



日本バイオインフォマティクス学会ニュースレター 第19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
[特集:ドライとウェットのシアワセな関係].....	2
[研究会の活動報告].....	8
[地域部会の活動報告].....	9
[国際会議レポート].....	11

[リレー紹介:日本のバイオインフォマティクス研究室].....	13
[学会からのお知らせ].....	13
[学会議事録等].....	14
[学会の現況].....	17
[編集後記].....	20

巻頭言

学会10周年を迎える、広報担当幹事として

バイオインフォマティクス学会は、今年創立10周年を迎える。これはメデタイ大いに祝わねばと思いつきや、一向にそういう声が上がる気配がない。もはや、バイオインフォマティクス学会は空気のよう存在し、ことさらに無くなる理由がなければ、そこに有り続けるのが当たり前ということだろうか。「21世紀における生物学および医学の分野、ひいては科学の発展のために、バイオインフォマティクスの発展が不可欠です」と高らかに宣言して学会を設立して、はや10年が経った。バイオインフォマティクスの会議も世界各地で開催され、専門誌も次々創刊されている。バイオインフォマティクスが認知され、研究者も増えていく状況にあって、バイオインフォマティクスは、バイオにもインフォマティクスにもお世話にならず、バイオインフォマティクス、というだけで、充分やっていけそうな時代になりつつある。バイオインフォマティクス学会も、それに習って「バイオインフォマティクスのためのバイオインフォマティクス」に落ち着こうとしているように見えるが、いかがであろうか。

一方で、生物学や情報科学の分野からのバイオインフォマティクスに対する期待は相変わらず大きい。次世代高速シーケンサーの実用化に伴い産出される膨大なゲノムデータ、ここから医療、食料、環境浄化、代替エネルギー等の応用分野につながる知識を探し出すのには、バイオインフォマティクスが必須であると名指しされている。また、10ペタフロップスに挑戦する次世代コンピュータの

ターゲットも生命現象の再現であり、バイオインフォマティクスでターゲットしてきた情報や手法が、フルに活かされるプラットフォームが提供されようとしている。最先端の技術の次に訪れる新しい未来に向かた壮大な夢をバイオインフォマティクスに、預けてくれようというのである。そんな光栄な立場にあって、バイオインフォマティクスここにあり、と存在感を示さないのは、じつにもったいない話である。



そうは言っても「バイオインフォマティクス」が指す対象は、使いようによっていろいろなのでややこしい。生物系の実験研究者による生体資料ではなく、データベースや配列解析から得られた結果は、とりあえずバイオインフォマティクスと呼ぶ。一方、バイオインフォマティクスという言葉が一般化する以前からある数理生物学や生物物理学や生物統計学などの理論系の生物学、さらにその後台頭してきたシステムズバイオロジーやメディカルゲノミクス、ファーマコゲノミクスといった応用にいたるまでを、計算機の利用と生物学という共通点でバイオインフォマティクス、と呼ぶこともある。また、バイオインフォマティクスが重要である、と指摘する意見の中には、データ処理に必要な計算機やデータベース技術を都合良く解釈していることもしばしばである。バイオインフォマティクスという言葉やイメージが、現場の意図

を超えて一人歩きしているのだ。

そこでバイオインフォマティクス学会が、バイオインフォマティクスを発信することを通じて、バイオインフォマティクスの実像を示す活動を、この10周年を機に始めることにしたい。まず、バイオインフォマティクス学会のホームページを現状の会員向けの内容から、外向けの情報発信型に変えていくことを計画している。それには、バイオインフォマティクスの知識や用語解説などの情報を収集し、バイオインフォマティクスを知りたい人が、最初にアクセスするサイトとなることだ。また、バイオインフォマティクスの研究がどこで行われ、どのような研究が行われ、どのような成果として公開されているか、といった情報を提供することで、バイオインフォマティクス学会の姿が、つまり日本のバイオインフォマティクスの姿が見えてくるのではないだろうか。バイオインフォマティ

クスは若い学問で、先駆者もいまだに試行錯誤の途中であり、指導者のロールモデルも少ない。お互いの情報を公開し合うことで、学ぶこともあるだろうし、良い意味の競争心が芽生えることもあるだろう。そして、何よりこれからバイオインフォマティクスを始めたい、一緒に研究を始めてみたいという未来の仲間への呼びかけとなることを期待している。

学会員の皆様には、日々の研究や教育、組織運営など、ご多忙の合間に縫ってご協力いただくなることになる。始めるからには、より多くの会員の想いが詰まったものにしていきたいと考えている。どうぞ忌憚のないご意見をお聞かせ願えればと思う。

平川 美夏（京都大学化学研究所）

特集:ドライとウェットのシアワセな関係

■ ビルド・アンド・スクラップ

白木 琢磨（東北大学大学院医学系研究科生物化学分野）

1.はじめに

今回紹介する自分自身の経験から、バイオインフォマティクスの技術レベルは非常に高いという印象を持っている。従って、我々ウェットの研究者がバイオインフォマティクス研究と「シアワセ」な関係を構築できるかどうかは、以下の2点に集約されると思う。

- ・実学としての生物学に根ざしたテーマを思いつくかどうか。
- ・*in silico*において考えた可能性を検証する実験を思いつくかどうか。

研究の醍醐味が、仮説をひらめいた瞬間とそれを実証した瞬間にあるとすると、本特集である「ドライとウェットのシアワセな関係」に対する答えが見えてくるのではないか?

社会のトレンドは網羅的解析であり、現在バイオインフォマティクスという分野は再び大量のDNA配列情報、アミノ酸配列情報、立体構造情報のデータマイニングに追われているように見受けられる。生命情報の統合と称して、転写ネットワークから蛋白質ネットワーク、さらには代謝物ネットワークなど各階層において複雑さを増しているだけでなく、ネットワーク同士のネットワークという「メタネットワーク」の時代に突入している。しかし正直に言わせて貰うと、点と点を線で結びネットワークと称している論文は、線が大量に重なり合ってすでに理解不能である。ネット時代になり生命情報の検索収集環境は大変便利になっており、バイオインフォマティクスの研究者のただならぬ努力のたまものであることは言うまでもない。しかし、これは本当に生物学に興味のあるウェットの研究者が求めている姿ではない。つまりネットワークを拡大しても生命現象を証明したという満足感はえられず、むしろ「核内受容体PPAR γ はいったい何をのために認識しているのか?」というような根本的な疑問に答えられたときこそ真の満足感が得られるのだと思う。我々は実験手法も含め未だに要素還元論的思考をしているのである。もちろん反論も多いかもしれないが、本稿を読んでウェットの研究者の指向(思考、嗜好?)を少しでも感じていただけたら幸いである。

2. ケース1:成功例

当時、我々ウェットの研究者からバイオインフォマティクスを見ると、聞いている人の興味をそぐかのごとく数式を羅列し、一見証明不可能な複雑怪奇な現象を問題として扱っているという印象であった。あまりにもかみ合わないプレゼンに途中退席するウェットの研究者も結構いたように記憶している。

すべてはリゾームとその阻害剤の結合様式をムービーで見せられたことに始まる。X線解析が中心となる構造生物学の築き上げたイメージでは、阻害剤が標的蛋白質に作用する機構は「鍵と鍵穴」にたとえられるように蛋白質にぴたりとはまったものであった。しかしその時見せられた分子動力学シミュレーションにより得られた映像は、これまでのイメージとは全く異なり、非常にダイナミックに動き回る阻害剤の姿であった。

ある日例のムービーを再度見せて貰いながら話をしていたところ、研究所所長が突然現れて、「いつまでもモデル系で遊んでいてはいけない。本丸を攻めよ。」と言い残して去っていった。我々の分野での本丸とは核内受容体PPAR γ に対する内在性リガンドである。オーファン受容体として始まったPPAR γ 研究であるが、次々と新しい内在性リガンドが報告され、なぜそのように多様なリガンドを特異的に認識できるのか、それまでの「鍵と鍵穴」的な考えでは全く想像ができない状況であった。そこで、リゾームと阻害剤の結合で築き上げた方法論を駆使して、内在性の脂肪酸リガンドをPPAR γ に*in silico*で結合してみることを提案し、共同研究が始まった。

転機はすぐに訪れた。脂肪酸リガンドは阻害剤とは比較にならないぐらいグニャグニヤと不定形であり、どの形の時に安定に結合できるかを決定するのは至難の業であった。ある日、いくつかの可能性でモデル構造を構築し、リガンドが左に向いているか右に向いているかを議論しているときに、片方のモデルではリガンドがPPAR γ のシステインとマイケル付加により共有結合する可能性に気付いた。その日のうちにMALDI-TOF-MSによりリガンドの共有結合を確

認することができた。一度気付いてしまうと後は思い通りにウェットの実験データを収集し、ドライによるモデル構築もスムーズに行うことができた。この例はドライの実験により示唆された可能性を即座にウェットの実験により検証することができた成功例といえる。

3. ケース2:成功例

内在性リガンドは活性化に際し共有結合を必要とするという我々の発見は、内在性リガンドはこれまで報告されている合成アゴニストと活性化機構が本質的に異なることを示している。そこで、創薬に向けて内在性リガンドの活性化機構をまねる新規アゴニストを同定することを考えた。約300万化合物の中から共有結合する内在性リガンドに共通するケミカルモチーフを有する化合物を検索し、約600の候補化合物に絞り込んだ。すべての候補化合物について *in silico* のドッキングシミュレーションを行い、結合の可能性を評価した後、36の化合物について実際に活性の検証を行った。最終的に13種の新規リガンドを同定することに成功した。生物学的活性に加え、X線結晶解析により新規リガンドは内在性リガンドと同様、共有結合することにより受容体に構造変化を誘導することを証明した。

この例は、ドライとウェットとの関係を乗り越えて、基礎と応用のシアワセな関係と言えるであろう。得てしてモデル提唱という独りよがりに陥りがちな基礎研究を応用研究へと発展することができたのは、製薬会社が億単位の予算を投入して大規模スクリーニングするところを、13／36というヒット率を可能にしたメカニズムベースの *in silico* スクリーニングの利点が生かされたと確信する経験となった。

4. ケース3:失敗例

先の共同研究で気をよくした我々は、次に家族性2型糖尿病で見られるアミノ酸変異がなぜPPAR γ の機能不全を引き起こすのかというテーマに取り組んだ。PPAR γ の立体構造を日々眺めていた共同研究者は、PPAR γ の蛋白質表面にあるくぼみが相互作用インターフェースとなる事を思いついた。そのことを聞かされているときに、そのくぼみに家族性2型糖尿病で見られるアミノ酸変異が存在することに気付いた。この部分はPPAR γ では相互作用インターフェースであることは全く言われていなかったが、他の核内受容体の結晶構造において、本来別の所に結合するペプチドが偶然もう一つこのくぼみに結合している事が報告された。そこで、PPAR γ においてもこのようなことがあり得るのか、あり得たとしたらその相互作用は家族性2型糖尿病で見られるアミノ酸変異により影響を受けるのかを *in silico* において検討した。しかし、この共同研究の場合、1つの受容体にペプチドが2つ結合するという生化学実験を構築できず、残念ながら未だに実験的検証に至っていない。

5. 私的未来予想図

はじめに述べたように、「メタネットワーク」さらにはその量的、時間的变化をふくめた「システムバイオロジー」がトレンドになりつつある。博物学的思考で進んできた生物学にとって、出来るだけ多くのデータを収集し記述する事は重要な研究の流れである。しかしあまりにも複雑性が増し、「生命の理解」からは遠ざかっているようを感じられる。このような漠然とした印象を発端として、(あくまで個人的意見として)ドライとウェットの未来予想図について考えてみたい。今回紹介した研究は、内在性リガンドの多様性を網羅的に解析するのではなく、「なぜ多様な内在性リガンドに対して特異的に応答できるのか?」という疑問から始まった。その後、学術創成研究(代表:森川耿右)として「蛋白質の構造により内在性低分子代謝物が認識される原理」を明らかにすることを指向して研究が進んでいる(図)。どうやら個人的には、網羅的解析で单なる点

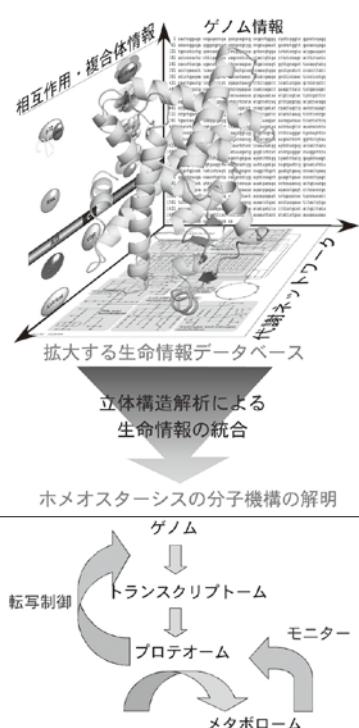
や線と見なされている要素や要素間相互作用に共通するルールを見出そうともがいているようである。原始生命の誕生以来、多様な環境的揺らぎにさらされながら、複雑な分子ネットワークを巧みに操って連続してきた生命の再現性を考えると、生命活動はかなりしっかりしたルールに支えられていることは間違いない。ルールを明らかにすることで、複雑な分子ネットワークを整理し直すことがこれからの我々の使命である。要素を見つけ結びつけるのは網羅的に可能かもしれないが、その中からルールを見つけるのは各研究者の「ひらめき」に依存していると思われる。「仮説の構築と検証」を一つ一つこなしていくために、ドライとウェットの研究者が垣根なく議論できる環境を模索したい。

ここまで書いて、10年近く前に、京都大学大学院情報学研究科の研究科長から辞令を受けた時に言われたことをふと思い出した。「データと情報は違います。情報はモノではありません。あなたたち分子生物学者はまだ分子というデータを集めているにしか過ぎない。データに含まれる意味を見いだして初めて生命情報になります。それを知っておいてください。」留学帰りの若造には理解できなかったが、今ようやくスタートラインに立てたのかもしれない。

6. おわりに

本稿では共同研究のいきさつと、後から振り返って考えた良かった点悪かった点を述べた。具体的な研究内容についてさらに知りたい方は、総説等で述べているので参考にしていただきたい(1~4)。今回紹介した共同研究は、私自身のその後に大きな影響を及ぼしている。そういう意味でもこの共同研究を行っていた時期はとても貴重でシアワセな期間であった。残念なことに本研究を行った生物分子工学研究所は閉鎖され、研究に関わった多くの人たちはバラバラになってしまった。convergence研究は再びdivergence研究に戻ってしまった。しかし、論文には記述していない研究の一側面を文章として残すこと、過去へのけじめをつけるだけでなく、これからのドライとウェットの関係を模索する良い機会となった。

長年研究生活を送った大阪を後にし、仙台で新たな研究生活を始めることになった。送別会で、研究環境が大きく変わることに対する不安を話していました時に、当の共同研究者から言われたのが「同じ環境で同じアイデアにしがみついても新しいことは出てこない。何事もビルド・アップ・スクラップ」ということであった。この一言で非常にすがすがしい気持ちで旅立つことができた。バイオインフォマティクス研究者のドライな性格に再び後押しされたようである。



多次元・多階層的に拡大する生命情報データ(上)を脱構築し、原理に基づき再統合する(下)。そのためには分野・技術共にdivergence研究からconvergence研究への転換が必要である。学術創成研究(代表:森川耿右)の公表用資料より。

7. 謝辞

おおざっぱなアイデアから無駄を省き、ドライ研究をぐいぐいと推し進めてくれた神谷成敏博士、インテレクチュアル・コラボレーションとはどういうものを身をもって示してくださった児玉高志博士、特許申請などあらゆる雑務を一手に引き受けてくださった清水紀代女史に心より感謝いたします。本研究を始めるきっかけを与えてくださった森川耿右博士、論文が通らずくじけそうになつたときに惜しみない激励をしてくださった陣上久人博士、垣塚彰博士にこの場を借りて御礼申し上げます。

1)白木琢磨、神谷成敏、陣上久人「内在性リガンドの結合様式からみた核内受容体PPAR γ の活性化機構」蛋白質

核酸酵素(共立出版)50:1660-1665, 2005

- 2) Shiraki, T., "Covalent binding: Connection between structure and function of PPAR γ ." Editor: Morikawa, K. and Tate, S. "Functional and Structural Biology on the Lipo-network." ISBN-81-7895-232-7, Transworld Research Network, 2006
- 3) 白木琢磨「核内受容体PPAR γ の機能と内在性リガンドによる活性調節」生化学 79: 960-964, 2007
- 4) 白木琢磨「親電子性リガンドセンターとしての核内受容体PPAR γ 」実験医学増刊号「活性酸素シグナルと酸化ストレス研究最前線」(羊土社)2009年9月

■ ゲノム情報を基に微生物共生のメカニズムを探る

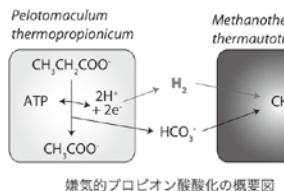
高坂 智之(さきがけ, JST)、渡邊 一哉(ERATO, JST、東京大学先端科学技術研究センター)

生物由来の複雑で多様な構造をもつ高分子有機化合物は、嫌気的環境において、微生物によりメタンと二酸化炭素に分解される。地球の炭素循環において重要なこのプロセス(メタン発酵)の特徴は、多くの微生物の協調的(共生的)代謝反応により触媒されることである。今までの研究で関与する微生物が明らかになりつつあり、現在は、4つの主要微生物群(①高分子を中間代謝物である低級脂肪酸やアル

コールへと発酵分解する発酵性細菌、②中間代謝物を酸化し水素、二酸化炭素、および酢酸へと変換する発酵性細菌、③水素と二酸化炭素からメタンを生成するメタン菌、④酢酸からメタンを生成するメタン菌)の連続的代謝反応によりこのメタン発酵が成り立つものと考えられている。このように性質の異なる微生物が協調的に働く事によって全体が成り立つような系を理解しようとした場合、各々の役割を担う微生物と同定し、それらの諸性質を調査するだけでは不十分である。足りないものは、それらの相互作用の結果生まれる集団としての(複雑系としての)“ふるまい”であろう。純粋培養を基礎に発展してきた現在の微生物学において、この点に関する情報は非常に乏しい。我々の研究アプローチは、メタン発酵プロセスにおいて重要な役割(ニッチ)を担っていると考えられる複数の微生物を単離し、それらを用いて試験管内共生系を再構築することにより、集団としての“ふるまい”を調べようとするものである。また、メタン発酵プロセスにおいてニッチが確立された微生物の比較ゲノム解析を行えば、生態系におけるゲノム進化に関する示唆が得られるのではないかと考えている。

我々の研究対象は、中間代謝物の有機酸を酸化し水素等へと変換する発酵性細菌(*Pelotomaculum thermopropionicum*、共生菌とも呼ばれる)と水素と二酸化炭素からメタンを生成するメタン菌(*Methanothermobacter thermautotrophicus*)からなるモデル共生系である。これらは相利共生関係を構築するが、そこにおいてメタン菌は発酵性細菌が放出する水素と二酸化炭素を利用する。一方、メタン菌により水素が消費されて細胞周囲の水素濃度が十分に低くならない限り発酵菌による有機酸(プロピオン酸など)の分解は進行しない(右上図)。この共生的代謝により得られるエネルギーは、たった25 kJ/molである。これは好気的グルコース分解で得られるエネルギーの1/100程度であり、この共生系がいかに厳しい条件で生育しているかを示している。我々は、こ

の共生系内には非常に効率の良いエネルギー代謝系が存在すると考えており、その分子機構を知る目的でゲノム解析を行った。



嫌気的プロピオン酸酸化の概要図

Table. ギブスの自由エネルギー変化	
	$\Delta G^\circ \text{ (kJ/mol)}$
Propionate + 3H ₂ O → Acetate + HCO ₃ ⁻ + H ⁺ + 3H ₂	+76.1
H ₂ + 1/4HCO ₃ ⁻ + 1/4H ⁺ → 1/4CH ₄ + 3/4H ₂ O	-33.9
Propionate + 3/4H ₂ O →	
Acetate + 3/4CH ₄ + 1/4HCO ₃ ⁻ + 1/4H ⁺	-25.6

まず、*P.thermopropionicum*のドラフトゲノム解析を行い、*P.thermopropionicum*の97%のゲノム配列を決定した。配列解析の結果、中心代謝経路を構成するプロピオン酸酸化関連遺伝子群がオペロン様のclusterを形成している事が明らかとなった⁽¹⁾。このオペロン様gene clusterにはプロピオン酸酸化経路であるmethylmalonyl-CoA経路に関与する8つの酵素の内の6つの酵素遺伝子が含まれていた。また、上流には転写制御遺伝子様の配列があり、cluster全体が制御を受けている事が示唆された。これら遺伝子の協調的発現は、プロテオーム解析により確認した⁽²⁾。このようにして、プロピオン酸酸化に関わる遺伝子群が協調的に発現制御されていることが明らかになってきたが、中心代謝系(TCA回路なども含め)の遺伝子がオペロンを形成しているのは大変珍しいことである。これはリスク分散と効率追求の観点からも考察することができるが、*P.thermopropionicum*の場合、限られたエネルギーを最大限利用するためにこのような戦略をとったものと考えられる。

先のドラフトゲノム解析結果により、*P.thermopropionicum*の代謝経路は共生的プロピオン酸酸化に適するように進化した可能性が示唆された。このような適応進化がゲノム全体において行われている可能性を調べるために、*P.thermopropionicum*の全ゲノム配列3,025,375 bpを決定し、多種の微生物ゲノムとの比較解析を行った⁽²⁾。その結果、(1)CDSのCOG機能分類解析において、*P.thermopropionicum*はBacteriaとArchaeaの中間的分類パターンを示すこと、(2)代謝系遺伝子の多くがPAS domainを含む転写制御因子に制御されていること、(3)分子系統に関わらず、共生菌(②の役割を担う細菌)と分類される細菌は似通ったコドン使用パターンを示すこと、などが明らかになった。このようにゲノムインフォマティクスを駆使することにより、*P.thermopropionicum*のニッチ適応進化の足跡と関連する可能性がある特徴が明らかになる

とともに、特定のニッチを担うスペシャリストの進化機構に関する新たな考え方“ニッチ依存進化（「生態系内では同じニッチに属する生物間でのゲノム配列のやり取りが盛んであり、これがニッチ分化の要因となる」という考え方）”を提唱することができた⁽²⁾。

我々は、ゲノムインフォマティクス的アプローチを試みる一方、生理学的な観察により *P. thermopropionicum* と *M. thermautotrophicus* の共生関係の構築が菌体外纖維によって促進される可能性を見いだした⁽³⁾。つまり、*P. thermopropionicum* が菌体外纖維を用いてメタン菌を選別し、それにより菌体間距離を縮めて水素授受を促進している可能性が考えられたのである。次に、*P. thermopropionicum* のゲノム情報を基に菌体外纖維が鞭毛であることを同定し、鞭毛構成タンパクの FliC や先端タンパクである FliD は *M. thermautotrophicus* へ特異的に付着することが明らかになった⁽⁴⁾。また興味深い事に、全ゲノム配列を基にした *M. thermautotrophicus* のマイクロアレイを用いた網羅的転写解析を行ったところ、FliD を培養液に添加した際にメタン生成系の発現促進が観察された。培養液への FliD の添加は、メタン生成の立ち上がりを早くするという結果も得られた⁽⁴⁾。このように、ゲノム情報を基にしたモデル共生系の解析から、鞭毛を介した新たな微生物間相互作用が見つかり、この相互作用が共生系としての集団

機能を促進することが明らかになった。この発見は、微生物学に新たな展開をもたらすものとして、Science誌の Perspective (2009, 324:1150-1151)にも取り上げられている。

ここで紹介した一連の研究において、ゲノム解析は重要な基盤情報を提供している。それを基にして、インフォマティクス解析や分子生物学的解析を行ったからこそ興味深い知見が導き出せたものだと思う。本研究を契機に、微生物学において未踏の分野であった異種微生物間の相互作用にスポットライトが当たることを期待したい。特に興味深いのは、微生物集団から発現される機能が個々の微生物の機能の単純な足し算にならない点である。微生物集団の機能の予測や制御は非常に難しいと言われているが、その主たる原因はここにあると思う。今後、ゲノム情報を基にしたモデル微生物集団の研究が盛んになり、微生物や微生物集団をより効率よく我々の生活に役立てる道筋が打ち立てられてくることを期待したい。

1. Kosaka T. et al. J. Bacteriol., 188, 202-10(2006)
2. Kosaka T. et al. Genome. Res., 18, 442-8(2008)
3. Ishii S. et al. Appl. Environ. Microbiol., 71, 7838-45(2005)
4. Shimoyama T. et al. Science., 323, 1574 (2009)

■ 探索発見型構造生物学におけるバイオインフォマティクスとウェット実験の融合

桑原 陽太（神戸大学大学院医学研究科構造生物学分野、産業技術総合研究所連携研究体バイオ技術産業化センター）

廣明 秀一（神戸大学大学院医学研究科構造生物学分野）

1. 構造生物学とバイオインフォマティクスの出会いと

ドメインハンティング

我々の研究室は、主に NMR を用いてタンパク質の構造を研究している。注力しているテーマの一つに、「ドメインハンティング」がある。多くのタンパク質は、部分構造 (=ドメイン) に分割することができる。ドメインハンティングとは、新規のドメインを発見し、その存在を実証することである。さてドメインは、機能ドメイン (特定の分子機能を担う領域) と構造ドメイン (独立した立体構造を有する部分構造) の二種類に大別できる (両者は一致することもある)。従って、ドメインハンティングも、新規機能のハンティング (分子機能未知のドメインの機能決定) と、新規構造のハンティング (立体構造未知のドメインの構造解明) に大別できる。新規機能ドメインの発見は、同じドメインを持つ他の遺伝子の広汎なアノテーションにつながるためインパクトが大きい。一方、構造未知のドメインの新規の構造決定は、原子レベルでの分子機構の解明や変異体の設計、インシリコスクリーニングによる創薬支援など、幅広い波及効果が見込める。

かつてドメインハンティングは、いわゆる分子遺伝学の研究室で、変異体の表現系解析を端緒として行われてきた。それに対し、多くの生物種のゲノムプロジェクトが完成を見た 2000 年代になって、構造機能未知のドメインの研究法として、まず構造解析を先行させ、その情報をもとに機能推定し、最後にそれを実証するという、構造ゲノミクスプロジェクト研究が提案された。著者らもタンパク 3000 プロジェクトに参加して、新規のタンパク質ドメインの構造生物学に関わってきた。一般に、構造機能未知で、かつ研究例すらない新規のドメインは、最初のステップである試料調製が非常に困難である。例えば、大腸菌での発現系を構築する際、特にヒトやマウスの遺伝子産物の可溶化

の成功率が低い (~20% 程度)。この現象は発現系の設計しだいで回避可能であり、それが実験の成否を分けるのである。こうした経緯から、筆者らはタンパク質のドメイン探索とドメイン境界の予測問題に取り組むこととなり、産総研 CBRC の富井健太郎博士との共同研究が始まった。その際、公開前のドメイン予測サーバーである FORTE を試用する機会をいただいた。実証を兼ねつつ新規のドメインの構造決定に成功した⁽¹⁾。この成功は更に新たなドメインハンティングの手法開発にもつながった⁽²⁾。ちなみに、著者の一人 (廣明) と富井博士は、以前に同じ職場 ((株)生物分子工学研究所) の釣り同好会に所属していたという奇縁を持つ。その意味で、筆者らの研究手法はハンティングよりもフィッシングの性格が強い… 閑話休題。

2. 神戸大学におけるドメインハンティング

著者らの研究室での最近の研究例として NfeD-SPFH オペロンタンパク質 (PH0471-PH0470) 内に含まれているドメインの構造機能解析を挙げる。

SPFH (Stomatin, Prohibitin, Flotillin, HflK/C) ドメインは現在脚光を浴びつつあるドメインの一つである。これらの SPFH ドメインタンパク質は、シグナル伝達やイオンチャネル制御など多様な生物学的機能を持ち、また真核生物では脂質ラフトに局在していることが知られている。にもかかわらず SPFH ドメインの分子機能は未だ確定されていない。

興味深いことに、古細菌と真正細菌では SPFH ドメインタンパク質は機能未知の NfeD (Nodulation formation efficiency D) タンパク質とゲノム上でオペロンを構成している。このオペロンの産物はそれぞれ膜タンパク質であり、分子機能未知だが、細菌の成長に関わることが知られている。超好熱菌 *Pyrococcus Horikoshii* 由

来オペロンPH0471-PH0470(NfeD-SPFH)についてFORTE, POODLE等を用いたドメイン予測の手法を使い、立体構造を詳細に解析することでそれらの分子機能の類推を行った。

(1) PH0471の構造研究

Pfam(22.0)によると、PH0471はほぼ全長がNfeDドメインとアノテーションされている。膜タンパク質であるPH0471全長を大腸菌により発現、精製し、界面活性剤存在下でNMR(1H-15N HSQCスペクトル)を測定した。この測定ではタンパク質主鎖のH-Nの相関スペクトルが得られる。全長に相当するアミノ酸残基のうち、ほぼ半数の残基に相当する数のNMRシグナルが検出され、約70残基の球状ドメインの存在が予測された。この実験結果とSOSUIによる膜貫通領域予測より、Pfamが示すドメインは更に2つに分割可能であり、NMRシグナルが検出できた残基は、後半のドメインであると考えられた。そこで、我々はこのドメインをNfeDCドメインと新たに命名し、実際に大腸菌発現系を作成し実証実験を行った。

FORTEによるNfeDCドメインの予測では、WWドメインあるいはOBフォールドを持つタンパク質が予測の上位に並んだが、信頼度の指標(Z値)は低く、有効な情報とはいえない。実際に構造解析を行ったところ、PH0471 NfeDCドメインのフォールドは核酸結合タンパク質によく見られるOBフォールドであった(図1)。ここで強調したいのは、実際に構造解析を完了しなければOBフォールドとは確定できなかった点である。著者らの結果を受けて、NfeDCドメインが新規OBフォールドドメインとしてSCOPの独立エントリーとなったことは喜ばしい。次に、PH0471 NfeDCドメインについてDALIにより得られた構造類似度の高い既知のOBフォールドタンパク質の機能と構造を比較することにより機能予測を行った。その結果、OBフォールドタンパク質に結合する代表的物質である核酸や、金属イオン等には結合しないという予測をすることができたが、分子機能を特定するまでは至らなかった^③。

(2) PH0470の構造研究

PH0470 SPFHドメインの研究は、既知であるものの、既存の予測法では分子機能の推定が困難であったケースである。SPFHドメインタンパク質は多様な機能を持ち、このドメイン以外に構造要素を持たないタンパク質も多い。筆者らは、SPFHドメインが何らかの分子機能を担うはずだという信念のもと、構造研究に着手した。

まずFORTE、POODLEを用いてドメイン境界を決定し、発現系構築、NMRによる構造解析を行った。その構造はヘリックスとシートの二層からなるab構造である(図2)。

PH0470 SPFHドメインを大腸菌で発現すると、複数の異なる分子量の多量体が観測された。これらの多量体は加熱により非可逆的に単量体に変化するという奇妙な性質を示した。実はこの特性は構造と相関している。SPFHドメインは二層のうち一方を別の分子とドメインスワップして多

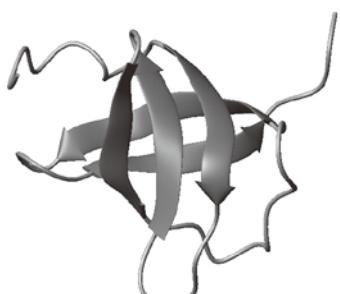


図1 PH0471 NfeDCドメインリボン図
(PDB ID 2exd)



図2 PH0470 SPFHドメインリボン図
(PDB ID 2rbp)

量化し、加熱によりドメインスワップが解消され単量体に戻ると考えられる。そこで著者らは、PH0470 SPFHドメインは膜近傍で多量体化して膜骨格を形成し、熱(ストレス)により単量体になることで何らかのスイッチング機能を持つという分子機能を提案した^④。

3. バイオインフォマティクスと構造生物学は一蓮托生

構造生物学は、他の分野の生物学に比して、特にバイオインフォマティクスとの縁が濃い。決定されたタンパク質の構造情報は、PDBに登録されたのち、構造情報学やドッキングシミュレーションといったバイオインフォマティクスの一分野の材料となる。しかし、もし、バイオインフォマティクスによるタンパク質の構造の精度よい予測が実現すれば、構造決定の作業自体が意味を失う。一方で、構造決定はそれのみでは学術論文として採択されづらい。そのため、構造生物学者は、Wet実験の系を組むための機能予測に躍起になる。現実問題として、何らかの予測や着想がなければ実験のプランが立たないからだ。いなければ構造生物学は、バイオインフォマティクスに対して、生産者であり商売敵であり消費者なのだ。これを一蓮托生といわずして何と言おう。

そうした中でも、著者らのアプローチは、バイオインフォマティクスへの依存度が高く、期待も大きい。特にタンパク質の機能予測に関する方法論の、今後のさらなる発展に期待したい。研究例で紹介したように、機能予測に関してのネガティブな予測(これは××ではない)は信頼がおけると感じている。逆に、ポジティブな予測(これは○○かもしれない)をする方法論がまだ少ないのは、とても残念だ。

4. 展望: ドライとウェットのよりよい関係をめざして

著者らが、これまでに多くの情報生物学者と行ってきたコラボレーションには、「表の顔」と「裏の顔」があると感じる。「表」というのは、オフィシャルな科学的コミュニケーションである。まずDry屋が予測して、Wet屋が実証実験を行い、それをまたDry屋にフィードバックする、という理想的なwin-winの関係である。だが、著者らが感謝したいのは、「表」の関係だけではなく、以下に述べる「裏」の(オフレコ)情報交換にも感謝したいのだ。新進気鋭の情報科学者は、当然ながら自分自身のライバルの弱点を、日頃からよく勉強して熟知している。つまり業界標準となっている既存ツールの弱点を熟知しており、そうした情報を気軽に伝授してくれたのである。一方で、Wet屋もまた、論文の行間にしか書かれていない、となる実験系のシステムアーキテクチャーやアーティファクト、ある論文の真偽情報などを、Dry屋に提供できる。

我が国では、タンパク3000プロジェクト終了後、構造生物学の研究環境が高度に整備され、その充実度は他国を大きく引き離している。それを有効活用すべく、生物学・生化学者が主導となった第二期の構造科学研究(ターゲットタンパクプログラム)が進行中である。だが、残念ながら、そこに情報生物学がイニシアチブをとった構造解析のプログラムは含まれていない。あくまで私見であるが、例えばバイオインフォマティクスに一次情報を重点的に供給するための構造解析プロジェクトのようなものが、もう少し存在してもよいと思う。いかがであろうか。

- (1) Shiozawa K, et al., J Biol Chem. (2004) 279:50060-50068.
- (2) Iwaya N, et al., J Biomol NMR. (2007) 37:53-63.
- (3) Kuwahara Y, et al., Protein Sci. (2008) 17:1915-1924.
- (4) Kuwahara Y, et al., Biophys J. (2009) in press.

■ ドライとウェットのシアワセな関係—または異種格闘技の楽しみ

斎藤 和季（理化学研究所 植物科学研究センター、千葉大学大学院薬学研究院）

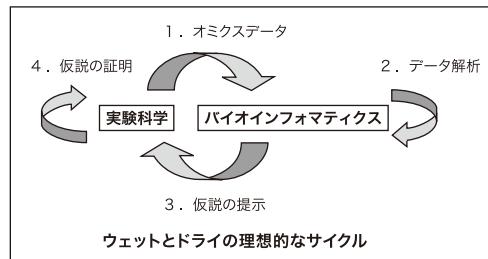
本学会の会員でもない私への本寄稿に対する編集部からの依頼は「ドライとウェットの‘シアワセ’な関係を経験をもとに書いてください」との事でした。あまり真面目な原稿を期待した訳ではないと思いますので、私の経験談をざくばらんに書きますので読み捨ててください。

私は植物の実験科学—いわゆるウェット—がバックグラウンドですが、実のところドライとウェットの関係において‘シアワセ’を感じることはたまにしかありません。ほとんどは異種格闘技をしているようなかみ合わなさ(30年以上も前のアントニオ猪木とモハメド・アリの対戦をリアルタイムで見ていた時に感じた不完全燃焼感—これを読んで心の中でニヤッとしたあなた、同世代ですね…)と、しばしば感じる苦痛にともなうマゾヒズムです。しかし、たまに感じる‘多幸感’は私をしてドライとウェットの不条理な絆の虜にせしめ、その‘あぶない関係’から離れることが出来ません。

話は2000年夏にさかのぼりますが、科学技術振興機構(当時は事業団)で植物関係の大型予算クレストの公募が始まりました。幸いにも私が代表として申請した植物の同化代謝オミクスの研究プロジェクトが採択されました。その中心テーマとして、当時ちょうど解読されたシロイスナズナのゲノム情報から(無謀にも)トランスクリプトミクス、プロテオミクス、メタボロミクスによって植物代謝制御の全体理解をするというゴールを設定しました。その研究推進のためには、ウェット科学(オミクス科学や分子生物学、生化学)と共にドライ科学(バイオインフォマティクス)が重要であることは明白でした。しかし、このプロジェクトに快く力を貸してくれそうなドライ研究者のあてもなく、出席した研究会やセミナーでは一緒にやってくれそうなドライの方を探していました。その中で幸いにもN大学のKさん(現、教授)やT大学(現、准教授、当時はSS研に所属)のAさんなどドライ分野の新進気鋭の先生方に出会い、異種格闘技的な共同研究をいくつかさせていただき(それらは確実に猪木vs.アリの対戦よりもエキサイティングです)、その後も‘深く’お付き合いさせていただいています。

当時は(そして今も)メタボロミクスなどのオミクスデータ処理にはいくつもの障壁がありました。まず問題点を明確にすることから始まり、そのための具体的な解決策を探ると言う地道な作業から始まりました。特に、メタボロミクスについては、まず直面した問題が超高分解能質量分析装置で得られる質量分析データからの化合物アノテーションであり、次に代謝パスウェイへの投影やトランスクリプトームとのインフォマティクス統合解析でした。これらの作業は、KさんやAさんが全面的に関わり、私の研究室の当時ポスドクのHさん(現、R研チームリーダー)、大学院生のYさん、Tさんなどウェット系の人たちと殆ど毎日議論を戦わせながら進めました。その様子はまだ世界の誰もがやっていない分野を開拓するパイオニア精神に満ち溢れています。その結果、トランスクリプトームとメタボロームの統合による遺伝子機能同定と代謝ネットワークに関する論文2報を続けて2004年、2005年に発表することが出来ました(文献1,2)。幸いなことにこれらの論文はそれぞれ翌年の植物バイオテクノロジー分野の最頻度引用論文にランクされました。これは世界の誰もが期待していたマルチオミクスの統合解析によって実質的なゲノム機能科学での成果を始めて収めることができた初めての成果であり、そのベストタイミングのために多くの人が引用してくれたものと思います。こ

れらの論文での大きなブレークスルーは、ウェットから出てくるオミクスデータをドライによって処理して仮説を構築し、それを再度ウェットに戻して実験的な証拠によって仮説を証明すると言う、ウェットとドライの理想的なサイクルがうまく回せたことです(図)。



このような成功例もあって、2005年から理化学研究所において植物メタボロミクスを中心とした植物ゲノム機能科学プロジェクトが本格的にスタートしました。前述のNさん、Aさんに加えて理研に以前からおられたユニットリーダーのSさんなどがバイオインフォマティクスの主要メンバーです。当初、月に1回、ウェットとドライの人々の合同ミーティングを開きましたが、そこではまずお互いの言語が違う言語問題の克服と研究アプローチや考え方の違いの理解から始まりました。これはそれまでのようない一研究グループの中でのウェットとドライの共同研究に止まらず、複数研究グループからなるプロジェクト全体における相互理解や共同研究を推進する必要があったため、よりチャレンジングな作業でした。これらの議論の中から、現在理研植物科学研究センターのPRIMEサイト(<http://prime.psc.riken.jp/>)からリンクされているメタボロミクスを基盤としたオミクスデータベースが充実されてきました。

現在、理研での植物メタボロミクス研究も5年目を迎え、ウェットとドライの人々の関係もある意味で定常状態になってきて、相互に一応の理解をしながら(まだ不十分ですが…)いくつかの優れた成果が出てきています。これらの研究成果を海外の研究室でのセミナーで話をすると、「どうやってウェットとドライの融合をうまくやるのか?」と聞かれることがしばしばあります。その時は「私は両方から話を聞いて、両方に分った、分ったと言っておきながら、実はぜんぜん分っていないですよ」と冗談めかして半分真実を言うようにしています。私は、最後は「和をもって尊しとなす」という精神が異種格闘技を楽しみながら‘シアワセ’な関係を築く秘訣ではないかと思います。ここで皆様のために‘シアワセ’な関係を築く助けるチップスを紹介します。当たり前のことばかりですが、参考になればと思います。

- ・お互いに相手の良い点、自分では出来ない点を認めて、相手のどこかを好きになることが第一歩です。人を好きになることは成功の条件の八割を占めます。
- ・異分野の人に対しては分かりやすい説明をすると同時に、異分野の勉強をも自らすることが必要です。多くの会話とディスカッションをしてポイントを浮き立たせる必要があります。
- ・結局のところ、ウェットとドライは異種格闘技と思ってその違いを楽しみましょう。格闘技では押したり、引いたりすることが必要です。その結果生み出される異分野との共同統合した研究成果は通常では味わえない今までに無い喜びとなり、ほと

んど病みつきになります。

- ・(ウェットの方へ)自分の手作業がベストと言うプライドと幻想は横においておきましょう。ドライの人を煽てて全体を効率化する努力が大切です。
- ・(ドライの方へ)けんかをする時はメールでは行わず、面と向かって穏やかに話をしましょう。話せばニュアンスもうまく伝わりますし、メールでけんかをすると一方的になりがちで後に残ります。

文献

1. Masami Yokota Hirai, et al., Integration of transcriptomics and metabolomics for understanding of global responses to nutritional stresses in *Arabidopsis thaliana*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 101, 10205-10210 (2004)
2. Takayuki Tohge, et al., Functional genomics by integrated analysis of metabolome and transcriptome of *Arabidopsis* plants over-expressing an MYB transcription factor. *Plant J.*, 42, 218-235 (2005)

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)

システムバイオロジー研究会では、年4回の定期研究会を開催している。今春の3月と6月に第22、23回目のシステムバイオロジー研究会を開催した。

第22回研究会は、3月11日に守屋央朗氏(岡山大学)の企画で、癌研究会吉田講堂で開催した。北野宏明氏(ソニーCSL／癌研・システムバイオロジー部)と望月敦史氏(理化学研究所)に講演いただいた。28名(9名の企業研究者)の参加者があった。北野氏は「システム・ドラッグ・ディスカバリー」というタイトルで、ロバストネスとそのトレードオフの理論的関係を提示して、システムのある性質のロバストネスを高めることは、同時に別の面で脆弱性を生み出すことを明確に説明した。ターゲットとなる細胞・組織がロバストに対応できるタイプの擾乱は、多くの場合、有効性を十分にあげることができず、かえって、その擾乱が細胞の脆弱性を攻撃して、副作用が発生する。創薬ターゲットの選択や複数のターゲットに対する相乗効果を得るアプローチへの展開が大切であることを示した。望月氏は、「生体分子ネットワークの構造とダイナミクス」というタイトルで、生体分子相互作用の情報から、活性ダイナミクスの全体像を捉える理論を説明した。基本アイデアは、各生体分子の活性ダイナミクスは、それを制御する因子の活性状態として「不和合性」、及び「独立性」があることを示した。「不和合性」は活性状態の定常状態の可能性を絞り込み、可能な状態数の上限を決定して、活性状態を特徴付ける少数の因子を抽出することを可能にする。一方、「独立性」から分子の活性状態の可能な組み合わせの条件を導くことができた。ネットワークの構造から決まるこれらの制約を用いることで、実験データから未知の分子間相互作用や活性状態を予測できることを示した。一般講演では、白石友一氏(理化学研究所)には、「Inferring cluster-based gene network from time-course gene expression data under several conditions」、松村幸子氏(JSTさきがけ／癌研・蛋白創製部)には「ナノ粒子と生体システムという環境：薬物送達キャリアへの応用に向けて」、加藤翔(北海道大学)氏には、「幾何的接尾辞木を応用した構造モチーフ探索手法の提案」、Andrei Doncescu(LAAS-CNRS)氏には、「Extraction of logical relations to model some aspects of breast cancer therapy」の講演をいただいた。研究会終了後、招

待講演者を含む10名で懇親会を行った。

第23回研究会は、川路英哉氏(理化学研究所オミックス基盤研究領域)の企画で、6月27日、「大規模データと転写制御解析」と題して東京大学医科学研究所一号館講堂にて開催した。企業や大学の研究者等40名が参加した。招待講演と一般講演の各々3件の講演が行われ、そのいずれにおいても活発な質疑応答が行われた。鈴木治和氏(理化学研究所)から、国際的な科学コンソーシアムであるFANTOM(Functional ANnoTation Of Mammals)と文部科学省の「ゲノムネットワークプロジェクト」が一致協力して行ったヒトTHP-1細胞の転写制御ネットワーク解明についての研究を紹介いただいた。特に、ゲノムワイドかつ多様な種類のハイスクロープデータを基にした統合的アプローチについての議論が行った。松田秀雄氏(大阪大学)からは脂肪細胞・骨芽細胞分化における遺伝子制御ネットワークの推定について説明いただいた。時系列におけるネットワーク解析を目的としたデータ取得ポイント設計のアイデアやその有効性、さらに分化ネットワークの各々に関与するクロストーク遺伝子の同定法等についての議論を行った。樋口知之氏(統計数理研究所)からは、シミュレーションと大量データをつなぐ汎用的なフレームワークとしてのデータ同化手法の枠組みと、その適用例に関する研究のご紹介をいただいた。一般講演では、倉田博之(九州工業大学)より、代謝ネットワークの定量的モデルに対するプロテオームやトランスクリプトームデータの統合手法について、児玉悠一氏(国立遺伝学研究所)からは次世代シーケンサ出力の公共レポジトリとしてのDDBJ ReadArchiveの取り組みについて、中尾光輝氏(ライフサイエンス統合データベースセンター)からはライフサイエンスにおけるデータ共有の改善を目的として開催された国際ワークショップBioHackathonの活動についてご紹介いただいた。ネットワーク解析の手法だけでなく、これに必要なデータの取得や処理、さらには成果公開に必須となるレポジトリなどの様々な側面からの議論を活発に行うことができ、有意義な研究会となった。

第24回の研究会は8月18日に、松野浩嗣氏(山口大学)の企画で、山口大学大学会館会議室で行う予定です。是非ご参加ください。

地域部会の活動報告

■ 北海道地域部会 新部会長からのメッセージ

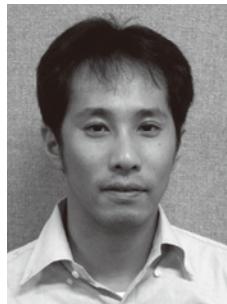
北海道地域部会長 伊藤 公人(北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター)

この春、北海道大学情報科学研究所の遠藤俊徳教授の後をうけて、北海道地域部会長に就任致しました。北海道地域部会は2006年4月に発足し、以来、当地域のバイオインフォマティクス研究者同士の交流、さらには、生命科学や情報科学といった関連分野の研究者との交流を目的とし、セミナーの開催を中心とした研究活動を行っております。今後もこれまでの活動を継続し、北海道地域のバイオインフォマティクスおよび関連分野を盛り上げてゆきたいと考えております。

私は、2005年に北海道大学情報科学研究所から北海道大学人獣共通感染症リサーチセンターに異動し、現在、ウイルス、細菌、原虫といった病原体の遺伝子データを扱うためのバイオインフォマティクスの研究に携わっております。日頃より、情報科学、医学、獣医学、農学、薬学、理学、数学といった様々な分野の方たちと共に仕事をさせて頂いておりますと、学問分野がそれぞれに専門化と高度化に向う中、バイオインフォマティクスは、これらの分野の研究を相互に結びつける重要な役割を担っていると強く感じます。

北海道地域におけるバイオインフォマティクス研究者は着々と増加しておりますが、首都圏や関西圏などの他の地域と比べると、まだその数は多いとはいえません。しかし、北海道大学をはじめ、道内の各大学、研究機関などを足場として、バイオインフォマティクスの関係する様々な分野で多数の研究者が活躍されています。また、情報関連企業やバイオ関連企業の中にはバイオインフォマティ

クスを意欲的に取り入れているところが多くあります。今後、地域部会の活動を通して、会員同士の交流はもとより、バイオインフォマティクスを必要とする異分野の方々や、基盤となる情報技術を開発する方々、さらには、将来バイオインフォマティクスを研究したいと思っている学生などに、新しい研究や共同研究を始めるきっかけや場を提供できればと考えております。



新部会長の伊藤公人氏

一般に、異分野の研究者が協働する際には、言葉・知識・考え方を共有する必要があります。そのためには、互いの研究室を頻繁に訪問したり、合同セミナーを開催したりしてじっくりと相互理解を深めることが重要です。多くの時間を共有し、密にコミュニケーションを取り続けることが、大切であると考えます。同一地域の研究者であれば、移動にかかる負担を抑えることができます。このような観点から、地域部会では、その地域における分野横断的な研究交流の場を提供することも重要な役割であると考えております。

本年度は、二回の「バイオインフォマティクスセミナー」の開催を予定しております。バイオインフォマティクス研究者のほかに、生命科学や、情報科学分野の研究者による招待公演も企画しております。どうぞよろしくお願い致します。

■ 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)

今年度も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。本稿では、先日行ったセミナーの開催報告と今後の予定について記させていただきます。

6月26日「A new era in the study of transcription factors」というタイトルで転写因子研究とバイオインフォマティクスツールの有効性についてご講演をいただきました。講師はドイツ・ゲッティンゲン大学医学部バイオインフォマティクス部門長Wingender教授で、転写因子結合配列データベースTRANSFACの開発者としても著名です。

講演内容は、真核生物の転写に関する基本的な説明から始まり、それに関わる基本転写因子群、転写因子結合配列、転写因子結合配列の共通配列を同定するロジックと転写因子データベースTRANSFACの概要、またそれを用いた研究例へと展開しました。TRANSFACは多くの転写因子を網羅するデータベースですが、その収録数を常に更新し続けていること、理論だけではなく文献的裏づけによりデータの質を上げていることを話されました。さらには、複数の転写因子が関連しあったり、カスケードを形成したり

という転写ネットワークモデルについての最近の知見、アレイデータから遡る上流解析のツールとそれを用いた方法など、多岐にわたる盛りだくさん



の内容で、とても充実したセミナーとなりました。参加者は48名と盛況で、講演が終わっても質問を続ける参加者もおられたほどでした(写真)。

今後もセミナーを予定しており、10月7日にはAlexander E. Kel氏(Vice President, BIOBASE)をお招きして、よりシステム生物学的な側面から転写因子研究についてご講演いただく予定です(講演タイトル:In silico analysis for topological modeling of the signal transduction network in breast cancer cell.午後5時30

分より東北大学病院臨床小講堂)。さらに、19日にはロシア科学アカデミーNikolai A Kolchanov教授によるシステム生物学を中心としたバイオインフォマティクス総論の講演も予定しております(講演タイトル:Systems Biology and Bioinformatics 午後5時30分より東北大学病院臨床小講堂)。その他、定期セミナーを鋭意企画

中です。

以上が近況ですが、今後の進め方につきましても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 奥野 恭史(京都大学薬学研究科)

日本バイオインフォマティクス学会関西地域部会では、これまでに、ケミカルバイオロジー、インシリコ創薬、システムバイオロジー、医療インフォマティクスを柱としたバイオメディカル研究会を開催し、産官学連携と異分野の研究者交流を促進してきました。

一方で、産官学の域を超えて、政策を意識した討議こそが、バイオメディカル分野の真のイノベーション実現に向けた方向性「バイオメディカルイノベーションへの道標」を示すことができる、という確信のもと、今回の第7回バイオメディカル研究会(2009年5月30日開催)では、バイオIT、創薬、医学研究を支える科学技術政策、医療制度、産学連携、人材育成体制などのバイオメディカル分野の現状、課題、問題点を足元から見つめ直し、その中から得られる今後の展望を参加者の方々と討議する、といったこれまでとは視点を変えた研究会を開催しました。

特に、通常の催しは押並べて、産官学のみの有識者による発表

になっておりますが、今回は産官学に止まらず、参議院議員・梅村聰先生(阪大医出身)をスピーカーにお招きし、科学技術政策や医療制度を策定する立場から、今後のバイオメディカル分野における課題、道標についてご発表頂きました。対する産学を代表するスピーカーとして、大阪大学・兼松泰男先生と塙野義製薬・澤田拓子先生をお招きし、産学の現場での連携、人材育成体制について、実状と要望をご発表頂きました。ご講演の後には、先生方にパネルディスカッションにご参加いただき、研究会参加者との活発な議論が行われ、バイオメディカルイノベーションへ向けた提言も行われました。

関西地域部会では引き続き、バイオメディカルイノベーションを見据えた研究会・講演会を開催していく予定ですので、会員の皆様からの御意見・御希望等をお知らせいただければ幸いです。



■ 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)

各方面での「バイオマーカー」に対する関心度は依然として強く、現在もキーワードとして頻繁に取りあげられています。とくに各学会において創薬・診断分野での発表も枚挙に暇が有りません。このような状況で、特色と独自性のある今後の方向性とすでに発展を遂げているフィールドとの調和のとれた企画を模索しながら、中国・四国地域部会ではどのようなトピックに焦点を当てていくか、本年度の「次世代バイオマーカー研究会」第5回の開催に向けて現在検討中です。一方で、「がんと感染症」に焦点を絞って各方面の先生方にお出で頂きながら、「異分野融合」と「国際連携」のキーワードのもとに、国際シンポジウムの企画が本年も進行中です。この国際シンポジウムの同時開催は今年度で3回目となり、今

後も恒例行事として行っていくような体制作りにも努力しているところです。毎回感じている所では有りますが、異なる分野の方々が集まっていろいろなディスカッションを続ける事により、様々なアイデアが生まれ新たな共同研究が生まれている事は企画をする側にとって、たいへん喜ばしい事です。このように、ご参加いただく皆様には積極的にこの場を活用いただき感謝いたしております。現状ではまだ今年度の内容が確定していませんが、開催時期は2月初旬で岡山大学において開催を予定しております。今まで同様に皆様の交流の場としておおいに盛り上げていただけますよう、仔細が決定し次第ご案内させていただきますので、今後もご支援のほどどうぞよろしくお願いいたします。

国際会議レポート

■ The 3rd Virtual Training Workshop on Bioinformatics (2009年3月25日～5月24日)

皿井 明倫 (九州工業大学)

この度、上記のようなインターネットを利用したバイオインフォマティクスのトレーニングワークショップを開催しましたのでその報告をさせていただきます。

このワークショップは、アジア・バイオインフォマティクス・研究教育ネットワーク(ABREN)主催により2006年と2007年に引き続き3回目の開催となります。このワークショップでは、登録した参加者が期間中(2ヶ月間)にワークショップサイトにオンラインでアクセスし、バイオインフォマティクスに関するいろいろなトピックスのマルチメディア講義(ビデオ、音声と同期したスライド、言語は英語)を視聴することができるようになっています。今回は51カ国から1,144人の参加者がありました。参加者の国別内訳は以下をご覧ください：

<http://abren.net/workshop/login/userstats.php>

アジア諸国からの参加者が多いことがわかります。

講義のリストは以下をご覧ください：

<http://abren.net/workshop/lectures/list.php>

今回は、75のマルチメディア講義からなり、バイオインフォマティクスの広範囲のトピックスをカバーしています。また、その内容のレベルからBasic, Intermediate, Advancedに分類されています。講師は、主にアジア各国の研究者です。日本からは、九工大、お茶の水大学、大阪大学、生命情報工学研究センター、東京大学、横浜市立大学、医薬基盤研究所の先生方にご協力をいただいています。

参加者はワークショップ期間中いつでも自由にサイトにアクセスして講義をストリーミングで視聴できるようになっています(VOD形式)。参加者は地理的に広範囲にわたっているので、九工大、台湾、シンガポールとマレーシアにストリーミング専用のサーバを置いて対応しました。マルチメディア形式はRealメディアを用いてきましたが、今回は加えてFlashメディア用のサーバも九工大に置きました。前回まではインターネットのバンド幅の問題などで視聴にいろいろ支障がありましたが、今回はそれほど大きな問題はありませんでした。また、今回はFlashサーバへのアクセスが最も多くありました。ワークショップシステムでは、講義を視聴しながら、質問があればすぐに送ることができます。参加者からの質問はす

ぐにメールで講師に送られ、講師はワークショップシステムに入って質問に答えるという仕組みになっています。今回は130件ほどの質問が寄せられました。その他、参加者がディスカッションできるフォームも組み入れています。

このワークショップは今後も定期的に開催する予定ですが、課題もいろいろあります。まずは資金的な問題ですが、現在は特別な資金的援助はなく講師も含めて全くボランティアで運営されています。継続性を確保するために、アジア・バイオインフォマティクス・研究教育ネットワークというNPOを設立しそこが主催するという形をとっています。運営の資金をどのように確保するかは今後の課題です。今のところ参加費などは徴収していないので、スポンサー、広告、寄付、競争的資金への応募などの可能性を探っています。また、このワークショップは特定の期間(2ヶ月)のみ開催していますが、常時オープンにするという可能性もあります。ただ、質疑応答などもありますので期間を限定して集中的に行うほうが効果があるという考え方もあります。今後、常設のサイトを作つて常時オープンにする講義や情報などを提供することを考えています。また、このワークショップでは登録した参加者だけが講義を視聴することができます。完全に公開するには著作権などの問題があります。今後、公開できるものについては別に常設のサイトを通して公開することも考えています。

これまでの経験から、このようなワークショップに期待をしている人が多いことに驚きました。発展途上国の学生や研究者は、バイオインフォマティクスなどの先端分野を教える人材が近くにいないこと、地理的に離れた学会やワークショップなどに高額な旅費や参加費を払って参加することはほとんど不可能であることなど考えると、このようなインターネットを使った教育への需要がますます高まると思われます。今後とも微力ながらこのような問題の解消に貢献したいと考えています。もし皆さんの中でご自分の講義などを提供したいという方はご連絡ください。また、こちらから講義の作成をお願いするかもしれません、その時はよろしくお願いします。

■ RECOMB 2009 参加レポート

渋谷 哲朗 (東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター)

5月18日～21日にかけて米国アリゾナ州ツーソンにて開催されたRECOMB (International Conference on Research in Computational Molecular Biology)に参加してきました。このRECOMBは、言わばとしたバイオインフォマティクスの2つのトップカンファレンスの1つですが、もうひとつのトップカンファレンスであるISMB (International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology)と比較すると、理論よりの論文発表が多いのが特徴です。今年RECOMBが開催されたツーソンは、そこかしこにマンガか西部劇しか見ない

ような背の高いサボテンが生えている砂漠性の気候のところで、じりじりと照りつける太陽は激しいものがありましたが、湿度は当然低く大変すごしやすいところでした。今年も大変面白い講演が多く、また海外研究者とも多く広く交流でき、さらには今回個人的にはベストペーパー賞などという身に余る栄誉を頂けたこともあり、大変有益な時間を過ごすことができました。以下その報告をしたいと思います。

今回のRECOMBの参加者は18カ国、250人程度と、(新型イン

フルエンザの蔓延するメキシコ国境近くの)アリゾナの田舎での開催ということもあったのか、RECOMBにおいては参加者数は若干少なかったように思います。しかし、投稿数166に対して採択数35、ということからもわかるとおり、発表された論文の多くは極めて質の高いものばかりでした。RECOMB全体の今年の傾向としては、今脚光を浴びている次世代シーケンサー関連の発表と、立体構造関連の研究がそれぞれ増えてきたのが非常に目立っており、その二つ(といってもずいぶん異なる二つですが)で発表の半分を占めている、ということがあげられるかと思います。口頭発表だけでなくポスター発表でも同じ傾向がありました。本当に名実ともにポストゲノム時代になったといえると思います。それ以外では、やはり代謝系ネットワーク・システム生物学関連の話と、配列比較や系統樹といった基盤的技術の話が多くなったですが、いずれも面白い発表ばかりでした。一方、別の観点からみると、近年のRECOMBでは情報科学的手法の研究とくらべ統計科学的手法の研究の比率が増えてきています。今回のRECOMBでは、統計的手法の研究が全体の1/3程度以上を占めています。昔は情報科学的手法の研究がほぼ100%でした。

昔といえば、今回のRECOMBでは、第1回のRECOMBで最も引用数が多かった論文2件に対して「Test of Time Award」という賞が新設され、表彰されていました。2件のうちのひとつ、「Sorting by Reversal」という論文はゲノムアレンジメントに関する論文ですが、高速シーケンサー全盛でゲノムワイドの解析が日常的に行われている現在、ますます重要性が増している論文です。実は、私も学生時代に第1回のRECOMBを行っているのですが、その発表は特に大変面白くて印象深かったのを覚えています。また賞といえば、大変光栄なことに私の論文が今回のRECOMBのベ

スペーパー賞に選ばれました。論文の内容はタンパク質立体構造データベース検索のアルゴリズムに関するもので、上で述べた今年のRECOMBの傾向の変化にも少し貢献しています(笑)。最近相当力を入れてやっていた(つもりの)仕事でしたので、このような結果がついて来たのは大変嬉しいことではありましたが、それよりも、賞を貰えたことでいろいろな人と新たに話す機会ができたことがよかったです。

ただ残念なことに、今回インフルエンザの影響もあったのか、日本からの参加者は私ただ一人でした。来年のRECOMBはポルトガル・リスボンで開催されますが、来年以降もう少し日本からの参加者が増えていて欲しいと思います。やはりトップカンファレンスは、参加するだけでも大変有益ですので、まだ参加されたことがない、といった方は特にぜひ一度参加されることをお薦めします。というのはさておき、以上、RECOMB2009の報告でした。



サボテンのフラワーシーズンとかで、花を咲かせているサボテンも多かったです。



林立する巨大サボテン

■ KSBSB夏の学校参加録

後藤 修 (京都大学大学院情報学研究科)

7月3日ソウル国立大学で開かれたKSBSB(韓国バイオインフォマティクス・システムバイオロジー学会)の夏の学校に宮野先生とともに招かれて講演を行うとともに、KSBSBの役員の方々との交流を行ってきました。じっとりと暑苦しい京都を離れてソウルに降り立つとまるで初夏のようにさわやかな冷気に迎えられました。ソウル大学の広々としたキャンパスや充実した宿泊施設、夜になつても活発に行き交う人々の姿、それにサムゲタンなど料理のおいしさも含めて、初めて訪れた韓国は想像していた以上に好ましい印象を与えてくれました。

さて、夏の学校のプログラムですが、朝9:30から夕方6:30までの丸一日を使い、大きく4つのセッションに分かれて構成されていました。第一部では、次世代シーケンサーの利用に関する企業からの説明が約一時間ありました。第2部は我々を含む講演が3題あり、ニューロサイエンス、システムバイオロジー、ゲノム解析と内容のバランスを考えた構成になっていたと思います。午後からの第3部は主に生物系の研究者・学生向けのチュートリアルで、ワークショップと名付けられた第4部は、いくつかのグループの最近の研究紹介でした。午後の部は韓国語での発表だったので我々には理解しづらかったのですが、若年者向けのチュートリアルが主であることを考えれば妥当な措置かと思いました。宮野先生は、「JSBiの発表を英語にしておいてよかった」とおっしゃっておられましたが。

参加者からの積極的な質問も多く(写真)、また、Jang R. Liu会長をはじめとして講師陣も若く、夏の学校からは全体として登り調子の活気が感じられました。名前にシステムバイオロジーが入っていたり、今年の年会を日本のCBI学会と合同で11月に釜山で開催したりするなど、KSBSB はJSBiに比べてややウェットより、応用よりな印象もあります。逆に言えば、JSBiのその方面への取り組みが設立当初よりも薄まって来ていると言えるかもしれません。初心忘るべからずの教訓を改めて感じた韓国訪問になりました。また、GIWやAPBCなどの国際学会ばかりでなく、バイオインフォマティクス、システムバイオロジー分野への新規参入を促進する取り組みについてもアジア地域でのネットワークを強めていく必要性があると感じた次第です。

最後になりましたが、今回の夏の学校を組織され、我々にも行き届いた心遣いをして頂いた Young J. Kim 教授をはじめとした組織委員の方々に厚く感謝申し上げます。



リレー紹介:日本のバイオインフォマティクス研究室

■ 九州工業大学情報工学部生命情報工学科倉田研究室

前田 和勲(九州工業大学大学院情報工学府情報科学専攻)

倉田研究室は、福岡県飯塚市にある九州工業大学飯塚キャンパスで研究を行っています。飯塚市は、炭鉱の町として栄えた歴史がありますが、現在は人口の約4%が理工系学生及び研究者という学術都市に生まれ変わっています。飯塚キャンパスは、町並みを一望できる丘の上に位置しており、研究に打ち込むのに最適な落ち着いた環境と言えます。倉田研究室が所属する生命情報工学科は、国内でも早い時期に設立された「生命」と「情報」をキーワードに掲げた学科であり、前身となる生物化学システム工学科の設立から今年で20年になります。実験を中心とするいわゆるウェットな研究室から計算機中心のドライな研究室、BCI(Brain-Computer Interface)関係の研究室まで、様々な研究室があることが特徴です。

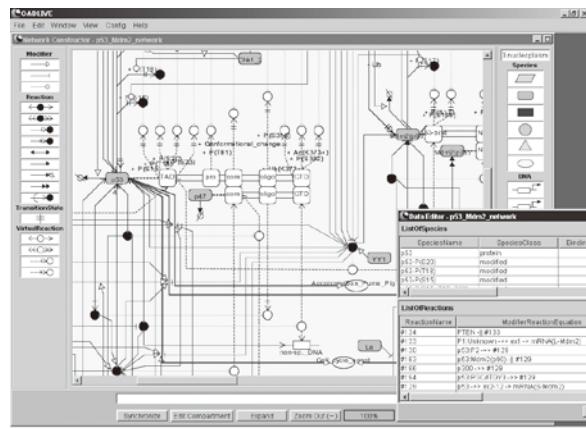
倉田研究室では、実験とシミュレーションの両方を駆使してシステムバイオロジー研究を行っています。遺伝子やタンパク質が協調し、動的な細胞機能を発揮する原理を解明するにはシミュレーションが不可欠ですが、一般に数理モデルの構築には数学的知識と多大な労力が必要であり、誰でも簡単にシミュレーションを行える訳ではありません。このような状況を鑑み、私たちは、GUIによる生化学ネットワークの構築、数理モデルの自動生成、シミュレーション、速度パラメータ最適化などの機能を備えた生命設計支援システム CADLIVE(Computer-Aided Design of LIVING systEms)を開発しました(<http://www.cadlive.jp>)。CADLIVEの生化学ネットワーク表記法は、複雑なネットワークをコンパクトに表現できるだけでなく、シミュレーション指向となっています。従って、ユーザはネットワークマップを描くだけで数理モデル構築し、シミュレーションを行うことができます。さらに、CADLIVEは、測定困難な動力学的パラメータを推定するための最適化モジュールも備えています。



九州工業大学飯塚キャンパス

CADLIVEは、大腸菌素同化システムや熱ショック応答システム、グルコース同化システム、出芽酵母細胞周期モデルなどの解析で活躍しています。その中でもシミュレーションによる仮説の提唱と実験による検証という研究スタイルを代表する例が、大腸菌素同化システムの解析です。私たちは、グルタミン合成酵素濃度がアンモニア濃度に対してヒステリシス(履歴現象)を示すことをシミュレーションによって予測し、それを生化学実験で確認しました。倉田研究室では、このような細胞の動的な性質だけでなく静的な性質にも注目しており、PPIネットワークのクラスタリングアルゴリズムやレイアウトアルゴリズムの開発を行っています。最近では、遺伝子の発現量から代謝流束分布を予測するアルゴリズムを開発しました。私たち学生は、ソフトウェアの開発、シミュレーション、そして実験という広い選択肢から研究課題を選ぶことができます。

ウェット実験がメインの友人と議論すると、生命システムの複雑さを改めて思い知られます。しかし、複雑性に隠された規則性や単純性、あるいは工学システムとの類似性を見出していくことで、複雑な生命システムも理解が可能になると考えています。このように、倉田研究室は、システム制御理論や複雑ネットワーク科学、代謝流束解析など様々な角度から生命の設計原理にアプローチしています。



学会からのお知らせ

■ 平成21年度バイオインフォマティクス技術者認定試験実施要領

日 時：2009年11月29日(日) 13:30～15:30 場 所：全国6都市 受験料：5,000円
U R L：<http://www.jsbi.org/modules/jsbi/index.php/nintei/index.html>

■ GIW2009/JSBi2009 開催のお知らせ

GIW2009 では、ポスターとソフトデモの投稿、及び企業展示を募集しております。

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
 U R L：<http://giw.ims.u-tokyo.ac.jp/giw2009/>
 ポスター、ソフトデモ投稿締切：2009年10月1日（木）
 企業展示申し込み締切：2009年11月13日（金）
 Early registration 締切：2009年11月15日（土）

また、JSBiセッションとして、チュートリアルと、ソフトデモのセッションを組む予定です。皆様のご投稿とご参加をお待ちしております。

	11月15日まで	11月15日まで	11月16日以降
JSBi 会員	正会員	30,000円	45,000円
	学生会員	10,000円	20,000円
一般（非会員）	一般	35,000円	50,000円
	学生	15,000円	25,000円
バンケット			8,000円

■ 九州工業大学大学院情報工学研究院生命情報工学研究系教員（教授、准教授）公募案内

公募締切：2007年11月30日（金）必着 詳細は<http://www.bio.kyutech.ac.jp/jinji.htm> 参照。

学会議事録等

■ 第29回幹事会議事録

日 時：平成21年3月26日13:00～15:00

出席者：後藤（会長）、松田（副会長）、中井、遠藤、有田、秋山、平川、本野、白井、渋谷（議事録）、鈴木（事務局）

1. 学会ホームページについて

平川幹事より、バイオインフォマティクス学会のホームページに関する報告がなされた。ホームページ上では、学会の詳しい内容に関する説明が初期の趣意書で代替されているが、現況は変化している可能性があるため、改善が好ましいのではないか、という意見が平川幹事よりなされた。そのため、中井幹事が以前に書いた原稿等をたたき台にして、今後議論をしていくことになった。また、バイオインフォマティクスを学ぶことができるようなコンテンツを増やしてはどうか、という意見も平川幹事より出され、今後議論をしていくことになった。

2. 第二回台湾日本若手科学者会議、次年度以降の夏の学校について

有田幹事より、第二回台湾日本若手科学者会議に関する報告がなされた。JSBiからは学生の参加者3名分の旅費負担額相当の援助を行っている。また、有田幹事の提案により、このオーガナイズを行った学生のメンバーを中心に「情報生命科学若手の会」が結成されているが、そのグループに、来年度のバイオインフォマティクス夏の学校の開催のオーガナイズへの打診を検討することになった。

3. AASBi代議員について

JSBiより出しているAASBi代議員に関して、後藤会長より報告があった。現在は、秋山泰、馬見塚拓、宮野悟（2009年President）の3名が代議員となっている。また、今後の代議員選出方法等に関して、今後議論をすることになった。

4. 合同研究会・総会について

合同研究会・総会の開催に関して議論がなされた。有田幹事

よりCBI学会と共に企画できないか、という意見が出され、今後それについて検討することになった。

5. 会員のメリットについて

会員を減らさないために、会員のメリットをどのようにするかについて、議論がなされた。会費の引き下げは難しいので、大会参加費を下げる、特に学生の参加費を下げ、学生発表者は無料にしてはどうか、等の意見が出された。

6. 研究会・地域部会・年会について

研究会・地域部会の活動に関して、今後改革をすることを検討することが提案され、今後研究会主査、地域部会長を交え、議論していくことになった。また、研究集会開催等の活動の提案を募集して、審査の上、助成するようにしてはどうかという意見が出された。また、年会については、英語の発表が演題数増加の障害になっている可能性に関して指摘があったが、当面年会は英語での発表を維持することになった。一方研究会に関しては、日本語で積極的に行っていく方向で検討していく。また、研究会に広く人を集めめるため、複数の研究会を合同で行い、最近の話題に関係した演者を招待するなど、「ここにゆけばトレンドがわかる」というような魅力的な開催を目指すとよいのではないか（白井幹事）、との意見も出された。

以上

■ 第24回評議員会議事録

日 時：平成21年3月26日15:00—17:00 場 所：東京大学医科学研究所 新病院棟8階会議室

出席者：後藤（会長）、松田（副会長）、秋山、有田、白井、本野（幹事・評議員）、深海、坊農、水口、水島、江口、木下賢吾、榎原、藤、矢田、奥村、金谷、木下聖子、須山、富井、野口（評議員）、中井、平川（幹事）、渋谷（幹事・議事録）、鈴木（事務局）

1. 日本バイオインフォマティクス学会のホームページについて

日本バイオインフォマティクス学会のホームページについて平川幹事より報告があった。ホームページ上では、学会の詳しい内容の説明が初期の趣意書で代替されており、現況は変化している可能性があるので、改善が好ましいのではないか、という報告があり、それについて今後議論をし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秋山幹事より報告があった。学会からは、この認定試験に20万円の支出を行っている。この会計報告の承認がなされた。また、関連して秋山幹事よりこの認定試験委員会の委員長を今後学会として正式に選んではどうか、という提案がされ、議論がされた。その結果、認定試験委員会委員長は、日本バイオインフォマティクス学会認定試験担当幹事として会長が任命することになった。

3. 年会開催について

松田副会長より、今年度年会に関する報告があった。参加者が261人と盛況であったこともあり、収支決算は約31万円の黒字となった。この会計について承認された。

4. GIW2009について

榎原評議員より、GIW2009の体制および会計計画に関する報告があった。今回はパシフィコ横浜で行う予定である。例年GIWでは学生旅費の補助をJSBiから行っているが、本年度も行うことになった。また、学会の総会をGIWと並行して開催すること、および学生会員のGIW参加費用の補助等に関して、今後議論していくことになった。

5. 今年度会計中間報告

鈴木（事務局）より、今年度の会計の中間報告があった。今年度は、年会の繰越等が予想より多く、来年度への繰越が例年よりも多くなる見込み。なお、今年度は年会の運営にあたって若干の黒字が出ていたが、このような残金が出た場合の扱いに関して議論がなされた。現状では学会に戻して管理しており、それで問題ないかと思われるが、今後さらに検討していくことになった。

6. 研究会・地域部会活動報告

鈴木（事務局）より、研究会・地域部会活動に関する報告が行われた。また、藤評議員より、九州部会の活動に関して報告があった。これらの研究会、地域部会に関しては、今後改革を行い、提案型の研究会を検討していくことになった。

7. 第二回台湾日本若手科学者会議について

有田委員より、第二回台湾日本若手科学者会議に関する報告がなされた。JSBiからは学生の参加者3名分の旅費負担額相当の援助を行っている。

8. 共同利用要望書について

鈴木（事務局）より、本学会に要望のあった共同利用要望書について報告があった。大阪大学蛋白質研究所、東京大学医科学研究所、東京医科歯科大学難治疾患研究所に提出している。

9. ニュースレターについて

白井幹事よりニュースレターについて報告があった。

10. AASBi代議員について

後藤会長より、AASBi代議員に関して報告があった。今後、代議員の選出方法について議論が行われ、今後代議員を選出する者は、少なくとも1人はJSBi幹事に任命することになった。また、今後の代議員の選出に関しては今後議論を行っていくことになった。

12. 合同研究会・総会について

次年度の合同研究会、総会の開催について議論がなされ、総会は12月に年会とまとめて開催する方向で今後検討していくことになった。今年度の会計報告および次年度の予算案については、5月頃に開催予定の評議委員会で仮承認を得ることを予定している。

13. 入門書について

藤評議員より、中高生などのビギナーに対する啓蒙書を学会が出せるかどうかこれまで検討してきたが、現段階では難しい、との報告があった。

14. 平成21年度会長選出選挙

来年度の会長選出選挙が行われ、後藤現会長が来年度の会長として再任された。
以上

■ 第30回幹事会議事録

日 時：2009年6月12日(金) 15:00～19:00 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：後藤（会長）、松田（副会長）、有田、白井、平川、本野、宮野、鈴木（事務局、議事録）

1. 平成20年度収支決算報告

事務局鈴木より、平成20年度の決算報告が会計監査に承認されたとの報告があった。

2. 平成21年度予算案

事務局鈴木より、平成21年度の予算案が示された。本案にて、次の評議員会に諮ることとした。

3. GIW2009/JSBi2009について

事務局鈴木より、GIW2009の開催要領について報告があった。参加費は、正会員3万円、学生会員1万円が基準となっている。開催予算として、250万円学会に申請したい。

申請通りの予算額で評議員会に諮ることになった。

総会は12月15日(火)に開催することに決定した。

4. 平成21年度バイオインフォマティクス技術者認定試験

本年度の認定試験について、事務局鈴木より簡単に説明があった。本年度は、全国6都市にて開催する。予算は、前年度からの繰越金(144,365円)と合わせて344,365円とし、評議員会に諮ることとした。

5. 研究会・地域部会について

事務局鈴木より、各研究会・地域部会の活動予定及び、本年度の予算申請について報告があった。昨年度までは、各研究会・

地域部会に同額の予算割り当てていたが、本年度より、各会に必要な予算を申請してもらうことになっている。

- ・活動実績と申請予算が釣り合っているかどうか確認する必要がある。(白井)
- ・学会規定の謝金額が少ないため、旅費と謝金の支給を辞退する招待講演者が多い。もう少し支給額に幅を持たせることはできないか。(本野)
- ・非会員から参加費を徴収する必要はないのではないか。(白井)
- ・会員の参加費無料は、会員のメリットでもあるので非会員からの参加費徴収は必須である。
- ・会員を増やす目的で初回を無料にするのであれば問題はないだろう。(有田)
- ・各会の代表が集まり、報告会を開くべきではないか。(後藤)
- ・総会開催時に、主査及び部会長が集まり、ミーティングを持つはどうか。(有田)
- ・各会の情報を共有すれば、研究会等の活性化につながるので、集会を持つべき。(白井)

予算は、申請通りに評議員会に諮ることとした。また、総会時に研究会・地域部会のミーティングを持つことになった。

6. AASBi のJSBi代議員について

AASBi代議員選出について宮野幹事からの次のような提案があった。現在、JSBiからの代議員は、宮野悟、秋山泰、馬見塚拓の3名であるが、秋山代議員の継続が難しいため、新たなメンバーの選出が必要である。宮野が可能な限り継続し、JSBi会長がその任期の間代議員を務め、さらに1名は無理のないように継続するという案はどうか。

- ・代議員は、JSBiの顔であるのが望ましいため、会長が務めるのがよいと思う。(有田)
- ・会長、前会長、会長の指名した人の三名はどうか。(白井)
- ・会議出席のための旅費を学会から支給できると良い。(本野)
- ・会長選挙の時期を早めてはどうか。(後藤)

本年度は、宮野悟、馬見塚拓の二名に加え、後藤会長の就任が決まった。また、会長選挙の時期については、今後も議論していくこととした。

7. 学会サーバ外部委託、ホームページリニューアルについて

平川幹事より、学会サーバの外部委託について提案があった。現在、東大医研の宮野研究室内に学会のサーバを置いていますが、サーバの老朽化及び維持管理の負担が大きいこと、また、学会事務局の将来を考慮し、サーバを外部委託すべく準備中である。具体的には、ホームページ、データベース、メールサーバ、論文投稿システム(サイバーチェア)のすべてを宮野研外の管理会社に置くことになる。これを機に、ホームページと、会員データベースの改定・刷新をする予定である。予算は、初期費用として150万円の予

算を申請したい。また、来年度からの年間契約料は、60万円程度になる見込み。

- ・ホームページは、事務局の移動の可能性や学会活動の活性化を視野に入れ、使い易いCMSで運用すべきである。(有田)
- ・ホームページを会員が参加しやすい内容に改めたい。そのため、会員の利用のしやすさを第一に考えてコンテンツをリニューアルしたい。(平川)
- ・サーバを外部委託する場合、どこからでもアクセスできることを前提に進めるべき。(白井)
- ・そもそも、サーバの外部委託の必要があるのか。(有田)
- ・コンテンツの整理は本年度中に済ませ、ほかの作業は来年度以降に回してはどうか。(松田)

サーバの外部委託は、事務局の移動の可能性や、会員のアクセスのし易さを念頭において、議論をしながら進めていくことにした。また、ホームページの改訂・刷新は、速やかに進めることにした。

8. 夏の学校について

本年度の夏の学校開催に関し、有田幹事から次のような報告及び提案があった。

「生命情報科学若手の会」に、夏の学校の開催を打診したが色よい返答がなかったため、新たに「定量生物学の会」との共催を検討しているが、どうか。

特に異論はなく、夏の学校として大学院生などの若手向けの共催イベントを企画することになった。

9. 学会の今後について

平川幹事より、学会設立10年目の節目に、学会の今後を考える機会を設けてはどうかと提案があった。

- ・世代や立場を超えて会員の交流の場を設け、学会の運営等について意見交換をし、様々な意見を募りたい。(平川)
- ・会員数の増加は頭打ちで、徐々に減少している現況があるので、会員数をいかに増やすか、収入源をどのように保つかを検討する時期である。(宮野)
- ・事務局機能を東大医研宮野研に頼っている状況も検討すべきだろう。(後藤)
- ・ホームページの充実を図り、学会の活動を分かりやすく伝え、且つ会員の意見を吸い上げられるような環境を整えるべきである。(有田)
- ・ホームページに研究室リンクを張ってはどうか。(白井)
- ・学会のロードマップを作ってはどうか。(白井)
- ・過去の学会活動の総括に時間を費やすのではなく、バイオインフォマティクスを志す人が将来どんなことができるのかヴィジョンや方向性を示すべく、ロードマップを作るべき。(宮野)
- ・ホームページにロードマップを掲載するのはどうか。(本野)

平川幹事を中心にロードマップ作成プロジェクトの立ち上げを、評議員会に諮ることとした。

以上

■ 第25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21年6月26日10:00～12:00 場 所：東京大学医科学研究所 新病院棟8階会議室

出席者：後藤(会長)、松田(副会長)、有田、榎原、白井、本野(幹事、評議員)、秋山、江口、木下賢吾、矢田、奥野、奥村、

皿井、須山、中村、野口(評議員)、中井、平川(幹事)、渋谷(幹事、議事録)、鈴木(事務局)

1. 平成20年度事業、収支決算報告

平成20年度の事業、収支決算報告について後藤会長より報告があった。

2. GIW2009について

GIW2009について榎原評議員より報告があった。

GIWは12月14日～16日にパシフィコ横浜で行われる。

またLuncheon セミナー等の募集について議論がなされ、企業等に打診することになった。

3. サーバについて

平川幹事より、学会サーバの維持管理の外部委託に関して報告があった。

現在、学会ホームページは東京大学宮野研究室で管理されているが、これが老朽化しているため、(株)プランシュ コンサイエ・デサンスに業務委託することを検討中である。また、内部コンテンツに関して、今後改善していく。

4. 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中井幹事より報告があった。今年度は試験会場を増やす予定。また、今後の問題作成方法、問題の難易度などについて議論がなされた。

5. 地域部会について

後藤会長より、北海道地域部会、関西地域部会に関して人事の変更についての報告および、各研究会、地域部会の活動予定について報告があった。

また、地域部会の主査を集めてのミーティングの開催を今後していくことが報告された。

また、有田評議員より、公募式の研究会の募集をすることについて提案がなされ、今年は1回試験的にやってみることになり、予算として25万円を計上することになった。時期としては、募集締め切りを9月末とし、年度後半での開催をめざす。

6. AASBiの代議員について

後藤会長より、AASBiの代議員について報告があった。

今年度は宮野悟、馬見塚拓、後藤修の3名とすることが承認さ

れた。この人選に関して今後ルールを制定していくことになった。

7. ニュースレターについて

白井評議員より、ニュースレターについて報告があった。

特集として、「ドライとウェットのシワセな関係(仮題)」という企画を予定している。

8. 夏の学校について

有田委員より、夏の学校について報告があった。

今年度の夏の学校は定量生物学の会との合同企画で、御殿場時之栖にて9月12日～13日の予定で講師選定等の計画を進めている。

9. ロードマップ策定について

平川幹事より、バイオインフォマティクス学会の今後のロードマップの策定案に関して報告があった。

学会の組織運営、バイオインフォマティクスの研究の今後の展望等について議論がなされた。

・授業資料を載せる、研究室の情報を載せる、等の役に立つ情報があるとよい(有田)

・著作権などをクリアするのは大変(白井)

・学生の論文などを集めてはどうか?(奥野)

・研究者のリンクのリストがあってもよい(木下)

・会員を増やすためにはどうすればいいか、というのがまずは重要(松田)

・学会誌のようなものは作れないか?(木下)

・誰に対して発信するロードマップかを明確にした上で、アクティビティを行ってもよいのではないか?(江口)

以上

学会の現況

・有効会員数 (平成21年9月7日現在) 正会員:430名 (学生会員42名を含む) 賛助会員:26社

賛助会員一覧(平成21年9月7日現在)

日本SGI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
塙野義製薬株式会社
株式会社富士通九州システムズ
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
株式会社日立製作所
日本新薬株式会社
三井情報株式会社
中外製薬株式会社

科学技術振興機構
株式会社インテックシステム研究所
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
有限会社パスウェイソリューションズ
株式会社理研ジェネシス

日本バイオインフォマティクス学会平成21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	西垣 功一	(埼玉大学工学部)	北島 正人	(株式会社富士通九州システムズ)	
幹事	有田 正規	(東京大学大学院新領域創成科学研究科)	中井 謙太	(東京大学医科学研究所)	
	榎原 康文	(慶應義塾大学理工学部)	平川 美夏	(京都大学化学研究所)	
	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CBRC)	
地域部会長	伊藤 公人	(北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター)	妹尾 昌治	(岡山大学大学院自然科学研究科)	
	中山 雅晴	(東北大学大学院医学系研究科)	藤 博幸	(九州大学生体防御研究所)	
	奥野 恭史	(京都大学大学院薬学研究科)			
評議員	秋山 泰	(東京工業大学大学院情報理工学研究科)	奥野 恭史	(京都大学大学院薬学研究科)	
	有田 正規	(東京大学大学院新領域創成科学研究科)	奥村 利幸	(三井情報株式会社)	
	江口 至洋	(株式会社ジーエヌアイ)	金谷 重彦	(奈良先端科学技術大学院大学)	
	金久 實	(京都大学化学研究所)	木下 聖子	(創価大学工学部)	
	木下 賢吾	(東京大学医科学研究所)	皿井 明倫	(九州工業大学情報工学部)	
	榎原 康文	(慶應義塾大学理工学部)	須山 幹太	(京都大学医学研究科ゲノム医学センター)	
	白井 剛	(長浜バイオ大学バイオサイエンス学部)	高木 利久	(ライフサイエンス統合データベースセンター)	
	藤 博幸	(九州大学生体防御研究所)	富井 健太郎	(産業技術総合研究所CBRC)	
	本野 千恵	(産業技術総合研究所CBRC)	中村 保一	(国立遺伝学研究所/かずさDNA研究所)	
	矢田 哲士	(京都大学大学院情報学研究科)	野口 保	(産業技術総合研究所CBRC)	

世界市場／業界調査レポートのご案内

ライフサイエンス & 創薬R&D用 ITソフトウェア・ツールに関する調査

刊行日:8月17日2009年 價格:\$1,495.00

お問い合わせ先:富士経済USA(www.fuji-keizai.com)

Eメールアドレス:sabe@fuji-keizai.com

**平成21年度
バイオインフォマティクス
技術者認定試験**

試験日 平成21年11月29日(日)

過去問は
webに！

試験地 札幌、仙台、東京、長浜、大阪、福岡
受験資格 問いません
受験申し込み 9月1日(火)～10月15日(木)
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者択一式によって分子生物学、
 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)

試験結果は各分野ごとの得点分析とともに通知されますので、繰り返し受験頂いて理解レベルを確認することができます。webサイトでは過去問や参考問題等を公開しています。

詳しくは www.jsbi.org まで



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

〒108-8639 東京都港区白金台4-6-1
 東京大学医学研究所機能解析イン・シリコ分野内
 TEL:03(5449)5131, E-mail:nintei@jsbi.org

**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 滋賀県守山市二の宮1-11-9 TOSビルII
Tel: 029-860-2377 Fax: 029-860-2378
ウェブサイト: <http://www.nabe-intl.co.jp/>

JSBi



巻頭言にもあります、GIWも日本に帰ってきて、JSBiは創立10周年を迎えます。学会としての総括と将来計画の中で、当然このニュースレターも俎上に登ります。みなさまの忌憚のないご意見をお待ちしています。

(白井)

東京はほとんど夏らしい日がないまま早くも秋がやってきた感じです。こんなに涼しいのに「夏の学校」はどうなんでしょう?「秋の学校」のほうがぴったり来ますが、こういう学校にはあまり参加したくないですね。恋に破れそうで。

(鈴木)

JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS