



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20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	[国際会議レポート].....15
[特集:医の算術:医療インフォマティクス].....2	[リレー紹介:日本のバイオインフォマティクス研究室].....16
[研究会の活動報告].....8	[学会からのお知らせ].....17
[地域部会の活動報告].....10	[学会議事録等].....18
[公募研究会の活動報告].....12	[学会の現況].....19
[GIW2009レポート].....13	[編集後記].....20

◆ 巻 頭 言 ◆

科学技術分野において、アウトリーチ活動すなわち一般市民などへの啓蒙と双方向の対話の重要性が認識されつつある。「ゲノムひろば」などもアウトリーチ活動の好例であろう。しかし、である。バイオインフォマティクス研究においては、一般市民への浸透よりも、隣接する研究分野の専門家に対するアピールのほうがまず危念に必要なのではないか。そう思う機会があった。

神戸に建造中の次世代スーパーコンピュータ(いわゆるペタスケールコンピュータ、ペタコン)の関係者と議論していた時のことである。

「バイオインフォの研究者の人って、並列計算機を使う人が少ないですよ」「えっ?」

「自分でプログラムを書けない人が多くて既存のツールを組み合わせさせて使うから、perlとかrubyとかjavaとかいろんな言語が同時に必要とか言い出すんですよ」「はあ?」

全くかみ合わない散々な議論であった。もちろん、バイオインフォの分野こそが、世界の並列計算機の需要を引っ張った時代があることや、埃まみれのFortranコードにしがみついている分野の人などよりも、どれほど現代の計算機システムを熟知し愛している研究者が多いことかと反論した。相手の無知ぶりに腹も立った。Fortranやアセンブリ言語で書いてハードウェア性能を限界まで引き出せるのは、既に方程式が確立している分野だからだ。サクサクとプロトタイプを作って、様々なデータ解析のアイデアを試していけば勝負に

ならない、データ中心の科学が重要になりつつあるということを理解していない。そちら半分の科学を完全否定したらペタコンの価値など半減だ。しかし仕方がないのかも知れない。おそらく問題点は、どこか我々の側にもある気がした。技術的な問題ではなく、これまでのコミュニケーションに起因する問題である。

素粒子・材料科学・気象・宇宙、さまざまな応用分野で大規模計算機が使われており、対応する学会や集会有る。しかし彼らはたとえば情報処理学会のHPC(高性能計算)やアーキテクチャ研究の集まりに顔を出したり、人的交流があるようだ。彼らの活動内容や流儀は隣接分野からも認識されており、関連する役所にも話が届いているらしい。

それでは一方、バイオインフォマティクスの分野はどうなのだろうか。バイオインフォは新しく勃興した真に学際的な分野である。我が国では、黎明期に情報系からも多くの優秀な先輩方が移籍してきた。数理モデル、機械学習、並列処理、自然言語処理、ネットワークワーキング、など様々な分野の人材が高い志を持って流入し、単なる寄せ集めではない「バイオインフォマティクス」という学問分野の



骨組みを作りあげた。しかし、これは私の単なる誤解かも知れないが、我々の分野は学問的な高みは確保できたが、まだ人材の層が薄く、工学的なセンスによる効率の向上、ソリューションのパッケージ化、大規模な実証研究などに携わる研究者が少なすぎるのではないだろうか。

また、バイオインフォマティクスの先端研究を進めながらも、HPCなり、機械学習なりの出身コミュニティに戻って、そちらの分野でも活躍して、若手を集めてくるような動きが足りないのではないだろうか。バイオインフォ研究者はいつも極端に多忙で、まじめな研究者にはバイオインフォの文脈から外に出ていく余裕など無いのかもしれない。ここまでは情報系との関係だけを述べてきたが、はたして医学系や生物系の分野にも、バイオインフォマティクスは正しく理解され、応援をして貰っているのだろうか。

ここで最初の話に戻る。私が勝手に感じ取っている印象では、日本のバイオインフォマティクス研究は、高度な研究を打ち出す体制はできているものの、周辺分野と行き来する境界型の人材をそぎ落とす過ぎてしまったのではないだろうか。JSBiの将来を考えたとき、我々会員が外の分野とのつきあいを増していくことは、一時的には不安定に見えても、長期的には多くの人材を学会に引き寄せるきっかけにな

らないだろうか。隣接分野に対するアウトリーチ活動について、面倒くさがらずに考えていくことが今後のJSBiに必要ではないか。他学会の大会で1セッションをJSBiが提案する、他学会とイベントを共同企画する、などであろうか。一般市民へのアウトリーチは後回しでよいとまでは言わないが、変革のための時間は限られていると感じる。

変革などと大げさな事を書いてしまったが、ここでもう一つ確認しておくべき事がある。

別にJSBiは今のままでも立派で、バイオインフォ研究もバイオインフォ研究者も今のままでも内部的には何も困らないだろう。しかし、隣接する科学分野や社会全般からやや距離を置き、もしもまるで純粋数学研究のように孤高を保つとすれば(そこまで極端でなくても、やや孤立主義の比率が高くなると)、社会の求めるバイオインフォマティクスへの期待感との間で埋められぬギャップを生じるおそれはないのか。

アウトリーチ活動とは本来、単なる宣伝ではなく双方向性を持つものだそう。隣接分野とのふれあいの中で、JSBiや我が国のバイオインフォマティクス研究者が、自らのアイデンティティを見つけるヒントが得られるかも知れない。創設10年を越えたJSBiが、その“幼年期”の終わりを迎えて、大きく飛躍する契機の一つとなることを願っている。

秋山 泰 (東京工業大学)

特集:医の算術:医療インフォマティクス

■ 医療に対するインフォマティクスからのアプローチ：医療の効率化へ向けて

新村 芳人(東京医科歯科大学難治疾患研究所) 柴田 匡邦(東京医科歯科大学大学院医歯学総合研究科)
大橋 渉(先端医療振興財団臨床研究情報センター) 田中 博(東京医科歯科大学大学院疾患生命科学研究所)

1. はじめに

本号の特集である「医療インフォマティクス」には、多様な研究分野が含まれる。

近年の生命科学研究における解析技術の発展に伴い、ゲノム、トランスクリプトーム、プロテオームなどの網羅的データ(オミックスデータ)が比較的簡便に得られるようになった。これらの膨大な情報から有用な知見を引き出すためには、データマイニングや統計学的手法、機械学習といった情報科学的アプローチが必須であることは、バイオインフォマティクス学会の会員にとっては周知のことであろう¹⁾。

情報技術の医療への応用も、医療情報学の主要な研究テーマである。我々のグループでは、EHR(electronic health record、生涯健康医療電子記録)の普及や、ICタグを利用したユキピタス医療、内視鏡などの詳細医療画像の遠隔医療を推進している。

また近年、マスコミで医療崩壊が声高に叫ばれている。高齢化社会の進展と医療技術の高度化により、医療コストが増大するとともに、医療サービスに対する格差の拡大も懸念されている。医療という万人にとって必須のサービスを、質を維持・向上しつつ公平に効率よく供給するにはどうすればよいかは、早急に解決すべき重要な問題である。このような問題に対しても、インフォマティクスを用いた解析が有用である。

本稿では、このような問題に対し、我々のグループで最近行った研究から2点紹介したい。

2. 日本における医師偏在の動向

現在の日本において、医師不足は深刻な問題である。日本政府は、医師数の増加が医療費の増加をもたらす、日本の経済発展を妨げるという「医療費亡国論」に従い、1980年代より医学部の入学定員の削減を行ってきた。その結果、2000年代になり、医師の絶対数の不足および医師の偏在が顕著となった。そのため、政府は政策を転換し、2008年より医学部定員を増加させることを決定した。

しかしながら、単純に医師数を増加させることで医師偏在が解消するかどうかは、明らかではない。医師の偏在は、日本だけでなく世界の多くの国々で深刻な問題となっている。医師数を増加させることにより、医師偏在が改善した国がある一方で、逆に悪化した国もある。そこで我々は、医師偏在に影響を与えると思われる4つの要素—医療施設、都道府県、診療科、年齢別人口—を検討し、日本における医師偏在の動向について、詳細な解析を行った。

図1Aは、1996年から2006年までの、日本全体における人口千人当たりの医師数(Physician-to-Population Ratio, PPR)の変動を示したものである。ここで、人口データとしては、総務省による国勢調査(1995年、2000年、2005年)のデータを用い、医師数のデータは、厚生労働省の「医師・歯科医師・薬剤師調査」(1996年から2006年まで2年ごと)を用いた。両方で調査年が一致しない分については、総務省の「人口推計」のデータを参照して補正を行った。

また、病院に勤務する医師と診療所に勤務する医師とを別々に集計した。図1Aの結果は、人口当たりの医師数は、1996年から2006年までほぼ一定の割合で増加していることを示している。

次に、同じ期間における医師偏在の動向を、各市町村に含まれる人口と医師数を用いて解析した。偏在の指標としては、ジニ係数を用いた。ジニ係数は、社会における所得の不平等さを測る指標として用いられるが、特定の人口あたりに占める医師の割合を用いることにより、医師偏在の研究にも応用されている。1995年から2006年にかけて、いわゆる「平成の大合併」によって自治体の数は3234から1840に大幅に減少した。そのため、ここでは、すべてのデータを2006年時における1840自治体に集計し直してから解析を行った。

X軸に、PPRが小さいものから順に自治体を並べたときの各市町村の人口の累積割合、Y軸に各市町村の医師数の累積割合をプロットすることにより、ローレンツ曲線が得られる(図1B)。ジニ係数は、対角線とローレンツ曲線に挟まれた面積(図1Bのb)と、対角線とX軸に挟まれた面積(図1Bのa + b)との比として計算される。ローレンツ曲線は、偏在が小さければ対角線に近づき、偏在が大きければX軸に近づく。従って、ジニ係数は0と1の間の値をとり、値が大きいくほど偏在が大きいことを示す。0が最も平等な状態(すべての市町村における医師の密度が同一)であり、1がもっとも不平等な状態(一つの市町村がすべての医師をもつ)である。

図1Cに示すように、1996年から2006年にかけてジニ係数はわずかに減少しており、全体として医師の分布は改善している。しかし、病院に勤務する医師数の方が診療所に勤務する医師数よりもはるかに多い(図1A)にもかかわらず、病院勤務医の分布の方が偏在が顕著であった。つまり、現在の病院の配置は、人口の分布とは必ずしも対応していない。1985年の医療法の改正に伴い、二次医療圏ごとに必要病床数を制限したため、新しい病院の設立が困難になった。このことが、病院勤務医数の偏在を招いた原因の一つと考えられる。

都道府県別で見ると、西日本の都道府県のPPRの方が東日本よりも大きいという明らかな傾向が見られた(図2A)。この理由はよく分からない。一方、ジニ係数は都道府県ごとに大きく異なっていたが、明らかな地域的傾向は見出されなかった。2006年における各都道府県のPPRとジニ係数との間には、相関関係は見られなかった(図2B)。

すべての都道府県で、1996年に比べ2006年のPPRは増加しているにもかかわらず、ジニ係数が減少した(医師偏在が改善した)都道府県は全体の約半数にとどまった。1996年と2006年のPPRの比と、1996年と2006年のジニ係数の差との間にも、有意な相関は見られない(図2C)。このことは、医師数を増加させることが、必ずしも医師偏在を改善させるわけではないことを示している。つまり、各都道府県における偏在の改善のためには、その地域に合った政策が必要である。

また、診療科ごとに同様の解析を行った結果、1996年から2006年の間に、17の主要な診療科のうち内科、外科、産婦人科、耳鼻咽喉科のPPRが減少していた。一方、同じ期間に医師偏在が悪化したのは産婦人科のみであった。

さらに、人口データを小児人口(14歳以下)、生産者人口(15-64歳)、および老年人口(65歳以上)に層別し、解析を行った。その結

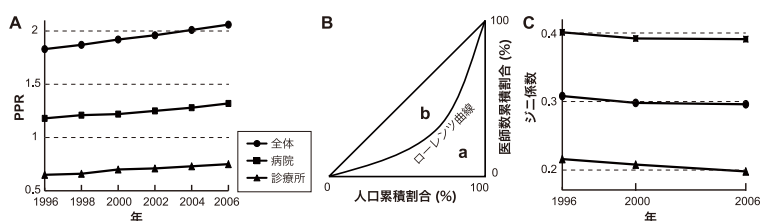


図1(A) 日本全国におけるPPRの変動。病院に勤務する医師と診療所に勤務する医師とを別々に解析した。丸、四角、三角はそれぞれ全体(病院勤務医+診療所勤務医)、病院勤務医、診療所勤務医を表す。(B) ジニ係数は、 $b / (a + b)$ で計算される。(C) 日本全国におけるジニ係数の変動。丸、四角、三角は(A)と同様。

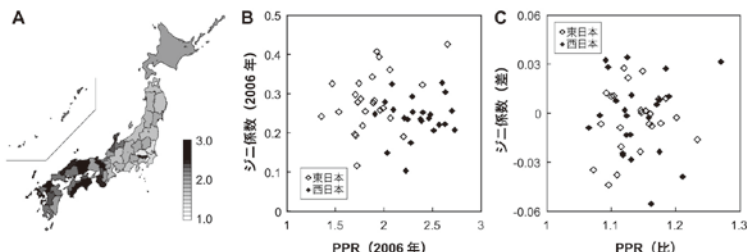


図2(A) 2006年の都道府県別PPRの値。(B) 2006年における、都道府県ごとのPPRとジニ係数との相関(スピアマンの順位相関係数 $r_s = -0.102$, $p = 0.494$)。(C) 都道府県ごとのPPRの比とジニ係数の差との相関(スピアマンの順位相関係数 $r_s = -0.040$, $p = 0.787$)。PPRの比は、各都道府県の2006年のPPRを1996年のPPRで割った値。ジニ係数の差は、2006年のジニ係数から1996年のジニ係数を引いた値。

果、1996年から2006年の間に、すべての階層で医師偏在は改善されたことが示された(小児人口に対する医師数は、小児科医と小児外科医の数をを用いた)。しかし、小児や老人は罹患率が高いにもかかわらず、小児人口と老人人口に対する医師偏在の方が、生産者人口に対する偏在よりも顕著であった。

以上の解析により、全国的に見れば、医師数の増加に伴って医師の分布は改善傾向にあるものの、単純に医師数を増加させることが医師偏在の解消につながるわけではないことが示唆された。改善の程度は、医療施設、都道府県、診療科、および年齢別人口により大きく異なっている。従って、医師が少なく偏在が顕著な都道府県、小児人口や老人人口の多い地域、および医師不足が顕著な診療科に優先的に医師を配分することが必要だと考えられる。

3. ゲノム情報利用による臨床試験の効率化と経済効果⁽²⁾

次に、医療経済を考える上で欠かすことのできない、医薬品の開発について考えてみよう。現在、医薬品の世界市場規模は80兆円とも言われ、世界的な高齢化と人口増加により、医薬品の需要はますます高まっている。

多くの医薬品は万人対応(One size fits all)の原則で開発される。そのため、薬効が認められる患者(responder, RE)、薬効が認められない患者(non-responder, NR)、薬効が見えにくい患者(extensive-metabolizer)、さらには効きすぎる患者(poor-metabolizer, PM)が存在する。特に、抗癌剤などではREが20%程度という場合もあり、投与してみなければ効き目があるかどうか分からない場合も多い。NRへの投与は、副作用で患者を苦しめ、薬剤費と副作用のケアで二重に国民医療費を浪費してしまう結果となる。

そのため、近年、患者個人の体質に合致した治療方針を選択する個別化医療の重要性が叫ばれている。SNP(一塩基多型)等の遺伝子情報の利用により、薬や投与量も各個人に最適なものを選択できるようになることが期待されている。例えば、NRには投与せず、PMに対しては投与量を減らすことも可能になり、患者の副作用を軽減し、無用な投与の回避により医療費も削減できるという大きなメリットがある。

ところが、20社中13社の製薬企業が、臨床試験へのファーマコゲノミクス(pharmacogenomics, pgx)の導入は困難だと回答してお

り、当の製薬企業は必ずしもpgxの導入に積極的ではない。「ガイドラインがない」「試験の方法論が不明」といった倫理的、技術的問題が大きな理由だと考えられるが、もっと現実的な問題も存在する。

従来は、投与してみなければ薬効があるかどうか不明だった患者が、もし遺伝子検査で事前にNRであることが判明すれば、投与は行なわれないことになる。従って、製薬企業にとっては、個別化医療の進展は、市場規模の縮小につながる部分があると考えられる。とはいえ、患者や財政にとって多くのメリットが見込まれる個別化医療の導入は必須である。そこで以下では、臨床試験へのpgxの導入は、製薬企業の利益を損なうのかという点について考察してみたい。1983年から1986年にかけて米国で実際に行われた、抗血栓薬ワルファリンと対照薬であるアスピリンとの薬効比較試験 (Warfarin-Aspirin Re-Infarction Study, WARIS) の場合で検討してみよう。

臨床試験においては、まず必要症例数を決定する必要がある。主要評価項目が反応率の差である場合は、両群の反応率の差が大きく見込まれるほど必要症例数は少なくて済む。例えば、被験薬群の反応率が70%、対照薬群の反応率が60%と想定された場合には、有意水準5%、検出力80%で有意差を検出するためには、各群の必要症例数は356症例と計算される。ところが、仮に被験薬群の反応率が80%であるとする、これが82症例に抑えられることになる。

WARISの場合、被験薬(ワルファリン)群、対照薬(アスピリン)群それぞれ607症例が用いられた。この症例数から、検出力80%、有意水準5%で χ^2 検定により反応率の差を検出できるとし、アスピリンの反応率を50%と仮定すると、ワルファリンの反応率は58%と推定される。

さて、ゲノム情報を用いた層別によりNRの抽出を行うことで、被験薬群の反応率を上昇させることが可能になる。もし、被験薬群の反応率を58%から5%上昇させて63%としたとすると、必要症例数は各群で228症例に減少する。従って両群では、 $(607-228) \times 2 = 758$ 症例の削減につながる。1症例あたりの費用を2.5万ドルと試算すると、1895万ドルの削減となる。

また、症例数の削減により臨床試験の早期終了が見込まれるため、新薬の発売を前倒しすることが可能になり、特許期間内の発売可能日数を増加させることができる。WARISの場合、症例登録期間は合計で1178日間であった。この期間に1214例の試験を行ったから、1症例あたりの必要日数は1.03日と計算される。すると、758

例の削減により、市場投入の前倒し効果が781日となるため、限られた特許期間内で2年以上も新薬の寿命が延びることになる。ワルファリンの売上は年間7億ドルであるから、この効果は非常に大きいと考えられる。

もちろん、従来NRに販売していた分の売上は失われるので、実際に売上が14億ドル増加することはない。また、pgx臨床試験では試験前に遺伝子検査を行う必要があるため、その分試験コストは上昇する。ただし、将来的に遺伝子検査キットの低価格化などの条件整備が進めば、このコストは低減されることが期待される。

また、pgxの導入は、臨床試験中に発生する有害事象の回避にもつながる。原因遺伝子から有害事象の発症が予想される場合、対象患者を臨床試験から除外することにより、有害事象のリスク低減が可能になる。有害事象が原因で死亡に至った場合は平均110万ドル、回復不能な障害に対しては平均430万ドルの賠償が必要であることを考えれば、決して遺伝子検査費用は高価ではない。仮に遺伝子検査を第2相で行うのであれば、第3相以降の有害事象や市販後の副作用の回避にもつながり、試験コストの増大は臨床試験の後半にも十分に回収可能である。

このように、遺伝子検査による事前のスクリーニングは、副作用及び臨床試験中の有害事象発症リスクの軽減につながる。入院、死亡に対する賠償コストや、それに伴う製薬企業の信用の失墜を考慮すれば、有害事象や副作用の回避は、製薬企業にとっては非常に大きな利益となるだろう。臨床試験にゲノム情報を利用することで、医療費減少にもつながり、患者、企業、財政の三者にとって非常に大きな利益が期待されるのである。

¹ WARISでは、実際は脳心血管イベントの発生率のHazard比を評価項目としているが、ここでは簡単のため、薬剤反応率を評価項目とした同サイズの臨床試験を想定する。

<参考文献>

- (1) Tanaka, H. (2010) Omics-based medicine and systems pathology: A new perspective for personalized and predictive medicine. *Methods Inf Med.* (in press).
- (2) Ohashi, W. and Tanaka, H. (2009) Benefits of pharmacogenomics in drug development - earlier launch of drugs and less adverse events. *J Med. Syst.* DOI 10.1007/s10916-009-9284-7.

統計科学における常識

濱崎 俊光 (大阪大学大学院医学系研究科・医学統計学)

1. 医薬品の研究・開発・製造・販売の過程は、安全で有効な医薬品を、それを必要とする患者に迅速に提供することを最終目的として、段階的に実施される非臨床試験と臨床試験・調査の連鎖からなる。非臨床試験では、医薬品の生理学的・毒性学的作用やヒト(健康被験者・患者)に対する投与の量と期間の選択のための情報を得ることを目標として、動物がその評価の対象となる。その後、健康成人を対象とする医薬品の薬物動態と安全性の評価(第I相)、患者を対象とする医薬品の用量反応性と推奨用量範囲の設定(第II相)、および治癒薬の有効性の相対比較と安全性の評価(第III相)を通して、疾患に対して医薬品がどの程度有効か、副作用はどの程度まで発現するかなどが、「疾患 対 医薬品」の観点で検討される(集団評価)。さらに、市販後評価(第IV相)では、第I相から第III相で得られた集団情報の確認的側面に加えて、個々の患者にあっ

た、より適応的で実証的な現場での医薬品の用い方を知ることが一つの目標である(個の評価)。そして、この一連の過程において評価対象が「動物」→「健康成人」→「計画書に適合する患者」→「実際の患者」へと変化し、また評価の観点が集団から個へと変化するなかで、得られた情報を適切に評価し、それらの情報を次段階の様相に効率的にかつ効果的に接合し変換することが、医薬品の一連の過程の生産性と予測可能性を向上させ、安全で有効な医薬品を、それを必要とする患者に迅速に提供できることにつながる。

2. このよう背景のなかで、「バイオインフォマティクス」は、医薬品の研究・開発・製造・販売の過程において、医薬品に関する情報の評価・変換・接合を効率的に、かつ効果的に行うための、コンピュータ指向型技術を駆使する学問領域を指し(例えば, Oliva et al.

(2008)を参照),医薬品のリスク・ベネフィット評価の質,信頼性や妥当性を向上させ,より有効で安全な医薬品を提供できることに大きく貢献すると期待されている,とくに,情報の評価・変換・接合では,モデル化とシミュレーションによる接近法が主体となるが,そこでは,“Keep it Simple”の精神のもと,モデルあるいはシミュレーション履行の設定や仮定が複雑でなく理解できる形式で提示されること,得られた結果が妥当で合理的であり経験にも検証されるといった観点を忘れてならない,そして,バイオインフォマティクスを支える基盤の一つ学問領域として,「統計学」あるいは「統計科学」がある。

3. しかし,残念なことに,実質科学分野において,Mark Twainによる次の表現に代表されるように,統計学はどうも胡散臭い学問と捉えられている:『世の中には,三つのうそがある: うそ,真っ赤なうそ,統計でつくうそ』。とりわけ,生命科学分野において,統計学(あるいは統計家)は,厄介者でへそ曲がりで嫌われ者である。例えば,19世紀の著明な生理学者Claude Bernardは,当時の医学の科学的発展と矛盾するように統計学を嫌っていた,これは彼の著書“Introduction to the Study of Experimental Medicine”(Bernard, 1865)の,次の1節に垣間みることができる:『…ある偉大な外科医が,ある一つの術式で結石の治療を行う,彼は,後に統計的方法を利用して,この手術の死亡率の法則は2/5であると結論づける,さて,この率は,文字通りに科学的に何らの意味ももたず,次の手術を実施するときに何らの確実性も与えない,…統計学によって,その事象の発生の確率が大きい,あるいは小さいといった憶測を得るが,それから何らかの確実性,何らかの絶対的決定を得ることは決してない…』。現代社会において,このBernardの統計学に対する批判は,直ちに理解され難いように思われる,むしろ,近代医学の父と呼ばれるWilliam Oslerの『医師が数えることを学習するとき,医学が科学になる』が,現在の医学における主流,すなわち「根拠に基づく医療(Evidence-Based Medicine)」を,まさに表現している。

4. 医学研究における統計科学の重要性が増す一方で,残念なことに統計学に対する誤解や統計的方法の誤用は少なくない,先の「統計でつくうそ」に代表される,この種の話は決して目新しいといった印象を与えるが,実質科学において何らかの判断の根拠の主体を「統計科学」あるいは「統計的方法」に求める限り,その誤用や失敗の話題は決して避けることのできない,根本的で奥深い問題である,ここでは,紙数を考慮し,医学分野でお馴染みの相関と値の二つの話題をとりあげ,改めて注意を喚起したい。

見せかけの相関(spurious correlation)

何らかの二つの変数の間の関連の強さを調べるとすれば,最初のとりかかりとして,散布図を描き,相関係数を算出するといった相関解析の実施は,最も簡便で有用である。相関の概念は最初にFrancis Galtonにより提示され,その後Karl Pearsonによって,より科学的な見地から定式化され,その性質が体系的に検討された。相関解析は,その最初の提案から100年以上を経た現在でも,最も頻繁に適用される統計的手法の一つであり,その適用範囲は自然科学から社会科学まで広範多岐にわたっている。実際に,相関係数の算出の機能を備えてない統計ソフトウェアは稀である,しかし,相関の適用と経験が蓄積されるに伴って,それにまつわる実際場面との食い違いも数多く指摘されている,そのなかでも,「見せかけの相関」の問題は,操作的にも解釈的にも,とくに重要である。

見せかけの相関は,「共通の構成要素からなる指標の間の相関」と定義される,そこに潜む問題は,二つの変数が何の関連ももたない

いとしても,共通の変数で規準化したうえで解析し直せば,ゼロでない相関係数の値が得られることにある,実際のデータ解析の現場において,見せかけの相関は,観測された変数に対して,何らかの集団サイズを表す変数で規準化するという加工を施したうえで,後続の統計処理を進めるときに生じる,例えば,複数の地域の死亡数と出生数の関係を調べるときに,死亡数と出生数をそれらの地域の人口で規準化し,死亡率と出生率の関連を評価すれば,死亡数と出生数の間に関連がないとしても,そこには基準化に用いた変数「人口」を通して,ゼロでない相関係数の値が得られる。

このように,共通の変数で規準化した変数「比」に対して相関を迂闊に求めてはならない,また,同一個体から測定された相関をもつ二つの変数の比も解析の対象とすることを避けることが望ましい,比を解析の対象とし相関解析(あるいは回帰解析)を実施することに対して,これまでに幾度となく繰り返して警告が発せられている,例えば,Neyman (1952)は,「コウノトリが赤ん坊を運んでくる」という説を経験的に証明することを企てている架空の友人を登場させて,女性1万人に対するコウノトリの飛来数と新生児の出生数の間の相関を算出し,統計的に有意な相関をもって,「コウノトリが実際に赤ん坊を運んでくるとした証拠はないが,…それらが出生率に影響を及ぼすとの感動的な根拠がある!」と結論づけさせている,さらに,Tanner (1949)は,心拍出数を体重で規準化した「比」を例にあげて,「統計的な加工物」をもって因果関係が示された痩せ型の人の疾患について論じ,関心のある変数を体格に関連する変数で規準化を試みることの「危うさ」を注意喚起している。

しかし,医学の領域では,残念ながら,これらの警告を無視するか,あるいは知らずに,比による結果の提示や解釈を行っていることが多い,過去をふり返れば,サリドマイド問題において,奇形児出生とサリドマイドの関係の評価で「比」が用いられたことはあまりに有名であり,また教訓的でもある(増山 (1971)を参照)。

Kromal (1993)は,「比」を選好する研究者の主張に対して反論するための,次のような材料を提供している。

- ・ 先行の研究者がこの比を使用している,これを使用しなければ,結果を比較することができない: この主張は,十代の若者が際立って不健康な行動を正当化するときのいい訳のようにきこえるが,この状況で,論駁することは難しい,例えば,投稿論文の査読者は,比を用いた先行論文の存在を既に知っているかもしれないし,場合によっては,これがデータを評価するための,唯一の適切な方法であるとの主張を譲らないかもしれない,このとき,なぜ比を使用しない結果の表示が選好されるかを要領よく説明せねばならないという負荷がかかる。
- ・ 比はより良好なモデルを供する: この主張は,場合によって間違いでない,しかし,必ずその妥当性を示すことが要求される,これは,最初に比を使用せずに通常の線形モデルをあてはめ,続いて比を用いてあてはめ,それらの結果を注意深く比較することで達成される,事実,稀にしか比に基づくモデルが優れていることを証明できない。
- ・ 比に基づくモデルはより単純である: 変数の数を一つ減らす結果として単純化を達成できるが,比を解析の対象とすることが原因で,誤解を招くおそれのある推測の可能性を考慮すれば,このとるに足らない単純化は顕在的あるいは潜在的に想定される損失に比べれば,殆ど価値がない。
- ・ 比そのものがごく自然な関心のある量である: 関心のある量が単に集団のなかでの(構成)比の場合,これは間違っていない,ただし,集団の大きさと規準化することは,分子にある変数からその効果をとり除くことになる,規準化することが,影響をとり除くための最適な方法であるかどうかは明らかでない。

p値の解釈と根拠の強さ

医学研究の結果は、大抵の場合、仮説検定の一つの要約指標である、値に基づき評価されている。統計学のなかで値が脚光を浴びる理由としては、論旨の応否を2値論証(有意か否か)で簡便にすませることができる、値が十分に小さければ、その結果を記載した論文が有力な雑誌に採択される傾向にあるといったものがあげられる。

1928年にJerzy NeymanとEgon Pearsonの2人の統計家により現在の仮説検定の枠組みが提案された。そこでは、帰無仮説と対立仮説を取捨選択するための概念、それらの一方の仮説が真であったときに他方の仮説を棄却することに関連する第I種の過誤率と第II種の過誤率が論じられた。その後、この仮説検定の方法はAbraham Waldの決定理論やRonald Aylmer Fisherの有意性検定とあいまって、科学的に新しい知見を検証するための方法論として種々の分野で受け入れられるようになった。

p値は、例えば「二つの治療の効果に差がない」とする帰無仮説のもとで、実際に観測されたデータが帰無仮説からどの程度まで隔たっているかを表す測度であり、観測された結果と同じか、より極端な結果の得られる確率と定義されている(例えば、Freeman(1993)を参照)。Fisherの有意性検定の枠組みのなかで値の大きさが意味をもち解釈されるのに対して、仮説検定では値はある事前に定めた有意水準よりもそれが大きい小さいかの比較に用いられ、値そのものの大きさは解釈されない。しかし、この有意性検定と仮説検定の二つの検定方式が形式的に区別しづらいため、不幸にも値の誤った解釈が蔓延している。値を解釈する場合、次の事柄に留意することが肝要である。

- ・ 帰無仮説の理解を正しく理解する: 値の定義あるいは値の算出手順をみれば、値が仮説検定の帰無仮説と深くかかわっていることは明らかである。例えば、独立な2群の平均の比較に多用されるt検定では、治療法AとBの効果の比較の場合、母平均とについて帰無仮説はであり、これは直感的に理解し易い。ところが、同様の問題に用いられるWilcoxonの順位検定では、二つの累積分布関数が等しいことを帰無仮説とする。この検定が観測値の分布の中心的位置の差を高性能で検出できるという性質をもつために、一般にこの検定の結果が有意であれば、「母中央値に差がある」と解釈される。しかし、帰無仮説が棄却されるのは、中央値に差がある場合だけでない。また、相関係数の仮説検定では、「母相関係数がゼロに等しい」とする帰無仮説が設定されるが、仮説が棄却され値がいかにも小さい値をとったとしても、そのことはあくまで相関がゼロでないことを支持しているだけであり、相関の程度がどの程度まで強いかを具体的に表していない。
- ・ p値は帰無仮説の妥当性を支持しない: 設定した有意水準よりも大きい、あるいは等しい値が得られたとき、仮説検定では、帰無仮説を棄却することができないとの結論に至る。この場合に、その結論は、帰無仮説が正しいことを意味しないことに注意したい。しかし、実

際には、帰無仮説が棄却されないときは帰無仮説が採択されると見做されることが多い。ところで、値は帰無仮説が正しいという仮定のもとで算出される量であり、未決の状況ではその仮定の真偽は疑わしく、値そのものが実質的な意味をもたなくなる。

- ・ p値は標本サイズの影響を大きく受ける: 値は、データ集合により与えられる。仮説に対する根拠の重みの測度と見做されることがある。しかし、標本サイズが大きければ、得られた差の大きさにかわらず、値は小さくなり、殆どの場合に帰無仮説が棄却されることになる。このような場合には、値そのものには殆ど意味がない。また、値は、標本サイズの大小の影響を受けやすく、効果そのものの大きさを反映していない。そして、異なる試験の値を比較することは殆ど意味をなさない。

5. 現在、多種多様の疾患に対して、数多くの医薬品が次々に評価の俎上にあげられ、「探索」と「検証」の繰り返しの評価のなかで、集積された膨大な量の情報に基づいて、医薬品の利用可能性が吟味されている。そこでは、いかに効率的に情報を集積し、得られた情報を現実の場で活きる形で知識に転換・変換し、科学的に妥当な判断と決定をくだすかが重要な鍵となる。このようななかで、バイオインフォマティクスの果たす役割と貢献は大きい。また、「科学的に」処することは、いいかえれば、「事実を反映した」データに基づいて判断を下すことであり、このような場面では否応なく統計的方法に立脚せねばならない素養が拡大してくる。そして、本小文では、統計科学あるいは統計的方法に対する理解をより一層深めていただくことを目標に掲げ、「統計科学における常識」として、身近でお馴染みであるが、誤解の多い、相関係数と値について簡単に触れた。このような内容が、読者の方々に、少しでもお役にたてば幸いである。最後に、このような貴重な機会を与えてくださった、長浜バイオ大学の白井 剛先生に心より感謝いたします。

参考文献

- Bernard, C. (1865). An Introduction to the Study of Experimental Medicine (Transl. by C. G. Henry, Macmillan & Co., Ltd., 1927).
- Freeman, P.R. (1993). The role of p-values in analyzing trial results. *Statistics in Medicine* 12, 1443-1452.
- Kronmal, R.A. (1993). Spurious correlation and the fallacy of the ratio standard revisited. *Journal of the Royal Statistical Society, Series A* 156, 379-392.
- Neyman, J. (1952). *Lectures and Conferences on Mathematical Statistics and Probability*. 2nd edition, US Department of Agriculture.
- 増山元三郎(1971). サリドマイド: 科学者の証言. 東京大学出版会.
- Oliva, A., Levin, R., Behrman, R., Woodcock, J. (2008). Bioinformatics modernization and the critical path to improved benefit-risk assessment of drugs. *Drug Information Journal* 42, 273-279.
- Tanner, J.M. (1949). Fallacy of per-weight and per-surface area standards, and their relation to spurious correlation. *Journal of Applied Physiology* 2, 1-15.

■ バイオインフォマティクスから医療・健康分野へ

永田 宏 (長浜バイオ大学コンピュータバイオサイエンス学科)

1. 医療はサイエンスではない

医学、とりわけ基礎医学と呼ばれる分野は典型的なサイエンスです。バイオサイエンスときわめて近い関係、というよりも基礎医学とはひとりのバイオサイエンスと言い切っていいでしょう。がん遺伝子をはじめ、様々な病気の遺伝子が解明されてきましたし、近年は脳科学の分野での発展が目玉を集めています。

一方、医療はサイエンスではありません。医療はあくまでも社会制度のひとつです。もちろん医療で用いられる様々なハイテク機器や医薬品は、言うまでもなくサイエンスの結晶です。なかにはアスピリンのように、昔から使われていながらいまだに作用機序がはっきりしないクスリもありますが、新薬の大半は厳密な科学の研究の上に成り立っています。ですから純粋に病気を診断したり治療したりす

る部分はサイエンスの延長線上にあると言っていいでしょう。

しかしそれでも医療は社会システムです。まず医療の現場である病院が、医療法その他の法律と規則で厳しく縛られています。医療を行う医師・歯科医師・薬剤師をはじめ、看護師、助産師、診療放射線技師、臨床工学士、理学療法士など医療に携わるすべての職種が国家資格になっており、やはりそれぞれに法律と規則で職務が制限されています。たとえば医師は医師法に従って仕事をしなければなりません。

もっとも重要なお金の問題に関しても、法律で完全に縛られています。日本は国民皆保険制度を採っています。つまり国民は全員、何らかの公的医療保険に加入することを義務付けられています。もちろん保険料が取られますし、サラリーマンや公務員など給与・所得者の場合は、毎月の給料から自動的に天引きされてしまいます。しかしこれによって、いざ病院にかかった場合、医療費の7割が公的保険でカバーされます。残り3割が患者個人負担です。

また日本の医療は完全な統制経済になっています。つまりあらゆる医療行為や医薬品などに値段が付いていて、その値段は政府が決めるというものです。病院はその値段でしか医療を行ってはいけません。もちろん高くてもいいませんが、安くてもいいけません。「今ならCT検査が半額です!」みたいな医療のバーゲンはありません。

2. 医療費の仕組み

この医療費の仕組みをもう少し説明しましょう。日本の医療は出来高制とよく言われます。これは医者が患者に行った医療行為をすべて書き出して、その単価を合計していくという方式です。たとえば病院で胸のレントゲン検査を受けたとしましょう。レントゲン検査は次の3つの医療行為に分解されており、それぞれ値段が付いています。

- ・撮影料 650円
- ・写真診断料 430円
- ・フィルム代 319円/枚

通常フィルムは1枚しか使いませんから、合計で1399円です。なおこの値段は2008年度の価格です。値段は2年に1回、偶数の年に改定されますから、この文章が掲載された時点で新しい値段が変わっているはず。なお病院に行くとき必ず初診料か再診料が取られます。またレントゲン写真だけで済むことは滅多にないので、実際の医療費はもっと高額になるはず。そしてその金額の3割を窓口で支払うというわけです。

医療行為や医薬品が保険対象になることを、一般に「保険収載」と言います。医薬品の場合はとくに「薬価収載」という場合もあります。いずれにしても収載されてはじめて、それらの医療行為や医薬品は保険の対象となります。つまり保険で7割カバーしてもらえるということです。

逆に保険収載されていない医療行為や医薬品は保険の対象とはなりません。たとえばがんの治療で、まだ日本では保険収載されていない医薬品を海外から個人輸入して、病院で医者に打ってもらう人がいます。この場合、医療費は全額が個人負担になります。病院では単にクスリを打つだけでなく、様々な検査も行うでしょうし、もしかしたら入院が必要になるかもしれません。通常ではそれらの検査や入院は保険の対象となります。しかしひとつでも保険収載されていないものが混じっている場合、日本の規則では全額が個人負担になってしまいます。これを「混合診療の禁止」と言います。

ただし国が認めた治験（臨床試験）などでは混合診療が認められています。また国が「先進医療」として指定した医療行為についても、やはり混合診療が認められています。

3. サイエンスを医療に組み込む

さて、このように複雑な規則でがんじがらめになった医療の世界に、サイエンスの成果をどうやって浸透させたいのでしょうか。実験室でうまくいったからといって、それがそのまま医療に使えるものではありませんし、そもそも法律で禁じられています。日本で使っている医薬品や医療機器などは、すべて国に薬事申請して、許可してもらわないといけません。そのために行うのが、今出てきた治験です。治験も人体実験ですから、実施するにはやはり国の許可がいます。

医薬品の場合、治験に2～3年、薬事審査にも1年～2年程度の期間を要しますから、新薬が生まれるまでには大変なお金と歳月がかかります。医療機器の場合は治験も審査ももっと短いのが一般的です。

私は大学の教員になる前、民間企業の研究所に勤めていました。よくベンチャー企業のひとなどが訪ねてきて、自慢の技術や発明品をどうやったら医療の市場に寄せられるかという質問を受けました。そこで今言ったような話をする、皆がっかりして帰っていきましました。そんなに敷居が高いとは思っていなかったのでしょうか。なかには「これだから厚生労働省はけしからん」といって怒り出すひともいました。でも国民の安全を確保する上で、やはり治験は欠かせません。逆に言うと、大学発ベンチャーなどが単独で医療市場に参入するのはかなり難しいと言わざるを得ません。自分の研究成果を医療に役立てたいと思っているひとは、大手製薬メーカーや医療機器メーカーと組むのが一番でしょう。

薬事審査をパスすると、医薬品は「承認薬」に、医療機器は「承認機器」に格上げになります。国の承認が得られたので、安心して医療現場で使ってもらえます。ただしこの段階では保険対象ではないので注意が必要です。保険対象にしてもらうためには、保険収載の申請が必要なのです。その審査にも通常は半年から1年程度かかります。これにパスしてはじめて「収載医薬品」や「収載医療機器」となって、国の定める定価が付くわけです。

ただし最近では保険収載されていない医薬品（未収載薬）が目立ってきています。たとえばファイザー製薬のバイアグラやバイエル薬品のレビトラなどは、承認薬ですが未収載薬です。AGA治療薬のプロペシアも未収載です。未収載ということは、これらの医薬品を使った治療は自由診療になるということです。つまり患者が全額を負担するわけです。

収載医薬品の定価（薬価）は逡減される運命にあります。薬価は2年ごとに見直されますが、そのたびに国によって引き下げられます。そしていずれは特許切れとなり、ジェネリック医薬品に取って代わられるのです。

しかし未収載にしておけば、少なくとも特許切れになるまでは、製薬メーカーは自分たちの価格で売ることができます。そのほうが儲かるかと踏んでいるのかもしれませんが、EDやAGAを治したいと思っているひとは大勢いますから、保険収載にしろくてもおそらく大変な儲けがあがっていることでしょう。

なお未収載薬ではあっても、これらの薬の使用には医師の処方が必要です。ネットなどでの売買は違法ですから注意してください。あくまでも医者さんのところに行って、所定の診察を受けてから処方してもらうことになります。

4. 遺伝子検査の現状

ではバイオインフォマティクスの成果を医療に生かすことは可能でしょうか。バイオインフォマティクスと言えばゲノム解析ですから、要はゲノム検査が医療の一部として取り込まれるかどうかです。次世代の超高速シーケンサーを使えば、患者の全ゲノムをほんの10分

かそこらで読み取ることが可能になるでしょう。そしてゲノム情報の中には疾患に関する遺伝子も含まれていますから、そこから様々なことが分かってくるに違いありません。

しかしそうでないかもしれません。なぜなら医療の検査では伝統的にタンパク質が重んじられてきたからです。病気の多くは特定の臓器の炎症や破壊によって引き起こされます。肝炎、脾炎、腎炎、急性心筋梗塞などです。それぞれの臓器の細胞が破壊されると、特有のタンパク質が血中に沁み出してきます。肝臓ではγGTP、脾臓ではアミラーゼ、心筋ではトロポニンといったタンパク質です。これらのタンパク質の血中濃度が正常値より高くなっていけば、現に臓器を破壊するような病気が起こっていることの証拠となります。

糖尿病では血中の糖化ヘモグロビン(HbA1C)濃度が病気の進行度と予後を見極めるうえで重要視されています。HbA1Cは最近1ヶ月間の血糖値の平均を反映していると言われています。またがんにおいては、がん細胞が特異的に作り出すタンパク質が腫瘍マーカーとして診断に利用されています。血中腫瘍マーカーの濃度が高ければ、体内のどこかにがんがあるというわけです。

残念ながらゲノムを解析してもこうした知見は得られません。γGTPやアミラーゼの遺伝子は誰もが持っています。糖尿病の場合、なりやすい遺伝子があると言われていますが、その遺伝子があつたからといって直ちに糖尿病と診断するわけにはいきません。

それでも遺伝子検査は徐々に普及しています。遺伝病の診断には遺伝子検査が欠かせません。ハンチントン舞蹈病や筋ジストロフィーなど、遺伝性の難病の多くは基本的に遺伝子検査によって確定診断が下されています。ただしこれらの病気はかなり珍しいものです。

もっと一般的な遺伝子検査としては、細菌検査やウイルス検査があります。昔は細菌検査といえば培養する以外にありませんでしたが、かなり時間がかかります。それに結核菌などの弱い菌では、必ずしもうまく培養できないことがあります。今ではサンプルをPCRにかけて簡単に細菌やウイルスを検出・同定できるようになりました。

薬物代謝酵素であるチトクロームP450の遺伝子検査もよく行われています。遺伝子多型を調べることで、クスリの効果や副作用をある程度予測できるからです。血栓治療・予防薬のワーファリンは世界中で心筋梗塞患者や脳梗塞患者に使われていますが、その効き目が人によって大きく違います。これにチトクロームP450の多型が関わっているというのは結構有名な話です。現在ではワーファリン処方のための遺伝子検査も保険収載されています。

5. ファーマコゲノミクスとニュートリゲノミクス

このワーファリンとチトクロームP450の関係はテーラーメイド医療の原型と言っていいでしょう。しかしクスリの作用や代謝は1種類の遺伝子に支配されているわけではなく、一般的にはその人の生まれ

ながらの体質によって決まってくると考えたほうが自然です。ところが「生まれながらの体質」とは煎じ詰めればゲノムのことです。医薬品の作用や代謝はゲノムによって支配されるという話になります。つまり1個の遺伝子ではなく、ゲノム全体が関わっているというわけです。そこでゲノムとクスリとの関係を解明し、ゲノムの特徴に応じてクスリの種類・量・投与方法を決めていこうという考え方が出てきました。これがファーマコゲノミクス(Pharmacogenomics)です。

もちろんファーマコゲノミクスが実用化され、ゲノム検査とともに保険収載されるのは、まだまだ遠い未来と言わざるを得ません。医薬品の効果や代謝とゲノムを結びつける関係(あるいは関数)の解明までには相当の時間を要するはずですし、国民の共有財産である公的医療保険の適用という話になれば、あらゆる批判に耐えるだけの実証データを集める必要があるからです。そこにバイオインフォマティクスが活躍できるフィールドが広がっているといえるでしょう。

医療ではなく健康分野という話であれば、敷居が一気に下がってきます。日本人は昔から「医食同源」の思想が大好きです。もともとは漢方の思想ですが、日本独自にアレンジされ、近年は特定保健用食品(トクホ)などとして大きく開花しています。トクホは医薬品とは違って消費者が嗜好品の一種として購入するものです。トクホの承認はやはり厚生労働省が行っていますが、医薬品と比べると格段に通りやすくなっています。

トクホに代表される各種健康食品は、医薬品とは違って人体に特定の悪影響を与えないことが前提となっています。なにしろ食品であつてクスリではないのですから。ところが人体が食品から利用できる栄養素は、医薬品と同じくらい(あるいはそれ以上に)体質によって左右されるといいます。消化管を通して摂取できる糖類、タンパク質、脂肪、ミネラル、ビタミン等の種類と量が、体質によって違っているらしいのです。そのため同じものを同じ量だけ食べても、太る人もいれば痩せる人もいます。トクホなどの健康食品も同じで、それによって健康にいい効果が出る人がいる反面、ほとんど効果のない人も出てきます。

ですから逆に、各自の体質にあった食事やサプリメントを摂れば、栄養素の過不足によって生じる様々な生活習慣病を予防できるはずです。ここでまた「体質＝ゲノム」と読みかえをすると、ニュートリゲノミクス(Nutrigenomics)という話になります。報道等によりますと、アメリカでは早くもゲノム情報に基づいた食事・栄養指導がビジネスとして立ち上がっているようです。

ニュートリゲノミクスは医療とは言えないので、日本でも実現の可能性は高そうです。ただしゲノム情報を見てしっかりと栄養指導できそうな人材は、まだほとんどいない状況です。ですから逆に、バイオインフォマティクス系の学科と医学部や栄養学科などが協力してこの種の人材育成を行っていくことが、日本でも今後は必要になってくるのではないかと思います。

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(九州工業大学大学院情報工学研究院)

2009年度、システムバイオロジー研究会は第23回、24回、25回目

の3回の定例研究会を開催した。第23回研究会は、6月27日、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、「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50名の参加の下、招待講演と一般講演の各々3件が行われ、活発な質疑応答が行われた。招待講演では、鈴木治和氏(理化学研究所オミックス基盤研究領域)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ご紹介いただいた。特に、ゲノムワイドかつ多様な種類のハイスループット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われた。松田秀雄氏(大阪大学大学院 情報科学研究科)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ご紹介いただいた。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が行われた。これら大量データを元にしたネットワーク解析に関する最近の事例の後、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(九州工業大学大学院情報工学研究院)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 生命情報・DDBJ研究センター)からは次世代シーケンサー出力の公共レポジトリとしてのDDBJ Read Archiveのとりくみを、また中尾光輝氏(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の活動を、各々ご議論・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等、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回システムバイオロジー研究会は、8月18日、山口大学大学会館会議室(山口市の吉田キャンパス)において、山口大学スーパ

ー研究推進体「微生物の機能解析及び機能開発」の松野浩嗣氏に協力していただき開催した。微生物のシステムバイオロジー研究で著名な岡本正宏氏(九州大学)と森浩禎氏(奈良先端科学技術大学院大学/慶応義塾大学)に招待講演を依頼して、活発な討論と懇親会を行って親睦を深めた。

第25回システムバイオロジー研究会を1月14日に、白石友一氏(理化学研究所 免疫・アレルギー科学総合研究センター)の企画で(独)理化学研究所横浜研究所で開催した。「システムバイオロジーと統計科学の融合に向けて」というテーマのもと5名の研究者を招待講演にお招きした。大学や企業の研究者等36名の方に参加していただいた。小原収氏には、免疫学のマルチスケール性についてお話し頂き、細胞分化のメカニズムの理解のために一細胞ごとのシステムをとらえることの必要性など、免疫学の観点からシステムバイオロジーへの問題提起をしていただいた。さらに、次世代シーケンサーに由来する統計的処理の問題についてもご紹介いただいた。大羽成征氏には、ベイズ理論や頻度論など、統計学的理論について概観をお話し頂いたうえで、局所False Discovery Rateという新たな概念を用いた発現変動遺伝子の抽出法の枠組み、またその最適性などについてご紹介いただいた。藤本明洋氏には、髪の毛の太さに関係する遺伝子を同定に際し、どのようなアプローチで取り組まれたかをご紹介頂いた。井元清哉氏には、時系列遺伝子発現データを採取する際の問題点、解決法についてお話し頂いた。さらに状態空間モデルとmeta-analysisの方法論を用いた、発現ダイナミクスが変動する遺伝子の抽出法、バイオマーカー探索への応用事例についてご紹介いただいた。大浪修一氏には、線虫の胚の細胞分裂ダイナミクスについての定量データ、その解析事例の一端をご紹介いただいた。さらに、ますます蓄積されつつある公共動画像データの解析などに際し、Bio-image Informaticsという新たな学問分野の創設の必要性についてお話し頂いた。いずれの講演でも多くの質問、活発な討論がなされ、非常に有意義な研究会となった。終了後に10名で懇親会が行われ、相互の交流や、意見交換などがなされた。

■ 創薬インフォマティクス研究会

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)

2009年12月2日に産総研・臨海副都心センターに於いて、第10回創薬インフォマティクス研究会「活性ポケットをインフォマティクスで理解する」を開催いたしましたので報告いたします。今回の研究会では、タンパク質機能を担う重要な活性ポケットについて、インフォマティクスを駆使しながら活性ポケットの持つ機能と構造の理解、そして創薬へ向けての応用研究に精力的に取り組んでおられる先生方に最近の御研究の成果をご講演いただきました。演題は以下の通りです(発表順、敬称略)。

- ・金城 玲(大阪大学)「蛋白質-リガンドおよび蛋白質-蛋白質相互作用部位の原子構造分類」
- ・白井 剛(長浜バイオ大学)「PDBリガンドの分類に向けて」
- ・平山令明(東海大学)「PLB法を用いた低分子結合部位の差別化」
- ・幸 瞳、本間光貴(理化学研究所)「相互作用記述子を用いた機械学習予測システム(MUSES)の構築とインシリコ

スクリーニングへの応用」

- ・今井隆志(理化学研究所)「分子液体論(3次元RISM理論)に基づく新しいリガンドマッピング法」



前半の金城先生、白井先生には、PDBを用いた比較分類研究についてご発表いただきました。活性部位の分類やダイバーシティ、活性ポケットに結合するリガンド分子の分類と特徴について、活性部位を高速に精度よく比較のためのアルゴリズムなど基盤技術にも触れながら紹介いただきました。続いて後半の平山先生、本間先生、今井先生には、統計解析や情報科学理論、分子液体論などを

活用した創薬へ向けての展開について、実際の応用事例も紹介しながら大変解り易くご発表いただきました。当日の参加者は70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、活性ポケットの持つ構造と機能、タンパク質立体構造に基づく創薬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。

地域部会の活動報告

■ 北海道地域部会

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)

北海道地域部会では、2月8日(月)に北海道大学情報科学研究科にて「第9回 日本バイオインフォマティクス学会北海道地域部会セミナー」を開催しました。

今回は、京都大学・化学研究所より、馬見塚拓先生をお招きし、木パターンマイニングに関する研究成果を講演して頂きました。講演内容は統計的機械学習の基礎から糖鎖構造データ解析への応用にまでおよび、専門的な内容を分かりやすく講じて頂きました。セミナーには、計算機科学、生命情報学、生命科学の分野から、計20名の研究者、技術者、学生が参加されました。質疑応答では、予定していた時間を延長し、大変活発な議論が交わされました。また、講演会終了後、札幌駅北口の居酒屋に移動し、馬見塚先生を囲んで懇親会が行われ、大いに親睦を深めることができました。今後もこのような形でセミナーを継続し、北海道地域の会員増加に役立てたいと考えております。

日時: 2月8日(月) 15:00~16:00

会場: 情報科学研究科棟 A11講義室

http://www.ist.hokudai.ac.jp/facilities/index.php?floor_key=1

講師: 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

馬見塚 拓 教授

講演タイトル:

Mining patterns from trees - Probabilistic model-based approach



「第9回日本バイオインフォマティクス学会北海道地域部会セミナー」の様子

■ 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)

東北地域部会で昨年行いましたセミナーをご報告します。

6月26日 TRANSFACの開発者Wingender教授(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)に「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。詳細は前回ご報告しましたが、真核生物の転写に関する基本的な説明からTRANSFACの概要、またそれを用いた研究例へと多岐に渡る講義でした。10月7日にはAlexander E. Kel氏(BIOBASE副社長)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きました。タイトルは「In silico analysis for topological modeling of the signal transduction network in breast cancer cell.」。BIOBASE社が開発するExplainなどの新たなツールを用いた遺伝子上流解析を豊富な事例にもとづいて講義していただきました。10月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を行いました。タイトルは「Systems Biology and Bioinformatics」で、転写調節

研究におけるシステム生物学の現状、インシリコ解析による遺伝子ネットワークの解明、創薬ターゲットとしての蛋白検索、構造活性相関などを紹介していただきました。KOLCHANOV教授らのグループは、それぞれの領域におけるデータベースを構築し、またそれらを有効に活用するためのデータウェアを開発するなど、包括的に取り組まれている現状を説明していただきました。いずれの会も盛況で、基礎系・臨床系それぞれの先生方から熱心な質問・討論をいただきました。

さて、最後にアナウンスをひとつ。来年度より木下賢吾教授(東北大学大学院情報科学研究科)に地域部会長を務めていただくことになりました。今まで初学者のためのセミナーを中心に活動していましたが、今後は東北からの発信という次の段階へステップアップしていただけるものと思います。

今まで多くの方にセミナーをお願いし、わざわざ遠方まで来ていただきました。この紙面を借りまして、快く講演を引き受けていただいた講師の皆様方に厚く御礼申し上げます。今後とも東北地域部会をよろしく願いいたします。

■ 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)

関西地域部会では、年に2回の研究会開催を主な活動として行ってきました。とりわけ、東京との地域格差が年々広がる関西のライフサイエンス振興を大きなテーマとして、そのために地域部会としてどのような社会発信や貢献が出来るのかということを意識して、今年度の研究会は開催してきました。

第7回バイオメディカル研究会(2009年5月30日開催)において、産官学の域を超え、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、という信念のもと、民主党参議院議員・梅村聡先生(医師)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いただきました。

これを受け、第8回バイオメディカル研究会(2010年3月6日開催)では、梅村聡先生、文部科学省副大臣／民主党参議院議員・鈴木寛先生、大阪医薬品協会会長／塩野義製薬(株)代表取締役・手代木功社長をお招きし、政権交代後のバイオメディカル分野における科学技術政策、人材育成、産学連携、さらには製薬産業の実情、課題についてご発表いただき、今後の展望を参加者の方々とご討議いただく研究会を開催しました。具体的には、第1部では、ミニレビュー「創薬を加速化する最先端技術」と題し、システムバイオロジー(京都大学薬学研究科・奥野恭史)、PETイメージング(大阪大学大学院医学系研究科・畑澤順教授)、再生医薬品(クリングファーマ株式会社・安達喜一先生)について、創薬技術の先端的話題を提供いただきました。梅村聡先生からは前回の発表を受けまして、創薬、医学研究を推進する科学技術政策、医療制度について、課題実現

に向けた取り組みをご講演いただきました。鈴木寛先生からは、ライフイノベーションの実現に向けた宣言とともに、バイオIT、産学連携、医療制度、人材育成体制などのバイオメディカル分野における実状、制度改革に向けた課題についてご講演いただきました。第2部では、梅村聡先生、鈴木寛先生をコメンテーターとしてお迎えし、パネルディスカッション「創薬イノベーションへのシステム改革」を開催しました。パネリストには、大阪大学先端科学イノベーションセンター・兼松泰男教授、大阪大学サイバーメディアセンター・坂田恒昭教授、塩野義製薬(株)医薬開発本部・松本弥生先生にご参加いただき、若手人材育成、産学連携について実状と要望をご発表いただきました。研究会参加者との活発な議論も行われ、特に、鈴木寛先生からはバイオメディカルイノベーションに向けた政策提言の場としてのバイオメディカル研究会の今後の展開をご提案いただきました。この後、手代木功先生より、製薬産業の現状と未来についてご講演いただき、第8回バイオメディカル研究会は盛況のうちに終えたところでございます。

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のロードマップ策定に向けた研究会・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。



パネルディスカッション



鈴木寛副大臣

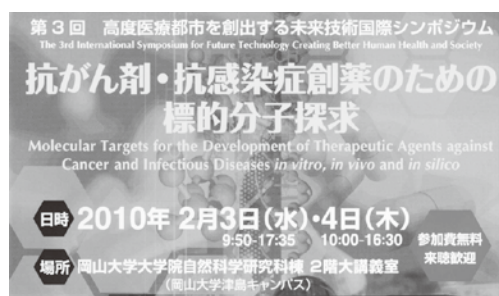
■ 中国四国地域部会

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5回「次世代バイオマーカー研究会」を、2月3、4日に下記の内容で開催しました。岡山大学が主催するシンポジウム「第3回高度医療都市を創出する新技術国際シンポジウム:がん・感染症創薬のための標的分子探求」と同時開催し、総勢約150名の方々のご参加をいただくことができました。

当研究会の講師には、東京大学大学院から船津公人教授、田口良教授、バイオビジネスソリューションズ(株)から中江裕樹社長をお招きしました。船津先生には、in silicoにおけるドラッグデザインのための解析および予測法に関する取り組みについてGTANパク質共役型受容体を例に定量的構造活性相関(QSAR)を応用するお話を頂きました。田口先生からは、リポドミクスへの多角的な取り組みについてご紹介頂くとともに、今後の医学的応用やバイオインフォマティクスへの発展性についてお話を頂きました。また、中江先生にはバイオチップコンソーシアムなどのご活動を初めとする豊富なお経験をもとに、ICHによるバイオマーカー

ーの定義から創薬におけるバイオマーカーの重要性についてお話をいただきました。これらの興味深いご講演に対して、質疑応答も活発に行われました。さらに、前回同様今回も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6回に向けて、中国・四国地域から学会の交流の輪を広げ、情報発信を行っていきたいと考えていますので、今後とも皆様のご支援のほど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22年2月3、4日、両日とも午前9時より

場所:岡山大学大学院自然科学研究科棟 大講義室

【講演1】

In Silico Drug Design Based on Integration of Chemical Information and Biological Information

東京大学大学院 教授 船津公人 先生

【講演2】

Lipidomics: Strategy and Application for Medical Research

東京大学大学院 教授 田口 良 先生

【講演3】

Discovery and Application of Biomarkers in the Development of Personalized Medicine

バイオビジネスソリューションズ(株) 社長 中江裕樹 先生



船津公人 先生



田口 良 先生



中江裕樹 先生

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)

2009年度の九州支部の活動は低調で講演会を1回開催したのみでした。これは支部長の藤が、大学の事務で手一杯で身動きとれない状態だったためです。講演会では、京都大学の岩部直之先生にお越しいただき、ゲノム特定で進められている立襟鞭毛虫のゲノムプロジェクトについて、その意義や進捗状況などをお話いただきました。20人くらいの参加者がおり、質疑応答を含め2時間を超す大講演になりました。以下、講演会のタイトルと要旨です。

立襟鞭毛虫のゲノム情報から探る動物の初期進化

講演者:岩部直之(京都大学大学院理学研究科)

日時:2010年 2月5日 17時より

場所:生体防御医学研究所 1F 会議室

要旨:立襟鞭毛虫(たてえりべんもうちゅう)は、動物に最も近縁な

単細胞性の原生生物と考えられています。立襟鞭毛虫、動物および他の真核生物のゲノム配列情報を網羅的に比較解析し、動物の初期進化における多細胞化がどのように起きたのか、現在その手掛りを探っています。立襟鞭毛虫のゲノム計画を含む、私共研究グループの試みの一端をご紹介します。

私が2005年に九州大学に移ってから、九州支部の支部長を勤めさせていただきました。支部の開設を始め、色々と試行錯誤の連続でしたが、九州大学の久原哲先生、岡本正宏先生、また富士通九州システムの皆様にお手伝いいただき、何とか5年間やってきました。このたび、私の異動に伴い、九州支部は2010年3月末で一度閉じることになります(この文章を書いている時点で、次の支部長は決まっています)。お手伝いいただいた皆様、また参加者の皆様に感謝いたします。どうもありがとうございました。

公募研究会の活動報告

本年度の新たな試みである「研究会公募」により、先日「新たな創薬パラダイムの創出」研究会が開催されました。

「新たな創薬パラダイムの創出」開催報告

宮城島 利一 (システム薬学研究機構)

2010年1月18日に東京大学医科学研究所講堂において、システム薬学研究機構と日本バイオインフォマティクス学会は共催でシンポジウム「新たな創薬パラダイムの創出」を開催した。ゲノム科学に代表される新しい知見や技術革新は、新しいタイプの薬の誕生に対する期待を高めてきた。しかしながら、新薬の生産性は、1996年以来世界的に低下し、日本においてその傾向は特に顕著で、最近10年間の新薬の承認件数は20～30件/年前後で推移し、その内日本発の新薬は5件/年程度であり、今日の技術革新

は新薬の誕生に早急につながらないのではないかと懸念がある。このような状況を打破するために、新たな薬効とより安全性の高い医薬品を目指した創薬パラダイムに関するシンポジウムを開催した。

システム薬学研究機構の代表である東京理科大学の寺田弘教授による開会挨拶の後、以下の創薬研究、安全性研究および医療現場におられる研究者の講演をいただいた。

・鈴木洋史(東京大学医学部付属病院薬剤部)

「病院薬剤部からの研究ビジョンの提案」

・藤原巖(大日本住友製薬株式会社研究管理部)

「創薬技術基盤の現状と将来への期待」

・清澤直樹(第一三共株式会社安全性研究所)

「トランスクリプトーム情報から探る薬の作用メカニズム」

・矢守隆夫(財団法人癌研究会癌化学療法センター分子薬理部)

「がん分子標的研究の基盤となるCancer Cell Informatics」

・江口至洋(システム薬学研究機構)

「細胞ネットワークから薬のターゲットをみる」

病院薬剤部という医療現場の最先端で活躍されている鈴木洋史先生からは、薬物相互作用や薬物誘発性肝障害などの臨床に密接した薬物動態特性に関する研究が紹介された。また、効率的な標的分子の同定、分子標的薬の副作用の予測や薬の相互作用・個人差などを考慮した薬の選択・使い方について「システム薬理学」の手法を用いて展開していく研究ビジョンのお話もいただいた。特に次世代の創薬手法を実現するためには、生体をシステムの理解することが重要であると指摘され、大変示唆に富んだ講演であった。

藤原巖先生から、in silico技術とStructure-Based Drug Design (SBDD)の研究を中心に創薬技術基盤の変遷と今後の期待について発表いただいた。注目すべき新しい創薬技術として、分子量が小さく、構造的に単純な分子(フラグメント)を出発点とするFragment-Based Drug Discovery (FBDD)が紹介された。FBDDは標的タンパク質の立体構造が得られる場合、SBDDを組み入れることにより極めて有効な手法になりうること。また、政府の実施する事業を精査する「事業仕分け」で話題になった大型放射光「Spring-8」や「次世代スーパーコンピュータ」の創薬への有用性も熱く語られた。

清澤直樹先生から、製薬企業におけるトランスクリプトーム情報は分子標的の探索、薬理作用や毒性発現メカニズムの解明など、創薬の各段階において幅広く活用されている例が紹介された。一方、創薬研究の現場においては、データ処理のプロセスが簡潔である

ことや、解析結果のアウトプットがバイオインフォマティクスの専門知識無しでも解釈可能なレベルで、明確であることも求められるとのこと。そこで、医薬品候補化合物の安全性評価法として、各種肝毒性発現に密接に関わる遺伝子セット(毒性バイオマーカー遺伝子)を用いたハイスループットな毒性プロファイリング手法の研究などを示され、創薬研究においてトランスクリプトーム解析・情報は実用的な手法として用いられている現状を紹介された。

矢守隆夫先生には、標的既知の抗がん剤などで構成された化合物の39株のJFCR39に対する増殖阻害プロファイル(フィンガープリント)をデータベース化し、新規化合物と既知化合物のフィンガープリントの相同性を見出すことによって新規化合物の標的を予測するCancer Cell Informaticsの開発研究について発表していただいた。このシステムから、標的未知の新規化合物ZSTK474が経口で毒性も低いPI3キナーゼ阻害剤であることを見出し、現在、PI3キナーゼを標的とする低分子抗がん剤として開発中とのこと。「化合物を主役とした標的スクリーニング法」であるCancer Cell Informaticsは新たな創薬パラダイムとして注目したい。

江口先生は、新しい創薬パラダイムの一つとされるシステム創薬(システム生物学からの創薬)とその研究の現状、およびシステム薬学研究機構について話された。システム創薬は、生物学的ネットワークという文脈の中で、薬の作用と病態生理の関係を理解し、有効で安全な新薬の開発につなげることを目的としている。また、システム薬学研究機構は、薬学もしくは薬に関する情報などの統合化を行い、それらを創薬、薬の機能改善、および薬物療法における薬の適正使用と副作用の防止のために有効に活用して、国民の生活の安定、健康の増進を図ることを目的としている。研究軸、教育軸および社会的広報活動(Public Outreach)軸の3つの活動軸を設け、推進していることを紹介された。

本シンポジウムには70名の余の参加があり、それぞれの立場の研究者から活発な意見交換があり、盛況のうちに閉会となった。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したい。

GIW2009 レポート

■ GIW2009 開催報告

大会委員長 榊原 康文(慶應義塾大学)

第20回ゲノムインフォマティクス国際会議(GIW2009)が、2009年12月14日から16日までの3日間、パシフィコ横浜で開催された。39件の投稿論文から採択された18件の研究発表、155件の投稿から採択された148件のポスター発表、そして5件の招待講演が行われた。米国、イギリス、ドイツ、オランダ、イスラエル、イラン、オーストラリア、シンガポール、中国、韓国、台湾、そして日本から300人あまりの参加者があり、盛会となった。

GIWは日本発の最も歴史の長いバイオインフォマティクスに関する国際会議であり、また今年は20周年という記念する会議となった。

参加者数は例年を大きく上回り、大学、研究所、企業などから、教員、学生、研究者などのさまざまな立場の人たちが多く集まり、実りの多い研究発表と討論、そして交流が活発に行われた。海外からの参加者も多く、とくにアジアから多くの参加があり、この分野における日本のプレゼンスを十分に示すことができたと考えている。以下、プログラム順に会議の内容を概観する。

初日は、韓国のLee教授のシステムバイオロジーに関する招待講演で始まり、引き続きシステム生物学に関する3件の口頭発表が行われた。システム生物学は、最新の研究分野であり、発展の著し

い同分野での新しい解析手法の提案や環境、創薬への応用に関する発表が行なわれた。午後のセッションは、米国のバイオインフォマティクスのパイオニアの一人であるEddy博士の招待講演で始まり、近年注目されている機能性RNAの配列解析やがん遺伝子解析に関する口頭発表が行なわれた。それに続くセッションではタンパク質の構造解析に関する口頭発表が行なわれた。夕方にはポスターセッションが行なわれ、終了時間ぎりぎりまで多くの参加者が活発な議論を繰り広げた。

二日目は、オーストラリアのRagan教授の遺伝学に関する招待講演から始まり、タンパク質相互作用やリード化合物の候補となるリガンド化合物との相互作用の研究発表が行なわれた。また、今回の会議の特色として、ポスター発表の中からとくに優れた研究を口頭発表する試みを行い、このセッションにおいてタンパク質相互作用に関する研究内容が発表された。午後は、現在最もホットな研究トピックスであるiPS細胞の研究に関する招待講演が慶應大学の岡野教授により行なわれた。興味深い研究発表に会場からも多くの質問と討論が行なわれた。その後のセッションでは、これもホットな研究課題である次世代シーケンサーのデータ解析に関する口頭発表が行なわれた。この論文は、本会議において最優秀論文の一つに選ばれた研究発表である。夕方のポスターセッションに続いて、夜はバンケットが行なわれた。各委員からの挨拶に続いて、招待講演者のスピーチ、最優秀論文の表彰式などが行なわれ、多くの参加者が懇親を深めた。

最終日の最初のセッションは、特別企画として本会議を主催した日本バイオインフォマティクス学会の特別セッションが行なわれた。東京大学の萩谷先生の合成生物学に関する招待講演から始まり、マススペクトルデータベースや遺伝子ネットワーク解析ソフトウェアに関する口頭発表が行われた。その後に引き続きセッションでは、もう一つの最優秀論文であるゲノムデータベースの研究に関する口頭発表が行われた。午後のセッションでは、GIWの生みの親であり、世界的に使用されているKEGGデータベースの構築者である京都大学の金久先生の招待講演が行われ、その後のセッションではゲノムや染色体の解析に関する口頭発表が行われた。閉会のセレモニーでは、最優秀ポスター賞(RNA相互作用を予測する手法に関する研究)の表彰と大会委員長の挨拶で会議が締めくくられた。会議全体を通して、例年以上に非常に活発な研究発表や討論、交流が行われたという印象が強く残り、参加者の熱気を感じることができて、非常に盛会であった。とくにアジア地域において、日本のプレゼンスを大いに示すことができたと考えている。会議の終了後に、招待講演者の一人でPC委員長も勤めていただいた韓国のLee教授が、会議の最後までこれだけ多くの参加が残っていたのは大変にすばらしい会議であったことを示している、おめでとう、という言葉をかけて頂いた。この会議での研究討論と研究交流から、いくつもの新しい研究プロジェクトとその研究成果が生まれてくることを大いに期待したい。次回のGIW2010は、中国の杭州市で、上海大学と上海バイオインフォマティクス学会の主催で開催予定である。



金久實先生



岡野栄之先生



Dr. Mark Ragan



Dr. Sean Eddy



Dr. Sang Yup Lee

■ GIW2009 参加レポート Oxford Journals-JSBI Bioinformatics Prize 受賞者より

Unyane Poolsap (Bioinformatics Center, Kyoto University)

受賞ポスター

"Dynamic Programming Algorithms for RNA Structure Prediction with Binding Sites"

Unyane Poolsap, Yuki Kato, Tatsuya Akutsu

Genome Informatics Workshop (GIW) is the longest running international bioinformatics conference. The 20th conference GIW2009 was held at Pacifico Yokohama, Japan in December 14-16, 2009. The purpose of this conference is to provide the opportunity for researchers around the world to present their recent work and results as well as to demonstrate new software applications related to computational biology and bioinformatics, which lead to understanding of biological systems and lives. This is the third time that I attend GIW. GIW2006, also held at Yokohama, is the first international conference that I attended when I was a first year master's course student. GIW encouraged me to do research of good quality. At that time I wished I could be the winner of the best poster award in the future.

This year, we are very grateful that our poster, entitled "Dynamic Programming Algorithms for RNA Structure Prediction with Binding Sites" was selected as the best poster and awarded the Oxford Journals - JSBI Bioinformatics Prize. In this research, we try to predict binding sites of RNA-RNA interaction. We make use of binding profiles created from a given antisense RNA with known binding sites to reduce the computation time of the prediction. In particular, we use dynamic programming technique with binding profile to predict secondary structure and interaction sites of the target RNA. We also apply our algorithm to discovering new target RNAs for a specific antisense RNA. Our algorithm provides high prediction accuracy as well as fast computation time as compared with existing methods.

During the conference, there were four keynote talks altogether, and the talk by Dr. Sean R. Eddy was the most interesting and impressive to me. Dr. Eddy showed the latest version of HMMER3, which is the software suite for protein sequence analysis based on a probabilistic model. The



受賞者のUnyane Poolsapさん

goal of this version is to increase in speed of computation competitive with BLAST. In future, if the HMMER project is extended to DNA and genome analysis, it will be an important tool for biological sequence analysis alternative to BLAST.

In addition, attending to the oral presentations including poster oral presentations brought me up-to-date interesting studies. Fortunately, our poster was one of the selected posters for the oral presentation. This gave us great opportunity to present our work to many participants of the conference, which drew several helpful comments. The poster session was divided into two sessions. The space for poster presentation was appropriate and wide enough for active discussions. I had a chance to meet and discuss with many scientists who work in my field. I also got several suggestions and interesting points to improve our research during the discussion.

Finally, on behalf of our group and as one of the participants, I would like to express my gratitude to Professor Yasubumi Sakakibara of Keio University, the organizer chairman of GIW2009, the program committee, and all the staffs who work very hard to organize this great and successful conference.

国際会議レポート

■ APBC2010参加レポート

竹本 和広 (科学技術振興機構さがしげ)

1月18～21日にインドのバンガロールで開催されたThe Eighth Asia Pacific Bioinformatics Conference (APBC2010)に参加してきたので、ここに報告する。

APBCは2003年にオーストラリアのアデレードで第1回が開催され、これまで(その名の通り)アジア太平洋の広い地域で開催されてきた。今回の第8回では初の南アジアでの開催となった。

開催地のバンガロールはチェンナイとならぶ南インドの中心都市である。マイソール高原の上、標高920mにあり「インドの庭園都市」と呼ばれる。その名に相応しく穏やかで涼しい気候にあり、緑が美しく映える街である。また、インドのIT産業の中心地でもあり、インドで最も近代的な街としても挙げられる。APBCが開催されたのは、そのバンガロールの中心に位置する Indian Institute of Science である。インド工業の父と呼ばれるJ.N. Tataの構想によって20世紀初頭に創立された国内トップクラスの研究機関だ。

今回のAPBCでは投稿された231篇の論文の中から67篇が口頭発表として採択された。これらの採択された論文はBMC Bioinformaticsに併せて公表される。既にvol. 11 suppl. 1に掲載されているので、是非ともお読み頂きたい:

<http://www.biomedcentral.com/1471-2105/11?issue=S1>

口頭発表はふたつの会場で並行して行われたため全ての発表を聞くことはできなかったが、どれも興味深かった。採択論文の全体な傾向としては、ゲノム機能解析や構造ゲノミクス、そしてネットワークに関する研究が多く見られた。また、メタゲノムやインフルエンザやHIVといった疾病に関する研究も多くなり、それぞれについてセッションが新しく設けられていた。



なお、参加者(登録者)数は21ヶ国から約600人で、参加者の大半はインド国内からだった。人口も影響するだろうが、インドという国の勢いを改めて感じた。日本からの参加者は私を含めて数名で、東アジアで考えても10名強であった。交通の便が多少悪いことに加え、2008年末にムンバイで起きたテロの影響もあると思われる。参加国の偏りは多少残念であったが、これはインドのバイオインフォマティクス(BI)事情を肌で感じるよい機会となった。

インドは近年大きく発展する国のひとつであり、BIも大きく発展している。Industry Trackではインド初のBI企業であるStrand Life Sciencesを始めとする6企業による発表が行われ、インドにおけるBI産業の着実な拡大が示された。また、交流を通して感じたことであるが、インドの学生の研究に対する意識は極めて高い。これは学生をサポートする教育制度が強固であることの現れでもあると考えられる。事実、インド国内にはBIに関する強固な連携体制が存在する。なお、インドのBI事情については「蛋白質 核酸 酵素」2004年10月号で八尾徹先生が詳細に報告している。

ポスターセッションでは約180の発表があった。大半はインド国内からの発表であり、ドラッグデザインやPPIネットワーク解析などタンパク質関連の研究が比較的多くみられた(タンパク質関連の研究が多いのはRamachandranの影響である)。発表はどれも興味深かつ



た。ここでは私もポスター発表を行い、光栄なことに、それはベストポスター賞のひとつに選ばれた。それをきっかけに更に多くの研究者と交流することができ、大変充実したものとなった。発表は、代謝物種間分布(種と代謝物の関係)とその進化に関して数理的に言及するものであった。蓄積された大規模データを用い、ネットワーク解析と数理モデルを通して、この代謝物種間分布の進化についてシンプルな仮説を導いた。これまで自身の研究はBIの主流から外れていると感じていたため、肩身の狭さを感じていたが、今回の受賞で励みになった。

会場の様子やBanquetに関しては、以下にたくさんの写真が掲

載されている：<http://picasaweb.google.com/apbc2010updates/> ここにはその一部を示している。会場はとにかく活気があり、質疑応答はいつまでも絶えることがなかった。また、BanquetはNCBSという美しい自然に囲まれたセンターで開放的に行われた。特に、ここで披露されたインド舞踊は神秘的だった。

これからもAPBCはアジア太平洋の各国を回る。次回のAPBC2011韓国のインチョンだ。再び東アジアに帰ってくる。アジア太平洋ネットワークをより強固にする意味でもAPBCは重要な役割を果たすと考えられる。これを機会に、皆様には是非ともご参加頂きたい。

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

大上 雅史(東京工業大学大学院情報理工学研究科計算工学専攻)

2007年に秋山教授が産総研CBRCから東工大に移られてきて、このバイオインフォマティクスの研究室が計算工学専攻に創設されました。そして、それまで情報工学科で通信理論や電子工学などを学んできた私が、何を間違ったのか学部卒業研究で入った研究室がこの秋山研でした。秋山教授が素晴らしい巻頭言を執筆なさるとのことなので、教授の顔に泥を塗ることのないようそれはそれは神経を尖らせてこの記事を書いているわけですが...

東京23区の端の方に位置し、芝生が広がり、春には桜の花が咲き誇り、お昼時はピクニックにくる家族連れで賑わう、そんな地域の公園のような東京工業大学大岡山キャンパスの中の情報理工学研究科・計算工学専攻にあるのが秋山研究室です。計算工学を学ぶ集団の中では一際異彩を放つバイオインフォマティクスの研究室ではありますが、同じフロアの中だけでも統計学習の研究室や人工知能の研究室などがあり、計算工学の応用という観点での活発な議論が行われています。また、すずかけ台キャンパスの方には生命系の研究科である生命理工学研究科があり、ウェットな研究をバリバリ行っている人たちが集まっています。すずかけの研究者とも交流があり、共同研究なども盛んに行われています。

秋山研究室では「タンパク質間相互作用予測」「薬物クリアランス経路予測」「ゲノム配列解析」の3つを主な研究テーマとして掲げ、それぞれのグループごとに研究を進めています。計算工学専攻の研究室ということもあり、ウェットな実験をすることはまずありません。研究室の中には計算機が大量に配置され、また東工大が誇るスーパーコンピュータ“TSUBAME”を駆使(酷使?)しながらドライな実験を日々行っています。学部生はTSUBAMEを落として初めて一人前になれるとか... (笑)

私自身の話をしますと、現在はタンパク質間の相互作用(Protein-Protein Interaction: PPI)をタンパク質剛体ドッキング予測による結果から解析する手

法について研究しています。そもそもPPIとドッキングは異なる概念ではありますが、複数の予測ドッキングサイトが密に分布している場合や、ドッキング予測の評価値の分布に特異性を見いだすことで、対象としたタンパク質ペアが相互作用しているかどうかの予測ができるという独自仮説の下、検証を進めています。“MEGADOCK”と名付けられた当研究室で開発中のドッキングシステムの並列化や計算の工夫による高速化を行い、最終的には1000個×1000個のタンパク質を総当たり(100万=1Mega通り)で相互作用予測するという目標に向けて、日夜(TSUBAMEが?)頑張っています。とはいっても私はまだM1(このニュースレターが出る頃はM2かな?)なので、諸先輩方に学ぶことが非常に多く、刺激的な毎日を送っています。

もう1つのメインテーマである薬物クリアランス経路予測については、市場に出回る化合物から機械学習や統計的手法によって体内代謝経路予測モデルを生成するという試みがなされてきています。この研究は東京大学の薬学系の研究室と共同で進めており、ただ単に予測精度が良いことだけではなく、薬学や医学の専門家にとって有益かつ利用しやすい知識の抽出という、モデルを複雑化して精度を向上させていく潮流とは相反する問題に真っ向から挑戦しています。将来的に実際の医薬品開発の現場での利用に耐えるシステムを構築するべく、薬学系研究者からの生のフィードバックを多く受けられるようなWebアプリケーションシステム(CPathPred)としての公開を予定しており、開発を進めています。

また、ゲノム配列解析については、関わっている人間の数こそ少ないものの、情報理工学研究科の代表的技術であるHPC技術を存分に発揮できる分野として注目を集めています。最近何かと話題にのぼる次世代シーケンサーとも大きく関わっており、次世代シーケンサーの出力する膨大なDNA断片配列をゲノム上にマッピ



ングする問題など、HPCが活躍する問題がたくさんあるのが特徴です。特にTSUBAMEが2010年の秋にバージョンアップする予定(TSUBAME 2.0)で、GPU演算部分で3PetaFlopsの性能を目指していることもあり、世界トップクラスの並列計算機環境で研究を行うことができる点など、環境に非常に恵まれているといえます。もちろんGPUによる並列計算技術は他の問題にも適用可能であり、先程

のPPI予測におけるMEGADOCKシステムのGPUによる並列化に関する研究も進められています。

計算機に囲まれた秋山研究室、ウェットな視点とは一風変わったドライな環境に、是非一度足を運んでみてはいかがでしょうか。研究室の真ん中にあるソファ(兼学生の仮眠ベッド)でお待ちしております。

学会からのお知らせ

■ 2010年日本バイオインフォマティクス学会年会(JSBi2009) 開催のお知らせ

日 時：日時:2010年12月13日(月)～15日(水) 場 所：九州大学医学部百年講堂

■ 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報告

中井 謙太(東京大学医科学研究所)

ご存知の方も多いと思いますが、日本バイオインフォマティクス学会では、人材育成の一助となることを目指して、年一回、バイオインフォマティクス技術者認定試験を実施しています。現在のような形で試験が実施されるようになってから、今年度で3年目を迎えたのを機に、試験の準備委員会と問題作成協力者の顔ぶれを大幅に入れ替えて、フレッシュな気持ちで準備に当たりました。また昨年までの4会場(札幌、東京、大阪、福岡)に加え、今年度は仙台と長浜でも試験を実施しました。試験の形式は例年通り4者択一式のマークシート方式で、80問出題しました。試験時間は120分ですので、平均して1問を一分半で解くことになります。試験の内容は、おおまかに、生物科学分野、情報科学分野、バイオインフォマティクスI(データベース、配列解析、立体構造解析など)、バイオインフォマティクスII(進化、遺伝統計学、ゲノム解析、システム生物学など)の4分野から、それぞれ約20問ずつを出題しました。

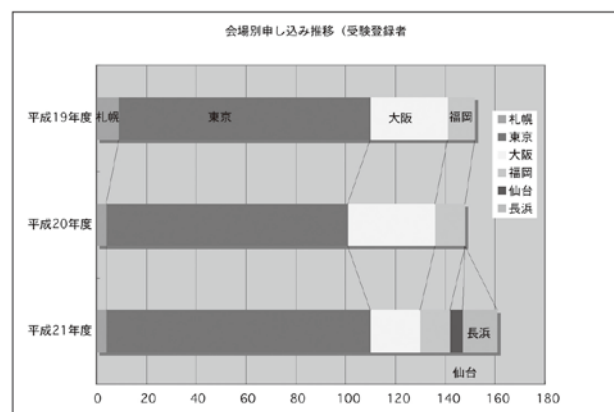
試験は去る11月29日(日)に実施しました。心配された新型インフルエンザの影響も少なかったようで、合計150名が受験してくださいました。うち3分の2が社会人で、残りが学生さんだったそうです。平成19年度が143名、20年度が125名だったので、会場を増やした効果が少しはあったのではないかと思います。実際、長浜会場では、福岡会場より多い、13名が受験してくださいました。

注目の成績分布ですが、1000点満点で平均が626.5点と、たとえば昨年の673.0点と比べても、若干低くなってしまいました。これは、出題者に各分野の専門家を揃えたため、いかに易しい問題を心がけていただいても、出題範囲が広がったり、程度が高くなったりしたためではないかと思われます。これは結構本質的な問題をはらんでおり、たとえば「バイオインフォマティクスの技術者が知っておくべき情報科学とは何か」、「とりあえず求められるのはプログラミングの知識ではないか」という大問題(?)にもつながりますし、4者択一式で、思考力を問う複雑な問題を出すのが適当なのかということも、考える必要があります。これらについては明確な答えがあるはずもなく、今後とも議論を重ね、試行錯誤を続けていきたいと思っています。なお、今年度は600点以上を合格とし、78名に合格通

知を出しました(合格者には合格証書の他に、JSBi認定技術者のシールが50枚送られます)。今年度の合格率は52%とかなり低くなってしまいました。できれば、今回不合格になった方にも、来年度以降、捲土重来を期していただければと思います。

なお、過去の試験問題は解答も含めて、すべて学会のホームページからたどれる専用ホームページからダウンロードできますので、ぜひ一度ご覧ください。今年度は、簡単な解説集も用意しましたし、過去3年間の成績優秀者に受験体験記を書いていただきましたので、これから試験を受けてみようと思われる方には特に参考になると思います。また、この試験と直接連動しているわけではありませんが、科学技術振興財団バイオインフォマティクス推進センターで以前から行われてきた「ゲノムリテラシー講座」において、本認定試験の過去問などを材料にした「バイオインフォマティクスの基礎」という講座のシリーズが今年度行われました。伝え聞くところによると、かなり好評だったそうです。講義の様子は、ストリーミング配信されています。来年以降の試験の受験準備にも有効なのではないかと思われます(<http://www.bird.jst.go.jp/jinzai/literacy/streaming/>)。

最後になりましたが、今回の試験の準備や実施にあたり、様々な面で献身的にご協力くださいました関係者の皆様方に厚く御礼申し上げます。



■ 平成22年～23年度評議員決定

来年度より二年間、以下の方々に評議員にご就任いただくことになりました。

選挙の際は、会員の皆様にご協力いただきどうもありがとうございました。

(50音順、敬称略) 阿久津達也(京都大学)／浅井潔(産業技術総合研究所、東京大学)／大林武(東北大学)／久原哲(九州大学)

佐藤賢二(金沢大学)／清水佳奈(産業技術総合研究所)／関嶋政和(東京工業大学)

瀬々潤(お茶の水女子大学)／中井雄治(東京大学)／米屋隆(協和発酵キリン株式会社)

■ InCoB 2010 開催のお知らせ

International Conference on Bioinformatics (InCoB), the annual conference of the Asia-Pacific Bioinformatics Network (APBioNet; <http://www.apbionet.org>) brings together bioinformaticians and scientists with biology and/or computer science background. Since the inaugural conference in Thailand in 2002, InCoB was held in eight countries of the Asia-Pacific region, except Japan and Australia which have a long and strong track record in bioinformatic research. In November 2009 the APBioNet Executive Committee unanimously voted for a bid to bring InCoB2010 to Tokyo, Japan. InCoB2010 (<http://incob10.hgc.jp>) will be held at Waseda University's International Conference Center from September 26-28, 2010 and is organized in collaboration with the International Immunomics Society (IIMMS) and Chem-Bio Informatics Society (CBI).

Clyde Hutchison (J. Craig Venter Institute), Hiroaki Kitano (The Systems Biology Institute), and Japan Academy Prize 2008 winner Yoshiyuki Nagai (RIKEN CNRID), have accepted to present Keynotes.

Day 3 is held in conjunction with special CBI sessions on translational bioinformatics, cloud computing and synthetic biology. Concurrently, IIMMS has on Day 3 its 3rd Conference of Basic and Clinical Immunogenomics and Immunomics (BCII).

The expanded scope of InCoB2010 provides scientists the opportunity to submit original research articles for publication in supplementary issues of BMC Bioinformatics and BMC Genomics or regular issues of Immunome Research (Biomed Central) and IPSJ Transactions on Bioinformatics. Submissions to InCoB2010 may cover any aspect of bioinformatics, computational biology, chem-bioinformatics, bioinformatic-related cloud computing, biocomputing, personalized medicine, environmental genomics (white bio), synthetic genomes and organisms, metagenomics, pharmacogenomics, and immunomics conveying a scientific result. The submission deadlines for full papers and poster abstracts are April 15 and June 30, respectively. For details, please visit <http://incob10.hgc.jp>

学会議事録 等

■ 第26回日本バイオインフォマティクス学会評議委員会議事録

日 時:平成21年12月15日(火) 12:00-13:30

出席者:後藤(会長)、松田(副会長)、久原(次期年会長)、有田、榊原、本野、(幹事、評議員)、

秋山、木下賢吾、矢田、奥村、皿井、須山、野口(評議員)、

1. InCoB2010について

InCoB(International Conference on Bioinformatics)をJSBiが後援することについて、中井幹事より報告があった。

2. 夏の学校開催報告

有田評議員より、夏の学校開催に関する報告があった。
今年度は定量生物学の会との合同企画で行い、これまでと比べ、予算を削減することができた。
また、次年度以降の開催についての議論がなされた。
- 幹事は公募で若い人などに手をあげてもらってはどうか。(有田)

3. JSBi2010の開催について

来年度のJSBi2010について久原哲年会長より報告があった。
12月13日午後～15日に九州大学医学部百年講堂で開催を予定している。

4. GIW2009特別セッションについて

今回のGIW2009で行われるJSBiの特別セッションについて報告があった。今回は、ソフトウェア・デモの中から2件を選び、そのチュートリアルを行うとともに、東京大学 萩谷教授に招待講演をお願いしている。

5. 学会サーバ外部委託進捗状況について

学会サーバ外部委託進捗状況について平川幹事より報告があった。現地点ではテスト環境で準備中で、来年度よりの稼働を目指している。

6. AASBi報告

宮野幹事より、AASBiおよびGIWに関する報告があった。GIWは来年上海で、再来年は韓国で行われる予定。2012年は台湾での開催が内定。また、出版物に関しては、今回のGIW2010では現在のGenome Informaticsでの出版を最低限担保しつつ、別のジャーナルでの出版が可能かどうか検討し

ていくことになった。

7.認定試験について

中井幹事より、認定試験について報告があった。

受験者数は150名。東京が100人程度と過半を占めるものの、今回は、大阪、長浜等の受験会場でも受験者数が多かった。

カードによる支払いを可能としたこと、経済状況の悪化にともない、就職活動等での需要をつかんだこと等で、受験者を増やすことに成功した。

また、今後は、学会員の増加につなげるよう、受験料の学会割引等を検討する。来年度については、沖縄でも受験会場の開設を検討している。

8.評議員選挙について

評議員選挙について後藤会長より推薦の依頼があった。

さらに、評議員の若返りを図るため、学会会則第2章第3条細則へ：「得票者中の上位の者より順に10名を選出する。同数得票者については年齢の高い順に順位を定める。」を「得票者中の上位の者より順に10名を選出する。同数得票者については年齢の低い順に順位を定める。」と改めることについて議論がなされ、議決がなされ可決された。

9.事務局について

現在JSBiは東京大学宮野研究室において学会事務を行っているが、今後事務局の運営をどのようにしていくかについて、ワーキンググループをたちあげ、議論をしていくことになった。

■ 平成21年度日本バイオインフォマティクス学会総会議事録

日 時：平成21年12月15日 火曜日16:00～16:30 場 所：パシフィコ横浜アネックスホール

参加者：後藤会長、松田副会長、会員80名 委任状：会長委任 154名 議事録：鈴木

総会に先立ち、松田副会長より議長の推薦があり、総会の議長は後藤会長に決した。

1.平成20年度事業報告

後藤会長より、平成20年度の事業報告があり、承認された。

2.平成20年度収支決算報告

後藤会長より、平成20年度の収支決算報告があり、承認された。

3.平成21年度事業計画及び予算案

後藤会長より、平成21年度の事業計画について報告があった。

後藤会長より、平成21年度予算案が提出され、承認された。

本年度は、GIW2009への支出とサーバ外注に大きな予算が当てられている。

当予算案は平成21年5月26日の評議員会においてすでに承認されているが、その後、公募研究会に25万円及びGIW2009のJSBi Special Sessionへ21万5千円を充てることが決定したため、この二項目を追加している。

4.細則の変更

後藤会長より、平成21年12月15日の評議員会において細則第3条へ項の以下のような変更が決議されたとの報告があった。
変更前「同数得票者については年齢の高い順に順位を定める」
変更後「同数得票者については年齢の低い順に順位を定める」
この変更についても、承認された。

以上

学会の現況

・有効会員数（平成22年3月10日現在） 正会員：525名（学生会員90名を含む） 賛助会員：26社

・賛助会員一覧（平成22年3月10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
塩野義製薬株式会社
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)	
	榊原 康文	(慶応義塾大学理工学部)	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)	
	榊原 康文	(慶応義塾大学理工学部)	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)	

JSBi



今回は医療インフォマティクスを特集してみました(もちろん今回の記事だけでカバーできる分野ではありません)。ご寄稿頂いた先生方にお礼申し上げます。せっかくの記事なので、ニューズレターを文献として引用できる形に変えていただこうかと思いました。会員の方々に意見を頂ければ幸いです。

(白井)

どうやら今年は念願叶い花粉症デビューのような気がしています。少女の頃車椅子のクララに憧れたのと同じように、ここ数年花粉症は憧れでした。この春、クララ気分を思いっきり味わうつもりです。

(鈴木)

JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS