



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18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].....1	[リレー紹介:日本のバイオインフォマティクス研究室].....15
[特集:企業におけるバイオインフォマティクス].....2	[バイオインフォマティクス技術者認定試験実施報告].....15
[研究会の活動報告].....7	[学会からのお知らせ].....16
[地域部会の活動報告].....9	[学会議事録等].....17
[JSBi2008 開催報告].....11	[学会の現況].....18
[TJYoung2 開催報告].....13	[編集後記].....20
[国際会議レポート].....14	

◆ 巻 頭 言 ◆

近年,Online publishingとOpen accessの潮流から生命科学やバイオインフォマティクスに関する新しいジャーナルの刊行が相ついでいるように思われます.私のところにも,頻繁に新しいジャーナルの刊行のお知らせと投稿のinvitationのメールが送られてきます.こんなに新しいジャーナルが次から次へと刊行されて投稿論文数や論文の質を確保するのは大丈夫なのかと余計な心配をします.いずれは淘汰されていくのかも知れませんが,インパクトファクターの高いジャーナルとそうでないものに二極化することと思います.同じことが国際会議にも当てはまります.バイオインフォマティクスに関する国際会議も,やはり次から次へと毎年のように新しい会議が組織されて,ワークショップレベルのものまで含めると,1年間にどれだけの会議が開催されているのか掌握するのが困難なほどです.昔はバイオインフォマティクスに関する国際会議と言えば,毎年お正月過ぎにハワイで開催される今のPSBの前身にあたるHawaii International Conference on System Sciences (HICSS)のBiotechnology Computing TrackとGenome Informatics Workshop (GIW)くらいしか投稿する場所がありませんでした.HICSSに受理されることはバイオインフォマティクス分野でのステータスになっていたと感じていて,UCSCでの研究成果を初めてHICSSに投稿して受理されて発表したことは,今でも鮮明に記憶に残っています.(夜のパンケットで,CBRCセンター長の浅井先生と踊ったフラダンスはもっと記憶に強く残っています.)その後,ISMBなどの現在の主要な国際会議も始

まって,今日では最もメジャーなまた最も採択が困難な国際会議になっていったことは会員の皆さんの知るところであると思います.

さて,バイオインフォマティクスの国際会議としては最も歴史の古いGIWですが,日本生まれの国際会議であり,この2年間は日本を離れてシンガポール(2007),オーストラリア(2008)と開催されて,今年再び日本に戻ってくるようになりました.私はそのGIW2009のConference chairという大役を仰せつかりましたが,今回で20周年を迎える記念する会議を成功させることができるのか不安を覚えながら準備を行っています.偶然にもGIWが日本を離れる前の年のGIW2006でProgram co-chairを勤めさせて頂きました.正直に申しますと,GIW2006の会議の盛り上がりはもう一つだったと感じました.決して論文の投稿数が減ったわけでもなく,口頭発表やポスター発表が低調だったわけでもありません.ただ,私が最初のころにGIWに参加したときの熱気というものを感じられなかった気がします.それも,海外からの参加者の問題というよりは,日本人参加者の問題のような気がします.初期のGIWが開催されたころはバイオインフォマティクスの黎明期であり,新しい未知のものへの期待や野心がぎらぎらしていた気がします.また,今では日本でもバイオインフォマティクスという



分野が根付いてきたという良い面もありますが、そこで活動するプレイヤーが固定化されてきているようにも思われます。黎明期のころには、本当にいろいろな分野の出身のいろいろな人たちが参加していたので、怪しい面白さもあったと思います。今年のGIW2009にはもう一度いろいろな分野からの参加を期待したいと思いますし、多少怪しくても将来に大化けするような独創的な発表も期待したいと思います。そして、再び熱気の溢れる会議になってほしいと心から願っています。

います。GIW2009は横浜パシフィコで12月14日から16日まで開催されます。Program co-chairを東京大学の森下真一先生と韓国KAISTのSang Yup Lee先生にお願い致しました。JSBiの主催でもありますので、会員の皆様の積極的な論文発表とご参加、そしてご支援を深くお願い致します。

榎原康文(慶應義塾大学理工学部生命情報学科)

特集:企業におけるバイオインフォマティクス

昨今、あらゆる研究活動には明確な「出口」が求められます。これは基礎から応用への道筋を提示する、あるいはもっと直接的に、研究成果を利用した製品を提案することに相当します。果たしてバイオインフォマティクスという分野は、他の分野と比べて「出口」に近いのでしょうか、それとも遠いのでしょうか?今回の特集は、その事を一番良くご存じの方々に意見をうかがおうという趣向です。

JSBiへの提言から自社技術の解説まで、できるだけ自由にご意見を頂きました。結果として非常にバラエティに富んだ内容となったと思います。紙幅の都合で数が限られたのは残念ですが、バイオインフォマティクスにおける「基礎」と「出口」の幸福な融合のヒントが見つければと思います。

村上竜太(株式会社京都コンステラ・テクノロジーズ)

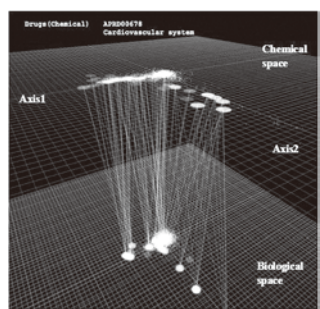
はじめに

まずは、当社の自己紹介から入らせていただきます。弊社は、京都大学薬学研究科システム創薬科学奥野恭史教授の新規スクリーニング技術をもとに平成20年3月31日に設立されたベンチャー企業です。京都大学「医学領域」産学連携推進機構インキュベーション・プラザの支援に加え、NPO法人バイオグリッドセンター関西の「創薬バリューチェーン構想」における研究実績などを経て起業に至っています。

(1) 弊社の技術紹介

弊社の独自技術は、コンピュータによるパターン認識技術を用い、タンパク質と化合物との結合情報(ケミカルゲノミクス情報と呼ぶ)から抽出した結合パターンに基づいて活性化化合物を効率的に発見するアプローチであり、従来型のインシリコスクリーニング方法を凌駕する性能を示しています。この相互作用マシンラーニング法(CGBDD:Chemical-Genomics-based-Drug-Design)は、ケミカルゲノミクス情報のパターン認識によるインシリコスクリーニング方法を世界に先駆けて実用化させたものであり、創薬支援の新たな基盤技術として期待されています。

インシリコによる従来法の代表的な手法であるドッキングシミュレーション法ではターゲットタンパク質の立体構造が必要であり、計算コストが高く、候補化合物に関するシミュレーション結果を出すのに3ヶ月程度かかりますが、弊社の相互作用マシンラーニング法ではタンパク質の立体構造なしで予測が可能であり、さらに計算コストが非常に低く数週間という短期間で結果を出すことができます。



Chemical spaceとProtein space

また、新規骨格の化合物を発見することができるという優位点があり、特に初期の段階でヒット化合物のバリエーションを増やすなどの研究展開に使用できます。

これらの技術の特徴とベネフィットにより(表1)、弊社は受託解析を中心としたサービスを展開し、インハウスでの技術利用のニーズを受けてシステム導入によるソリューションサービスの準備を進めています。

表1.相互作用マシンラーニング法の特徴とベネフィット

特 徴		技術革新のベネフィット
タンパク質の立体構造が不要	→	計算技術の適用範囲の拡大が可能となる。特に初期段階での研究開発推進に有効。
計算コストの低さ (従来法3ヶ月⇒新手法2~3週間)	→	中小・ベンチャー・研究者など時間と資金が限定された中でも研究開発を推進できる。
新規骨格の発見能力	→	候補化合物のバリエーション、新用途の発見など開発プロセスに新しい展開を創りだせる。
高い予測率 (従来法1%⇒新手法10%以上)	→	予測結果に対する信頼性高く、 μM ~ nM オーダーの高活性化合物を探索できる。

(2) 業界ニーズ状況と弊社のサービス展開について

医薬品開発の特徴として、その最終製品である薬剤は、他業界と比較してもより広く深い学問領域の叡智を集結した成果です。それゆえ、その研究開発過程で求められるものは、少しでも研究開発を前に進める為の知見であり、アカデミック要素の高い技術にまでもそのニーズが及んでいると思われます。

そういった新しい技術が現場にて活用されるためには、基盤技術から応用技術の開発、サービスするためのシステムを含めた言わば製品・サービスとしての2次開発が必要です。我々も企業の方々とのディスカッションにより、自らの技術の意外な活用方法について

気付かされることは少なくなく、起業後2年目を迎えようとしています。その活用の可能性を引き出し切ることが事業展開としても重要なポイントだと感じています。

また、新規技術に対して、現場の연구원の方々の「面白そう」「使ってみたい」という言葉の後に続くのは「しかし、具体的にどう活用したらいいかわからない」「社内にそのメリットを十分説明できない」などです。新たな技術のサービスは、その新規性から企業内での決済を得るハードルは高く、発注形態や契約事務処理などの発注に至るまでの担当者の負担が大きくなることを得ないことを知っておく必要があります。弊社のような支援企業がサービスを作り上げる際、このような企業内の事情を含めてサービスを形作ることが重要と考えます。

弊社はこのような考えのもと、1例ですが次のようなサービスをナミキ商事(株)と連携して行っています(図1)。このサービスは弊社の計算技術により絞り込まれた化合物ライブラリを「計算料込みの化合物ライブラリ」として提供するパッケージサービスです。これにより企業内では物品購入の手続きの延長線としてサービスを利用することができます。

現在は限られた範囲でのサービスですが、今後のニーズ状況により、さらにインシリコ計算とライブラリ販売とが融合したサービスが展開できるのではと思っています。

この他にも、特殊合成経路の生産技術をもつ神戸天然物化学(株)との共同サービスの開発など、技術の応用開発とパッケージサービスの開発を試みています。弊社のような創業を支援する

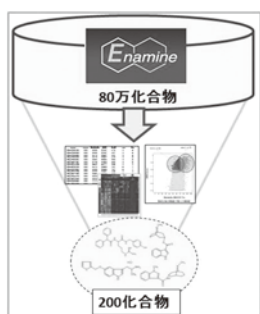


図1. Chemical Genomics based Lead Discovery Service

ベンチャー企業は、事業体制の脆弱さから、ともすると利益に直結する営業活動にばかりリソースを奪われがちです。しかしながら、企業として成熟したサービスを展開するためには、応用技術の開発や医薬品開発に関わる支援企業同士の横の連携により、自社の技術で出来ることを、点から線へ、線から面へと広げていくことが重要だと考えています。

最後に

弊社は全体的な創業プロセスからみるとearlyな段階において活用される技術のサービスです。ネガティブな意見で言えば「early過ぎるお金のつかない」領域であると言われますが、逆にいえば「earlyな研究のシーズを最も早く捕まえることができる」領域でもあります。弊社に限らず、earlyな段階で活用されるバイオインフォのベンチャーが、自社との関わりのみで終わらせないネットワークを持つことができれば、研究開発されるearlyなシーズの窓口的機能を果たすことも言うことが出来るのではないのでしょうか。

弊社は基盤技術の持つ展開性を利用し、スクリーニングから選択性・毒性予測への技術展開、ヒット化合物の特徴抽出技術などの技術開発を進めるとともに、周辺の創業支援企業との連携により新たな切り口のサービスを作り出していく方針です。弊社のような立ち上がったばかりの創業支援企業の事業展開は、そのままに新しい技術がどのように業界へ貢献していくかという事例そのものになると思っています。まだまだスタートしたばかりの企業ですが、多くの方のご指導ご鞭撻を賜りながら、かつ関連支援企業との横の繋がりを柔軟に生かして、業界全体の活性化に少しでも寄与したいと思っています。

最後に、我々のような駆け出しのベンチャー企業にこのような場を与えてくださった本特集の編集担当者に、心より御礼を申し上げます。

■ バイオインフォマティクスによる個別化医療の実現に向けて

浅野 薫(シスメックス株式会社 中央研究所)

1. はじめに

医療分野において、“革新的な予防・診断・治療技術の開発”が精力的に進められる中、バイオインフォマティクスは、それを支える基盤技術として重要な役割を担っている。例えば、今日の創業プロセスは、創薬ターゲットの同定から化合物の設計に至るまで、多くのツールによって効率化されており、バイオインフォマティクスの活用抜きには考えられない。当社は検査・診断分野を事業領域としているが、新たな検査技術を開発するに際し、診断マーカーの探索や測定系構築のためのプローブ設計など、日常的にバイオインフォマティクスを活用している。このように、バイオインフォマティクスは企業の研究開発活動の中で、その効率化を支えるツールとしてすでに重要な役割を果たしており、今後もその重要性は増してゆくだろう。

一方、ゲノム情報をはじめとする分子生物学的情報や臨床情報を、バイオインフォマティクスを利用して、治療法選択などに臨床応用してゆく“臨床バイオインフォマティクス”とも呼べる試みが始まっている。我々は、バイオインフォマティクスによる個別化医療の実現に向けて、数年前より、臨床現場で利用可能な病態シミュレーションシステムの開発を進めている。本稿では、その具体的な取り組みについて紹介したい。

2. バイオインフォマティクスによる個別化医療の実現

我々が目指すところは、個別化医療を実現するための実用的なシステムを提供することにある。個別化医療と言うと、どうしてもSNPsによる体質診断を連想しがちであるが、ここでは、それに限定せず、「患者自身の臨床データ(個のデータ)を活用して、患者個々に最適な治療法を選択すること」を言う。

科学的根拠に基づく医療(EBM)が叫ばれて久しいが、現在の科学的根拠は、ランダム化比較試験(RCT)などで得られる集団の平均値であり、個々の患者にとって、それが本当に最適な治療法かどうかはわからない。個別化医療実現のためには、新たな方法論が必要であり、それがバイオインフォマティクス、特にバイオシミュレーション技術であると考えている。シミュレーションでは、一般に、モデルを構築し、そのモデルに基づいて予測を行う。バイオシミュレーションにおいても同様に、モデルの中に医学・生理学的な知見を組み込み(病態モデル)、個のデータを使って状態を定量化し(病態の定量化)、その未来を予測(治療法の効果予測、予後予測など)する。これにより、個別化医療を実現する。(図1)

3. 糖尿病病態シミュレーションシステム

上述の考えのもと、われわれは糖尿病を対象とした糖尿病病態シミュレーションシステムを開発している。

糖尿病は複数の臓器が関与したComplex Diseaseであり、的確な診断や患者個々に最適な治療方法(薬剤)の選択を行うには、専門医の高度な知識と経験が必要である。開発中のシステムは、専門医によらずとも、患者個々の検査データから、バイオシミュレーション技術を使って、それらを実現しようとするものである。

図2に示す通り、システムでは糖代謝に関わる臓器(膵臓、末梢組織、肝臓)の機能(生理学的知見)が、数理モデル(連立微分方程式群)として表現されている。また、この数理モデルに含まれる内部パラメータは、すべて生理的意味付けが可能なものである。

このシステムでは、まず糖尿病診断時に実施される糖負荷試験(糖を経口で摂取した後に、30分ごとに血糖、インスリン濃度を測定する検査)データを再現するように内部パラメータセットが推定(シミュレーション)される。糖負荷試験データは、患者個々の病態によりパターンが異なるので、この推定された内部パラメータセットは、患者の病態を定量的に表現していると考えられる。次に、システムは、この内部パラメータセットから個々の患者の病態プロファイルを生成し、最後に、その病態に応じた適切な薬剤候補を選択し、医師に提示する。

なお、現在の数理モデルは機能レベルを記述したモデルであるが、モデルの粒度は目的に応じて設定すれば良く、必要に応じて、分子・遺伝子レベルの記述も可能である。

4. さいごに

前回のニュースレター(第17号)で特集されたように、次世代コンピュータの開発と、そのアプリケーションとして、“次世代生命体シミュレーション”の開発が進められている。このプロジェクトが進展すれば、シミュレーション技術をベースとして生命現象の統合的な理解が進むとともに、医療応用にむけた技術基盤の蓄積が加速されるだろう。

今後、こうした技術基盤を積極的に活用して、医療に貢献できるシステムを開発してゆきたいと考えている。

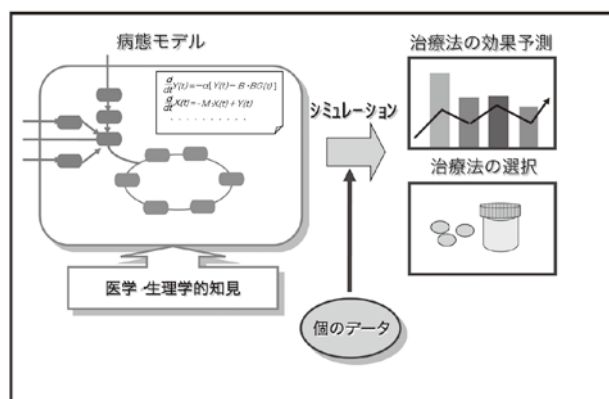


図1 バイオシミュレーションによる個別化医療の実現

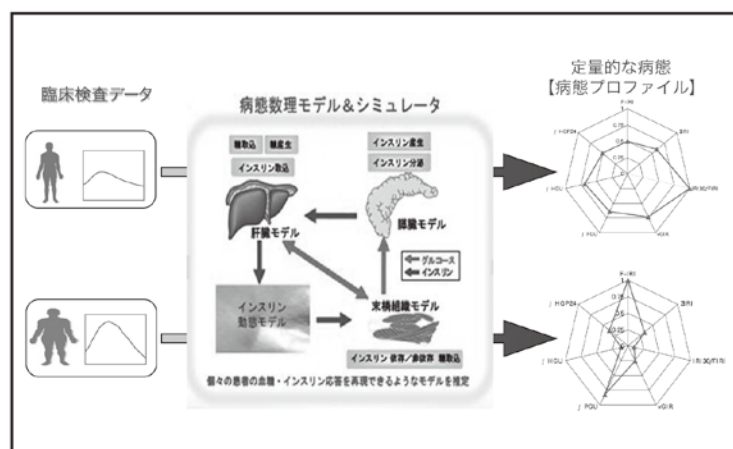


図2 糖尿病病態シミュレーションシステム

■ 創薬現場から見たバイオインフォマティクスのニーズ

白井 宏樹(アステラス製薬 分子医学研究所 主管研究員)

創薬現場におけるバイオインフォマティクスの現状を述べ、これを踏まえて今後開発が期待される手法について言及します。多種多様な生命科学関連情報が溢れ、かつ急増する中、今や実験研究者とバイオインフォマティクス研究者との密接度は高く、創薬研究の上流から下流に至るまで、研究の企画立案や修正、個々の実験のデザインや結果の解釈などでの共同作業化が行われるに至っています。

まず最上流に位置するターゲット探索について紹介することで、現状を紹介します。ターゲット探索には様々なアプローチがありますが、例えば何らかの疾患関連性を示唆する遺伝子を抽出し、その中からドラッグブルな遺伝子を絞り込むという手順で行われることがあります。この場合、最初に病態モデル動物と正常動物、あるいは患者と健康人といった対比できるサンプルを入手し、マイクロアレイ解析により発現に大きな変動のある遺伝子を抽出します。この段階においてバイオインフォマティクスには以下のような役割があります。まずは大量の実験生データの情報処理、統計解析によって、変動遺伝子を抽出します。そして各遺伝子の既知アノテーションを付加する事で、発現変動の大きさと既存生物情報の重要性を考慮して候補遺伝子セットを作成します。さらに、既知パスウェイ上に変動遺伝子をマッピングするなどして、変動遺伝子の全体の傾向を掴んだり、実験値とは別にあらかじめ作成した遺伝子と疾

患との関連性の指標を参考に、実験結果全体の生物学的解釈を促進します。ここであらかじめ作成する遺伝子と疾患との関連性指標とは、例えば遺伝子と生命科学現象とが文献上共起する頻度を調べるなどして作成します。このように、まずは個々の遺伝子に着目した絞り込みを行うと同時に、実験結果全体を俯瞰した解釈を行うことで、より有効なターゲット候補抽出を行います。

次に、こうして抽出した候補の中から、ドラッグブルな遺伝子を選択する必要があります。遺伝子のドラッグビリティなるものは、必ずしも統一的な概念として形成されてはいませんが、一般的には、例えばGPCRや酵素、チャネルといったこれまで医薬品ターゲットとしてよく成立している遺伝子種を示すものと捉えられているようです。あるいはもう少し広く、立体構造上、ドラッグライクな化合物がはまりこみやすいポケットを有しているかどうか、またそのポケットにおいて実験動物とヒトとで大きな差異がないかなどが判定基準にされることがあります。昨今、狭義のドラッグブル遺伝子は調べつくされた感があるため、より広い意味でのドラッグビリティを基準にして探索されるようになりつつあります。この場合、バイオインフォマティクスによる、標的蛋白質のモデリングと、蛋白表面上のドラッグブルポケットの探索が行われます。

すなわちこのような一連の流れにおいて、マイクロアレイデータの解析技術、パスウェイ解析技術、テキストマイニング技術、蛋白質

モデリング技術などを駆使して、実験と組み合わせることで効果的なターゲット探索が行われています。ただし、現状においては確定的な方法論が確立しているわけではなく、手法の選択や改良において試行錯誤が続けられている状況です。以下に創薬現場から見て今後どのような手法の開発が望まれるかを記述します。

市販のパスウェイ解析ツールは、データコンテンツの質的、量的改良や解析処理におけるユーザーフレンドリーさの向上などで進展を見てきましたが、より創薬現場でのニーズに応えるには、今後は、創薬上必要な知識の組み込みが必要です。ここでいう創薬上の知識とは、個々の医薬品の薬理学的、薬物動態学的特性をパスウェイ解析に反映する手法です。例えば、Gs共役型GPCRに刺激する医薬品を作用させると、cAMP産生増加を経て、心筋細胞では細胞興奮が起こりますが、内臓平滑筋では逆に抑制が起こります。よって、対象とする細胞や臓器に応じたパスウェイ作成と、それぞれにおける情報伝達の流れを端的に把握できる仕組みが必要です。

また、実験データとは別に遺伝子と疾患との関連性を別途把握しておくことは重要なのですが、この点で創薬に特化したテキストマイニング手法の開発が望まれます。その際の有効な手段として、疾患間あるいは生物機能間の類似性評価が挙げられます。例えば、ある変動遺伝子Aが、着目している疾患X(あるいは生物機能)に対して関連性がなかったとしても、別の疾患Yに対する関連性が見られた際、AとYとも関連性があるのではないかと推察できるようになります。実際に薬理学者は、自分の専門領域に関して新たな着想を得る際に、別の疾患における最近の進展を参考にすることが多いわけです。例えば、緑内障治療、白内障治療、高血圧治療という3つを比較します。一見、前二者の方が類似しているように感じるかも知れませんが、緑内障と白内障とは治療法

が全く異なっているため、薬理学的、あるいは治療学的観点では必ずしも類似性が高いことにはなりません。緑内障の薬物治療には様々なアプローチがありますが、その中の一つに眼房水産生抑制のために β 受容体遮断薬を用いることがあります。一方高血圧症の治療には、ACE阻害剤、利尿薬、Ca拮抗剤などと並んで、心臓の血液拍出量を軽減させるために β 受容体遮断薬が用いられることもあります。すなわち、治療という観点では緑内障と高血圧は、類似性を有すると捉えられます。このような薬理的知識を用いて疾患間の仮想的な類似性指標を設けた上で遺伝子と疾患との関連性を解析することで、直接的には関係ないと思われる遺伝子が案外良い新たなターゲットである可能性が浮かび上がることが期待されます。

ドラッグブルポケット探索に関していえば、現在のところホモログ蛋白が何らかの機能性低分子と相互作用している部位を候補として抽出したり、ポケットを構成する残基のプロファイルからデノボで探索する手法がとられています。今後は、主たる機能部位に影響を与えるような別の機能部位(すなわちアロステリック部位)を検出する手法の開発へと展開していくことが望まれます。それには、計算物理的手法の活用も必要となります。また、蛋白質のモデリング技術に関しては、ドラッグブルポケット探索をする上で引き続き精度の向上が望まれます。

以上、本稿ではターゲット探索の一つのアプローチについて、その流れとバイオインフォマティクスの貢献の現状と問題点について述べました。ターゲット探索に限らずトキシコゲノミクスによる化合物の毒性評価、化合物の作用機序解明、臨床・前臨床マーカーの探索などにおいても同様にバイオインフォマティクスが有効に活用されています。これらについても、ターゲット探索と創薬現場のニーズが反映された手法の開発が望まれます。

■ インフォコム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

後藤 康丞(インフォコム株式会社)

インフォコム株式会社は、2001年4月に株式会社帝人システムテクノロジーとインフォコム株式会社が合併し、新生インフォコム株式会社として誕生しました。弊社は帝人システムテクノロジーのころを含め、約20年にわたりバイオインフォマティクスや計算化学、ケムインフォマティクス分野でのソフトウェア販売、システム開発、受託解析などを行って参りました。現在、

- ・コンピュータを用いた分子設計シミュレーションの提供
- ・ゲノム、プロテオーム、メタボローム領域におけるソリューションの提供
- ・研究支援のためのシステム提案と構築

の3つのコンセプトに基づき、Schrödinger社製品を中心とした創薬分子設計ソリューション、創薬研究向けワーク・フロー型プラットフォームKNIME(<http://www.knime.org/>)上でSchrödinger社製品やChemAxons社製品を利用するためのノード開発を中心としたケムインフォマティクス、PEAKS、SIMCAを中心としたプロテオミクス、メタボロミクス分野、GeneGo社製品を中心としたバイオインフォマティクスなど、ライフサイエンス領域における研究を支援するソフトウェアの販売、システム構築、ソリューション提案を行っています。これらに加えて、オミクスデータに対する統計解析技術をコアにして、配列解析・発現解析・パスウェイ解析・分子設計技術を駆

使し、バイオマーカー・創薬ターゲットの探索を行い、研究機関との共同研究の成果からソフトウェアの開発、バイオマーカーの同定、研究成果を核とした新しいサービスの提供など、幅広く活動しております。(<http://www.infocom.co.jp/bio/index.html>)

本稿では、研究機関との共同研究をご紹介させていただきます。まず、バイオインフォマティクス研究者との共同研究では、産業技術総合研究所生命情報工学研究センター生体ネットワークチーム(http://www.cbrc.jp/ja/organization/team_network.ja.html)と共同研究を行い、遺伝子発現実験データから遺伝子ネットワーク推定を行う技術を開発し、ASIAN(Automatic System for Inferring A Network; <http://eureka.cbrc.jp/asian/>)として公開しております。さらに、そのアルゴリズムを実装し個人のPCで稼動するAutoNetFinderを開発し、販売しております。バイオインフォマティクス研究者との共同研究では、最先端の研究を通じての新しいソフトウェア開発、サービスを提供するだけでなく、新しい技術を使って結果を示し技術の普及を推進することが大切になってきます。

バイオマーカー探索では、がん領域のバイオマーカー開発に重点化しており、国立がんセンター研究所プロテオーム・バイオインフォマティクス・プロジェクト(<http://www.ncc.go.jp/jp/nccri/divisions/>)

p09prote/p09prote.html)と共同研究を実施し、がん治療に役立つバイオマーカーの実現を目指しています。がんの悪性度や進行と相関するような遺伝子・タンパク質は治療標的になり得ると考え、創薬ターゲットを探索し、有用なバイオマーカーを複数のがん種において同定しています。これまでに同定されたバイオマーカーに対して、数十～数百の臨床検体による抗体を用いた検証を終え、論文発表・特許出願をしております。

また、理化学研究所バイオリソースセンター微生物材料開発室(http://www.jcm.riken.jp/JCM/JCM_Home_J.shtml)との共同研究では、腸内常在菌と疾患の関係を研究しています。共同研究の成果として、T-RFLP法を用いて細菌叢を解析するソフトウェアMicrobiotaProfilerを開発、販売しております。さらに、共同研究の成果は、大腸がんリスク診断等の健康診断支援や健康食品の有効性評価等にも有効であると考え、特許出願、新しいサービスの展開を検討しております。

どの共同研究にも共通して言えることは、大量の実験データが生産され、付随する情報も含めると膨大な量のデータを管理し、解析しなくてはならないことです。そこには、インフォマティクスの力が

必要となり、研究目的にあわせて、統計解析等の従来技術を的確に使用するとともに新しい解析手法の開発も必要となってきます。今後、次世代シーケンサをはじめとして、様々な実験機器の発展によって、これまで以上に大量で多種多様な実験データが、生産されることが予想されます。この膨大な量の多様なデータを統合して解析し、生物学の発展、ひいては創薬などの産業への応用が期待されますが、そのためには、これまで以上にインフォマティクスが重要になり、既知のデータ、公開されているデータなどと新しく生産されたデータを統合して解析するような新しいデータ解析手法や切れ味のよい解析手法など、インフォマティクス側の技術革新も期待されることです。

バイオインフォマティクス研究者は、ウェットからインフォマティクスの研究へ進まれた方、インフォマティクスからバイオの研究へ進まれた方など、その背景は様々だと思いますが、インフォマティクスを駆使して、生物学的な知見を得ようという点は一致していると思います。弊社もそのような研究を推進する一助となればと考えております。

■ 草行露宿¹⁾ —あるベンチャー企業のバイオインフォマティクスビジネス—

金井 理(株式会社ファルマデザイン)

1月のある夜、某バイオベンチャー企業で働くKは前の職場で先輩だったAさんと数年ぶりに会った。どうやら彼らの話題はバイオインフォマティクスのようだ。ちょっと聞き耳をたててみよう。

A「転職して十年ぐらい経っているんだよね。」

K「今の会社は九年めです。会社は創立して今年でちょうど十年なんです。」

A「ところで、お宅の会社のバイオインフォマティクス、商売になっているの?」

K「うちの会社は、バイオインフォマティクスとドラッグデザインをやっています。製薬会社から研究を受けたり、ソフトや実際のモノとしてのツールを作って販売したり、自分たちで薬のネタを見つけ出して売ったりしています。それと海外のソフトの販売もしています。会社としてはドラッグデザインの方の売上げが大きいんです。ビジネスになっているかと言われると、四字熟語で言うなら、会社全体でも『草行露宿』というところでしょうか。」

A「結構大変ということか。その中でもバイオインフォマティクスの仕事はかなり難しいということだね。」

K「その通りです。創薬でもいろんなところでバイオインフォマティクスが使われているのですが、うちでやっているような創薬ターゲット探索はその上流工程に位置するんです。創薬では上流工程にあればあるほどローリスク・ローリターンで、そういった仕事は需要が多いかというヒトゲノム解析が話題になっていた頃に比べれば減っています。だからそれだけではなかなか儲かりません。下流工程の何か、あるいは実際のモノと結びつけてはじめてビジネスになるんでしょうね。例えば、生理活性ペプチドという薬のネタになりそうなものを、バイオインフォマティクスで見つけ出し合成しライブラリ化して売っていました。今のところ、バイオインフォマティクスである程度商売になったと言えるのはこれぐ

らいです。」

A「そう簡単には行かないんだな。バイオインフォマティクスの仕事というソフトを作って売るといようなことをイメージしていたんだけど...。」

K「もちろんやっています。うちではそこそこ作ることにはできるのですが、商品のレベルまで高めるのができません。それはITのスキルが要求される仕事なので、ITを専門にやっている会社にはありません。だから、そういった会社と組むことができればと思っています。そうそう、前にイギリスのInpharmatica²⁾という会社のBiopendium³⁾というソフトの販売をやっていました。公共DBに登録されている全タンパク質を集め解析しそれを整理して使いやすいとしたという、例えばタンパク質の機能予測とか創薬ターゲット探索には持ってこいのソフトなんです。解析されたデータをブラウズして行くだけですから、バイオインフォマティクスを知らないウェットの研究者にはとても使いやすいツールです。そんなソフトでも多くの人には使われないまま十年も持たずに消えました。Inpharmaticaの商売の仕方に問題があったのも一因ですが、技術的にはデータ解析にコストがかかって破綻してしまっただけですね。膨大なデータ解析に世界最大級のPCクラスタを使わざるをえなかったからです。今のPCクラスタならもっと効率よくできるかもしれません。それでもビジネスにはならないでしょう。けれどこれが本当に必要とされるソフトだったのではないかと、Biopendiumが使えないというのは世の中のウェットの研究者には不幸な状況かもしれないなんて思ったりします。こういった仕事は経営基盤が弱いベンチャー企業がやるべきものではなく、むしろアカデミアが国からお金をもらってすべきことかもしれません。Inpharmaticaは他にStARLITE⁴⁾というケモジェノミクスのDBを作っていました。これもとてもよいものなのですが、結局販売中止になってしまいました。でも、今はEBIに引き継がれ

て開発が続けられています⁹⁾。いずれ公開されるはず。こちらは開発者にも使う側にもとても幸運なケースですね。」

A「今、アカデミアのお話が出てきたんだけど、お宅の会社からみてアカデミアはどんな位置づけにあるの?競争相手?」

K「基礎的な研究成果を使わせてもらうという点でなら、競争相手なんてことは全くありません。うちはアカデミアとは違ってお金につながる研究しかできませんから。」

A「じゃあ、アカデミアからソフトを仕入れるということもあるわけ?」

K「はい。もちろん自分たちで作るということもありますが...。有償でアカデミアから手に入れるということもあります。ただし、これまでソフトの導入先は主に海外のアカデミアでした。国内だと、開発者に連絡してもぜんぜん取り合ってくれなかったり、入手できても海外のアカデミアよりも倍ぐらい値段が高かったりというのを経験しています。海外の方はちゃんと窓口があってそこを通して買うことができる。だから、自然と海外の方に目が向いてしまいます。ところで、Aさんがやっている環境バイオはどうなんですか?

か?家庭のゴミからメタンガスを作るって話、おもしろそうですね、CO₂の収支はゼロになるって本当なんですか?」

会話はこの後も続く。環境バイオの話もおもしろそうだが、与えられた紙面にも限りがあり、都合の良いことにバイオインフォマティクスのお話でなくなったので、聞き耳を立てるのはこのあたりまでにしておこう。

1) 非常に苦しい旅をすること。旅の行程が非常につらく、また、差し迫っていること。草の生い茂った陰い場所をかき分けて野宿するという意から。<http://dictionary.goo.ne.jp/index.html>より。

2) Inpharmatica社は後にBioFocus DPI社に吸収された。

3) http://www.admensa.com/pdfs/Biopendium_Brochure.pdf参照

4) http://www.admensa.com/pdfs/StARLITe_InfoSheet.pdf参照

5) <http://biotech.nikkeibp.co.jp/bionews/detail.jsp?id=20054755>より、記事中のGalapagos社はBioFocus DPI社の親会社

研究会の活動報告

■ 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)

今秋から現在まで、2件のシステムバイオロジー研究会開催について報告させていただきます。第20回研究会を化学工学会バイオ部会生物情報分野専門分科会との共催で、「地球環境のための生物プロセス工学とシステム生物学」というテーマで、平成20年10月3、4日、北海道北見工業大学で開催させていただきました。数社の企業参加者を含めて、十数名が参集しました。

北見工業大学では、北海道の豊かな自然(多様なバイオマス利用)やオホーツク海の天然資源を利用したプロセス工学を展開しています。プロセス工学は、細胞から生態環境まで、ミクロからマクロまでの幅広い視点からシステム(プロセス)を設計して、人類の福祉に貢献する学問です。一方、システム生物学は、主に細胞システムを分子レベルから理解するための学問ですが、豊かな成功実績をもつプロセス工学の知識や方法論を学び、取り入れることは、細胞システムを多様な視点から解析し、理解、デザインするために有用です。

今回は、基調講演として、堀内淳一氏(北見工大バイオ環境化学科)に「地球環境問題とバイオプロセス工学」、青山政和氏(北見工大バイオ環境化学科)に「地域バイオマス利用の試みーササからの機能性糖質の製造とその利用」についてお話をいただきました。一般講演では、倉田博之(九工大情報工学研究院)が「バイオプロセスとシステム生物学」について話題提供し、石川雄一氏((財)癌研究会癌研究所病理部)から、「新たに発見されたEML4-ALK融合遺伝子肺癌、および肺腺癌の亜型分類」、長森 英二氏から((株)豊田中央研究所 先端研究センター)「骨格筋培養筋細胞を用いたアクチュエーターの構築に向けた基礎的研究」の発

表をいただきました。研究会終了後、堀内先生のおはからいで、懇親会を開き、さらに活発な議論をすることができました。また、4名の有志が集まって、知床の見学を行い、たいへん有意義な時間をすごすことができました。

第21回システムバイオロジー研究会は、遠里由佳子氏(立命館大学生命科学部生命情報学科)のご尽力で、平成21年1月9日(金)に立命館大学で開催させていただきました。立命館大学では、バイオインフォマティクスやシステムバイオロジー研究教育の拠点として、生命科学部生命情報学科が誕生しましたので、その活動を中心に研究会の議論を進めました。40名程度の参加がありました。招待講演として、野間昭典氏、Cha Chae Young氏、姫野友紀子氏(立命館大学生命科学部生命情報学科)から、「心筋病態生理をシミュレーションする」、河合洋介氏(立命館大学生命科学部生命情報学科)から、「祖先配列推定に基づくゲノムDNAの塩基組成動態の解析」の講演をいただきました。一般講演では、浅川剛氏(ソニー株式会社システム技術研究所)に「遺伝子発現のゆらぎ解析から見えてくる遺伝子発現の対称性」、太田潤氏(岡山大学大学院医歯薬学総合研究科)に「コンピュータ上での生化学反応生成から代謝ネットワーク研究へ」、遠里由佳子氏「Phenotype MicroArray解析から見た代謝反応ネットワークのロバスト性」、森浩禎氏(奈良先端大学院大学)に「大腸菌の統合的理解に向けた研究」のお話をいただき、活発な討論をさせていただきました。研究会終了後、20名程度で懇親会を開き、たいへん有意義な時間をすごすことができました。次回は東京の癌研究会で開催する予定です。

■ 創薬インフォマティクス研究会

主査 広川 貴次(産業技術総合研究所生命情報工学研究センター)

1月9日に東京大学医科学研究所に於いて第9回創薬インフォマティクス研究会「CASP8 タンパク質立体構造予測の最前線」を開催いたしましたので報告いたします。分子標的創薬において、タンパク質立体構造情報は、医薬品候補化合物の探索や最適を指南する役割として欠かせないものになっています。タンパク質立体構造予測は、標的タンパク質の立体構造が実験的に明らかになっていない場合、配列情報と構造情報を橋渡しする重要な技術であり、最近では、隔年で開催される国際的なタンパク質立体構造予測コンテスト(CASP)を通じて予測技術の実用性が評価されています。今回は、日本からCASP8に参加した先生方をお迎えして、3次元立体構造予測、予測構造の品質評価、機能(リガンド結合部位)予測、ドメイン予測、ディスオーダー領域予測等の課題について、各種予測手法の現状、動向、CASP8会議で得られた最新情報をご講演いただきました。演題は以下の通りです(発表順)。

- * 石田貴士(東大医科研)
「faisチームの取り組み: 立体構造予測サーバーとdisorder 領域予測サーバーの構築」
- * 廣瀬修一(産総研CBRC)
「機械学習アプローチによるドメイン予測への取り組み」
- * 野口保・清水佳奈(産総研CBRC)
「CASP8報告:ドメイン予測、及びディスオーダー領域予測におけるCBRCの取り組み」
- * 鬼塚健太郎((株)サイファイフォルディングス)
「タンパク質折り畳みの仕組みとエントロピー解析」
- * 中村周吾(東大農)

「Bilab in CASP8 ～モデル品質予測とリガンド結合部位予測を中心に～」

* 澤田賢吾(名大工)

「Template based protein structure prediction by Fragment assembly in CASP8」

* 寺師玄記(北里大薬)

「Structure evaluation method using local consensus and circle quality assessment」

いずれのご発表も、各予測技術の概要からCASP8での予測結果、CASP7からの進展や世界的な動向、今後の課題など解り易く紹介いただきました。当日の参加者は50名を超え、また質疑応答や休憩時間でも活発な議論が行われ、タンパク質立体構造予測への期待と関心の高さを伺うことができました。ご講演の先生方、参加くださった方々および関係者のご協力に感謝いたします。



■ 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工学研究センター)

2008年10月28日に東京大学医科学研究所において、第5回オントロジー研究会を開催しました。今回は理研のお二人の先生に講演をお願いしました。理研では、ヒト、マウス、シロイヌナズナなどをゲノムレベルで解析し、大量のデータを産出しています。さらに、生物種や解析手法の数だけ、ラボごとにデータベースが構築されているという現状があります。これらを使いやすくするためのオントロジー構築、データベース統合化のアプローチについて分かりやすくご紹介頂きました。

まず、柊屋啓志先生には「実験遺伝学における多様なデータを記述するためのオントロジー基盤の構築」と題して、疾患モデルとしてのマウス実験における遺伝子変異と表現型のデータベース構築に必要なオントロジーについて講演して頂きました。遺伝学の知識や表現型の定性的、定量的性質を管理するための枠組みの重要性について議論されました。豊田哲郎先生には「理研におけるセマンティックウェブ技術の応用とライフサイエンス統合DBへの貢

献」と題して、理研で開発されている数十個のデータベースをいかにして統合するかという課題について、セマンティックウェブの応用や高速検索システムの開発をからめてお話し頂きました。文部科学省の統合DBプロジェクトの一環として開発されているシステムです。システムだけでなく、データを産生する研究者への教育や協力体制の構築も重要ということでした。

今回は一般講演も2件ありました。1件はテキストマイニングを応用した疾患パスウェイのデータベース構築、もう1件は化学物質の毒性データベースの構築とリスク評価手法開発です。どちらもデータベースの構築とその応用についての議論が活発にされました。

地域部会の活動報告

■ 九州地域部会

九州地域部会長 藤 博幸 (九州大学生体防御医学研究所)

第四回バイオインフォマティクス学会九州支部講習会開催報告

近年の構造プロテオミクスの進展に伴い、タンパク質立体構造のデータが急激に蓄積されてきており、これらのデータを利用した structure-based drug design (SBDD) はタンパク質のバイオインフォマティクスの大きな課題の一つとなってきた。今回は、「タンパク質の計算化学的解析入門」というタイトルで、実際にコンピュータを操作しながら、SBDDの処理を学ぶための講習会を開催した。講習会は、2009年1月7日(水)に、九州大学箱崎キャンパスシステム生命講義棟で開催した。SBDDの処理のためには、国内外で広く利用され、計算化学に関する様々なアプリケーションモジュールを統合したMOE (Molecular Operating Environment)を用いた。午前中は講義だけで、午後には実習を行った。午前中は人数に制限を設けなかったが、午後は準備できるコンピュータの台数の都合上事前登録者のみの参加とした。以下のスケジュールで講習会を行った。

- 9:30 - 10:00 : 受付
- 10:00 - 10:10 : 開催の挨拶
- 10:10 - 10:40 : MOEの概要
- 10:40 - 11:40 : MOE2008.10の新機能の紹介
- 11:40 - 12:00 : その他の分子解析ツールの紹介

- 12:00 - 13:00 : 昼食
- 13:00 - 13:30 : 分子シミュレーションの基礎について
- 13:30 - 14:45 : MOEを使用した実習 (基本操作)
- 14:45 - 15:00 : 休憩
- 15:00 - 16:50 : MOEを使用した実習 (SBDD、ドッキング)
- 16:50 - 17:00 : 閉会の挨拶

午前の参加者は22名で、その内事前登録者は16名であった。午後の実習の参加者は、事前登録者17名全員が参加した。参加者の内訳を見ると、学生14名(学部生1名含む)、社会人9名(会社員の方1名以外は大学関係者)であった。その多くは九州大学、九州工業大学、福岡大学からの参加であったが、それに加え、鹿児島大学から3名、長崎大学から2名の参加があった。アンケートをとったところ、21名からの回答がありいずれも好印象であった。九州支部では最初の2回の支部会は講演会の形式で実施したが、動員をかけないと出席者が集まらない状況だった。しかし、講習会にしてからは、それほど大人数ではないものの自然に人が集まるようになった。今後も講習会形式で支部会を実施していきたい。また、今回、MOEの使用や準備、また講師の手配にあたって、富士通九州システムと菱化システムに御協力いただいた。

■ 東北地域部会

東北地域部会長 中山 雅晴 (東北大学病院メディカルITセンター・循環器内科)

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。「バイオインフォマティクスセミナー in 東北」と題して、総論に始まり、トランスクリプトーム、プロテオーム、メタボローム等テーマを発展させてきました。特定の分野に偏ることなく、バイオインフォマティクス全般を網羅するセミナーを今後も開催したいのですが、聴衆のニーズとしては、アレイ解析や組織標本からのプロテオミクス解析といった実用的な内容中心のセミナーへのご要望を多くいただきます。そういった要望にも応えるべく小講座を続ける一方、少し規模を大きくしたセミナーの定期開催に向けて今年度も企画を進行中です。仔細決定しました

ら、漸次報告させていただきます。

最近、近隣の他の組織でもバイオインフォマティクス関連のセミナーが自発的に開催されてきています。今年度は、そういった方々と積極的に合同開催を試み、本地域部会が発展していけるよう融合を図っていくことを目標としています。また、バイオインフォマティクススキルを備えた人材が充実するための基盤形成へ向けての働きかけも今まで以上に強化していきたいと思っています。会員の皆様からのご意見・ご要望などを賜ることがいただければ幸いです。よろしくお願いいたします。

■ 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(2回/年)に3年間に亘り、開催してき

ました。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テーマを順次取り上げていくという方法をとってきました。

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、及びケミカルバイオロジーに焦点をあて、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、及びインシリコ創薬、第4回研究会(2007年9月20日開催)ではインシリコ創薬、及び医療情報、第5回研究会(2008年2月13日開催)では医療情報、及びケミカルバイオロジーでの基調講演・若手研究者による発表・ポスター発表(併催)、そして2008年10月8日開催の第6回研究会では一順した4テーマ毎に、総括、及び今後を見据えた講演を行い、3年間の活動結果を省みて、「バイオインフォマティクスが医薬品の研究開発に与えるインパクト(経営学的観点から)」という演題での基調講演を、原拓志教授(神戸大学大学院 経営学研究科)にして頂きました。

当日の受講者総数は90名超、懇親会参加数は約40名と、多数の参加者に恵まれ、過去3年間に渡る研究者・企業人・省庁関連者の交流活性化を目指した関西地域部会活動のうれしい成果と考えております。尚、当日は各種アンケートをおこなったのですが、回収(20件)内に、この3年間での共同研究の実現(2件)、業務提携の実現(1件)、人材交流(学生の就職等を含む)の実現(2件)との結果がでており、好意的なコメントと相まって運営委員一同、満足しております。

関西地域部会では第7回研究会以降は、奥野恭史 新部会長(京都大学大学院 薬学研究科 教授)の下に、新企画を構想中ですので、会員の皆様からの御意見・御希望等をお知らせいた

できれば幸いです。

JSBi本部、及び会員の皆様からは、3年間に渡り多大な御支援・御協力を頂き、心より御礼申し上げます。



第6回研究会における会場風景

中国四国地域部会

中国四国地域部会長 妹尾 昌治(岡山大学大学院自然科学研究科)

中国・四国地域部会では、第4回「次世代バイオマーカー研究会」を、2月5日に下記の内容で開催しました。岡山大学の学内シンポジウム「第2回高度医療都市を創出する新技術国際シンポジウム:創薬パイプライン—抗がん剤、抗感染症薬の合成と評価」と同時開催し、総勢約100名の方々のご参加をいただくことができました。

研究会の講師には、(株)DNAチップ研究所の松原謙一社長と徳島文理大学の姫野誠一郎教授をお招きし、松原先生には、大腸癌の予後予測に適する遺伝子マーカーを確立する取り組みから、リウマチの治療薬インフリキシマブの有効性を早期に判定するための血液RNA解析まで研究最前線に関するお話を頂きました。また、姫野先生には生物試料をNMRにより網羅的に解析して、トキシコロジーやメタボロミクスへ応用していく試みをご紹介いただきました。これらの興味深い講演に対して、質疑応答も活発に行われました。さらに、今回はポスターセッションを設けて、若手研究者の日頃の成果発表の場も設けさせて頂き活気のある研究会となり御陰さまで無事成功裏に終わらせることができました。ここに報告させていただきます。

また、第5回に向けて、中国・四国地域の学会の交流の輪を広げて行きたいと考えていますので、今後とも皆様のご協力をよろしくお願いいたします。

記

テーマ:次世代バイオマーカー

日 時:平成21年2月5日(木)9:00-18:15

場 所:岡山大学大学院自然科学研究科棟 2階大講義室
岡山市津島中3-1-1

【講演1】

「未病社会に向けての免疫細胞を使うRNAチェック」
(株)DNAチップ研究所 社長 松原謙一 先生

【講演2】

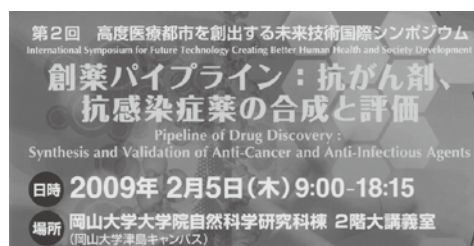
「NMRによる尿中代謝物の一斉分析(メタボロミクス解析)の毒性学への応用」徳島文理大学 薬学部 姫野誠一郎 先生



松原謙一 先生



姫野誠一郎 先生



■ 北海道地域部会

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)

北海道地域部会では、GCOEプログラム「知の創出を支える次世代IT基盤拠点」(北海道大学大学院情報科学研究科)の後援を得て、1月21日にバイオインフォマティクスセミナーを開催した。

演者・演題は、荻島創一先生 (東京医科歯科大学 難治疾患研究所生命情報学)「転写調節ネットワークの推定と発現解析および可視化」で、実験データに基づく、複雑な生命現象のモデリング、解析、シミュレーションといった方法論的アプローチと、生命システムの成り立ちについての進化的なアプローチによる、システムバイオロジーの研究について、転写調節や遺伝子制御ネットワークの進化シミュレーションの様子を、実際に目の前で見させていただ

きながら迫力あるお話しをしていただいた。このほか、北海道大学大学院学生の前岡翼君の「文献データのメタナリシスによる統合失調症候補遺伝子の疾患寄与度再評価」、加藤翔君の「幾何的接尾辞木を用いた構造モチーフ探索手法の提案」、菊井 隆彦君の「種間比較に基づく脳・神経系発現遺伝子群の進化」、小坂宏四郎君の「機械学習に基づく嗅覚受容体のリガンド予測」の各口演が行われた。北大内の研究者・学生を中心に24名の出席があり、セミナー後も懇親会会場に場所を移して活発な意見交換が行われた。

JSBi2008開催報告

松田 秀雄 (大阪大学大学院情報科学研究科)

2008年日本バイオインフォマティクス学会年会(JSBi2008)は、12月15日から16日まで、大阪千里中央の千里ライフサイエンスセンタービルで開催されました。GIWの併設で始まったときから2007年まで、東京や横浜で開催されて来ましたが、今回は初の地方開催となります。

まず、アカデミックプログラムでは、昨年の年会と同様、ポスター発表もしくはソフトウェア・デモの抽象投稿を受け付け、プログラム委員会が査読により採択を決めるとともに、口頭発表に相応しいものを選定する方式を取りました。その結果、98件のポスター発表と4件のソフトウェア・デモが採択され、さらにその中から16件の口頭発表が選ばれました。また、最優秀ポスター発表に授与されるOxford Journals - Japanese Society for Bioinformatics Prizeには、口頭発表にも採択された、佐藤健吾氏(JBIC/CBRC)の"A Non-Parametric Bayesian Approach for Predicting RNA Secondary Structures"が選ばれました。

招待講演は次の3件でした。Tom Blundell先生(ケンブリッジ大学)には"Exploring Biological and Chemical Space with Biocomputational and Biophysical Methods: the New Dimensions of Drug Discovery"という演題で、タンパク質の立体構造情報に基づくバイオインフォマティクスの手法と新規の抗生物質の探索などの創薬分野への応用について非常に迫力のある講演をして頂きました。次に、紀ノ定保臣先生(岐阜大学)には"ICT Revolution and Paradigm Shift In Hospital"という演題で、大学病院の医療情報を統合して一元的に管理するシステムを構築したことで生じるパラダイムシフトについてご講

演頂きました。最後に、北野宏明先生(システム・バイオロジー研究機構)には"Systems Biology of Coral Reefs"という演題で、サンゴ礁という非常に特徴的な生態系でのシステムバイオロジーの研究についてご講演頂きました。

ポスター発表およびソフトウェア・デモの時間には企業展示も行われ、8社から出展(うち1社は書籍展示)がありました。また、1日目の夜にはバンケットを、ホテル阪急エキスポパークで行いました。さらに、本年会の共催者であるバイオグリッドセンター関西と大阪大学グローバルCOEに、1日目と2日目の昼にそれぞれランチョンセミナーを実施して頂きました。

なお、公用語は昨年と同様、英語としました。来年はGIWが日本に帰ってくるということもあり、英語で研究発表するという「伝統」を引き継ぎたいということで英語を公用語としました。ただし、ランチョンセミナーは、地域活動の紹介ということもあり、セミナー主催者側の希望で日本語でのセミナーとなりました。

ここで、今回の年会の準備・運営についても振り返ってみたいと思います。

今回の年会で一番心配したのは、何といっても初めて東京周辺以外の地域で開催したことの影響でした。特に、抽象投稿の投稿と参加者がどれだけ集まるかがほとんど見積もれないことが大変不安でした。年会予算では参加登録料が収入の多くを占め



Prof. Tom Blundell



紀ノ定保臣 先生



北野宏明 先生

ますので、参加者数がわからないので会場費用などを手探りで決めなければならませんでした。このため、企業展示を積極的に勧誘するとともに、開催期間を2日間に短縮し、会場スペースも口頭発表会場以外の催しをすべて一つのホールで行うなどして、会場費を抑える工夫をいたしました。また、大阪大学グローバルCOEとの共催により、招待講演費用を一部補助して頂きました。

幸いにして、組織委員を始めとする多数の方々のご協力により、102件のアブストラクトの投稿と261名もの参加者を迎えての盛況な会議とすることができ、収支を黒字とすることができました。

反省点としては、開催期間と会場スペースを切り詰めたため、スケジュールとスペースの面で非常にタイトな会議となってしまうし

た。特にポスター発表の時間が1日目と2日目に50分ずつしか取れなかったため、ポスター発表者とそれを聞きにこられた参加者との間のディスカッションの時間が十分に取れなかった点は申し訳なかったと思います。

最後に、今回の年会を盛況な会議に盛り立てていく上で多大なご協力を頂いた組織委員の方々と、短期間に多数のアブストラクトを査読頂いたプログラム委員の方々に深く感謝いたします。また、年会運営で多大なご支援を頂いた、学会事務局のスタッフ、京都大学と大阪大学のボランティア学生の方々に深く感謝いたします。

■ JSBi2008 参加報告 — Oxford Journals - JSBi Prize 受賞者 より —

佐藤 健吾 (JBIC/CBRC)

受賞ポスター "A non-parametric Bayesian approach for predicting RNA secondary structures"

GIW から独立して 2 回目となる 2008 年日本バイオインフォマティクス学会年会 (JSBi 2008) は、12月15日～16日に大阪千里ライフサイエンスセンターで開催され、261 名の方々が参加しました。前年の JSBi 2007 と同様に、98件のポスター、4件のソフトウェアデモからプログラム委員が 16 件の口頭発表を選ぶ方式が取られました。

ベストポスター賞 Oxford Journals - JSBi Prize は、我々のポスター発表 "A non-parametric Bayesian approach for predicting RNA secondary structures" が受賞いたしました。このような名誉ある賞を頂けたことを感謝いたします。この研究は、ノンパラメトリックベイズの一種である階層ディリクレモデルにより確率文脈自由文法を拡張し、文法規則を含めて最適化することによって RNA 二次構造予測の精度を改善する手法です。今まではメタパラメータとして扱っていたものをベイズ的に厳密に扱うことができるノンパラメトリックベイズ法は、バイオインフォマティクス分野でも今後応用が広がっていくのではないかと考えています。

招待講演は、初日に構造バイオインフォマティクスのパイオニアである Tom Blundell 教授 (University of Cambridge) により "Exploring Biological and Chemical Space with Biocomputational and Biophysical Methods: the New Dimensions of Drug Discovery", 2日目に、紀ノ定保臣教授 (岐阜大学) により "ICT Revolution and Paradigm Shift In Hospital", 北野宏明博士 (システムバイオロジー研究機構) により "Systems Biology of Coral Reefs" という演題でなされました。それぞれ非常に興味深い内容で、とても勉強になりました。とくに印象的だったのは、紀ノ定教授による病院内における情報化のさまざまな取り組みの紹介で、普段はあまり知り得ないことを知る貴重な機会となりました。

今回の大会では新しい試みとして、ランチセミナーが両日に開催されました。初日はバイオグリッド関西による産学官連携プロジェクトや人材育成に関する講演があり、2日目は大阪大学グローバルCOEプログラム「in silico medicine」の成果である「インシリコヒューマン」などの紹介がありました。昼食を取りながらということもあり、気楽に聞くことができました。これまでの GIW や JSBi 年会では、昼食をどうするかが参加者の悩みの一つでありましたので、こ

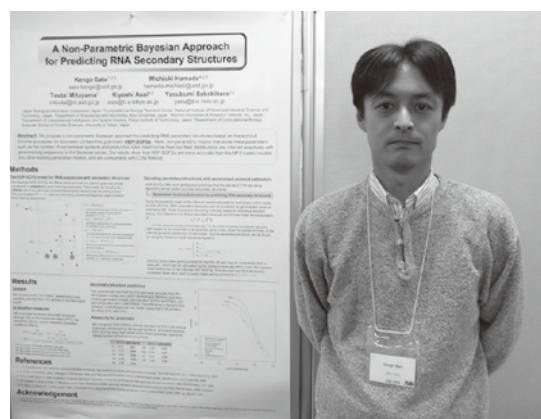
の試みは大変好評だったのではないかと思います。

ポスター会場は比較的大きなスペースを割り当てられ、至る所で発表者と聴講者による活発な議論が行われていました。JSBi 年会では、口頭発表者もポスター発表を行うことになっているため、口頭発表で聴き逃したことを改めて聴き直したり、質疑応答時間だけでは足りなかった議論を深めることができます。このことは口頭発表者にとっては大きな負担となるかもしれませんが、実りある議論を生む、優れたシステムであると思います。

初日の夜には、恒例の Banquet が催され、質、量ともに素晴らしい料理と飲み物を頂くことができました。旧知の方々と談笑したり、新たな交流を生む良い機会になったことと思います。私自身も多くの方と知り合うことができました。

前回と同様、公用語は英語でしたが、参加者の大多数は日本人であり、海外から来られた方はほとんどいらっしゃいませんでした。しかし、2009 年は GIW が日本に帰ってくるため、次回の JSBi 年会は GIW として 12 月に横浜で開催されるということです。海外からも多くの参加者が来られることを期待したいと思います。

年会長の大阪大学松田秀雄先生、組織委員、プログラム委員の方々、運営のお手伝いをしてくださった学生、事務スタッフの皆様のご尽力のおかげで、大変素晴らしい大会となりました。参加者の一人として感謝を申し上げたいと思います。



著者でポスター賞受賞者の佐藤健吾さん

TJYoung2 開催報告

The 2nd Taiwan-Japan Young Researchers Conference on Computational and Systems Biology (TJYoung2) 開催報告

有田 正規（東京大学大学院新領域創成科学研究科）

11月4-6日にお台場の産総研臨海副都心センターで開催されたTJYoung2は、東大新領域創成科学研究科COE「言語から読み解くゲノムと生命システム」が主催する国際会議の二回目にあたる。外見からはわかり難いが、この会議は通常と全く異なる新しい試みである。まず、会議の名称から招待講演者のアレンジ、プログラム編成まで、ほぼ全てを大学院生および学位を取得したての若手研究者（ポスドク）で決定、運営している。また、講演要旨を全国の学生および若手研究者から募り、公平な査読を経て発表に選ばれた者には旅費、滞在費を全額援助している。いわば学生による学生のための国際会議である。会議の開催経験者なら、二つの疑問が沸くだろう。全て学生に任せて大丈夫なのかという学問レベルの側面、そしてバンケットや会場代をどうするかという経済面である。

答えは、趣旨に賛同してくれる研究者や学会の協力により実現できた、だろう。Dr. Kenneth Kidd (Yale Univ.), Dr. Aviv Regev (MIT), そしてDr. Luonan Chen (上海大) は特別講演のために来日してくれ

た。その他オーガナイザーが選んだ講演者は全員謝金を全額カンパしてくれた。また、学生講演者の旅費等はJSBiのサポートにより実現できた。国土交通省にはエクスカーションを支援してもらった。産総研CBRCには会場を無料で使わせてもらったばかりでなく、CBRC2008(年会)との合同イベントとして様々な支援してもらった。

学生や若手を会議の主役にするには多くのハードルがある。ポスドクには本務への専念義務があるし、研究費では学部生に旅費を出せない。各人の研究室の事情もある。それでもあきらめずにチャレンジすることは非常に重要である。今回はCOEの研究費で全国の意欲ある学生をサポートできた点を特に強調したい。今後は各機関が積極的にチュートリアルやワークショップの場を提供する時代になる。学問の高度専門化の反省も含めて、研究と教育の融合 (On The Job Education) が重要になるだろう。JSBiには、こうした新しい活動の支援をぜひ継続してもらいたい。次に、学生オーガナイザーの一人 (COE被養成者) 本田くんの感想を紹介したい。

本田 稔（東京大学大学院新領域創成科学研究科）

私は台湾の清華大学で開催された一回目の会議 (TJYoung) に、COEから旅費をサポートして頂き、ポスター発表者として参加させて頂いたことをきっかけに、世話になった恩返しと自身の成長を胸に秘め、今回のTJYoung2に運営から関わらせて頂きました。とはいえ、私自身、博士課程の一年生と学問的に未熟で、国際学会での口頭発表の経験が無く、会議運営の知識もありません。このような中で、公平な査読ができるのか、無事に会議を成功させることができるのか等、多くの不安を抱えた状態で準備が始まりました。

私が関わった主な仕事は、査読とセッション分け、バンケットの手配等の会場設営、予算管理です。査読過程は、提出された各アブストラクトを数名のメンバーで評価しました。自身の下した評価がポスドクの方の評価と似ており、ホッとしたことを記憶しています。この過程を通し、良い研究内容、良い書き方というものを査読者の視点で学ぶことができました。続いて、選ばれた口頭発表者やポスター発表者を、研究分野別にセッションに分けていきました。また、会場設営や予算管理に関わることで、会議運営にかかる予算規模を知り、会議運営がたくさんの人々に支えられていることを実感しました。

会議当日を迎え、初日、二日目と口頭発表やポスター発表がありました。口頭発表では、MDシミュレーションによるタンパク立体構造の話や、分子ネットワークの進化の話、膜タンパクのオーミクス、理論と実験のアプローチを融合した話など、多岐にわたる分野の発表があり、いずれも興味深いものでした。また、二日目にはチェアも行ないました。自身が担当するセッションが始まるまでは非常に緊張しましたが、いざ始まると発表内容に夢中になって緊張を忘れ、無事に役目を果たすことができました。ポスターセッションでは、バンケットの準備等もあり、あまり自分のポスターの前に立てなかったことが心残りです。最終日には、Group Discussionセッションがありました。このセッションは、コミュニケーションを目的に、6-8人程度のグループに分かれ、グループ毎

にメンバーの特徴を生かした共同研究を考え、発表するものです。2時間程度と短い時間での議論でしたが、どのグループもしっかりとした発表を行ない、参加者の皆様から好評を得ました。また、学生やポスドクの参加者が多いため、年長的に近く、率直な意見を交わすことができました。ホテル滞在中やツアーの時間に、台湾の学生と「理論と実験を融合するためにはどうすればいいか?」や「互いの国の人物像」について語り合ったことは強く記憶に残っています。

もちろん、会議全体を通して、多くの至らない点や反省点がありました。過密スケジュールのためにアクシデントで予定が狂ったり、講演者や参加者の方々にご面倒をかけたりしました。しかし、もし次年度以降も開催を続けていけるならば、今回の反省を活かしたより良い会議を開催することで、幅広い分野の知識を吸収し、国際的な人脈を構築していきたいと思います。最後に、このような貴重な機会を与えてくださったCOEやJSBi、有田先生をはじめ共に運営を行なったオーガナイザーの方々、産総研CBRCのスタッフの方々、TJYoung2の参加者等、本会議に関わった皆様に厚く御礼を申し上げます。



 国際会議レポート

■ GIW2008参加レポート

Alexis Vandenbon (Institute of Medical Science, University of Tokyo)

After being held in Singapore last year, GIW stayed abroad this year for the second year in succession. The Nineteenth Conference on Genome Bioinformatics (GIW2008) was held in Australia for the first time, in Gold Coast, Queensland Australia, from Dec. 1st to 3rd. It was hosted by Bioinformatics Australia, and as such incorporated the annual Bioinformatics Australia conference. The Conference Chair was Mark Ragan (University of Queensland), and Program Committee Co-Chairs were Johnathan Arthur (University of Sydney) and See-Kiong Ng (Institute for Infocomm Research).

GIW2008 featured over 25 oral presentations, and more than 100 posters were presented. Here a short summary of the major themes is presented.

Gene expression starts with transcription and as usual the analysis of transcription and the transcriptome was one of the main subjects at this conference. In his keynote address, Sean Grimmond presented the results of RNA sequencing experiments in human and mouse which together with the second generation sequencing methods will give us a better idea of the complete transcriptome content. Lesley Collins presented an interesting application of Solexa sequencing in an organism that does not have sequenced genome. Tags from the plant *Pachycladon ensyii* were mapped to the nearest model reference genome, that of *Arabidopsis thaliana*, illustrating that the use of new high-throughput short-read sequencing techniques does not necessarily have to be restricted to model organisms. Ming Li discussed the ZOOM ("Zillions Of Oligos Mapped") algorithm, an application of homology search fitted to the needs of the new sequencing methods.

Analysis of transcription however, cannot be complete without analysis of the processes that initiate transcription. A variety of topics in this field was covered, ranging from the discovery of potential cis-regulatory motifs (Patrick Ng), promoter sequence analysis using evolutionary conservation (Aaron Ingham), analysis of regulatory networks (Yixue Li), to promoter architecture modeling and prediction of gene expression (Alexis Vandenbon, Rui Yamaguchi).

It goes without saying that focus was not only on nucleotide sequences. Proteins, and in protein-protein interaction (PPI) analysis was also represented. Suk Hoon Junk and Guimei Liu both introduced approaches for decreasing false positive interactions in PPI networks. The former approach is based on structural interface data of protein domains, the later on the number of common neighbors of protein pairs. Other topics focusing on networks were presented by Lars Nielsen, who is working on the metabolic network in mouse, and Akira Ninagawa, who is working on link prediction in metabolic networks. It's a small step from networks to graph theory. Zeyar Aung used a graph-based approach for detecting protein-ligand binding sites, and Yusuke Ishida worked on algorithms for enumerating tree-like chemical graphs.

The speed by which biological data is being generated keeps increasing, and our understanding of the genome and how its contents is being used has dramatically changed even in the last couple of years. Still, we are only scratching the surface of the tip of the iceberg, and John Mattick of the University of Queensland was there to remind us of the cold reality: for the past 50 years we have made serious errors in the interpretation of the way genetic information is used in complex eukaryotes. In the future too, the focus of biology is likely to shift more into the direction of noncoding RNA sequences and their role in various biological processes and phenomena.

In 2009 GIW will return to its home country, Japan. The 20th International Conference on Genome Informatics will be held in Yokohama from December 14 to 16.

Papers published in "Genome Informatics 2008" can be found at
<http://www.jsbi.org/modules/journal1/index.php/GI21.html>

リレー紹介:日本のバイオインフォマティクス研究室

■ 大阪大学蛋白質研究所 中村春木研究室

黒田 大祐(大阪大学蛋白質研究所/生命機能研究科生命機能専攻)

私の所属する大阪大学蛋白質研究所は、緑に囲まれ、春になると周囲で桜が満開になり、阪大内では有数のお花見スポットとして知られています(写真)。このニュースレターが発行される頃にも、場所取り争いが熾烈を極めていることでしょう。そんな風景も、風物詩の一つです。私は現在、博士後期課程1年生のため、それもあり残り2年(のはず...)と考えると寂しくもあります。

さて、真面目な話をしますと、中村研は、大阪大学内に蛋白質研究所とバイオ関連多目的研究施設(通称OLABB)の2ヶ所に研究拠点があります。前者では、主にPDBjの運営を始めとした、バイオインフォマティクス関連の研究、後者では、生体分子に対する分子動力学シミュレーションや量子化学計算等の理論化学的な研究が行われています。こうした生体高分子に対する多角的なアプローチが可能なのが、中村研の大きな特徴の一つです。

また、蛋白質研究所に属していますので、当然、他の実験系の研究室との交流も盛んに行われています。私自身、PDBのデータを用いた解析を行う際に、こうした生の実験データを生み出している方々との議論で得られた経験・知識が、非常に役立っています。私の博士課程での仕事は、免疫系を研究対象にしており、現在は抗体に対して、データベース解析と分子動力学シミュレーションの両面からのアプローチを試みています。抗体データベース作成の際には、実験系の方から多くの有意義な意見を頂くことができました。

さらに、中村研の

特徴として、スタッフに物理・化学出身者が多いこともあげられます。そのため、生体分子の構造と物性、さらには生理機能発現といった生命現象を、物理化学的な視点から見ていられる方が多い様に感じます。一方で、学生のバックグラウンドは、情報系から生物、薬学に至るまで、幅広いものとなっています。従って、中村研に所属した当初は、研究室のセミナー等での議論についていけず(そもそも言葉が分からない!) 苦労しましたが、3年目の今となっては、大分慣れてきました。いわゆる、「常識」が皆異なっていますので、さまざまな刺激を受けることができます。学生にとっても、広範囲の分野の「常識」に触れることで、とてもよい勉強になると思います。

また、研究室のメンバーが全員参加する週1回のセミナーの他にも、有志での統計力学やオントロジー、関係データベース、機械学習の勉強会等さまざまな催しが日常的に開かれています。こうした勉強会でも、ヘテロな集団の特性を生かし、お互いに足りない知識を補完し合っています。

このように、中村研は、自然に囲まれた自由な雰囲気の中、研究テーマも学生が各自の好きなものに設定することができ、とても自由度が高い研究室であると言えます。



毎年4月に行われる桜の下でのBBQパーティー



蛋白質研の桜

バイオインフォマティクス技術者認定試験実施報告

■ 平成20年度「バイオインフォマティクス技術者認定試験」実施報告

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における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」を毎年実施しています。今年度の試験は平成20

年11月30日(日)に実施されました。

バイオインフォマティクス分野の試験としては、(社)バイオ産業情報化コンソーシアム(JBIC)による検定試験が平成16年度～平

平成18年度の3カ年行われていました。同事業が終了したため、平成19年度から当学会が主催し、関連学会のご協賛を得て、新たな試験制度として実施しています。

当認定試験は、バイオインフォマティクスを学ぶ専門学校生・大学生・大学院生から、情報系企業や製薬企業等で働く技術者・研究者まで、広い範囲の方々に受験いただくことを目指しています。徐々に若い学生や他学会会員などからの問い合わせが増えつつあり、受験層が広がりがつつあることが感じられます。

平成20年度試験の概要

名 称：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
試験日：平成20年11月30日(日)
場 所：札幌、東京、大阪、福岡 全国4都市(4会場)
受験料：5,000円(税込み)
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)

今年度の試験では、全国4会場で125名の方(内、社会人75名、学生50名)が受験し、うち82名が合格されました。受験者全員に「成績通知」が、合格者へは「合格証書」と、名刺等に貼れる「JSBi認定技術者シール」が送られました。

また最高得点で合格された方には、「首席合格者証」と副賞が学会より贈呈されました。

平成20年度合格基準点
600点以上(1000点満点)



シール見本

首席合格者：並木洋平さん 925点

(東京工業大学工学部情報工学科4年)

当学会による試験も2年目を迎え、出題傾向も少しずつ定着してきた感があります。生物学、情報科学、バイオインフォマティクス(1)、(2)の各4分野から20問ずつ、計80問が出題されますが、浅い知識の暗記よりは概念の理解度を試す問題を重視し、過去問を解くことで教育的な効果が得られるように配慮しました。今年は若干の難問も加えたため、昨年度に比べると問題全体の難易度が少し上がったという感想も多かったようです。

平成21年度試験の実施案内

試験日：平成21年11月29日(日)(予定)
場 所：札幌、東京、大阪、福岡 全国4都市(予定)
受験料：5,000円(税込み)
詳しくは学会ホームページ(<http://www.jsbi.org/>)をご覧ください。

平成21年度も昨年同様に11月に試験を実施する予定です。多くの方に受験して頂けるよう、会員の皆様の周囲の方々に、是非申し込みを勧めていただければ幸いです。また、研究会やイベント等で本制度をご紹介頂ける機会があれば宜しく願いいたします。

学会ホームページ上では、出題範囲や参考図書の御案内のほか、19年度と20年度の試験問題と解答も公開しています。

本試験を継続していくことが、バイオインフォマティクス研究の裾野を広げ、教育カリキュラムや事典・教科書の定着の一助ともなればと考えております。学会員の皆様の深いご理解とご協力をどうぞよろしくお願い申し上げます。

学会からのお知らせ

■ GIW2009/JSBi2009 開催のお知らせ

日 時：平成21年12月14日(月)～16日(水) 場 所：パシフィコ横浜 アネックスホール

■ 平成21年度継続手続きのお願い

平成20年度会員の皆様には、2月末に継続手続きの書類を郵送しております。
平成21年度も引き続き会員としてご継続下さいますようよろしくお願い申し上げます。

■ 平成21～22年度評議員決定

先日の評議員選挙の結果、以下の方々に平成21～22年度評議員にご就任いただくことになりました。

(50音順、敬称略)

奥野 恭史(京都大学)

奥村 利幸(三井情報株式会社)

金谷 重彦(奈良先端科学技術大学院大学)

木下 聖子(創価大学)

皿井明倫(九州工業大学)

須山 幹太(京都大学)

高木 利久(ライフサイエンス統合データベースセンター)

富井健太郎(産総研生命情報工学研究センター)

中村 保一(国立遺伝学研究所/かずさDNA研究所)

野口 保(産総研生命情報工学研究センター)

皆様の選挙へのご協力ありがとうございました。

学会議事録等

・第28回幹事会議事録

日本バイオインフォマティクス学会第28回幹事会議事録

日 時：平成20年12月15日12:00-13:00 場 所：千里ライフサイエンスセンター5階503

出席者：後藤（会長）、松田（副会長）、中井、白井、榊原、本野、渋谷（議事録）、鈴木（事務局）

1. 評議員の選挙について

評議員選挙の方法に関して議論がなされた。

例年どおり会員からの推薦を募るが、候補者の人数が不足の場合、評議員会でさらに推薦を集めていくことになった。

2. バイオインフォマティクス技術者認定試験について

バイオインフォマティクス技術者認定試験について議論がなされた。

3. AASBiについて

2010年のGIWは上海で行われることが決まったことと、AASBiの会長に宮野幹事が決まったことが報告された。

4. GIWについて

榊原評議員より来年度GIWについて報告があり、参加者を増やすための方策に関して議論がなされた。

5. 来年度総会について

来年度総会の開催時期に関して議論がなされた。

また来年度は10周年であるが、それに合わせた企画を行うかどうかの議論がなされた。

6. 男女参画について

本野幹事より、次年度の年会において、託児施設を開設するかどうかの問題が提起されたが、学会の規模や現在の要求度から判断して、開設を見送ることとなった。

・第23回評議員会議事録

第23回日本バイオインフォマティクス学会評議員会議事録

日 時：平成20年12月16日12:00-13:00, 14:20-15:00 場 所：千里ライフサイエンスセンター5階503

出席者：後藤（会長）、松田（副会長）、浅井、久原、坊農、水口、榊原、藤、矢田（評議員）、秋山、白井（評議員、幹事）

遠藤、中井（幹事）、渋谷（幹事・議事録）、鈴木（事務局、議事録）

1. AASBiについて

2010年のGIWは上海で行われることが決まったことと、AASBiの会長に宮野幹事が決まったことが報告された。

2. GIWについて

榊原評議員より第20回記念となる来年度GIWについて報告があった。

PCを森下真一氏、Sang Yup Lee氏にお願いし、キーノートスピーカーを現在選定中である。予算は支出が合計1350万円程度になる予定。それに合わせて、登録費等を現在検討中である。

3. バイオインフォマティクス技術者認定試験について

秋山評議員・幹事よりバイオインフォマティクス技術者認定試験について報告があった。

4. 来年度総会について

総会開催時期について議論がなされ、総会は年会と同時に行う方向で調整していくことになった。

合同部会は報告会ではなく、研究発表会の形で年会とは別に開催する方向で企画することになった。

また来年度は学会発足10周年のため、それに関するなんらかの企画ができないか議論がなされた。

5. 東京大学医科学研究所に対するサポートレターについて

東京大学医科学研究所に対するサポートレターについて審議がなされ、承認された。

また、今後の同様のサポートレターに関する承認の方法に関して議論がなされた。

承認にあたり、依頼元機関に複数のJSBi会員が所属していることを最低の条件とし、評議員会の個別審議で承認是非の決定することになった。

6. Oxford Journals - JSBi Prize 選考会

選考委員(後藤、松田、坊農、榊原、矢田、秋山、白井)による選考により、以下のポスターが Oxford Journals - JSBi Prize に決定した。

P013/T03 "A Non Parametric Bayesian Approach for Predicting RNA Secondary Structures",
Kengo Sato

以上

学会の現況

・有効会員数（平成21年3月9日現在） 正会員:550名（学生会員88名を含む） 賛助会員:26社

賛助会員一覧(平成21年3月9日現在)

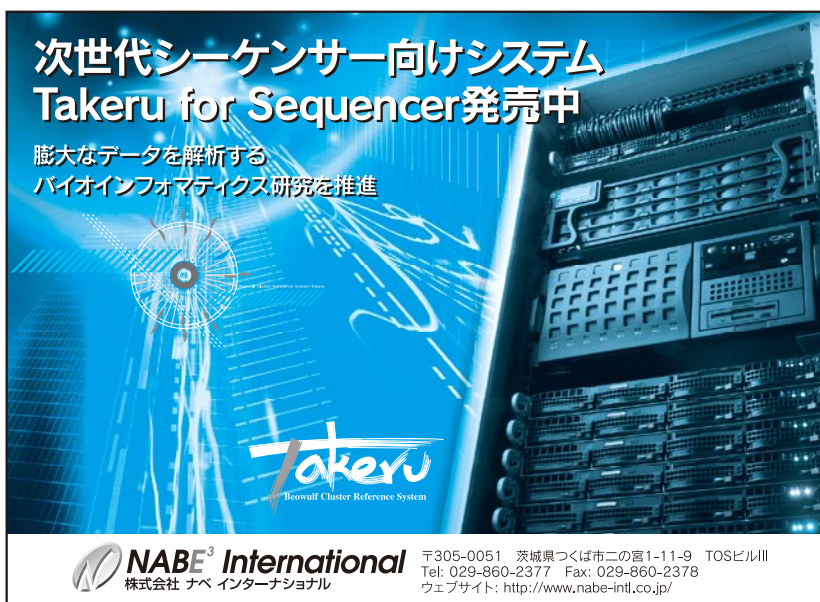
日本SGI株式会社	中外製薬株式会社
田辺製薬株式会社	科学技術振興機構
大日本住友製薬株式会社	株式会社インテックシステム研究所
タカラバイオ株式会社	インフォコム株式会社
塩野義製薬株式会社	株式会社情報数理研究所
株式会社富士通九州システムエンジニアリング	株式会社菱化システム
武田薬品工業株式会社	サイバネットシステム株式会社
第一三共株式会社	社団法人バイオ産業情報化コンソーシアム
エーザイ株式会社	アステラス製薬株式会社
大鵬薬品工業株式会社	株式会社ナベインターナショナル
株式会社日立製作所	株式会社数理システム
日本新薬株式会社	株式会社ファルマデザイン
三井情報株式会社	有限会社パスウェイソリューションズ

日本バイオインフォマティクス学会平成20年度役員一覧

会 長	後藤 修 (京都大学大学院情報学研究科)		
副 会 長	松田 秀雄 (大阪大学大学院情報科学研究科)		
会 計 監 査	白井 宏樹 (アステラス製薬株式会社)	輪湖 博 (早稲田大学社会科学総合学術院)	
幹 事	秋山 泰 (東京工業大学大学院情報理工学研究科)	中井 謙太 (東京大学医科学研究所)	
	有田 正規 (東京大学大学院新領域創成科学研究科)	平川 美夏 (京都大学化学研究所)	
	遠藤 俊徳 (北海道大学大学院情報科学研究科)	松田 秀雄 (大阪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)	宮野 悟 (東京大学医科学研究所)	
	白井 剛 (長浜バイオ大学バイオサイエンス学部)	本野 千恵 (産業技術総合研究所生命情報工学研究センター)	
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	浅井 潔 (東京大学大学院新領域創成科学研究科)	秋山 泰 (東京工業大学大学院情報理工学研究科)	
	金井 理 (株式会社ファルマデザイン)	有田 正規 (東京大学大学院新領域創成科学研究科)	
	久原 哲 (九州大学大学院農学研究科)	江口 至洋 (システム薬学研究機構)	
	小池 麻子 (株式会社日立製作所)	金久 實 (京都大学化学研究所)	
	後藤 修 (京都大学大学院情報学研究科)	木下 賢吾 (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)	榊原 康文 (慶應義塾大学理工学部)	
	坊農 秀雅 (ライフサイエンス統合データベースセンター)	白井 剛 (長浜バイオ大学バイオサイエンス学部)	
	松田 秀雄 (大阪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)	
	水口 賢司 (独立行政法人医薬基盤研究所)	本野 千恵 (産業技術総合研究所生命情報工学研究センター)	
	水島 洋 (東京医科歯科大学情報医科学センター)	矢田 哲士 (京都大学大学院情報学研究科)	

次世代シーケンサー向けシステム Takeru for Sequencer発売中

膨大なデータを解析する
バイオインフォマティクス研究を推進



Takeru
Beowulf Cluster Reference System



NABE³ International
株式会社 ナベ インターナショナル

〒305-0051 茨城県つくば市二の宮1-11-9 TOSビルIII
Tel: 029-860-2377 Fax: 029-860-2378
ウェブサイト: <http://www.nabe-intl.co.jp/>

JSBi

編 集 後 記

「バイオインフォマティクスの成果って、研究者にしか“売れ”ないなあ...ご家庭で楽しめるバイオインフォってないものかしら?」という気持ちが屈折して今回の特集となりました。前記は冗談としても、やはり全研究過程における上流、下流というのは1つのキーワードのように思います。いかがだったでしょうか。

(白井)

JSBi2008は松田先生のスーパーご尽力のおかげで、私は殆ど何もしないまま難なく終わり、本当によかった&ラッキーだったと思います。2009年は横浜でGIWと共催なので、今度こそちゃんと仕事をして事務局の面目躍如を狙っていますが、今度は榊原先生のウルTRASーパーご尽力でまたまた出る幕なしということにならないよう、気を引き締めて臨まなければ!とぼんやりと思っています。

(鈴木)

JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS