浜で開催した。
 評議員会は平成15年5月13日、平成16年3月25日の2回共に八重洲富士屋ホテルにて開催した。

(2) 年会

平成15年度年会は第14回ゲノム情報国際会議との共催で、平成15年12月15日～17日にパシフィコ横浜にて開催した。

(3) 研究会とワーキンググループ

バイオシミュレーション研究会を2003年6月23日～25日に慶應義塾大学鶴岡キャンパスにて開催した。
 バイオインフォマティクス夏の学校を2003年7月23日～25日に熱海大月ホテルにて開催した。
 システムバイオロジー研究会は、第1回が2003年10月22日に東京大学医科学研究所で、第2回は2004年2月2日に海峡メッセ下関にてそれぞれ開催された。
 第1回生物情報ネットワーク研究会は、2003年12月18日に東京大学医科学研究所にて開催された。

(4) 後援・協賛

下記の後援・協賛を行った。
 神奈川科学技術アカデミー教育講座、
 バイオインフォマティクス入門プラクティカルコース、
 ゲノムテクノロジーフォーラム2003および
 BioIT World Japan 2003、
 計測自動制御学会システム・情報部門学術講演会 (SSI2003)、

IPABシンポジウム2003、
 バイオインフォマティクス夏の学校

3. 平成15年度収支決算の報告があり、承認された。

4. 平成16年度事業中間報告

(1) 総会・評議員会

第11回評議員会(2004年6月8日、八重洲富士屋ホテル)を開催した。
 第12回評議員会は2005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、2005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。

(2) 平成16年度役員選挙

会員による評議員選挙を2005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2005年3月に予定している。

(3) 研究会・ワーキンググループ

以下の研究会等が開催された。
 システムバイオロジー・バイオシミュレーション合同研究会
 (2004年5月10日 横浜)、
 第2回生物情報ネットワーク研究会
 (2004年6月30日 東京)、
 第1回創薬インフォマティクス研究会
 (2004年6月30日 東京)、
 バイオインフォマティクス夏の学校
 (2004年7月21日 輪島)、
 第4回システムバイオロジー研究会
 (2004年8月27日 京都)、
 第2回創薬インフォマティクス研究会・21世紀COEプログラム共催シンポジウム
 (2004年10月5日 京都)、
 第5回システムバイオロジー研究会

(2004年11月8日 東京)、
第3回生物情報ネットワーク研究会
(2004年11月25日 東京)、
第4回生物情報ネットワーク研究会
(2004年12月16日 東京)

また、今後、2005年1月26日に第3回創薬インフォマティクス研究会を東京で、2005年3月4日に第6回システムバイオロジー研究会を大阪にてそれぞれ開催予定である。本年度中にオントロジー研究会の発足を予定している。

(4) 協賛・後援

以下の会議等に協賛、後援した。
バイオインフォマティクスコース(KAST主催)
(2004年11月8日～2005年1月19日計9日間 東京)、
第1回ゲノム医療情報シンポジウム
(2004年11月12日～13日 東京)、
計測自動制御学会システム・情報部門学術講演会2004
(2004年11月18日～20日 浜松)、
第3回インフォメーション国際会議
(2004年11月29日～12月2日 東京)、
IPABシンポジウム2004
(2004年12月3日、東京)
また、以下の会議を本年度中に協賛・後援予定である。
第1回RTKコンソーシアムミーティング
(2005年1月17日～19日、横浜)、
第50回NIBB Conference
(2005年2月8日～10日)

(5) 広報活動

ニューズレター第9号2004年9月に発行した。また、第10号は2005年3月に発行を予定している。

(6) バイオインフォマティクス事典編纂事業
鋭意編纂中である。

(7) JBICバイオインフォマティクス技術者認定事業

(社)バイオ産業情報化コンソーシアム(JBIC)主催の「JBICバイオインフォマティクス技術者認定事業」を共催した。第1回バイオインフォマティクス2級検定試験を2004年10月31日に東京・大阪で行なった。

(8) 海外との連携事業

Association of Asian Societies for Bioinformatics (AASBi 2005)が2004年11月5日、韓国ソウルにて開催された。また、International Society for Computational Biology (ISCB)との連携も引き続き行なっている。

(9) その他

その他の事業として、メール配信ガイドラインを作成した。また、現在学会ホームページの改訂作業を会長及び松野幹事と共に進めている。学会案内もできるだけ早いうちに完成させる予定である。

本年度の事業中間報告は認められた。
以上で平成16年度総会を閉会する。

学会の現況

日本バイオインフォマティクス学会 平成16年度役員一覧

会 長	宮野 悟 (東京大学医科学研究所)	任期 H16.4.1～H17.3.31
副 会 長	江口 至洋 (三井情報開発株式会社)	
会計監査	荻原 淳 (東京医科大学臨床プロテオームセンター) 高井 貴子 (東京大学情報理工学系研究科)	
幹 事	金久 實 (京都大学化学研究所) 松野 浩嗣 (山口大学理学部) 蓑島 伸生 (浜松医科大学光量子医学研究センター) 中井 謙太 (東京大学医科学研究所) 佐藤 賢二 (北陸先端科学技術大学院大学) 渋谷 哲朗 (東京大学医科学研究所) 白井 宏樹 (山之内製薬株式会社) 輪湖 博 (早稲田大学社会科学学部)	
評 議 員	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・ピー・エム株式会社) 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 (オリンパス株式会社)	任期 H15.4.1～H17.3.31
	青島 健 (三井情報開発株式会社) 金久 實 (京都大学化学研究所) 北野 宏明 (特定非営利活動法人システムバイオロジー研究機構) 小森 隆 (インテック・W&Gインフォマティクス株式会社) 清水 和幸 (九州工業大学情報工学部) 高木 利久 (東京大学大学院新領域創成科学研究科) 富田 勝 (慶應義塾大学環境情報学部) 蓑島 伸生 (浜松医科大学光量子医学研究センター) 森下 真一 (東京大学大学院新領域創成科学研究科) 輪湖 博 (早稲田大学社会科学学部)	任期 H16.4.1～H18.3.31

賛助会員一覧 (平成17年2月14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	C0023	三共株式会社	C0041	伊藤忠テクノサイエンス株式会社
C0003	日本SGI株式会社	C0024	エーザイ株式会社	C0042	日本アイ・ピー・エム株式会社
C0004	CTCラボラトリーシステムズ株式会社	C0025	大鵬薬品工業株式会社	C0043	株式会社日立ハイテクノロジーズ
C0005	田辺製薬株式会社	C0027	株式会社日立製作所	C0044	インフォコム株式会社
C0007	日本ビューレットパッカード株式会社	C0029	株式会社マホレックス	C0045	東レ株式会社
C0008	山之内製薬株式会社	C0030	アクセルリス株式会社	C0046	株式会社情報数理研究所
C0012	大日本製薬株式会社	C0031	日本新薬株式会社	C0047	株式会社菱化システム
C0014	藤沢薬品工業株式会社	C0032	日本オラクル株式会社	C0048	サイバネットシステム株式会社
C0016	タカラバイオ株式会社	C0033	三井情報開発株式会社	C0049	味の素株式会社
C0018	第一製薬株式会社	C0035	サントリー株式会社	C0050	オリンパス株式会社
C0019	塩野義製薬株式会社	C0036	中外製薬株式会社	C0051	株式会社NTTデータ
C0020	株式会社富士通九州システムエンジニアリング	C0037	株式会社ジーエヌアイ	C0052	バイオ産業情報化コンソーシアム
C0021	武田薬品工業株式会社	C0039	科学技術振興機構		
C0022	三井物産株式会社	C0040	インテックW&Gインフォマティクス株式会社		

・有効会員数(平成17年2月10日現在) 正会員:604名(学生会員113名を含む) 賛助会員:40社

JSBi

JSBi News Letter

編 集 後 記

昨年の12月にフィリピンに行ってきました。家族旅行にまでパソコンを持参する私に、妻や子供たちはしらけた視線を浴びせていました。さて、目的地に到着。部屋にはインターネットはおろか、電話もありません。気分をかえてリゾートを満喫しようと、シュノーケリングに行く船に乗りました。しかしそこに居たのはメリーランド大学の人工知能の教授。「グラフがどうした、決定木がどうした。」結局したのはこういう話。やはり神様は私を遊ばせてくれないみたいです。(松野浩嗣)

3月といえば、桃の節句。お正月の次に雛祭りが好きな私ですから、安くてかわいいお雛様を見つけるとつい買ってしまいます。先日なかなかいいのに出会ったので一度に二組購入しました。既に家に三組あるので、これで五組です。うれしい反面、実はちょっとした不安もあります。こんなにあっていいのだろうか。安いとはいえ相手は人形ですし、お雛様には婚期に関わる有名ないわれもありますし……。できれば真実は知りたくない気がします。(鈴木麻子)

JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS