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15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

◆ CONTENTS ◆

[巻頭言]……1
[特集:文部科学省統合データベース整備事業実施機関に聞く]…2
[研究会の活動報告]……7
[地域部会の活動報告]……10
[リレー紹介:日本のバイオインフォマティクス研究室]……12
[バイオインフォマティクス夏の学校開催報告]……12
[国際会議レポート]……13
[学会からのお知らせ]……14
[学会議事録等]……16
[学会の現況]……20
[編集後記]……20

巻　頭　言

お台場からJSBiへ



今年は、International Society for Computational Biology (ISCB)が設立されて10周年にあたり、PLOS Computational Biologyにも会長経験者3名によるメッセージが掲載され、話題になりました。JSBiは今年で8周年を迎えます。JSBiの目的は、バイオインフォマティクスに関する学問、技術および関連事業の振興と教育基盤の確立です。これらは8年間で着々と進展してきましたが、バイオインフォマティクスに対する社会や産業界の大きな期待とのギャップは、まだ大きいのではないでしょうか。バイオインフォマティクスの専門家を求人する企業は限られていて、「情報生命科学」を冠する専攻の卒業生も公的研究機関以外で専門性を生かした就職先を見つけることは困難です。

このような状況は、バイオインフォマティクスの基礎から応用にいたる学問・技術の体系が未だ成熟過程にあるためである、と私は考えています。利用可能なゲノム関連情報が爆発的に増大する状況で、公的資金の集中投下による研究開発も不可欠です。今回のニュースレターでも特集されている統合DBもその一例でしょう。しかし同時に、実用的な応用に結びつく研究とそれを実行できる人材の教育を進め、産業界がバイオインフォマティクスの専門家の必要性を実感できる状況を作っていかねばなりません。「夏の学校」や様々な研究会の開催などで貢献してきたJSBiが果たすべき役割は今後も大きいと思います。

今年4月に発足した産総研の生命情報工学研究センター(CBRC)では、生命情報を工学的な立場から解析し、実用的な研究成果を生み出すことを目指しています。同時に、産業界に貢献できるバイオインフォマティクス人材を大学等と連携して養成することも重要なミッションのひとつです。JSBiとも協力し、この分野の研究者が集い、切磋琢磨する拠点として、日本のバイオインフォマティクスの発展に貢献できれば良いと願っています。今年12月には、初めて独立した会議として開催される2007年日本バイオインフォマティクス学会年会(JSBi2007)と、CBRC、情報処理学会の2つの研究会(SIG-MPS、SIG-BIO)が互いに協賛し、BiWO2007(Bioinformatics Week in Odaiba)というイベントをお台場の国際研究交流大学村で行うことを計画しています(http://zp.cbrc.jp/biwo2007)。多くの方の発表・参加をお待ちしています。

浅井潔(東京大学大学院新領域創成科学研究科／
産業技術総合研究所生命情報工学研究センター)

特集：文部科学省統合データベース整備事業実施機関に聞く

■ ゲノムネット統合データベース事業

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）

ライフサイエンス分野の統合データベースとしては、米国NCBIがすでに存在し、またGoogleに代表される民間企業の情報検索サービスが学術分野でも大きな影響力をもちつつある現状の下で、我が国として独自にこれらと相補的でかつ最先端の知的情報基盤を整備し、知的財産権の確保と国際競争力の増大を通して、経済・社会の発展に寄与できる体制作りが急務となっている。第3期科学技術基本計画に基づき、2010年までに世界最高水準のライフサイエンス分野の統合データベースを整備するためには、可能な限り速やかに実際に利用できるシステムを開発・提供し、様々な分野の利用者や他のデータベース開発者等の意見を取り入れ、統合データベースシステムの高度化・標準化、支援体制の拡充等を行っていく必要がある。

京都大学化学研究所では1992年より「ゲノムネット」となづけたバイオ情報サービスの開発・運用を行ってきた。当初は旧文部省ヒト・ゲノムプログラムの下で欧米の分子生物学データベースを我が国でも統合利用できる環境作りに主眼があったが、1995年に生命システム情報統合データベースKEGGの構築を開始し、それ以降はしだいにKEGGを中心としたサービスへと変化してきた。ゲノムネットのウェブサイト（www.genome.jp）の1日あたりの利用者数は2万人（アクセス数にして100万件）にも達し、米国NCBIには及ばないが欧州のEBIやUniProtと肩を並べる世界最大級のバイオ情報サービスとなっている。研究室レベルで研究活動の一環として行ってきたゲノムネット事業が、何十倍もの予算で何百人ものスタッフを抱える欧米の大センターと同等の国際競争力をもっているのである。これを京都大学の事業として、また国家的事業として位置づけ、ゲノムネットの当初の目的である我が国の情報基盤整備に立ち返り、これまで培ってきた要素技術やノウハウを用いて、世界最高水準のライフサイエンス基盤整備を4年間で実現することが十分に可能である。

このような立場で、京都大学は「ライフサイエンス分野の統合データベース整備事業」に中核機関として応募したが、残念ながら不採択であった。ただ分担機関として参加することになり、計画を大幅に縮小することとなったが、生命システムを構成する大量かつ多様な分子情報を中心とした統合データベースの開発・運用・支援体制を整備していく。また日本語での利用を促進し社会貢献を目指した様々な機能も充実させていく。NIHロードマップに沿ってNCBIはPubChemデータベースの開発に着手し、わずか半年間でウェブサービスを公開した。京都大学でも事業を受託して半年間の開発で、日本語による医薬品情報統合データベースと、日本語支援機能をもったDBGET統合データベース検索システムの最初のバージョンを提供する能力がある（表1）。ゲノムネットの日本語版ウェブサイトがどのように進化していくか、ご覧いただきたい。

表1.平成19年度ゲノムネット統合データベース事業計画

時　期	内　容
2007年 7 月	ウェブサイト更新、全データベース一括検索機能公開
2007年 9 月	日本語による医薬品情報統合データベース（医療用）公開
2007年10月	日本語支援機能をもったDBGET検索システム公開
2008年 1 月	化合物・糖鎖解析システム公開
2008年 4 月	日本語による医薬品情報統合データベース（一般用）公開

本計画では「統合」を3つのレベルで考えている。1番目はデータベース作成者が提供する情報をもとにした統合である。ゲノムネットのDBGETシステム、NCBIのEntrezシステム、EBIのSRSシステムなどは、いずれもデータベースのエントリー間に存在するリンク情報（他データベースへのクロスレファレンス情報）を利用し、いわゆる渡り検索で複数のデータベースから関連データを取得できるようになっている。ゲノムネットではDBGETのウェブ検索サービスを1994年に開始し、現在では40あまりのデータベースを利用できるが、本計画ではまず最初にこれをより使いやすいものにするため、全データベース一括検索の機能を導入する。しかしながら、データベースの数もデータ量も増え続けている状況の下で、あるキーワードに対する一括検索の結果、とくにヒット数が膨大であればあるほど、その後の処理が大変になりノウハウが必要となる。各データベースは異なる背景知識を前提に作られていることが多いため、検索キーワードが意味をもたないケースも考えられる。

そこで2番目の統合として知識の枠組みをコンピュータ化し、これを上記の意味での統合と融合させる（ただし、この部分は中核機関としての提案が不採択であったため、KEGGのリソースを利用するだけの内容になった）。一口に知識といっても、教科書や論文に書かれた知識、専門家集団がもつ知識、また分子・細胞・個体といった異なるレベルの知識、さらには生物種ごとの知識や、医療や創薬につながる知識など、多様な側面があるが、いずれも階層的な語彙の体系で表現することが可能である。これを実現しようとしているのがKEGGのBRITEデータベースである。検索結果が個々のニーズや背景知識を反映したこのような階層の上に表示されれば、その意味解釈は容易になる。本計画では様々なドメインの知識を語彙の（とくに日本語の）階層としてコンピュータ化したBRITEデータベースを用いて、階層中のオブジェクトと既存データベースのエントリーとのリンクづけを行う。既存データベースとのリンクづけは各エントリーに新たなキーワード（対応するBRITE階層名）を付与し

ていることにもなり、1番目の意味での統合検索にも反映させることが可能となる。

ゲノムネットではあらゆるデータベースのエントリーを識別するためにdb:entry（dbはデータベース名、entryはエントリー名）という名前の空間を用いてきた。またデータベースエントリー間のリンク情報を抽出し、名前と名前の2項関係データの集まりとしてLinkDBデータベースを運用してきた。ウェブの世界ではdb:entryは1つのページ（url）に相当し、2項関係はページ間のハイパーリンクに相当する。従って、LinkDBの枠組みに他サイト（データベース）のページ（エントリー）へのリンクを追加することで、ゲノムネットで運用しているデータベースと世界中のデータベースとを統合した環境を提供することができる。これが3番目の統合である。LinkDBには現在2億件以上のデータがあり、さらにこれに外部とのリンクを追加するわけで、この膨大なネットワーク（グラフ）を解析して有用な情報を抽出するには、ページランキングのような革新的ウェブ技術が必要となる。ランキングは単に物理的なリンク数ではなく、LinkDBに含まれるリンクの意味を知識処理する必要があるだろう。最初にキーワードでヒットしたページ（データベースエントリー）のランキングだけでなく、そこにつながったページもランキングに基づいて提示できるような検索システムを3年間で開発したいと考えている。

Googleに代表されるウェブ検索が広く利用されるようになって、データベースのイメージも大きく変わりつつある。利用者は各データベースのトップページから入って検索するという前提はもはや成り立たない。すべてのデータベースのすべてのエントリーは膨大なウェブの中のページとして見いだされ利用される。実際、わざわざゲノムネットの検索システムを利用しなくても、Googleで検索キーワードにDBGETを付加して、例えば「lysine dbget」と入力して「I'm Feeling Lucky」をクリックすれば、直ちにKEGG COMPOUNDデータベースのLysineのエントリーを取得することができる。このエントリー名が「C00047」であることを知っていれば、これだけでもGoogleから取得できる。このようなウェブの世界を積極的に利用することで、統合データベースの成果を広く社会に提供することが可能となる。一方、専門家に対しては、検索されたエントリーと関連する知識の体系や精選されたデータを提示することで、生命現象のシステム的理解を促進することが可能となる。本計画が提案するポータルサイトは単にデータベースのトップページを集めた一覧表ではない。リンクで関連づけられた世界中のデータベースエントリーからなるネットワーク（LinkDB）への入口である。専門分野や背景知識に基づき、このネットワークをカスタマイズすることにより（サブネットワークを作成することにより）、個々のニーズにあったポータルサイトを提供できると考えている。

■ プロジェクトの目的と中核機関の活動について

高木　利久
（情報・システム研究機構ライフサイエンス統合データベースセンター／東京大学大学院新領域創成科学研究科情報生命科学専攻）

約半年間の準備・助走期間をへて、文部科学省ライフサイエンス統合データベースプロジェクトがこの4月より本格的に始動した。このプロジェクトは、ライフサイエンス分野のデータベースの整理・統合を図ることにより、さまざまな情報へのアクセス性を高め、研究開発の生産性向上を図ることを目的としたプロジェクトである。ここでは、このプロジェクトの中核を担う研究グループのそのまた中核を担う情報・システム研究機構ライフサイエンス統合データベースセンターの活動を中心に、このプロジェクトの目的と現状を紹介する。

さて、ライフサイエンス分野におけるデータベースの意義や重要性が近年ますます高まっていることはここで改めて強調するまでもないであろう。このような状況を受け、国外はもとより、我が国においても大小さまざまなデータベースが作られている。しかしながら、その一方で、多くの利用者にとって、どこにどういうデータベースがあって、どう使ってよいか分からない、網羅的なデータ産出を目的とする国家プロジェクトがいろいろ実施されているが、そのプロジェクトの進捗状況やデータがどこに行けば見られるのかよく分からない、などの問題が起きてきている。また、データベースに付随してさまざまなデータ解析ツールが作られサービスされているが、これについても同様の問題が起きている。これ以外にも、ほとんどの情報は英語でしか提供されないので、自分の専門外の情報をすばやく理解したり全体を俯瞰したりすることが困難であるとか、分子レベルのデータベースはそれなりに充実しているが、それらを創薬その他の応用に生かそうとすると、結局さまざまな文献を読まないといけないが関係する文献を探し出すのは容易ではないとか、データベースの利用にまつわる多くの問題が浮上してきている。これらの問題の背景には、よいデータベースを構築することやそれに従事する人々への評価が低いこと、我が国にはどういうデータベースが必要か、それらを誰がどう作りどう維持更新して行くか、といった我が国のデータベース整備戦略がないこと、戦略を立案するとともに、それを責任をもって実施して行く組織（ナショナルセンター）がないこと、などがある。

このような状況を受け、2年ほど前より、上述のような問題を国レベルで議論し解決を探ろうという動きが出てきた。この動きは大きく二つからなる。

一つは、内閣府での総合科学技術会議を中心とした取り組みである。もう一つはライフサイエンスにかかわりのある各省（文科省、厚労省、経産省、農水省）での個別の取り組みである。前者では、ポスト・ゲノムシークエンス時代に取り組むべき課題、各省が連携して取り組むべき課題として、データベースの統合化が取り上げられ、問題点の洗い出しと解決策の立案に向けて、科学技術振興調整費による調査研究（代表:国立遺伝学研究所 大久保公策教授）が平成17年度より進められている。この調査研究は19年度で終了し、報告書が取りまとめられる予定になっている。

次に、各省での動きであるが、ここでは紙面の都合もあり、各省の中でももっとも先導的な取り組みをしている文部科学省の動きを紹介する。

文科省では、2年前の平成17年夏に、科学技術・学術審議会の中のライフサイエンス委員会にデータベース整備戦略作業部会が設置され議論が始まった。そして数回にわたる作業部会の議論が平成18年5月17日付け報告書「我が国におけるライフサイエンス分野のデータベース整備戦略のあり方について」としてとりまとめられた。
http://www.lifescience.mext.go.jp/download/34th/34-1-2.pdf

文科省では、この報告書の中に盛られた提言を速やかに実行すべく、まずは緊急に実行すべきとうたわれた3つの項目につい

て、平成18年夏にそれを実施する機関の公募が行われた。そして、今年の春には、提言を本格的に実施すべく、平成19年度からの統合データベースプロジェクトの公募が行われた。

一方、このような動きと並行して、プロジェクトの受け皿となりうるような恒久的な組織設置の準備も進められた。データベース構築は競争的資金による3年とか5年の時限的プロジェクトとして行う類のものではない。永続的に取り組むことが肝要である。そこで、我が国でもそのような永続的センターが必要との判断から、国立遺伝学研究所や国立情報学研究所などをたばねる大学共同利用機関法人情報・システム研究機構に平成19年4月よりライフサイエンス統合データベースセンターが設置された。専用の建物がないため、現在東京大学の本郷キャンパスに間借りして活動を行っている(図1)。

さて、文科省のプロジェクトは公募制のため、このセンターが実施機関として採択されるかどうかは不明だったが、結果的にはこのセンターを中心としたチームが実施機関として採択され、この4月より統合DBプロジェクトが始動した次第である。なお、文科省のプロジェクトでは、さまざまなデータベースの統合全般を担うこのチームの他に、あるまとまった分野の統合データベース構築を担当するチームが3つ公募で選ばれている。これらは京都大学、東京医科歯科大学、東京大学をそれぞれ核としたチームで、おもに医療情報や医薬品情報に関する統合化を受け持つことになっている。プロジェクトでは統合全般を担うチームを中核機関、あるまとまった分野の統合化を担うチームを分担機関と呼んでいる。中核機関には統合センターの他に、JST、産総研CBRC、かずさDNA研、奈良先端大、九大、東大、お茶大、長浜バイオ大が名を連ねている。また、中核機関には、さまざまな立場から、かつ国家的見地から、データベース整備戦略を議論し立案するための委員会が設けられている(図2)。この委員会には、DDBJ、KEGG、PDBjなどの我が国を代表するデータベースの主宰者がメンバーとして入っており、我が国で構築されている大小の既存データベースとの連携にも十分な配慮が払われている。

さて、中核機関とりわけその中心である統合センターの活動状況であるが、このセンターでは、物理的に一つの「統合」データベースを作ることを目指しているわけではない。統合化は一つの手段ではあるが目的ではない。データベースアクセスの利便性を高め、生産性を高めることが目的である。そのためには、利用者が目的とするものに関連が高く、かつ信頼できる情報に容易にたどり着くことができ、利用者の興味や知識に応じてそれらが整理された形で、できれば日本語で見ることができるような、データベース(の集合体と検索システム)を作ればよい、という立場で研究開発を進めている。

それでは、そのような有用で利便性の高いデータベース群を構築するにはどうすればよいのであろうか?プロジェクトが始まってまだ日も浅いため、確定的なことは言えないが、いろいろ調査したり議論したりしてみると、さまざまな観点、さまざまデータ、さまざまな階層、に渡って総合的に取り組まないと利用者に真に役に立つものが実現できないことが分かってきた。そこで、センターでは利用者の利便性を向上させるために、戦略立案、基盤技術開発、統合データベース構築(ヒト、動物)、統合データベース構築(微生物、植物)、ポータルサイト構築、データベース受け入れ、人材育成、の7つのチーム(図2)を設け、データベースの統合利用環境の構築を目指してさまざまな取り組みを現在行っている(図3)。その一旦を以下に紹介する。

- 日本語で書かれた有用知識を検索可能に:商業誌の解説記事、学会などの年会要旨などは日本語で書かれた知識源として大変有用である。これらを検索可能、アクセス可能にする準備を進めている。
- さまざまな辞書を整備し横断検索可能に:さまざまなデータベース(日本語、英語、実験データ、文献)を横断的に検索可能にするために必要な、遺伝子名シソーラス辞書、生物学名と日本語一般名の対応辞書、動植物解剖学辞書、医学用語辞書、などの辞書の整備を行っている。
- 基盤情報技術の開発:文献のオープンアクセス化などに対応して、フルテキストを扱う技術(具体的には、図表やポンチ絵の検索技術など)、解析ツールを標準部品化して簡便に組み合わせて使える技術、日本語情報をうまく処理する技術、辞書を自動的に構築する技術、キュレーションやアノテーションを支援するためのツールなどの開発を行っている。
- ポータルサイトの整備:データベースや解析ツールの所在情報や利用法に関するポータルサイトを構築している。
- プロジェクトデータベースの受け入れ:我が国の大小さまざまなプロジェクトで作られているデータベースが散逸しないように、それを受け入れて保全・管理する仕組みを現在構築中である。
- 他のデータベースとの連携:DDBJ、PDBj、KEGGといった既存のデータベースや分担機関(前述)で作られる医療関係のデータベースとの連携を図り相互運用性を高める準備を進めている。

これらの成果を用いたデータベースサービスの第1版を今秋に提供する予定である。統合データベースプロジェクトやそこで提供されるサービスに興味のある方は、http://dbcls.rois.ac.jpを参照いただきたい。

◆

図1．統合データベースセンター

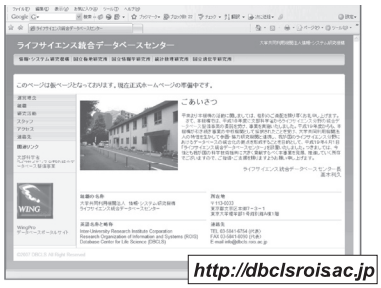


図2．統合データベースプロジェクトの概要

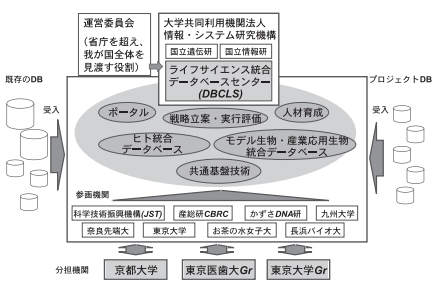
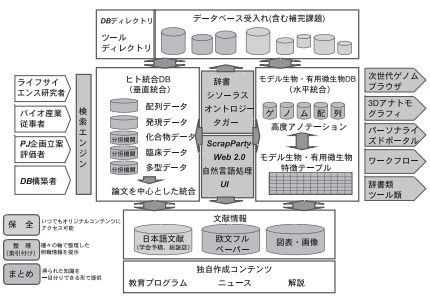


図3．統合データベースの全体像



■ ライフサイエンス分野の統合データベース整備事業分担機関「統合医科学データベース構築方式の開発」

田中　博（東京医科歯科大学情報医科学センター）



1.はじめに

2003年のヒトゲノム解読計画以降、ライフサイエンス分野の情報は爆発的に増加しつつあり、わが国においても多数の大学、研究所において、ゲノムを始めとする様々な網羅的分子情報を蓄積したデータベースが構築されています。しかし、わが国においては、これらデータベースは分散していて米国のNCBIやヨーロッパのEBIなどのように、これを統合するナショナルセンターが存在しません。

そこで文部科学省では数年前から、ライフサイエンスの全分野、すなわち網羅的分子情報から疾患情報まで「生命情報を統合的に扱うナショナルセンター機構」を構築することを目的として、「ライフサイエンス分野の統合データベース整備事業」が進められてきました。この事業は、我が国のライフサイエンス関係データベースの統合的活用システムを構築・運用し、ライフサイエンス分野の科学技術の進展に貢献することを目的としています。

本年、これを実現する機構として、ライフセイエンス分野の統合データベースの「戦略立案・実行評価」「統合データベース開発・支援」を担う「中核機関」と、中核機関と連携してそれぞれの専門分野でのデータベースを担当する「分担機関」によって、この統合化事業を行うことが決まり、それぞれの機関の本年から4年間の事業受託に関して今年の1月に公募が行われました。公募機関の審査の結果、4月始めに京都大学、東京大学とならび、本学の情報医科学センターが「ライフサイエンス分野統合データベース事業」を国が委託する3つの分担機関の1つとして選ばれました。我々の分担課題は、本稿の表題にありますように、疾患に関する「統合的医科学データベース」の構築方式に対する研究開発にあり、東京医科歯科大学の情報医科学センターだけでなく、大阪大学、とくに臨床医工学融合教育センターとの協力で実施されます。ここでは、我々の分担課題である「統合医科学データベース」構築に関して、我々の申請時の方針とその後の研究運営委員会、中核機関、文部科学省との協議に基づいて現在計画している開発方向についてご紹介したいと思います。

2.「統合医科学データベース」構築に関する基本的アプローチ

さて我々の課題である、「統合医科学データベース」ですが、ひと口に「統合医科学データベース」といってもこれをどのように定義するか、どこのレベルでの統合を目的とするかで、その後の展開も異なってきます。通常の意味では、わが国の大学医学部、医学系研究所などで構築・運営されている疾患別データベースを「統一化したシステム」のもとで利用できる情報環境を構築することをさしますが、対象や方法をもう少し明確に定義する必要があります。

疾患データベースの範囲と特徴

まず疾患データベースをどのレベルで定義するかです。

①プロトコール準拠型疾患データベースの統合

非常に広く取ると、各病院が保持し診療の情報蓄積である患者の電子的病歴データベースも貴重な疾患情報を蓄積していますが、このようなデータベースの統合はむしろ国民医療政策に関連するものと考えるべきで、統合医科学データベースの統合化対象になるデータベースは、臨床医学での研究を目的として、明確な診断基準によって一定のプロトコールのもと疾患別に収集された症例データベースとすべきであると思われます。このようなデータベースは各分野での臨床医学関連学会が主導して構築されているものもありますが、大学医学教室が蓄積しているものなどが存在して個別に使用されているのが現状です。

②症例情報公開に向けた社会倫理的議論の必要性

さて疾患データベースの特徴は、これまでの遺伝子やタンパク質のデータベースと違って、それぞれのデータが知識ではなく患者という個人の医療データすなわち症例である点です。限られた研究者の第一次データとして使用するならともかく、公開するデータとしては、匿名化だけでなく、患者を特定できる属性データを不確定化してある一定候補範囲以内には絞られないようにするなど、連結不可能性などの倫理的議論の確定が必要とされます。

疾患データベース統合化にむけた2つの視点

ここでどのような方式で、統合医科学データベースを構築するかについて議論してみよう。最近の網羅的分子科学の発展を受けて大きく疾患理解も変わりつつある。このような背景を受けて統合医科学データベースの基盤的原理をどのように考えるかが重要になる。

①Nosology based な疾患情報の統合化

1つの立場は、現在の医科学とくに臨床医学の疾患分類学（Nosology）を不変のものとして、これを統合化の基盤的原理とするアプローチである。現在の疾患分類学はある意味で、疾患を臓器という解剖学的座に病理形態学変化が加わったものとして理解する、医学の長い伝統の影響下にある。このような既存の疾患体系については電子的にもSNOMEDやICD10 さらには、診療情報記述の標準化形式などについて多くの電子化概念がある。

②Systems-pathobiology based な疾患情報の統合化

しかし最近、疾患の分子的生成メカニズムが進むにつれて、異なった臓器・部位に出現する疾患でも同一分子的機序で発生することが判明し、薬の適応拡大につながることも多い。このように網羅的分子病態情報の発展とともに疾患の再プロファイリング化が進行しつつある。例えばStanfordのButteは、各疾患の遺伝子発現パターンと臨床検査値のパターンを総合した巨大なデータから疾患分類樹を構築し、例えばうっ血性心筋症と心筋梗塞が非常に近縁にくることから心筋梗塞の薬剤の適応拡大を提案している。著者らも疾患をシステムとして理解するシステム病態学（Systems Pathobiology）を提案して、疾病を、個体（臨床）、組織（病理）、分子（Omics）の階層に亙るそのシステムの歪みとして捉え、そのシステム的異常の類型論から疾患の新たな分類や理解を提案している。このように、システム的で網羅的分子情報と臨床病理情報を総合した新たな疾患理解が生まれつつある。

しかし現在、体系が完備した形をなしているのはNosology-basedな医科学体系で、当分の間は既成の医科学体系のもとに個別の疾患データベースを統合的に利用できる基盤を構成するこ

とが、現実的なアプローチであり、今後到来する網羅的分子情報や標的医療による疾患体系の再プロファイリングは、統合医科学データベースの高度化課題として並行して取り組んでいく方針である。

3.統合医科学システムの構築へ向けて

具体的にはつぎの実現過程を計画している

①Nosology-basedな統合医科学データベースの構築に向けた方式開発

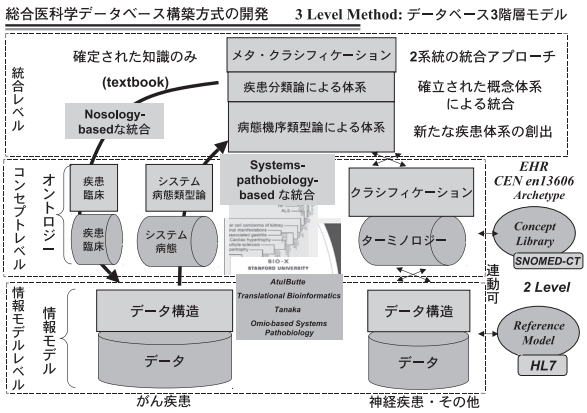
既成の疾患分類学による疾患データベースの統合的利用システムに関しては、まずわが国における基準を満たす疾患データベースの調査が必要になる。その後、統一的な扱いを可能にするための全疾患をNosologicに包摂する臨床オントロジーの確立が必要となる。臨床オントロジーについては、世界標準であるSNOMEDを利用する方法もあるが、現在、厚生労働省が委託し東京大学医学部(大江教授)で進められている「医学知識基盤DB研究開発事業(臨床医学領域のオントロジー)」と連携し、共同で臨床オントロジーを構築する計画である。このオントロジーや医学語彙類語集などに基づいた概念マッピング機能を中間層とした3層構造に統合利用環境を考え、第一段階としては東京医科歯科大学で開発中のがんのオミックス医療データベースと大阪大学の神経難病(パーキンソン病)データベースでの間でパイロット的な統合的利用システムを構築する。それから、他疾患への拡張を試み、少なくとも全疾患データベースを統合的な利用を可能にさせる方式を完成させたい。現在の現実的な統合医科学データベースとは、個別に存在する疾患データベースの用語の差異やデータベース編成法の差異を臨床オントロジーを介したマッピングで抑制し、統合的に利用可能なシステムを実現することである。まずこのことの現実化を目指すのが我々分担機関の優先課題である。

②Systems-pahobiology basedな統合化による医科学データベースの高度化

しかし、Nosology-basedな疾患情報の統合化は分子的疾患生命科学の発展によってやがては取って替わられ、疾患生成機構に基づいた機能的病態的な分類・統合化への発展することは確実であり、それに向けて疾患を個体(症状)ー組織(病理)ー分子(パスウェイ異常)の階層にわたるシステム的異常として理解するために、Genome-Pathome- Phenomeネットワークとして疾患を表現し、その軸で疾患を類型化する研究を進め、Nosology-basedな統合医科学データベースに、あえて言えばSystems-pathobiology的な観点からの横軸をいれて統合医科学データベースの高度化を実現していきたい。

4.おわりに

わが国の臨床医学では疾患データベースの構築に対する努力が欧米に比べ不十分である。いくつかの確立された疾患データベースを統一的に利用できるシステムが普及すれば、臨床医学者に対しても疾患別データベース構築への意欲が高まり、わが国の臨床医学の発展への寄与も高いと思われる。



■ 疾患解析から医療応用を実現するDB開発

小池 麻子(日立製作所中央研究所)、 徳永 勝士(東京大学医学系研究科人類遺伝学分野)

近年のSNPタイピング技術の飛躍的向上により、ヒトゲノム全域を対象とする高精度かつ大規模なSNP(単一塩基多型)解析研究が可能となった。なかでも、30から100万種のSNPを一度に解析できるマイクロアレイの登場は、生活習慣病などの多因子疾患を対象としたゲノムワイドな疾患原因/感受性遺伝子探索に新たなパラダイムをもたらしたといえる。米国NIHや英国ウェルカムトラストなどのゲノムワイド関連解析研究(GWAS)の積極的な推進もあり、ここ1、2年、続々とGWASの研究成果が発表されてきている。しかしながら、検体収集の難しさと予算面の問題から解析できる症例・対照検体数が限られることが多いため、対象疾患の浸透率あるいは疾患感受性遺伝子のオッヅ比を考慮すると、多重比較の補正後に十分な検出力を確保することは難しい。このような場合には、検出力を上げるために二段階のスクリーニングが採用されることも多い。すなわち第一次スクリーニングでゲノムワイド関連解析を行った結果から候補SNPsを選び出し、異なる検体セットを用いた第二次スクリーニングで再び関連が観察されるか否か検討する。こうして再現性が認められたSNPについては、近傍の多型について高密度関連解析を行うことにより第一義的な疾患感受性多型の同定を目指す。最近は大規模な第一次スクリーニングの結果のみで世に論文として供される例も見られるが、いずれにせよ論文中に記述される情報量は限られており、これ以外に膨大なデータが世に公開されないまま埋もれてしまっている場合が多いのが現状である。

今までは、個人情報保護の立場から、また試料提供者への説明と同意書の内容から、疾患関連研究のデータを一般公開することは難しいとされ、それぞれの研究グループ内で蓄積されてきた。しかし、GWASに費やされる費用や労力、またGWASから得られる膨大なデータを考慮すると、GWAS結果のデータベース化(一極管理化)は、1)永続的なデータの管理、2)データの再解釈による疾患遺伝子同定研究の促進、3)実データを利用することによる遺伝統計学の計算手法研究の促進、といった観点から極めて重要な意味を持つ。特に、上述のような検出力不足のために埋もれている疾患関連SNPが、データ公開によって他の研究者が持つ情報と

組み合わさって浮かび上がってくる可能性も高い。

一方、欧米ではGWASデータを公開・共有する潮流が顕著である。例えば、米国NCBIはゲノムワイド関連解析の結果をdbGAP（database of genotype and phenotype）として、2006年の秋に公開を開始した。公開は2段階となっており、SNPごとの統計値などまではアクセス制限なしの公開、遺伝子型や臨床データは、研究目的を明記して認められた研究者のみに公開されている。現在までに登録されている情報はまだ少ないが着実に増えつつある。一部のデータについては、研究目的などを登録すれば、SNPごとのアレル頻度だけでなく遺伝子型や臨床データまで閲覧することができる。日本におけるGWASのデータ公開基準についても関連する組織の倫理委員会などで慎重に議論が進められているが、共有・公開方針はdbGAPと同様、少なくとも2段階になるであろう。

このような状況の下、我々の統合データベースプロジェクトにおいては、1）GWASデータのデータベース化と解析手法の開発、2）リシークエンシングによる疾患関連遺伝子の遺伝子情報及び付随する臨床情報のデータベース構造とマイニングツールの開発、を目的として、現在粛々と計画を実行している。

1）に関しては、東京大学医学系研究科において実施しているGWASデータを最初にデータベース化し、その後、国内のGWASデータもデポジトリーできるようにする予定である。2）に関しては、東京大学医学部附属病院において神経疾患関連遺伝子についてリシークエンスした結果のデータベース化を行うとともに、臨床にも役立つよう文献中の臨床情報なども収集・登録する。

1）ではSNPの品質管理のために標準データベース、第一次スクリーニングのタイピング結果を登録するデータベース、第二次スクリーニングのタイピング結果を登録するデータベースなどを構築する。第一段階（スクリーニング）においては、数百人から数千人規模の検体についての30万から100万SNPsのタイピングデータを取り扱うため、統計遺伝学的解析の前段階として検体、SNPについての品質管理が必須となる。すなわち、健常日本人試料から得られたSNPタイピングデータを用いて、品質管理に必要となる適切な基準を作成し日本人対照者の標準化データベースとして公開する。またSNPごとのcall rate、アレル頻度およびハーディ・ワインベルク平衡（HWE）検定に関する詳細な検討を行い、一定の品質管理基準を通過したSNPについての標準アレル頻度、遺伝子型頻度データを公開する。これらのデータは各疾患GWASにおける対照データとして使用できる。

症例対照関連解析に関しては、スクリーニングにおいて解析した30万から100万SNPsについてタイピング精度に関する情報、HWE検定結果、対立遺伝子・遺伝子型頻度情報、および関連分析結果を格納する。さらに、特定の疾患との関連が認められたSNPについては、それらのゲノム位置情報、機能アノテーション情報および遺伝子情報(どの遺伝子のエクソン領域か、アミノ酸置換の有無、または、プロモータ領域か否かなど)、文献情報、臨床情報と共に提示する。数値や文字列のみだと直感的に理解しにくいため、データの一部を可視化するとともに、ユーザの利便性を上げるため、多角的な検索機能を具備する予定である。絞り込み段階においては、スクリーニングによって検出されたSNPが位置する領域を高密度に関連解析するので、そのタイピング結果を臨床情報、及び解析結果とともにDB化する。すなわち、タイピング精度に関する情報、HWE検定結果、対立遺伝子・遺伝子型頻度情報、および関連分析結果を格納する。さらに、遺伝統計学的な手法および次元圧縮手法や判別分析機能などのマイニング機能を搭載し、どのSNPまたはSNPの組み合わせが疾患と関連するのか、またどの程度の確率でSNP-疾患の因果関係があるのか、などを解析して提示できるようにする。また、各段階でのデータ解釈時に他のデータベースのアノテーション情報を利用したい時もあると思われる。外部データ取り込みを考慮して、DASサーバーとしての機能を有し、外部データベースとの相互乗り入れをスムーズに行えるようにしていく予定である。

以上、ヒトゲノム多型解析環境の現状と急激な勢いで蓄積されつつある膨大な疾患関連解析データの医療応用を目的とした統合データベースプロジェクトの概要を述べた。なお、最近のGWAS用SNPタイピングキットはCNV（遺伝子・ゲノム領域のコピー数の変異）も検出する能力をもつので、このような解析結果にも対応できるデータベースとする予定である。一方、個人のゲノム解読に向けた技術の進展も考慮する必要がある。次世代型超並列シークエンサの開発により、ここ10年ぐらいの間にゲノムの読み取りが高速化するとともに、その費用も大幅に下がると予想される。これに伴って個別化医療のあり方も大いに変わってゆくであろう。永続的なSNPデータの管理やデータ共有ができるだけでなく、これらの来るべき将来に備えたヒトゲノム多型・変異情報の整備を行っていきたいと考えている。

研究会の活動報告

■ 第1回合同研究会開催報告

合同研究会世話役　白井　宏樹（アステラス製薬株式会社）

去る平成19年5月29日、東京大学医科学研究所講堂において、JSBiの合同研究会を開催致しましたところ、86名（内訳:個人会員58名、賛助会員9名、一般15名、学生4名）の皆様にご参加頂き、充実した一日となりました。あわせて開催されたJSBi総会においては、全議案が採択されました。

実は今回の行事が企画された理由は、昨年度のJSBi評議員会において,会員の皆様に新年度の活動計画や予算案を承認していただくためにはJSBi総会の開催時期を昨年度までのように年末ではなく年度の早い時期に行うべきであるという議論がなされ、ただ総会だけ開催してもわざわざ来て頂く会員の皆様に申し

訳ないだろう(というより、そのためだけなら誰も来てくださらないかもしれない)ということで、合同研究会の開催に至ったことにあります。このような経緯から、今回の合同研究会はテスト的な実施の意味合いがあったのですが、皆様のご協力を得まして、非常に内容の濃い、充実した会にすることができました。ここに、講師の先生方や各研究会のお世話をしていただいた方々をはじめ、すべての参加者の皆様に御礼申し上げます。

4つの研究会のうち機能ゲノミクス研究会においては、4月に別途研究会を開催したばかりということもあって、主査の坊農先生から研究会活動のご紹介のみが行われました。オントロジー研究会からは3名、創薬インフォマティクス研究会からは2名、システムバイオロジー研究会からは4名の講師の方々に講演をお願いしました(詳細は学会ホームページを御参照下さい。http://www.jsbi.org/「イベント案内」→「研究会」から)。いずれのご講演でも先端的な研究内容を、その背景も含めて詳しくご説明頂きました。また参加者の方々から多くの熱心な質疑も出され、興味深い議論が展開されました。実験系の講師の方々におかれてもJSBiの研究会であることを配慮して、バイオインフォマティクスとの関わりやそれに期待することに言及頂き、大変示唆に富むご意見を頂くことができました。

さて、今年度も各研究会ともに別途単独開催の企画も準備しておりますので、随時ご参加頂ければ幸いです。また、研究会の企画について何かご意見やご要望がありましたら事務局までお寄せ頂ければ幸いです。



■ アグリバイオインフォマティクス研究会

主査　清水　謙多郎(東京大学大学院農学生命科学研究科)

この春、アグリバイオインフォマティクス研究会が発足しました。アグリバイオインフォマティクスとはAgricultural Bioinformaticsの略であり、生命現象を解明するための情報科学であるバイオインフォマティクスとアグリバイオの実践的研究の融合を意味します。農学と一口に言っても、食、環境などさまざまな分野があり、農学におけるバイオインフォマティクスの研究は、その応用分野の広がりと対象の多様さにより、複雑な側面が多く、解決すべき問題点がたくさんあります。このため、分野間の連携や、実験研究者とインフォマティクス研究者の連携、産学官の連携など、学際的、融合的な研究領域の育成が求められています。

そこで、本研究会は、食の機能と安全性、農業に重要な動物、植物、微生物のゲノミクスと多様性解析、環境修復、有用酵素の設計、農薬の開発、資源生態学における統計遺伝、物質生産に重要な遺伝子発現の解析やメタボローム解析などの農学の分野において、バイオインフォマティクスの研究発表の場を提供し、また、研究者間の交流の場となることを目指して設置されました。研究発表は、バイオインフォマティクスを農学分野に応用した研究やバイオインフォマティクスを利用した新しい農学研究、農学分野における実践的なバイオインフォマティクスの利用技術、さらには、農学に特徴的な新しいバイオインフォマティクスの研究を想定し、実験研究者やフィールド研究者の積極的な参加も期待しています。農学は、多様な学問ですので、上に挙げた例に限らず、参加者の研究分野がどんどん広がっていくことを願っています。

本研究会の第1回は、平成20年3月東京で開催する予定です。また、それに先立ち、本年12月5～6日、国際シンポジウム「環境生命科学における微生物・植物バイオテクノロジーの最先端」(東大シンポジウム)の中にアグリバイオインフォマティクスのセッションを設け、内外の研究者にご講演いただく予定です。

日本バイオインフォマティクス学会では、バイオインフォマティクス標準カリキュラムとして、食品インフォマティクスのカリキュラムが策定されました。食品を含めて、農学分野のバイオインフォマティクス研究は発展途上にあると言えます。この分野の研究の進展にあわせて、教育面でも貢献していきたいと思っています。今後とも、会員の皆様には、ご協力・ご支援のほど、よろしくお願いいたします。

■ 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)

平成18年度第1回目の研究会はJSBi合同研究会として5月29日(火)に開催されました。今回は、国立遺伝学研究所の大久保公策先生、東京医科歯科大学の中谷純先生、京都大学の金久實先生に講演をお願いしました。大久保先生には「生命科学分野でのDB統合の意味と意義」というタイトルで、生命科学分野で構築されている多種多様なデータベースを統合することの意味と意義について、特に日本独自のデータベース構築、オープンアクセス論文の増加という観点からお話し頂きました。中谷先生には「臨床ゲノム(オミックス)情報学分野における疾患オントロジー」というタイトルで、医療分野におけるオントロジー構築についてお話し頂きました。金久先生には「医薬品化合物に関するオントロジーとKEGGについて」というタイトルで、KEGGでも力を入れ始めた医薬品と病気に関するデータベース開発についてお話し頂きました。いずれのご発表も、データベースにしてもオントロジーにしても諸外国とうまく連

携をはかりながら、日本独自のものを開発することの重要性について再認識させられるものでした。お忙しい中、ご講演頂きました先生方、また活発に議論して頂きました参加者の皆様には改めて感謝したいと思います。今年度は、後半にもう一回研究会を開催する予定です。

■ 機能ゲノミクス研究会

主査　坊農　秀雅（情報・システム研究機構ライフサイエンス統合データベースセンター）

今年度で二年目を迎える当研究会は、第二回機能ゲノミクス研究会「トランスクリプトーム解析」を、2007年4月12日に東京大学 弥生講堂・一条ホールにおいて開催いたしました。

はじめに坊農秀雅准教授（主査：埼玉医科大学）によりオープニングトークとしてワークショップ開催の趣旨説明があった後、6人の方にご講演いただきました。

今回の講演タイトルとプログラムは以下の通りです。

* 「マイクロアレイ解析手法あれこれ」門田幸二（東大・院農）
* 「実験屋の立場からのトランスクリプトーム『解析』」中井雄治（東大・院農）
* 「タイリングアレイを用いた網羅的検出の有用性」西田洋巳（東大・院農）
* 「マイクロアレイ・データを用いた量的形質関連遺伝子群の探索手法」矢野健太郎（東大・院農）、清水顕史（滋賀県立大・環境科学部）
* 「遺伝子発現解析のための公共リソースの利用」粕川雄也（理研CDB）
* 「ブタ成熟脂肪細胞および顆粒膜細胞における脱分化機構の網羅的解析」小野浩雅（日大）

今回のワークショップでは、実際にトランスクリプトーム解析を行っている方々に講演していただき、研究を行う上で障壁となっていることの多い、データ解析と得られた結果の解釈について、使われている手法の紹介を交えながら現状と課題をお話いただきました。

この分野については、書籍やソフトにより「教科書的な」知識も得られますが、本ワークショップ内において、よく用いられるアルゴリズムについての比較・評価や問題点の指摘、あるいは、解析するにあたってのマシンパワーの限界、といった、実際に解析を行っている人ならではの率直な意見を発表していただき、非常に有意義であったように思います。また、ウェブページをはじめとして、数多くのリソースの紹介があり、手を動かして「使い倒す」ための足がかりを提供していただきました。

今回の参加者は108名で、大学関係者、研究所、企業と幅広い分野の方に参加いただきました。

会場はほぼ満席の状態で、休憩時間や終了後に、参加者どうしで議論や意見交換が行われました。メーリングリストやブログによる情報発信、情報共有といった、研究者間のオンラインなコミュニケーションだけでなく、ワークショップの狙いのひとつでもあった「オフラインな交流」についても深められ、研究者のこの分野に対するリテラシ向上に貢献できたように思います。

また、2007年5月29日に開催された第1回JSBi合同研究会においても研究会横断紹介として当研究会の趣旨と活動状況について紹介しました。

■ システムバイオロジー研究会

主査　倉田　博之（九州工業大学情報工学部）

システムバイオロジー研究会は、2003年度から主査松野浩嗣（山口大学）、副査倉田博之（九州工業大学）で始まり、2006年度から第2期が、主査倉田博之、服査畠山眞理子（理化学研究所）のメンバではじまった。運営委員として、皿井伸明（京都大学）、杉本昌弘（三菱スペースソフトウエア、慶応大学鶴岡キャンパス）、川路英哉（理化学研究所）、松野浩嗣が協力している。バイオインフォマティシャン、システム工学者、実験とコンピュータの両方を駆使するシステム生物学者・医学者で構成されている。また、大学、研究機関、企業のバランスを考え、地域的にも分散しているメンバである。時代の先端情報を幅広く収集し、分析することによって、システムバイオロジーの発展に寄与することを目指している。2006年度はこれまでに2件（第15回と第1回合同研究会）の研究会を開催、あるいは共同開催した。

第15回は、4月27日、理化学研究所横浜研究所で行った。「生物の現象をいかにシステムとして捉えるか：細胞内分子動態の解析をはじめとして」というテーマで、システムバイオロジーの基本となる分子動態の解析からどのようにして数理解析へと展開させるのかについて最前線の動きを紹介した。招待講演では、竹森利忠氏（理化学研究所免疫アレルギー研究センター 免疫記憶研究グループ）に「免疫B細胞記憶形成システムの理解に向けて」、武藤悦子氏（理化学研究所脳科学研究センター）に「Scan and captureを可能にする、緩やかな分子間相互作用」、尾山大明氏（東京大学医科学研究所疾患プロテオミクスラボラトリー）に「各種疾患のメカニズム解明に向けたチロシンリン酸化ネットワークに関する動態解析技術の確立」についての話題提供をいだいた。つづいて、5月29日（火）に東京大学医科学研究所において、第1回JSBi合同研究会が開催された。JSBi傘下の4研究会（バイオシミュレーション研究会、オントロジー研究会、創薬インフォマテイクス研究会、機能ゲノミクス研究会）の合同研究会であるが、システムバイオロジー研究会からは4件招待講演を提供させていただいた。詳細は第1回JSBi合同研究会報告を参照のこと。今年度は、8月3日第16回の研究会を札幌で計画しています。（詳細は、北海道地域部会の報告を参照のこと。）さらに2-3件の研究会開催を考えていますので、開催地やテーマ等で会員の皆様からご提案いただければ幸いです。皆様の興味に応える研究会であるように努力させていただきますので、今後もよろしくお願い申し上げます。

地域部会の活動報告

■ 関西地域部会

関西地域部会長　坂田　恒昭（大阪大学サイバーメディアセンター）
関西部会事務局　福岡　良忠、奥村　利幸

関西地域部会では、創薬・診断薬・機能性食品・医療用機器という産業界への出口を念頭に置き、「バイオメディカル研究会」と名付けた研究会を継続的に開催しています。本研究会では、ケミカルゲノミクス、システムバイオロジー、インシリコ創薬、医療情報（PMS、SNPs情報など）を主テーマとして、毎回2テーマを取り上げてきました。

第1回研究会（2006年2月24日開催）では上記4テーマの総論講演、第2回研究会（2006年9月12日開催）ではシステムバイオロジー分野、及びケミカルバイオロジー分野に焦点をあて、第3回研究会（2007年3月16日開催）ではシステムバイオロジー分野、及びインシリコ創薬分野での基調講演・若手研究者による発表・ポスター発表（併催）を実施いたしました。若手の研究者の方々にとっては自らのシーズを産業界の方々に聞いていただき産業化への橋渡しをするとともに、産業界への人材の橋渡しも行えるものとの期待を込めた企画でありましたが、製薬企業・食品関係企業からの参加者の皆様より高い評価を得ております。

◆ 第3回バイオメディカル研究会の概要

＜システムバイオロジー関連講演＞

基調講演　野間　昭典
（京都大学大学院医学研究科・生体制御学細胞機能制御　教授）
「心筋の包括的細胞モデル構築」

特別講演　内藤　泰宏
（慶應義塾大学環境情報学部　助教授）
「分子レベルモデルに基づく高次生命現象理解の試み」

システムバイオロジー一般演題

1. 皿井　伸明（京都大学大学院医学研究科　講師）
「心筋細胞数理モデルを用いた実験データの解釈」

2. 田島　慶彦（九州大学大学院農学研究院）
「p53の振動が細胞周期G2/Mの停止およびアポトーシス誘導におよぼす影響」

3. 杉本　昌弘（慶應義塾大学先端生命科学研究所）
「原発性乳癌診療アルゴリズムの定式化」

4. 作村　論一
（奈良先端科学技術大学院大学　情報科学研究科　助教授）
「神経細胞の機能と細胞内空間局所性」

＜インシリコ創薬関連講演＞

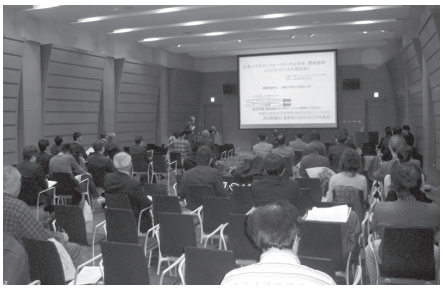
基調講演　仲西　功
（京都大学大学院薬学研究科　医薬品理論設計学講座　助教授）
「量子化学計算と薬物設計」

インシリコ創薬一般演題

1. 川端　猛
(奈良先端科学技術大学院大学　情報科学研究科　助教授)
「低分子結合部位予測を目指したタンパク質構造の様々な深さのポケット認識法の開発」

2. 箕輪　洋介（京都大学大学院薬学研究科　研究員）
「微生物ゲノムにコードされるポリケチド、非リボソーム型ペプチド化合物の構造モチーフの網羅的解析」

3. 佐藤　哲也（京都大学大学院理学研究科）
「 共進化情報を利用したタンパク質間相互作用の解析」


会場風景


ポスター発表会場

2007年9月20日開催予定の第4回研究会ではインシリコ創薬分野、及び医療情報分野に焦点を当てた企画内容となっており、地域部会活動（教育・啓発・マッチング）を通して革新的新薬、診断薬、機能性食品、医療用機器の創製（研究・開発両面）に役立つバイオインフォマティックスの利用と革新的創造を今後とも推進していく所存です。

連絡先：日本バイオインフォマティクス学会 関西地域部会
〒560-0082　大阪府豊中市新千里東町1－4－2
千里LCビル12Fバイオグリッドセンター関西内
TEL 06-6873-2156 FAX 06-6873-2117
E-mailjsbi-kansai3@biogrid.jp

◆ 第4回バイオメディカル研究会の概要

■日　時：2007年9月20日（木）13:00-17:30（懇親会17:30-19:30）
■場　所：大阪大学中之島センター（大阪市北区中之島）
■プログラム：

13:00-13:05　挨拶　坂田恒昭
（関西地域部会長:大阪大学サイバーメディアセンター客員教授）

＜インシリコ創薬 関連講演＞
（座長 ： 白井 剛　長浜バイオ大学　バイオサイエンス学部 教授）

13:05-13:45　基調講演　水口賢司
(独立行政法人 医薬基盤研究所)
「情報創薬へ向けた新規標的タンパク質の発見」

13:45-14:50　インシリコ創薬 一般演題　3題
1. Shandar Ahmad (独立行政法人 医薬基盤研究所)
（13:45-14:10）
「Prediction of binding sites from sequence, structure and evolutionary information using neural networks」
2. 白木琢磨(大阪大学蛋白質研究所)（14:10-14:35）
「PPARgammaに対する内在性リガンドの結合様式と創薬への応用」
3. 斉藤美保子(長浜バイオ大学)（14:35-14:50）
「Protein Data Bankからのリガンド蛋白質間相互作用データマイニング～創薬への応用にむけて」

14:50-15:50　＜ポスター発表&休憩＞

＜医療情報 関連講演＞
（座長:佐古田 三郎　大阪大学大学院医学系研究科　神経内科学　教授）

15:50-16:50　基調講演　中谷純
（東京医科歯科大学　情報医科学センター客員助教授）
「臨床オミックス情報学における社会情報基盤」

16:50-17:30　医療情報 一般演題　1題
1.杉本知之
（大阪大学大学院医学系研究科　医学統計学　助教）
「患者像の統計的抽出」

引き続き-19:30　＜懇親会:中之島センター9F交流サロンにて＞

■ 北海道地域部会

北海道地域部会 ― システムバイオロジー研究会共催研究会報告

システムバイオロジー研究会主査　倉田　弘之（九州工業大学情報工学部）、北海道地域部会長　遠藤　俊徳（北海道大学大学院情報科学研究科）

2007年8月3日,北海道大学情報科学研究科11階会議室（札幌市北区北14条西9丁目）にて,北海道地域部会―システムバイオロジー研究会共催研究会(第16回システムバイオロジー研究会)を開催した。今回のテーマは「バイオインフォマティクスとシステムバイオロジー in 札幌」で、2題の招待講演と4題の講演を行なった。参加者は合計24名（会員6名、非会員18名）だった。招待講演は癌抑制タンパク質p53四量体形成ドメイン（北海道大学大学院理学研究科化学専攻　坂口和靖氏）、嗅覚受容体多重遺伝子族の進化ダイナミクス(東京医科歯科大難治疾患研究所　新村芳人氏)の2件あった.前者では,p53タンパク質の遺伝子変異が4量体結合の安定性や転写活性に与える影響について詳細な解析結果が報告された.後者では,哺乳類の嗅覚受容体の多重遺伝子の進化が視覚系進化と密接に関係のあることが示された.ヒトは視覚系の発達と同時に嗅覚受容体の多様性が失われていることが示唆された.それに続く講演では,オーファンエンザイムからの遺伝子機能予測の試み（北海道大学大学院情報科学研究科　遠藤俊徳氏）,遺伝子調節ネットワークに働くネガティブフィードバック機構について（富山県立大学工学部情報システム工学科　落合友四郎氏,公立はこだて未来大学複雑系科学科　Jose　Nacher氏）,L1正則化と経験ベイズ法に基づくグラフィカル・ガウシアン・モデリングを用いた大規模遺伝子ネットワークの推定（東大医科研DNA情報解析分野　島村徹平氏）,大規模遺伝子ネットワークの動的モデリングとシステム解析（九州工業大学情報工学部　倉田博之氏）についての話題が提供された.発表講演では盛んな討論や今後の研究会の方向性について意見がだされた。プロテオーム等の学会においてシステムバイオロジーの必要性が言及された.

■ 東北地域部会

東北地域部会長　中山　雅晴（東北大学メディカルITセンター・循環器内科）

以前にもお知らせしていますが、東北地域部会はバイオインフォマティクス初学者のためのセミナー開催を中心に活動をしています。江口前会長や中井会長のお力添えを得て、現在までに「バイオインフォマティクス入門」、「トランスクリプトーム」、「プロテオーム」をテーマに「バイオインフォマティクスセミナー in 東北」と題したセミナーを開催してきました。常時60ー80名の参加者を、医・理・薬・農・工など異なる学部から幅広く集めています。毎回セミナーは好評で、次回を期待する声を多くいただくことで、この活動を維持する必要を実感する次第です。そのほかメーリングリストやマイクロアレイを中心とする小セミナー等を随時企画するなど活動の幅を広げており、今後もより多くの方々に関心をもってもらうことで東北地域におけるバイオインフォマティクスの浸透と質の向上を目指していきたいと思っています。今年度もセミナーの開催を予定しておりますので、学会員の方々には講師をお願いするなどお世話になるかと思います。ご協力いただけますよう、よろしくお願いいたします。

リレー紹介:日本のバイオインフォマティクス研究室

■ 東京大学大学院新領域創成科学研究科・中谷研究室

石塚　秀行（東京大学大学院新領域創成科学研究科情報生命科学専攻）

中谷研究室は千葉県柏市柏の葉にある東京大学柏キャンパスを拠点にして研究活動を行っています。新しい分野の研究拠点が集まる柏キャンパスは、広々とした敷地の中に独特のデザインを持つ研究棟が立ち並んだ近未来感のあるキャンパスです。また、キャンパス周辺は柏の葉公園も含めて自然が多く、運がいいとキジを見ることができるほどです。2年前に開通したつくばエクスプレスのおかげで不便な面もあった都内へのアクセスも格段に良くなり、研究に没頭するには良い環境と言えるでしょう。

当研究室が所属する情報生命科学専攻は国内でも早くからバイオインフォマティクスを専門にしてきた専攻で、計算機を用いた解析を主とするいわゆる「ドライ系」の研究室が多い、ということが特徴の一つとして挙げられます。当研究室もドライ系の研究室の一つで、QTL解析や連鎖解析に関連した研究を主なテーマとして取り組んでいます。連続的な数値として観測される量的形質　(Quantitative　Trait)　の多くは、複数の遺伝子座群 (Quantitative Trait Loci) の影響を受けており、これらの遺伝子座の間の交互作用 (エピスタシス) が形質の特徴づけに深く関係していることが知られています。交互作用も含めた解析を行うには、関連遺伝子座間の組み合わせ論的な評価が必要になります。従来から、遺伝子座ごとの単独の評価 (区間マッピング法など) は行われているのですが、交互作用の評価は十分に行われているとはいえません。そこで、「二次元区間マッピング法」など遺伝子座間の交互作用も評価できる手法を開発して、データの解析に用いています。また、理論だけではなく実装にも重きを置き、データベース化や可視化などデータの解釈をする上で欠かせない部分も研究対象として取り組んでいます。

実際に研究を進める上では、データを作り出している研究者とのディスカッションを通して何をすべきかを明確にする実学的な見方も大切だと当研究室では考えています。時には泥臭い作業にも対処しつつ、問題に対する新しい方法論や高速かつ高精度のアルゴリズムの開発を行い、得られた結果をフィードバックすることによって手法の改善を図り、新たな知見を見出していくという流れが当研究室の基本的なスタイルです。



東京大学 柏の葉キャンパス

◆ ◆ ◆

バイオインフォマティクス夏の学校開催報告

渋谷　哲朗（東京大学医科学研究所）

8月の6日から8日にかけて、日本バイオインフォマティクス学会主催の（今年で5回目となる）バイオインフォマティクス夏の学校が、群馬県桐生市の人里離れた緑溢れる山の上に立つ「きのこの森桐生国際ホテル」というホテルで開催されました。このホテルは昭和49年に第9回国際食用きのこ会議というものを開催するためにたてられたホテルだとかで、ホテル内のそこかしこにきのこの模様などが書かれている楽しいホテルでした。参加者は39名で、社会人と学生はほぼ半々、また男女比は2:1ほどでした。ポスター発表も募集したところ9名の発表があり、参加者同士の交流に（露天風呂や懇親会とともに）一役買ったのではないかと思います。

内容の方はというと、今回はポストゲノム時代のバイオインフォマティクスで特に注目を浴びている、進化や連鎖の解析、タンパク質構造解析、糖鎖解析といった様々な分野の総勢11名の第一線の研究者の方々にご講演いただきました。初日は森下先生のゲノム進化のお話に始まり、清水先生のタンパク質間相互作用のお話、有田先生のフラボノイドのお話があり、2日目は、山口先生のデータ

同化のお話、鹿島先生のカーネルの分かりやすいお話、山田先生による連鎖平衡解析のお話、木下聖子先生による糖鎖解析のお話、木下賢吾先生のタンパク質立体構造からの機能解析というお話、富井先生による立体構造予測のお話、最終日は長野先生による酵素データベースについてのお話、小池先生によるテキストマイニングのお話、と、息つく暇もないほどの濃い内容が続き、参加者にとってもかなりハードな夏の学校だったとは思います。しかし、参加者から頂いたアンケートを見ると、皆さん何かしら新たな興味を持たれた事柄も多いようで、(興味を持つ対象は人それぞれですが)大変よかったのではないかと思います。私自身も各先生のご講演をじっくり楽しませていただきました。今回のこの企画を機会にこのバイオインフォマティクスという分野の新しい若い研究者が現れてくれれば、と思います。

— 夏の学校プログラム —

初日(2:00-18:30)
- 森下 真一 先生　(東京大学)
- 「脊椎動物のゲノム進化」
- 清水 謙多郎 先生(東京大学)
- 「タンパク質間相互作用予測」
- 有田 正規 先生　(東京大学)
- 「植物の二次代謝物と進化」
- ポスター発表(9件)

2日目(10:00-17:30)
- 山口 類 先生　(東京大学)
- 「生体パスウェイシミュレーションのデータ同化」
- 鹿島 久嗣 先生　(日本アイ・ビー・エム(株))
- 「生体ネットワーク予測の機械学習」
- 山田 亮 先生　(東京大学)
- 「連鎖不平衡係数の複数SNP用一般化について」
- 木下 聖子 先生　(創価大学)
- 「糖鎖インフォマティクスの概要」
- 木下 賢吾 先生　(東京大学)
- 「タンパク質の立体構造からの機能予測入門」
- 富井 健太郎 先生(産業技術総合研究所・東京大学)
- 「相同性検索技術の現状と課題」

3日目(10:00-12:00)
- 長野 希美 先生　(産業技術総合研究所・早稲田大学)
- 「酵素の構造と機能
- ーバイオインフォマティクスにおける酵素学の動向について」
- 小池 麻子 先生　(日立中央研究所・東京大学)
- 「医学生物学分野におけるテキストマイニング」



会場の様子



近くではカブトムシがとれました

国際会議レポート

The Sixth Cold Spring Harbor Laboratory / Wellcome Trust conference on Genome Informatics 参加レポート

中村　保一(かずさDNA研究所)

第6回目の開催となったGenome Informatics Conferenceに参加したので報告する。今回は2006年9月13日から17日の日程で、英国Hinxton村のGenome campusにて開催された。Hinxtonは英国Cambridge近くの小さく閑静な村だが、Genome campus にはSanger InstituteとEBI Hinxtonが文字通り並び建っており、欧州におけるゲノム解析の聖地のひとつと呼べる土地である。今回はHeathrowへ降り、ロンドン市内を縦断してはるばると列車で北上、最寄り駅のWhittlesfordから歩くアプローチをとったが、かなり遠く

大変だった。

ミーティングのフォーカスは " The focus for this conference is large-scale genome informatics."と明示されており、Epigenomics & Genetic Regulation; Comparative & Evolutionary Genomics; Populations, Phenotypes & Disease; Pathways, Networks and Systems; Images, Atlases & Reconstruction; High Throughput Genomics の6つのトピックスで構成されていた。オーラルはフランシスクリックオーディトリウム一箇所で開かれ、200名前後の参加者が一堂に会し、終始インフォーマルでなごやかな雰囲気のもと進められた。ポスター発表はオーディトリウムの周囲の廊下を会場に行われた。

ペーパーバック風のAbstruct bookを開くとまず "Material contained herein should be treated as personal communication and should be cited as such only with consent of the author." と記されており、発表の内容に触れることは控えるが、 個人的には、454などの新しいタイプのシーケンサからの出力を扱うテクニックや、Vegaに代表されるゲノム情報のキュレーションによる大幅な改善についての報告などが印象に残った。膨大に出続けるゲノム情報を、生物学研究のために改善しつつ提供することに世界の多くの研究者が心を砕いているという事実に感銘をうけたミーティングであった。

なお、2007年のこの会議は11月1-5日の予定で、米国CSHLにて開催される。



ゲノムキャンパス入口


イングリッシュ・ブレックファスト

学会からのお知らせ

■ 平成19年度「バイオインフォマティクス技術者認定試験」実施のお知らせ

副会長・認定試験担当　秋山　泰（東京工業大学）

日本バイオインフォマティクス学会では、バイオインフォマティクス分野の未来を担う人材の育成を目的として「バイオインフォマティクス技術者認定試験」を今年度から、新たに実施することとなりました。

この試験は毎年1回程度の開催を予定しており、今年は11月25日（日）に開催します。試験では生物学、情報科学、ならびにバイオインフォマティクスに関する基礎的な知識とバランスのよい理解が試され、合格者には学会から認定証を発行します。

JSBi会員の皆様には、多くの方々にご受験いただけるよう、広報への積極的なご協力をお願い申し上げます。広い範囲の方々にJSBiの活動やバイオインフォマティクス分野そのものを知っていただく上でも、この試験がその一助となればと考えております。

【日　　時】　2007年11月25日（日）13:30〜15:30
【試 験 地】　札幌、東京、大阪、福岡
【主　　催】　日本バイオインフォマティクス学会(JSBi)
【協　　賛】　情報計算化学生物学会（CBI）
　　日本医療情報学会（JAMI）
【受付期間】　2007年9月18日(火)〜10月26日(金)16:00

詳しくは、JSBi学会ホームページ(http://www.jsbi.org/) をご覧ください。

（Q&A）

1）この試験はBICERT制度の継続ですか?

いいえ、違います。BICERT*は、（社）バイオ産業情報化コンソーシアムの主催により平成16年度〜18年度の3カ年実施された認定試験制度で、JSBiは共催者として協力して参りました。しかし同事業は既に終了しています。過去に合格した方々のためにも、制度の継続性が強く望まれるという御意見が多いのですが、諸般の事情でBICERTのままでの継続がどうしても困難なため、JSBiが主催して独自の試験として開始することとなりました。

（*BICERTは、（社）バイオ産業情報化コンソーシアムの登録商標です）

2）合格すると何かの資格が得られるのですか?

合格者には、JSBi認定バイオインフォマティクス技術者としての認定証が送られます。資格試験とは異なりますが、履歴書や名刺に書いていただくことで、バイオインフォマティクス技術への理解度を客観的に示せるような試験となることを目指しています。

3）試験に1級・2級などの区別はあるのですか?

JSBiの試験では「2級」などの呼称は設けません。当試験に合格することは、バイオインフォマティクス技術者として基本的に要求される理解度を満たしていることを認定するものです。将来、受験者層が広がり合格者が増えてくれば、より特殊な上級レベルの試験を実施することも検討するべきですが、現時点では基本試験の受験者増が重要です。

これとは別に「英語のTOEFL, TOEIC試験のようにスコア制にしてはどうか」とのご意見も寄せられています。毎年のレベルを揃える必要があるためスコア制については検討中ですが、合否判定以外にも分野別の得点状況を受験者に示すなど、情報量の多い結果通知を予定していますので、習得知識の尺度としても試験をご活用いただけます。

平成19年度
バイオインフォマティクス
技 術 者 認 定 試 験



BIOINFORMATICS

試 験 日 ：平成19年11月25日(日)

バイオインフォマティクス(bioinformatics)は、生命情報科学と訳されることもあり、生物学のデータを情報科学の手法によって解析する学問および技術です。今後多様な発展が期待される分野ですが、生物学と情報科学の知識をバランス良く身につけた技術者・研究者がまだまだ少なく、バイオインフォマティクスの未来を担う新しい人材の育成が急務と言われています。

日本バイオインフォマティクス学会では、この現状をふまえ、人材育成の一助として「バイオインフォマティクス技術者認定試験」を平成19年度より新たに実施することといたしました。合格者には学会から認定証が発行されます。関連分野への就職や進学を希望している学生の方々をはじめ、現在すでにバイオインフォマティクス分野で活躍されている技術者・研究者の方々まで、ぜひ多くの方にこの試験を受けていただきたいと考えております。

試　験　地　：札幌、東京、大阪、福岡
受 験 資 格　：受験資格は問いません
受　験　料　：5,000円（消費税込）
試 験 方 法　：13時30分～15時30分（120分）
80問・4者択一式
分子生物学、情報科学、バイオインフォマティクスの各分野における基礎的な知識と理解度を測ります。
主　　催　：日本バイオインフォマティクス学会(JSBi)
協　　賛　：情報計算化学生物学会（CBI）
日本医療情報学会（JAMI）
受験申し込み：9月18日(火) ～ 10月26日(金)16時
詳しくはhttp://www.jsbi.org/まで。

JSBi 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技術者認定試験事務局

〒152-8552 東京都目黒区大岡山2-12-1　W8-76
東京工業大学　大学院情報理工学研究科　計算工学専攻　秋山研究室内
TEL : 03(5734)3645, E-mail : nintei@jsbi.org

2007.8.13-N001

■ 年会開催のお知らせ

2007年日本バイオインフォマティクス学会年会（JSBi2007）は、2007年12月17日から19日まで、お台場地区の国際研究交流大学村内、日本科学未来館で開催されます。JSBiの年会は昨年度まで、GIWのポスターセッションとして開催してきましたが、今年度から独立した会議として開催します。

JSBi2007では、バイオインフォマティクスの研究に関する2ページのアブストラクトのを募集します。採択されたアブストラクトはポスターとして会議で発表され、プログラム委員会がその中から優れた研究を口頭発表として採択します。

日本バイオインフォマティクス学会の年会規定により、会議の公用語は英語となっており、アブストラクト、ポスター、口頭発表は英語が原則となっています。下記要領で、「2007年日本バイオインフォマティクス学会年会」を開催致します。

日時：2007年12月17日（月）～19日（水）
場所：国際研究交流大学村　日本科学未来館
ホームページ：http://zp.cbrc.jp/jsbi2007
投稿締切：2007年10月1日　採択通知：2007年10月20日
その他詳細は、随時ホームページに掲載いたします。

■ 学会協賛、後援のイベント

CBI学会2007年大会 ―― 日時：2007年10月3日（水）～5日（金）　場所：広島大学　東広島キャンパス
詳細：http://www.nabit.hiroshima-u.ac.jp/aida/cbi/

KAST教育講座 システムバイオロジーの展開動向コース ―― 日時：2007年11月14日（水）～15日（木）
詳細：http://www.newkast.or.jp/kyouiku/kouzaboshu/ed19_III_03.html

第8回IPABシンポジウム ―― 日時：2007年11月29日（木）　会場：東京工業大学 百年記念館 フェライト会議室
詳細：http://www.lipab.org/

学会議事録 等

■ 第22回幹事会議事録

日　時：平成19年3月26日(月)12時～14時半　　場　所：八重洲富士屋ホテル・ウィステリア
出席者：中井（会長）秋山（副会長）榊原、白井、松野、宮野、渋谷（議事録）

1.ハラスメント相談窓口について
学会においてハラスメントに関する相談窓口の創設の必要性に関して議論が行われ、評議委員会でも議論を行うことになった。

2.平成18年度の会計について
中井会長より今年度の会計の中間報告について報告があり、それについての議論がなされた。

3.研究会、地域部会活動について
今年度の研究会活動に関して議論がなされた。
- もう少し研究会と地域部会をリンクさせるとよいのではないか（松野）
- 地域部会のメーリングリストを作り、よりリンクしやすいようにするとよい。（白井）

4.ホームページについて
バナー広告の掲載料に関して掲載料月1万円キャンペーンを行ったが、今後も継続することになったことが松野委員から報告があった。

5.平成19年度年会について
中井会長より、今年度の年会のプログラム委員、組織委員に関して現在組織中であることが報告された。

6.合同研究会およびJSBi総会について
平成19年度に行う予定の4研究会の合同研究会およびJSBi総会について、その進行案等についての議論がなされた。

7.バイオインフォマティクス技術者認定試験について
バイオ産業情報化コンソーシアムが試験実施を行わないことを決定したことを受け、その継続をJSBi単独で、あるいはCBI学会等の他学会とともに継続することの是非について議論が行われた。
問題としては金額的なリスクが挙げられるが、極めて予算は低く抑えることでできることがしめされ、それを元に評議員会でも議論を行うことになった。
- 継続にこそ意味のあるものなので、引き継ぐ場合にも短期ではなく長期的に続けられることが重要である。（秋山）
- そのためにも、予算を低く抑えることが重要である。（宮野）
- BICERTの名前については継続性からも、使用する方向がよい（秋山・白井）
- 他学会に関しては、ただの協賛等で参加してもらうという考えもある。（中井会長）
- 認定委員会というものを作るという考え方もある。（秋山）
- CBI学会との連携に関しては、もう少し議論が必要。（秋山）

8.男女共同参画について
バイオインフォマティクス学会の参画についての議論がなされた。
評議員の中で積極的な方がいれば検討してもよいのでは、という意見が出された。

9.夏の学校について
渋谷委員より、来年度の夏の学校の計画に関して報告があった。

以上

■ 第18回評議員会議事録

日　時：平成19年3月26日(月)15時～17時　　場　所：八重洲富士屋ホテル3階けやき　東京都中央区八重洲2-9-1
出席者：中井(会長)、秋山(副会長)、松野、榊原、宮野(幹事・評議員)、藤、田中、清水、辻本、長野、浅井、金井、小池、後藤、深海、坊農、水口、水島、(評議員)、渋谷（幹事・議事録）、鈴木（事務局）

1. 新任・退任の評議員の挨拶
新任・退任の評議員の紹介、挨拶が行われた。

2. 報告事項

2.1. 会員の推移について
中井会長より、会員の推移、賛助会員の推移について報告があった。
会員数は微増している。
研究会・地域部会等において会員・賛助会員のメリットを増やすことで、今後の会員数を増やしていくことを期待している。

2.2. 事業計画および収支予算について
中井会長より、総会で行っていなかった事業計画および収支予算の承認手続きの取扱いについて報告された。今年度に関する暫定的な取扱いは、評議員会に認められた案を全会員にメールで示し、期間内に異論がなかったため、その通り処置することとなった。次年度以降の承認手続きについては、将来検討委員会を立ち上げて議論している。

2.3. 研究会活動について
中井会長より、今年度の研究会の活動に関して報告があった。

2.4. 地域部会活動について
中井会長より、今年度の地域部会活動に関して報告があった。
現在中部、北陸の部会が存在していないが、今後検討をしていく。

2.5. ホームページについて
松野委員より、学会のホームページのバナー広告に関する報告があった。これまで広告掲載代金は月額3万円でスタートしたが、広告主を集めるためキャンペーンで1万円で行っていた。今後は、常時月額1万円と改定することになった。また、コンテンツの作り変えを行っており、ほぼ完成している。新コンテンツは4月中旬より公開予定。また、英語版のページに関しては、今後要検討である。

2.6 19年度年会について
浅井委員より、プログラム委員、組織委員の編成について中間報告があった。現在、数名の先生方から内諾を頂いている状態である。委員はメンバー選定後、メールにて審議を行うこととなった。会場については、日本科学未来館を用いることを考えている。また、バイオ情報学研究会、MPS研究会、CBRCの企画等と連続開催を行い、ビジビリティをあげていく予定である。

2.7 今年度会計中間報告
中井会長より今年度の会計の中間報告があった。
これに関して、松野委員より3月使用予定のウェブ開発費に関して報告があった。

2.8. GIWのプロシーディングについて
宮野委員より、GIWが次年度から海外で開催されるが、出版物は今後とも学会の出版物として扱って行くことが報告された。

3. 審議事項

3.1. JSBi総会について
中井会長より、JSBiの総会をできるだけ早い時期に行うため、5月29日に合同研究会を行い、それと同時に総会を行うことになったことが報告され、それに関する議論が行われた。
- 他学会では年会、総会を同時開催するところ、別々に開催しているところなどいろいろ存在する。(秋山)
- 年会、総会を別々に行うことで、学会会則は変更せずにすむ。(中井)
- 年会、総会を両方とも5月に行う、という考え方もありえる。(中井)
- 運営側としては年会、総会を同時にした方がやりやすいが、少なくとも19年度は間に合わない。(宮野)

3.2. バイオインフォマティクス技術者認定試験について
秋山委員よりバイオインフォマティクス技術者認定試験(BICERT)について報告があった。
BICERTはこれまで3年間行われているが、徐々に受験者が減少していることから、運営をおこなっていたバイオ産業情報化コンソーシアム(JBIC)が撤退することを表明がなされ、現地点ですでに終了案内がWebでは出ている。ただ、中途でやめるのは残念であるため、類似の試験を日本バイオインフォマティクス学会で行う場合の収支の概算見積もりが示された。また、続ける場合には、CBI学会からも協力の申し出があることが報告された。これに関して活発な意見が交わされた。
- 受験料を大幅に少なくするのは、以前の受験者の心情も考慮して行なうべきである(深海)
- 受験者の大部分が学生であることを考えると、受験料の引き下げは必要である。(宮野・秋山)
- 認定証の印刷費等を考える必要があるのではないか(藤・松野)
- 問題集販売はどうか(浅井)
- 紙の問題集は通常赤字になってしまう。Webページで公開してはどうか(秋山)
- 問題は易しくし、更に全国展開を考えたところでやめることになったのは残念だが、学会財産として続けてほしい(水島)
- 他の学会との協業はぜひ進めてはいいのではないか(金井)
- あまりに多くの学会と共催すると、出題分野が定まらない可能性がある(秋山)
- 過去3年間の積み重ねがあるため、今までの労力をそのまま繰り返すことにはならずにすむはずである。また、たとえ小規模でも継続できるならばした方がよいのではないか。(宮野)
- 資格のメリットをより明確にした方がよい。(水口)
- 企業で採用する人に必要な知識を出題すればそういった資格としての価値も出るのではないか(深海)
- 企業で採用する側としては、心が動くものがある。(金井)
- 認定ではなく点数を出すのではどうか。(後藤)
- 点数を均一化するのは大変な手間となる可能性がある。(秋山)

これらの議論の結果、日本バイオインフォマティクス学会としてこの試験を持続することが承認された。

3.3. 相談窓口について
倫理に反する行為等に関する相談があった際の相談窓口として、専用のメールアドレス等を設けることについて議論がなされ、今後更に議論を深めて行くことになった。
- 窓口を作る場合には、どのような人がそれを読むか、について公開するなどの必要性があるのではないか。(秋山)
- 現在のところ、学会窓口はjimu@jsbi.orgのみとなっている。(宮野)
- 基本的に秘密でなくてはならないのでjimu@jsbi.orgでは難秘密性の扱いを整理してからではないと、リスクがあるのではないか。苦情窓口等であればまだ作りやすいかもしれない。(松野)
- 倫理規定に関する窓口、というのであれば作りやすいのではないか?(秋山)
- 常に受け付けるのは難しいのではないか。関係ないものも来るようになるかもしれない。(藤)
- 倫理違反が実際あった場合にどう対応すればよいか、何ができるかの検討をより深める必要があるのではないか。(浅井)

3.4. 男女共同参画学協会連絡会について
男女共同参画学協会連絡会に参加するかどうかについての有田委員による調査結果が報告された。
積極的に参加するのは担当委員の負荷が高いのでは、という意見が出た。これについては、今後更に検討していくことになった。

3.5. 19年度夏の学校について
来年度の夏の学校に関して、渋谷委員より群馬県桐生国際ホテルにおいて8月6日～8日に行われる予定で計画中であることが報告され、承認された。

4. 会長選挙について
来年度の会長選挙が行われ、中井謙太現会長が再任された。　以上

■ 第23回幹事会議事録

日　時：平成19年5月23日（水）15:00～17:00　　場　所：東京大学医科学研究所総合研究棟8階会議室
出席者：中井（会長）、秋山（副会長）、浅井（年会長）、宮野、松田、中村、松野、遠藤、馬見塚、高井、渋谷（書記）、鈴木

1. 各幹事の自己紹介
新年度で幹事団が新しくなり、各委員の自己紹介が行われた。
2. 平成18年度収支決算報告
中井会長より、18年度の収支決算について報告があった。
3. 平成19年度予算案
中井会長より、今年度の予算案について報告があった。
研究会および地域部会は活動を拡大するため若干支出が多く予定している。また、BICERT関連の支出を20万円支出を予定しているが、これはあくまでも保険的な意味合いである。（秋山）
4. 研究会・地域部会活動
遠藤研究会・地域部会活動担当幹事より研究会、地域部会の今年度活動計画について報告があった。
また、中井会長よりアグリバイオインフォマティクス研究会の計画に関して報告があった。
5. 平成19年度年会
今年度の年会運営案に関して、浅井年会長より報告があった。他のCBRC2007、情報処理学会研究会との連携を行っていく予定である。また、来年度以降の年会の時期について議論された。
6. 男女共同参画について
男女共同参画に関してどのように進めるかについて議論がなされた。
7. BICERT
BICERTをJBICから引き継ぐことについて秋山副会長より報告があった。また、この件について他学会との協賛あるいは共催の是非について議論がなされた。
8. 夏の学校
夏の学校について渋谷委員より報告があった。
さらに来年度以降の夏の学校の扱いについて議論がなされた。
9. ホームページ
学会ホームページについて松野委員より報告があった。
特に英語のページについての扱いについて議論がなされた。
また、バナー広告の扱いについて議論がなされた。
10.ニュースレター
ニュースレター計画に関して中村委員より報告があった。
11.MPSA
来年札幌にて開催予定のMethods in Protein Structure Analysis会議について、協賛を行うことが決定された。　以上

■ 第19回評議員会議事録

日　時：平成19年5月29日(火) 12:30～13:30　　場　所：東京大学医科学研究所アムジェンホール 〒108-8639　東京都港区白金台4-6-1
出席者：中井(会長、評議員)、秋山(副会長)、松田(幹事、評議員)、北島、清水、長野、浅井、金井、久原、小池、深海、坊農、水島(評議員)、遠藤、中村、松野(幹事)、鈴木(議事録)

1. 平成18年度収支決算報告
中井会長より平成18年度収支決算報告があり、承認された。
2. 平成19年度予算案
中井会長より、本年度予算案の説明があった。
予算案について以下のような議論、質問があった。
収入が減っているように見えるが、会員数が減っているためか?(長野)
会員数は減少しているのではなく頭打ちである。会費収入を増やすためには賛助会員の獲得が重要である。(中井)
賛助会員数を増やすより、各賛助企業に口数を増やしてもらうほうが現実的である。(秋山)
各研究会・地域部会への予算を減額しているが、低予算だと活動に支障が出る可能性もある。予算のつけ方や使い方について検討する必要がある。(秋山)
ウェブ作業代の予算が減っている理由は何か。(金井)
昨年度末にウェブの管理作成システムをXOOPSに移行したため、作業代が生じた。本年度は必要ない。(松野)
夏の学校の運営について、今後も継続するか否かも含めてご意見を伺いたい。(秋山)
経費がかかり過ぎているように見受けられるので、打ち切るべきではないか。(坊農)
経費の多くが講師への謝金と旅費なので、講師の集め方を検討する必要がある。(中井)
学割を設け、参加費に学生と社会人で差をつけてはどうか。(秋山)
来年度以降経費を減らす方向で検討したい。(中井)
平成19年度予算案は承認された。
3. 研究会・地域部会の活動計画
中井会長より、各研究会・地域部会の活動計画について説明があった。
新たに発足予定のアグリバイオインフォマティクス研究会について、主査である清水評議員より説明があった。
アグリバイオインフォマティクス研究会の発足が承認された。
中井会長より、本年度の研究会・地域部会担当幹事として遠藤幹事が紹介された。
遠藤幹事より就任の挨拶があった。
4. 平成19年度年会について
本年度の年会について年会長の浅井評議員より報告があった。
本年度年会は、平成19年12月17日から19日までの三日間、お台場の日本科学未来館で開催する。年会規定に従い、プログラム委員会と組織委員会の組織を終えた。近日中にウェブを公開し、6月中にCallfor Posterを準備する予定である。年会開催週に同じお台場でCBRCと情報処理学会のイベントが行われるため、3イベントで連携して進めて行きたい。そこで、CBRCとの協賛としたい。
プログラム内容であるが、投稿ポスターの中から口頭発表を選ぶ形式にする。1件15分程度の発表を予定している。
年会について以下のような議論、質問があった。
情報処理学会との連携をどのように進めるべきか検討の必要がある。(秋山)
CBRCの施設を使って、企業から有料のソフトウェア紹介などができないか。(中井)
CBRC施設内での有料のイベントは難しい。(浅井)
中井会長より平成20年度の年会長として松田秀雄氏（大阪大学、評議員・幹事）に就任を依頼したと報告があった。
松田評議員の来年度年会長への就任が承認された。
松田評議員より就任の挨拶があった。

5. 夏の学校について
本年度の夏の学校開催準備の進捗状況について渋谷担当幹事の代理で中井会長より報告があった。
平成19年8月6日～8日に桐生にて開催される。講師陣、スケジュールなど全て決定し、参加者募集も始まっている。これまでに十数名の申し込みがあった。
6. 平成19年度バイオインフォマティクス技術者認定試験（BICERT）について
本年度BICERTについて秋山副会長より報告があった。
認定試験委員の交代があり、スケジュールは遅れ気味である。藤博幸(九州大学)、秋山、の他九州工業大学の倉田博之氏が新たに委員に加わった。もう数名参加の予定である。開催地は、東京、札幌、福岡は内諾を得ているが、ほかの地域については、本計画がもう少し具体的になってから打診したい。昨年度より開催地を減らすことも考慮中である。受験料は五千円程度。受験者数は、昨年の半分80～100名を見込んでいる。目下、11月下旬開催を目指して議論を進めている。6月中には具体的な案内ができるように動いている。
7. バナー広告について
学会ホームページのバナー広告について松野幹事より報告があった。
現在3社が掲載中である。引き続き募集していく。
8. その他
本年度の評議員会は、12月の年会開催時、年度末とあと二度開催予定である。(中井)

以上

■ 平成19年度総会議事録

日　時：平成19年5月29日（火）14:15～14:45　　場　所：東京大学医科学研究所一号館講堂　〒108-8639 東京都港区白金台4-6-1

秋山副会長より、本総会の成立が確認された。現会員数434名のうち、会長への議決の委任状が179通あったため、会則第26条に従い議決可能となった。
また、秋山副会長より、議長の中井会長の紹介があった。
中井議長より、会則第25条に従って、本年度の事業計画および予算案の承認を求めるために総会を開催したとの説明があった。

1. 平成18年度事業報告
中井議長より、平成18年度学会活動に関する報告があった。
平成18年度事業報告への承認が得られた。
2. 平成18年度収支決算報告
中井議長より、平成18年度収支決算報告と、各項目についての説明があった。
平成18年度収支決算は承認された。
3. 平成19年度事業計画
中井議長より、本年度の事業計画の説明があった。
年会は、12月17日～19日お台場で開催する。本年はGIWと分かれ、学会独自の開催となる。
研究会の活動においては、新たにアグリバイオインフォマティクス研究会が発足することとなり、既に評議員会での承認を得ている。
地域部会は昨年度通りの活動を予定している。
夏の学校は8月6日～8日桐生での開催が決定しており、現在参加者を募集中である。
4. 平成19年度予算案
中井議長より、本年度の予算案の説明があった。
研究会･地域部会への予算を各会25万円としたこと、BICERTと年会への予算をつけたことが例年と違う点である。
平成19年度予算案は承認された。
5. その他
本総会は、合同研究会と同日に開催されたが、合同研究会に参加しなかった機能ゲノミクス研究会の坊農主査より活動の紹介があった。

以上

■ 平成18年度会計報告

(平成18年4月1日～平成19年3月31日)

収入の部		支出の部	
前期前受金	2,531,000	ニュースレター作成	1,012,200
平成18年度会費	878,000	地域部会	988,517
平成18年度賛助会費	1,950,000	夏の学校	882,449
平成18年度入会金	126,000	G.I Vol. 17(ポスター集)作成	663,000
研究会収入	366,000	郵便･宅配便	463,005
地域部会収入	230,500	GIW'06旅費補助	450,000
広告掲載料	170,000	会議費	410,190
受取利息	1,469	旅費･交通費	407,990
前期繰越	5,605,646	研究会	391,059
		web作業代	276,500
		消耗品	223,635
		セキュアサーバID発行費用	160,650
		電話料金	84,045
		クレジット･郵便振替手数料	59,230
		所得税(源泉徴収)	48,000
		振込手数料	30,701
		次期繰越	5,307,444
当期収入合計	11,858,615	当期支出合計	11,858,615

前受金	
平成19年度入会金	18,000
平成19年度会費	736,000
平成19年度賛助会費	1,106,000
平成18年度決算次期繰越	5,307,444
合計	7,167,444

■ 平成19年度予算

(平成18年4月1日～平成19年3月31日)

支出予定	
地域部会	1,250,000
研究会	1,250,000
ニュースレター作成	1,000,000
夏の学校	900,000
会議費	50,000
旅費･交通費	500,000
郵便･宅配便	400,000
消耗品	200,000
認定試験	200,000
電話料金	84,000
所得税(源泉徴収分)	48,000
クレジット･郵便振替手数料	60,000
振込手数料	30,000
WEB作業代	54,000
年会	1,080,000
次期繰越	3,785,444
支出合計	10,891,444
収入予定	
繰越	5,307,444
入会金	144,000
会費	1,614,000
賛助会費	3,056,000
広告掲載料	170,000
研究会･地域部会収入	600,000
収入合計	10,891,444

学会の現況

・有効会員数　(平成19年7月31日現在)　正会員:510名　(学生会員80名を含む)　賛助会員:30社

賛助会員一覧(平成19年7月31日現在)

サン・マイクロシステムズ株式会社
日本SGI株式会社
CTCラボラトリーシステムズ株式会社
田辺製薬株式会社
大日本住友製薬株式会社
タカラバイオ株式会社
塩野義製薬株式会社
株式会社富士通九州システムエンジニアリング
武田薬品工業株式会社
第一三共株式会社
エーザイ株式会社
大鵬薬品工業株式会社
株式会社日立製作所
日本新薬株式会社
三井情報開発株式会社
中外製薬株式会社
株式会社ジーエヌアイ
科学技術振興機構
インテックW&Gインフォマティクス株式会社
日本アイ・ビー・エム株式会社
インフォコム株式会社
株式会社情報数理研究所
株式会社菱化システム
サイバネットシステム株式会社
社団法人バイオ産業情報化コンソーシアム
アステラス製薬株式会社
株式会社ナベインターナショナル
株式会社数理システム
株式会社ファルマデザイン
サイエンス・テクノロジー・システムズ株式会社

日本バイオインフォマティクス学会平成19年度役員一覧

会長	中井　謙太	(東京大学医科学研究所)	副会長	秋山　泰	(東京工業大学大学院情報理工学研究科)
会計監査	土屋　俊夫	(日本SGI株式会社)		畠山　眞里子	(理化学研究所)
幹事	遠藤　俊徳	(北海道大学大学院情報科学研究科)		渋谷　哲朗	(東京大学医科学研究所)
	高井　貴子	(東京医科歯科大学情報医科学センター)		中村　保一	(かずさDNA研究所)
	松田　秀雄	(大阪大学大学院情報科学研究科)		松野　浩嗣	(山口大学理学部)
	馬見塚　拓	(京都大学化学研究所)		宮野　悟	(東京大学医科学研究所)
地域部会長	遠藤　俊徳	(北海道大学大学院情報科学研究科)		藤　博幸	(九州大学生体防御研究所)
	坂田　恒昭	(大阪大学サイバーメディアセンター)		中山　雅晴	(東北大学大学院医学系研究科)
	妹尾　昌治	(岡山大学大学院自然科学研究科			
評議員	北島　正人	((株)富士通九州システムエンジニアリング)		浅井　潔	(東京大学大学院新領域創成科学研究科)
	五條堀　孝	(国立遺伝学研究所)		金井　理	(株式会社ファルマデザイン)
	坂田　恒昭	(大阪大学サイバーメディアセンター)		久原　哲	(九州大学大学院農学研究院)
	清水謙多郎	(東京大学農学生命科学研究科)		小池　麻子	(株式会社日立製作所)
	辻本　豪三	(京都大学大学院薬学研究科)		後藤　修	(京都大学大学院情報学研究科)
	中井　謙太	(東京大学医科学研究所)		深海　薫	(理化学研究所バイオリソースセンター)
	長野　希美	(産業技術総合研究所)		坊農　秀雅	(ライフサイエンス統合データベースセンター)
	平川　美夏	(京都大学化学研究所)		松田　秀雄	(大阪大学大学院情報科学研究科)
	福本　淳司	(日本SGI株式会社)		水口　賢司	(独立行政法人医薬基盤研究所)
	宮野　悟	(東京大学医科学研究所)		水島　洋	(東京医科歯科大学情報医科学センター)

編集後記

なれぬことで私がおたおたしている一方で、鈴木さんのすばらしい段取り能力が発揮され、私の担当分第一号を皆様にお届けできる運びになりました。鈴木さんにこころから感謝いたします。お忙しいなか執筆をご快諾いただき、ご協力いただいた先生方、ほんとうにありがとうございました。次回からもどうぞよろしくお願いします。柏の情報生命科学専攻の入試業務の合間に。

(中村)

夏の暑〜い日、暑さに任せて甘味処に駆け込み、氷宇治金時を頼む。テーブルに氷が運ばれてくる頃には既に体の火照りは消えていて、あんみつにすればよかったなーと後悔しつつも氷を口に運び続けると、程なく体は冷え切り唇真っ青頭はガンガン、果てはお腹がギューンとしてきて、外の熱い空気が恋しくなる。昔何度も繰り返した失敗です。でもやはり暑い夏になると毎度食べたくなる氷宇治金時。エアコン設備のない美味しい氷屋さんがあればかなり売れると思うのに。

(鈴木)

JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS