



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21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:企業のバイオインフォマティクス活用事例]	2
[研究会・地域部会の活動報告].....	8
[国際会議レポート].....	10
[リレー紹介:日本のバイオインフォマティクス研究室].....	11

[学会からのお知らせ].....	12
[学会議事録等].....	13
[学会の現況].....	15
[編集後記].....	16

卷頭言

この4月より会長に就任いたしました。大変な大役を仰せつかり身が引き締まる思いですが、学会の発展に精一杯努力する所存でございますので、よろしくお願ひいたします。

さて、バイオインフォマティクスを取り巻く状況は、ここ数年で大きく変わってきました。当初は、生物学(特に分子生物学)と密接に結びついていたものが、それに加えて医学、薬学、農学など数多くの分野とのつながりを持つに至ったことは、会員の皆様も良くご存知のことと思います。背景としては、急激に拡大し充実してきた生物情報の利用技術を専門とするバイオインフォマティクスの重要性が増していることが指摘されています。特に近年、次世代シーケンシング技術に代表される技術革新により、研究室レベルでかつてないほど大量のデータ解析を行う必要が生じています。

このように、研究分野としてのバイオインフォマティクスの重要性は増してきているのですが、残念ながらそれが日本バイオインフォマティクス学会(以下では、JSBiと略します)の活動の活発化につながっておりません。例えば、JSBiの会員数は2006年度をピークに減少を続けています。この原因は何でしょうか。幹事会での議論に私見を交えて分析してみると、次のような点が考えられます。

まず、バイオインフォマティクスという用語が定着し、関連分野が広がるのに対して、JSBiの活動が機動的に対応しきれていない所があるのでないかと思います。よくドッグイヤーと言われますが、技術革新と研究分野の展開は年と共にスピードを増しており、そのトピッ

クが旬なうちにできるだけ早く情報収集や成果発表をしたいという要求があると思われます。JSBiでは、特定のトピックでの研究成果の発表・討論の場として研究会があります。ただ、研究会を設立するには、ほとんど形式的ではありますがないいろいろ手続きが必要で、スピード感に欠けると思われている可能性があります。

次に、扱う分野がJSBiと類似している学会があり、さらに特定の学会とつながらない独立した研究会もいくつか立ち上がっています。いずれも会費や参加費が必要ですので、研究者や学生にすれば経済的な負担を避けたいため、必然的に活動はどれかに絞ることになり、学会当たりの活動の低下を招いていると思われます。

他にもいくつか原因があると思いますが、上の二つの点はJSBiとしても認識しており、いくつか対策を立てつつあります。まず、第一の点については、昨年度に研究会の公募という試みを行いました。これは、会員の企画運営による研究会を提案してもらい、審査に通れば開催経費が補助されるというものです。開催したい企画があるが、正式に研究会として設立するほど発表者が見込めるかわからない場合などに、お試しで使ってもらえると思われます。第二の点については、関連する学会と合同で企画を運営するなど、学会間の連携を進めています。一例をあげれば、来年の年会はCBI学会の



大会と合同で開催することが決まっています。JSBiとCBI学会の両方の発表を一度に聞けるのは、会員にとってうれしいことですし、両学会としても会議参加者数の増加が見込まれるなど、学会活動の活性化につながります。いずれも、すぐに効果が出るようなものではないと思いますが、バイオインフォマティクス分野の研究活動の活性化が必要であり、このような試みを続けていくことが重要だと考えています。

さて、全く別の話題ですが、JSBiでは現在、法人化を準備中です。JSBiは設立以来、法人格を持たない任意団体として活動してきました。しかし、いつまでも任意団体のままだと、例えば職員の雇用や事務スペースの借り上げなどの契約を団体として結ぶことができない

いなどの問題があります。JSBiの事務局は、これまで宮野先生の研究室によるボランティアで支えられておりましたが、この先もずっとこの状態を続けるわけにいかないのは確かです。将来的に事務局に関する契約をJSBi名義で結ぶことができるよう道筋をつけておく必要があり、このためには、法人化がどうしても必要と考えております。これについては、現在、準備作業を進めており、近いうちに会員の皆様にご報告できると考えております。

以上、JSBiの最近の動きについて紹介させて頂きました。今後とも会員の皆様方のご支援をよろしくお願い申し上げます。

松田 秀雄（大阪大学大学院情報科学研究科）

特集:企業のバイオインフォマティクス活用事例

■ 次世代シーケンサー登場による計算機需要の上昇--計算環境提供側からの視点

渡辺 理恵（株式会社ナベインターナショナル マーケティング担当）

以前からバイオインフォマティクス向けのクラスター計算機システムを開発、販売してきた弊社において、2007年頃から「大規模シーケンサー向け」計算機の導入を行うケースが増えました。生物系・医学系の大学学部や研究所であればどこの解析室にも設置されているというDNAシーケンサーですが、学会附設展示会等にて出展した際それらのユーザー様にコンピューター導入の可能性を伺っても、従来は「解析はパソコン1台で済んでしまうので、大きな計算機は不要」とのお答えばかりでした。しかし、ここ数年登場した次世代型と呼ばれるシーケンサーが生むデータ量は大変に膨大であり、シーケンシングデータ解析に要する計算能力についても解析データを保存するストレージについても、パソコン1台では到底追いつかないものとなっています。この大きな変化、そして新たに需要が増えてきたユーザー様側のニーズについて、研究者の方々に計算環境を提供する側である私達から見える特徴をまとめてみたいと思います。

○大規模ストレージの重要性上昇

従来型シーケンサーの産出するデータは1回で約数百万塩基ですが、次世代シーケンサーにおいては1回のランで数十億から数百億塩基以上、電子データにしてテラバイトに及ぶ（※画像データの場合）ため、解析対象データの量は大きく変化しています。対象データは複数のソフトウェアや解析手法を用いて解析するためその結果だけでも膨大な量になる、塩基配列への変換後に消去するはずの画像データも一定期間保存しておきたい等の理由から、次世代シーケンシング解析システムにおいて大規模なストレージはほぼ必須となっています。元々バイオインフォマティクス向け解析システムにおいては、次世代シーケンサー登場前から数テラバイトのRAID（冗長化）システムを持つ構成が大半でしたが、保存データ量の急増とハードディスク大容量化に伴い、最近は1台で約50テラバイトに達するストレージシステムを何台導入するか、という話が主流になっています。シーケンシングセンターとしての役割を担うユーザー様サイトにおいては、ペタバイト級のストレージを構築されるケースも出現しています。

ストレージの大規模化に伴いユーザー様が気になってくる点の一つが、データへのアクセス速度の問題です。アクセスするユーザー数の多いシステムでは、どうしてもファイルI/Oがボトルネックになります。簡単な改善方法としては、ハードディスクよりI/O性能に優れるSSDを追加し、アクセス頻度の高いファイルを高速アクセス領域に置く方法、また計算主体クラスターシステムのヘッドノードをストレージサーバーが兼ねている場合は、ファイルサーバーを別建てしてそちらにストレージを接続することでアクセス負荷を分散する方法等があります。しかし、最も効果的なのは、GlusterFSをはじめとする分散ファイルシステムを用いたストレージの導入です。分散ファイルシステムは元来負荷分散と冗長性確保が主たる優位点ですが、ストレージへアクセスする子ノードを増やすほど通信帯域が広くなるその性質から、ファイルI/O速度の改善を目的としての採用が可能です。このファイルI/Oボトルネックは実際にシステムを運用してからでないとその重要性がわかりづらい点であり、弊社の提案するGlusterFS構築をご関心を示すユーザー様は、既存システムでこの問題に直面されたというケースが多いようです。

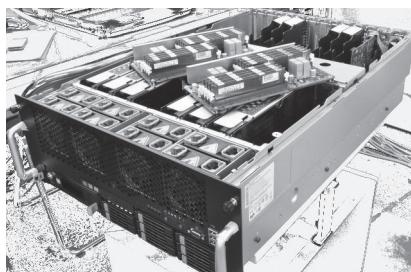


○シーケンシング対応ソフトウェアの新登場

バイオインフォマティクスは他の計算系研究分野に比べて元々オープンソースの活用率が高い分野でしたが、次世代シーケンサーの出現によりまた新たなオープンソースソフトウェアが多数出現しています。旧来からアライメントを行うに必須のBLASTや弊社で代理販売を行っているBlast+に加え、次世代シーケンサーが高出力する短い塩基配列向けに特化したBowtieやSOAP、その他マッピングやアセンブルを行うMAQ、ERANGE、Velvet、Edena等が発表さ

れています。これらソフトウェアにはまだ「定番」が決まっていないこともあります。複数の解析手法を同じデータに対して試行するケースが多いようです。弊社製システムはご使用予定アプリケーションを事前にお伺いしてプリインストール・構築済みでの導入となります。その数量はシーケンサーメーカーが提供する解析ツールも含め、10個20個とご要望をいただくことが標準的になっています。

また、特にVelvet等にてアセンブルを実行する場合において、メモリ上にすべて展開して使う必要のあるソフトウェアであるがゆえに、大量のメモリを搭載するサーバーを導入する事例が増えています。生物種にもありますが、アセンブル向けとしては1台に64ギガバイトから512ギガバイトのメモリ搭載は当たり前の時代になってきています。今年度に入ってからは1テラバイトメモリ搭載マシンが登場し、既にユーザー様サイトにてフル稼働しています。



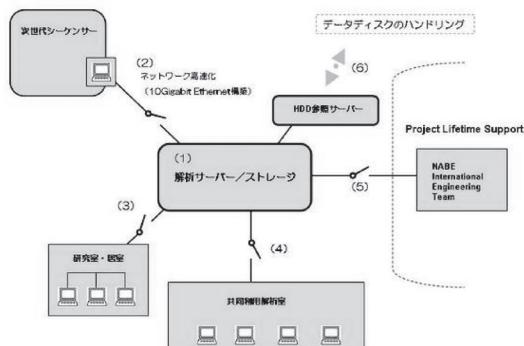
○解析システムを中心とした計算環境全体整備と、継続サポートの必要性上昇

次世代シーケンサー向けデータ解析システムの特徴として、メインの計算サーバーおよびストレージに限らず、サーバーまでの遠隔からのアクセス環境やインフォマティクス専門でないユーザー向け環境を併せて整備したい、またそれらを将来柔軟に変更させたいという需要の増加が挙げられます。計算センター的な役割を担う部署であればある種当然のことではありますが、そうでない単独の研究室においても、共同研究先からのアクセス等が必要な場合等、計算サーバー以外の環境整備の必要性が発生しています。従来は数年間にわたる研究プロジェクトの初期にその時点で最先端仕様のコンピューターを導入し、途中で拡張を加えながら使い切るというパターンが多くを占めていましたが、約半年に1度という高頻度でアップグレードされるシーケンサーについては、その進化に合わせてプロジェクト中に解析システムと周辺環境を大きく変更させたいというご要望が増えてきました。

具体的には、出力データ量の増加に伴うCPU数やストレージ容量の拡張はもちろん、GUIを用いた解析ツールGalaxy等の設定、シーケンサー設置場所から離れた解析室や他組織となる共同研究先からのアクセス設定、解析済みデータを入れたハードディスクを物理的に移動させ易くする機器の導入など、後から必要性の増す項目は多々考えられます。研究室からのシーケンシングデータ利用にあたり、UCSC Genome Browserのミラーサイトを構築するケース

も出てきました。また、オープンソース解析ソフトウェアもシーケンサーメーカー提供ツールも隨時アップデートされているため、システム導入後もそれらを計算サーバーへ反映したいという声は多数あります。弊社では、プロジェクト期間中におけるOSやソフトウェア面の設定変更、アップグレード等をリモートから実施するProject Lifetime Supportサービスを設けておりますが、解析システム導入時にこのサービスを同時にご契約されるケースが増えてきております。このProject Lifetime Supportは、従来は納品時以降ハードウェア保守のみであったサポートの対象をソフトウェアにも拡張し、リモートからソフトウェア構築を実施することによりプロジェクトを通してのシステム活用をサポートするものです。

Takeru for Sequencer III



○まとめ

これまで述べてきたように、次世代シーケンシングデータの解析システムには次の特徴があります。

まずは大規模ストレージが重要であること、また大規模化によりストレージへのアクセス速度向上が必要になること。

オープンソースソフトウェアを中心とした新しいアプリケーションが続々出てきていること、使用する種類によっては大容量のメモリが必要になること。

解析サーバー周辺の環境整備も必要になること、システム導入後の柔軟な変更可能性が重要であること。つまり、プロジェクト終了までシステム提供者側の継続したサポートが得られること。

解析システムを設計する場合は、これら特徴を踏まえた上で必要な仕様構成を考えることが重要です。また、外部による構築サポートを受けながらユーザー様自らが解析システムを設計し、そのノウハウを積むことで、進化の速いシーケンサー技術を解析の道具として自由に使えるようになるものと考えております。上記の特徴を重視し構築サポートを行う弊社の次世代シーケンサーデータ解析システムTakeru for Sequencer IIIが、未曾有のデータ量で新しい局面を迎えたバイオインフォマティクス分野において、意欲的な研究の良きプラットフォームになることを願っています。

■ バイオインフォマティクス活用事例の募集

山口 昌雄（アメリカ株式会社 社長）

1.はじめに（設立の趣旨）

アメリカは「ITのチカラで研究を支援」をコンセプトに、バイオインフォマティクス事業および研究支援事業に取り組んでいます。2009年6月に設立されてから今日まで、遺伝多型(SNP・CNV)、シーケンサー、マイクロアレイから得られた網羅的なヒトゲノム情報の有効活用を目指して、研究者の皆さまとともに歩んでまいりました。

ヒトゲノムの全塩基配列決定を掲げた「ヒトゲノムプロジェクト」が公式に開始された約10年後の2001年に、ヒトゲノムの配列決定を約9ヶ月という短い期間で達成したという研究成果がScienceで発表され^{*1}、世界に衝撃を与えました。約300台の「ABI Prism3700」と世界最速と言われたスーパーコンピュータを擁する巨大研究施設で行われた、約3億ドルを投資しての巨大事業は、生物学とコンピュ

ーター・サイエンスによる新時代の幕開けを確信させるものでした。2010年現在、最先端の大規模施設でなくても、ひとつのシーケンスデバイスを数日間稼働させ1万ドル以下のコストを投じれば、ヒト1人のゲノムの配列を決定することが可能になりました。

しかし、圧倒的なスピードでシーケンスシステムから出力される膨大なデータから、新たな生物学的知見を導き出すための解析は、金銭的または時間的なボトルネックになる傾向にあります。バイオインフォマティクス研究で開発されたアルゴリズムやデータベース、データ解析ツールを、バイオの実験が行われる現場で駆使する、つまり、バイオインフォマティクスと生物学の実質的な架け橋になりたいという思いで業務に取り組んでいます。

2.バイオインフォマティクツールを実験の現場で活用するには?

現在、私たちの一番の強みはSNPの網羅的な解析にあります。2000年から日本で始まった「ヒトゲノム多様性解析プロジェクト」の中のひとつ、「JSNPプロジェクト」により、2年間で約20万SNPが探索されデータベース化されました。DNAマイクロアレイの進歩は目覚ましく、今や1枚のDNAチップを用いれば、複数のサンプルに対しても、それぞれ一百万以上のSNPジェノタイピングを行えます。

しかし、本格的にバイオインフォマティクツールや統計学を利用した研究経験のない研究者は、出力された数百万行～数億行のデータを手にして困惑します。

「ソートしたいだけなのに、エクセルで表示しきれないから全体を見ることもできない」

「統計解析のためのツールを探したけど、コマンドラインで作業するものばかりだし、指定されている書式に変換するにはどうしたらいいかわからない」

「簡単に使えるビューアーはないの?」

ご相談をいただく過程で、多くの優れたバイオインフォマティクツールが存在するものの、インターフェイスがCUI(Character User Interface)であることや、独自のファイル形式を要求するため書式変換が必要(場合によっては、サーバーの管理や保守も必要)であることが、ツールの活用の障壁になっていることに気付きました。

3.Webインターフェイスでバイオインフォマティクツールを提供

マイクロアレイデータの解析法も様々で、標準化や有意差検定、クラスタリング、ネットワーク解析、さらには、臨床情報とSNPによるQTL解析、発現情報とSNPによるeQTL解析などがあります。

私たちは、ケース・コントロール解析を行う時に、世界的にSNPのゲノムワイド関連解析(Genome Wide Association Study: GWAS)で実績のあるPLINK^{*2}というオープンソースのゲノム解析ソフトを使用します。PLINKのインターフェイスはCUIのみですが、複数の受託解析により蓄積されたノウハウを共有し、さらなる解析期間短縮と利便性を高める目的で、社内向けにWebブラウザによるGUI(Graphical User Interface)を構築したところ好評を頂きました。

そこで、ゲノムワイド関連解析の主要なステップを行える簡単なWebインターフェイスを、サービスとして提供しようと考えました。

こうして開発されたのが、ゲノムワイド関連解析ソフト「Quick GWAS Online」です。「QuickGWAS Online」は、GWASの主要な解析を3つのステップで簡単にお使いいただけるオンライン版ソフトです。

ステップ1 「プロジェクトの登録」で、DNAチップの種類を選択し、データをアップロードします。

ステップ2 「GWASの実行」で品質管理(QC)を設定して、ゲ

ノムワイド関連解析を実行します。

ステップ3 「結果」では、解析結果と図表をダウンロードできます(図1.マンハッタンプロット)

新機能の追加や、専用サーバーの設置・運用の手間とコストを軽減させ、IDとパスワードによる認証後どのPCからでもデータの保管と更新ができるように、サービスをクラウド上に構築し、SaaS型(インターネットを介してサービスを提供する形態)で提供しています。解析機器から出力された実験データのゲノムワイド関連解析の主要な遺伝統計解析を、自動で短時間に行えるソフトを目指しました。

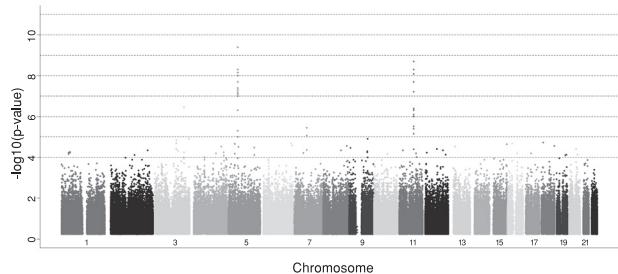


図1.マンハッタンプロット

4.中・小規模のゲノムワイド関連解析を支援するソフト

解析機器の低価格化に伴い大量のデータが安価で手に入る時代へと移行していく中で、ゲノムワイド関連研究はより身近になると予想されますが、ゲノムワイド関連研究のデザインには統計的なデザインが肝心です。

生活習慣病などの多因子疾患を対象にしたゲノムワイド関連研究では、個々の遺伝子の関連性が小さく保有する個体の頻度が小さいと予想されるため、検出力を確保するにはサンプル数を増やす必要があります。近年、数万人を対象にした大規模なゲノムワイド関連研究をよく見かけるようになったのはこういった統計学的な理由からです。

一方で、サンプル数の収集が困難であるため研究が進まなかった希少疾患では、百人前後という小・中規模の解析でも成果が報告されています。

「QuickGWAS Online」は、世界的に公開されているHapMapデータ(アジア人)をコントロールとして利用する機能と、さらには、10種類以上のDNAチップに対応することで、中・小規模のゲノムワイド関連解析を実施して、メタ解析などのさらなる解析へつなげるために有効な機能を備えることで、研究を支援しています。

5.データの基本的な解析や視覚化、ルーチンワークをソフトとして提供する

「QuickGWAS Online」は、実験を実施すると必要になる最低限の解析をサポートするためのソフトであると言えます。PLINK以外にもPennCNV^{*3}、Primer3^{*4}等、インターフェイスがCUIで書式変換の必要であったり、複数のデータベースからコピーアンドペーストして同じ作業を何度も繰り返す作業が必要だったりすることは、これまでには当たり前のことでした。しかし、ひとつの遺伝子を追っていた研究では問題にならなかった少しの手間が、複数の候補遺伝子や網羅的な探索へと対象が大きくなるにつれ、手作業では現実的に不可能な障害へと変貌することがあります。

CNV(Copy Number Variation)は、SNPとは別のゲノム多様性の原因として疾患との関連が期待されますが、サンプル間比較に必要なツールはCUIでの操作です。

候補領域や候補遺伝子のシーケンシングに使用する大量のプラ

イマーを設計するためには、プライマー設計のルーチン化が必要となるでしょう。それに伴う、大量のプライマー情報の保管・管理システムの需要も生じると考えられます。

解析結果の視覚化も研究の現場では非常にニーズの高く、UCSC GenomeBrowerに最適化した解析結果のご提供や、オープンソースで公開されているゲノムビューアーを用いた解析結果の視覚化をご提案させていただいております。

アメリカは多くの優れたバイオインフォマティクスツールをWeb GUI化することで、広く使ってもらえるようにしたいと考えています。

6.まとめ

私たちの仕事の多くは、現場に赴いて研究内容をヒアリングすることから始まります。研究の方法や目的は千差万別であり、当然、最適な解析も千差万別です。

「QuickGWAS Online」のようなソフトで対応できない場合は受託解析を提案しますし、お客様のご要望に合わせて、バイオインフォマティクスツールの導入や教育を行うこともあります。スクriptひとつの納品からデータベースやサーバーの構築まで、大小さまざまなニーズを発見して最適な提案ができるのは、アメリカがバイオ・医療分野で経験を積んだIT専門家(バイオインフォマティシャン)の集団であるからだと考えています。

これからもアメリカは、バイオインフォマティクスを最大限活用できる形で提供することで、医療やバイオ分野の研究を最大限支援していきます。

※1 Venter, J.C., et al., "The sequence of the human genome," *Science* 291, 1304-1351, (2001).

※2 <http://pngu.mgh.harvard.edu/~purcell/plink/index.shtml>

※3 <http://www.openbioinformatics.org/pennncnv/>

※4 <http://frodo.wi.mit.edu/primer3/>

■ 株式会社ジナリスにおけるバイオインフォマティクス活用事例

齋藤 静司(株式会社ジナリス)

概要

当社は、ゲノム、メタボローム解析にサービスと共に、バイオプロセス法による有用化合物製造の自社研究開発を行っています。ウェット実験を主とするこうした研究開発に、当社の持つバイオインフォマティクス技術を用いて効率の良い研究開発を進めています。

次世代シーケンサをはじめとする分析機器の発展に伴い、データの量は増大し複雑化しています。バイオインフォマティクス技術を製品開発に取り入れることは、開発の効率化にとって今後ますます重要となっていくでしょう。

はじめに(株式会社ジナリスの紹介)

株式会社ジナリス(<http://www.genaris.co.jp/>)は、「生命科学と情報科学の融合に基づく先進技術を開発、その技術の活用により人々の健康の維持と豊かな自然環境の保全に貢献する」という理念を掲げ、「バイオ先進技術を用いて顧客の研究開発を支援するサービス」「バイオプロセス法による化学品の製造」の2つを柱に事業を展開しているベンチャー企業です。

サービス事業としては、主にゲノム解析、メタボローム解析サービスを行っています。ゲノム分野では、次世代シーケンサを用いたゲノム配列決定、解析受託、ゲノム解析システムGiGS, GiNeS の開発(後述)を、メタボローム分野では、LC-TOF-MS を用いたサンプル中全化合物の推定や比較解析等を行っています。

一方、化学品製造分野においては、上記バイオインフォマティクス技術を活用し、環境に優しいバイオプロセス法による機能性化学品製造の技術開発を進めています。

バイオ分野の技術革新が主に医学、医療分野への応用へと向かう中、当社は設立時の2002年から「環境バイオ」を出口として自社研究開発を行っています。

今回は、企業におけるバイオインフォマティクス活用の事例として、機能性化学品の開発におけるインフォマティクスの活用についてご紹介致します。

バイオプロセス法による有用化合物生産

石油資源脱却によるエネルギー資源の転換と低炭素社会の実現が求められる中、化学品の供給に関しては、バイオマス資源

及び廃棄プラスチックの利用が考えられています。

当社では、「廃棄プラスチックの再資源化」「省エネルギー」「太陽エネルギー利用」の3点で環境問題を解決するため、廃棄プラスチック及びバイオマスグルコースを原料とし、バイオプロセス法を駆使して高付加価値科学品を製造することを目指し研究開発を進めています。現在、廃棄プラスチックを原材料とし、微生物を用いた有用芳香族化合物の効率的な変換を試みており、香料、農薬、工業的材料などの原料をターゲットとしています。

工業レベルの実地生産に必要な生産量は、ターゲット物質の価格に依りますが数10g/Lから100g/Lが目標になり、生産量を引き上げていくことが至上命題です。最初期の試験管実験では数mg/L程度から始まることがあり、市場を目指すということは並大抵のことではありません。当社では後述の試みにより、バイオインフォマティクスを活用し、短期間での有用化合物の上市を目指しています。

タンパク質立体構造の解析による基質特異性の変更

当社の持つ水酸化酵素ライブラリから、あるターゲット化合物を効率的に変換する酵素を探索したところ、複数の候補タンパク質を得ることができました。目的の酵素活性を向上させるため、この変換活性を極めて微弱ながら持つ酵素Aを参考に、得られた複数の酵素タンパクをベースに変異体を作製し、基質特異性の変更と活性の向上を試みました。

既知の酵素立体構造を元に、

- ・ ホモロジーモデリングによる、実験に使用するタンパク質に対するモデル構造の作成
- ・ ortholog, paralog 配列解析
- ・ ドッキングシミュレーションによる基質-タンパク質の結合構造の推定
- ・ 量子化学計算による基質-タンパク質間の相互作用エネルギーの計算

などによって、ターゲット化合物産生変異体候補を作製しました。

候補変異体は、既知酵素Aと比較して30倍以上の活性を示し、既知酵素A変異体の約20倍以上の活性を示しました。

当社では、バイオインフォマティクスの計算に基づいて、ただち

にウェット実験研究者が実験を行って仮想計算の正しさを検証し、実際の成果に結びつけています。

次世代シーケンサを用いたゲノム解析による新規遺伝子の探索

次世代シーケンサ技術の発展により、有用酵素遺伝子探索は新しい次元に達した感があります。

当社では、安価な化合物を代謝して有用化合物を蓄積している微生物を環境試料のスクリーニングから得ました。従来は酵素活性から遺伝子を類推し、縮退プライマーを設計して、クローニングを行っていました。この場合、既知ホモログと相同性が低かったり、そもそも進化的に異なった酵素だった場合、ターゲット遺伝子を得ることが困難でした。

そこで、前述微生物のゲノムを次世代シーケンサ（イルミナGAIIX）を用いて解析を行ったところ、予想ゲノムサイズ約4Mbに対して、2Gb強の配列データが得られました。当社独自のアルゴリズムを用いて配列データのフィルタリング・トリミング処理を行った後アセンブリすると、処理前に654個あったコンティグ配列を86個まで減らすことに成功しました。得られたコンティグに対し、高精度遺伝子予測アルゴリズムGeneLook（当社特許取得済）を用いたゲノムアノテーションシステムGASによる解析を行い、その情報をもとにターゲット化合物の予想される代謝経路（新規経路なので予想通りか五里霧中でした）をコードする数十kbのオペロンを見いだしました。ターゲット遺伝子の周辺配列もまとめて入手できたことも遺伝子特定の判断材料となりました。

これらの情報を基にクローニングを行ったところ、新規酵素をコードする新規遺伝子の取得に成功しました。現在は、この新規酵素による有用化合物生産を工業スケールへ向かわせるための検討を行っています。

質量分析器を用いたメタボローム解析による代謝パスウェイの解析

当社では環境に優しい化学品生産として、バイオマスを原料とした微生物による有用化学品の生産を目指しております。ある細菌の代謝経路を改変して、有用化合物の蓄積を行っております。後述の全成分解析サービスを用いて、代謝経路の律速段階を見つけ出して効率の良い菌株育種を行っています。

実験データの自動解析システム

当社では、バイオ化学品の工業生産に耐えうる培養法を確立するため、日々実験を繰り返しております。ウェット研究者は、各種要素の組合せによる膨大なデータの一次処理に時間を割かれています。当社バイオインフォマティクスが、複数のバイオ実験機器から得られる異なる形式データを一括で統合してアウトプット出来るようにしました。これはウェットとドライが共存する当社ならではの試みで、実務を効率よく処理することが出来る点で、いわゆるITによる業務効率化が実現しています。

バイオインフォマティクスサービス

上記のようなバイオインフォマティクス技術を、サービスとしてお客様にご提供しております。提供しているサービスには、大きく分けてゲノム解析サービス、全成分（メタボローム）解析サービスがあります。

ゲノム解析サービス

微生物ゲノムのアノテーション解析からヒトゲノムの変異解析システム構築まで、幅広くゲノム解析に関わるサービスを展開しています。経

験豊富な米国Beckman Coulter Genomics社が各種次世代シーケンサなどを用いた実験部分を担当し、当社はコンサルティングとバイオインフォマティクス全般を担当致します。ゲノム解析におけるバイオインフォマティクスサービスには、次世代シーケンシングデータのアセンブリ・マッピングなどの二次解析、遺伝子予測などのアノテーション解析、メタゲノム解析などの三次解析があり、お客様のご要望に沿った解析を行ないます。また、2010年1月より、次世代シーケンシング対応ゲノム解析クラウドサービスGiNeS（ギネス：図1参照）を立ち上げ、ゲノム解析結果の可視化からマイニングまで、インターネット上ですべて完結するサービスを開発しております。すべてのシーケンサ、すべての生物種に対応し、またこの分野において国内初のクラウドサービスということもあります、既に多くの方々にご利用いただいております。

S. cerevisiae の RNA-seq 解析結果を 参照配列にマッピングし、GiNeS に登録した図

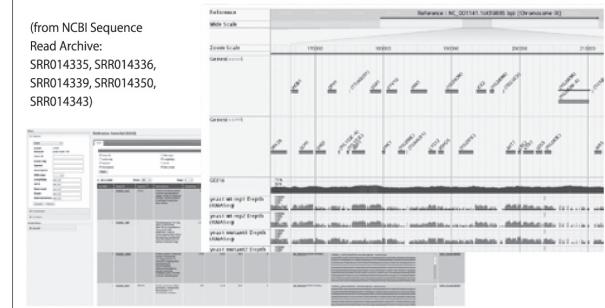


図1.次世代シーケンシング対応ゲノム解析クラウドサービスGiNeS（ギネス）

全成分解析サービス

LC-TOF-MS を用いたサンプルの全成分解析サービスを行っています。本サービスでは、分子量が1000 以内の化合物ピークを網羅的に検出し、検出ピークの化合物推定及びサンプル間の比較を行います。測定誤差をできるだけ小さくするため、1サンプルにつき Positive, Negative イオンモードで複数回の測定を行い、ノイズを除去、さらにモード間ピークの情報を統合します。その後、標準品分析により得られた独自データベースと共に、KEGG等各種化合物データベースとの照合により、化合物の推定を行います。複数サンプルを比較する際には、各々のサンプルから得られたピーク情報の補正と統合を行うことで、より正確な比較解析が可能となっています。複数サンプル間の比較では、BL-SOMによるピーククラスタリング、主成分分析を行うこともできます。サンプル間で同様の変化を見せる化合物群をグループにまとめ、主成分分析でサンプル毎の特徴をわかり易く視覚化して表示します。

おわりに

当社の自社研究開発におけるバイオインフォマティクス活用事例について紹介しました。

バイオ分野においては、近年、次世代シーケンサをはじめ、ハードウェア分野の技術革新が非常に速い速度で進んでいます。ハードの技術革新により分析が比較的簡単に、安価に行えるようになってくると、排出される膨大なデータから有用な情報を抽出したり、それらを見やすい形で整理したり、新たな解析を動的に実行したりという、ソフトウェア分野の重要性が相対的に大きくなっています。研究開発の効率化にとって、バイオインフォマティクス技術の貢献は益々大きくなっていくと我々は考えています。

■ 「沖縄先端ゲノムプロジェクト」における次世代シーケンサの活用とデータ解析

塚原 正俊(株式会社トロピカルテクノセンター)

はじめに

沖縄県は、沖縄振興計画に基づき「バイオテクノロジーの研究開発」に積極的に取り組んでおり、具体的な成果を出すべく様々な事業を推進している。「沖縄先端ゲノムプロジェクト」(図1)は、次世代シーケンサを核とした技術や研究成果により地域振興を目指す先端バイオ研究基盤高度化事業として、(独)産業技術総合研究所、(財)沖縄科学技術振興センター、(株)トロピカルテクノセンター、沖縄県工業技術センターが参加する共同研究体を中心として、2008年8月にスタートした(図2)。

本事業では主として3つの研究項目により推進している。

- ①「次世代シーケンサによりゲノム配列等を効率的・高精度に解析する基盤技術の開発」
- ②「創薬研究に結びつくヒトゲノム情報の効率的獲得とその機能解析」
- ③「発酵産業等の産業振興に結びつく有用生物資源のゲノム情報の効率的獲得とその機能解析」

これまでに、次世代シーケンサSOLiD(ライフテクノロジーズ社)(図2)の有用性を向上させる技術的な取り組みとして、独自アルゴリズムの確立、描画ツールの開発など具体的な成果が得られた。また、研究課題としては、ヒト関連遺伝子の解析において日本人ゲノムのリファレンス配列の解析に着手するとともに、先天性疾患遺伝子の解析を進めている。さらに、微生物関連の解析では、泡盛黒麹菌の比較ゲノム解析、環境浄化に関与するメタゲノム解析など、多くの成果を得ることができた。

今回は、事業全体でのバイオインフォマティクスにおけるひとつの成果として比較ゲノム解析に有用な可視化ソフト「GejiGeji」の開発を行ったので紹介したい。

1. 比較ゲノム解析の意義

「泡盛」は日本最古の蒸留酒で、沖縄県の代表的な地域特産品である。この泡盛醸造における一つの特徴として、黒麹菌の利用が挙げられる。黒麹菌はクエン酸生成能が非常に高いという特徴を有しており、黒麹菌の利用は亜熱帯地域の沖縄で安定的な醸造を確立するために非常に重要な技術である。さらに、我々は、複数の泡盛黒麹菌株が、泡盛の風味に直接影響を与えていたことを明らかにしており、泡盛醸造における黒麹菌の重要性は高まっている。今後、複数の黒麹菌について詳細な解析を行うことで、育種に関する情報など泡盛産業に有用な情報が得られることが期待できる。

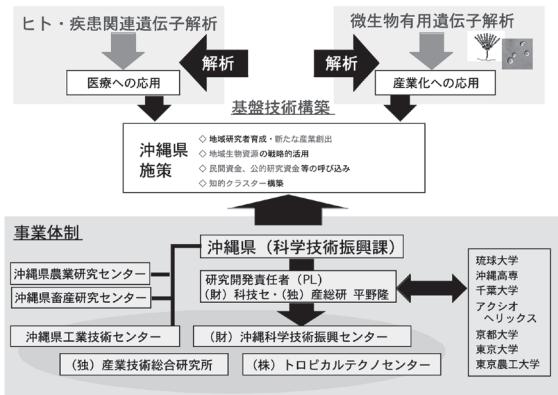


図1.沖縄先端ゲノムプロジェクトの体制と概要

また、黒麹菌は、欧州でクエン酸発酵や酵素生産に広く使われている黒カビ(*A. niger*)の近縁種で、胞子の色や有機酸の生産性などの性質も良く似ている。一方、いくつかの遺伝子解析による比較から、黒カビと泡盛黒麹菌との違いが明らかとなってきており、比較ゲノム解析を進めることにより、これらの性質の違いとその原因となる遺伝子(変異を含む)との全体像を効果的に解明し、産業応用への重要な知見や、黒麹菌が分離されてきた過程を知る重要な手がかりが得られることが期待できる。これらのことから、次世代シーケンサSOLiDを用いた比較ゲノム解析の一例として黒麹菌の解析を行った。

2. 次世代シーケンサSOLiDによる黒麹菌の解析

泡盛の実製造に用いられている2種の黒麹菌株*A. awamori* ISH1および*A. awamori* ISH2を試料としてゲノムDNAを抽出し、SOLiDシステムによる解析に供した。その結果得られたデータは4~7Gbaseであった。*A. awamori*の予想されるゲノムサイズ約35Mbaseから考えると冗長度100~200であり、十分量のデータであると共に品質についても問題の無いことを確認した。

3. ビューアソフト「GejiGeji」の開発と応用

SOLiDシステムにより得られる各黒麹菌のtag情報は膨大で、様々な工夫を行ったもののこれまでの商用ソフトではゲノム全体での状況を把握することが困難であることがわかった。そこで我々は、リファレンス配列に対するtagのマッチング情報について、試料となる2種の比較状況を可視化するためのビューアソフト「GejiGeji」を開発した(図3)。「GejiGeji」は、SOLiDのマッチング解析結果である



図2.次世代シーケンサSOLiD4と設置状況

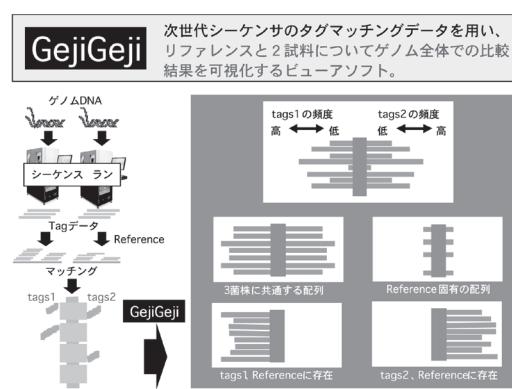


図3.「GejiGeji」の概要

gffファイルより生成されるfwd_rev_coverage.txtをリファレンス配列に対して集計したデータを読み込ませることで、解析対象となる2菌株のcoverage・depthの状況を表示することが可能である。すなわち、リファレンス及び試料1、試料2の3種のゲノム全体の類似性を可視化することができる(図3)。

図4は、*A. niger*をリファレンスデータとして、そのORFごとに*A. awamori* ISH1および*A. awamori* ISH2のSOLiDデータのマッチング頻度を左右に表示した一例である。これにより、リファレンスに対するそれぞれの違い、および2菌株同士の違いを視覚的に読みとることができる。本ソフトは、既に、SOLiD Software Development Communityより公開予定している¹⁾。

4. 黒麹菌解析基盤としてのSOLiDデータ

これまでの解析結果から、*A. niger*および*A. awamori*では、代表的な個々の遺伝子レベルでの相同意は高いが、ゲノム全体では大きな差異が認められた。一方、*A. awamori*同士ではゲノム全体でも差異が非常に小さかったことから、泡盛黒麹菌は黒カビとは異なる系統的位置にあることが示された。

さらに、*A. awamori*の標準株(コンティグ)をリファレンスとして泡盛黒麹菌*A. awamori* ISH1および*A. awamori* ISH2における詳細な違いも明らかとなった。すなわち、全長に渡って極めて類似性が高いものの、ISH1及びISH2共に数10kbaseに渡る欠損があることが一目瞭然であった(図5)。現在、これらの欠損あるいは変異遺伝子を網羅的に解析し、それぞれの黒麹菌株の形質と比較解析することで、産業上有用な遺伝子情報を得ることを目指している。

まとめ

現在、さらに黒麹菌の比較ゲノム解析を進めると共に、得られた基盤情報の産業への応用を目指している。次世代シーケンサは膨大なデータを排出するとともに日進月歩で機器の開発が進められている。これらを有効に活用するためにはバイオインフォマティクスの重点的な取り組みが極めて重要であり、解析の方向性によってはこれら膨大なデータがゴミにも宝石にもなりうることを現場では実

感している。

本研究の母体である沖縄先端ゲノムプロジェクトでは、次世代シーケンサを核とした地域振興を目指した様々な取り組みを進めており、設立された「沖縄ゲノム研究推進協議会」と連携するとともに、これらの研究開発技術の蓄積や成果を医療・健康産業や発酵産業等への波及に直接結びつけていくことで、高度なバイオ技術や学術的研究成果を具体的な産業振興につなげる国内研究拠点の一つとなることを目指している。

【参考】[1] <http://solidsoftwaretools.com/gf/>

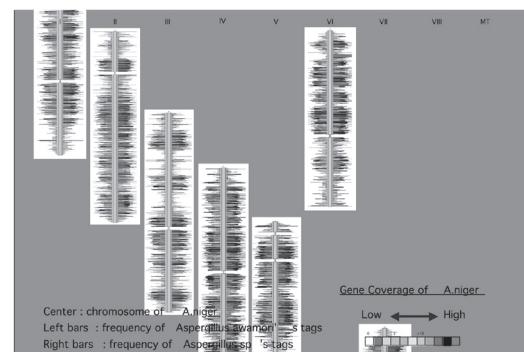


図4.*A. niger*をリファレンスとした「GejiGeji」を用いた泡盛黒麹菌株の解析例

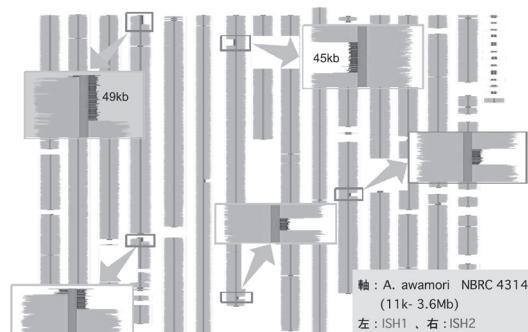


図5.*A. awamori*標準株をリファレンスとした泡盛黒麹菌株の比較ゲノム解析

研究会・地域部会の活動報告

■ 応用システムバイオロジー研究会

主査 藤渕 航(産業技術総合研究所生命情報工学研究センター)

産業技術総合研究所・生命情報工学研究センターの藤渕です。今年から長年に渡りJSBiで続いてきた栄誉ある「システムバイオロジー研究会」を引き継いで本研究会「応用システムバイオロジー研究会」の主査をさせていただくことになりました。1940年代頃に始まったとされるシステムバイオロジーですが、ワトソンのDNAの発見があったために再び還元論主義的生物学に巻き返されてしまい、これまで地道に発展せざるを得なかったと物理学者でありシステム理論学者のCapraも書いています。しかし、それも一段落した感もあり、今後は益々システムバイオロジー研究が盛んとなる端が見え始めているように感じられます。この様な重要な時期に新しいシステムバイオロ

ジーのあり方を考えていこうと提案させていただきましたところ、副査の荻島創一先生を始め、第一線でご活躍中の5名の先生にご賛同していただき委員となっていました。本研究会はこれまでの研究を踏まえた新しいシステムバイオロジーの発展への方向性と医療への応用を見いだす会として毎回面白いテーマに取り組んでいきたいと思います。応用の中でも、特に八尾徹先生もご指摘されているように「創薬」とシステムバイオロジーの関係を考えることが大事ではないかと思っています。また、1988年の早くから米国の厚生省系にNCBIができ、米国の創薬を大きく転換してきたのに対して、日本がバイオインフォマティクスを利用した創薬どころかバ

イオインフォマティクスセンターの設置に踏み切るまで随分と時間がかかったことは事実です。現在でも厚生労働省下には未だに大きなバイオインフォマティクスセンターは設置されていないのも事実です。このように遅れた分を取り返すためにも、ぜひ、本研究会に参加していただいて新しい未来の創薬・医学分野とシステムバイオロジーのあり方について考えていただければと思っています。もちろん、応用だけでなく基礎はもっと大事です。ネットワーク科学や生体

シミュレーションはもちろん、散逸構造論、自己組織化、カオス、アトラクター等の話も大歓迎です。還元論ではないバイオロジーの話なら全てシステムバイオロジーの範疇だと思いますので気軽にご参加下さい。年間の活動予定は、年4回程度の研究会の開催です(2010年度は2回の予定)。今年度は第一回研究会(関東)、第二回研究会(関西)を予定しています。皆様奮ってのご参加を期待しています。

■ 創薬インフォマティクス研究会

主査 広川 貴次(産業技術総合研究所生命情報工学研究センター)

2010年7月29日に産総研・臨海副都心センターに於いて、第12回創薬インフォマティクス研究会「タンパク質-リガンド相互作用:分子シミュレーションおよび合成展開からのアプローチ」を開催いたしましたのでご報告いたします。タンパク質-リガンドの相互作用では、比較的単純な「lock & key(鍵と鍵穴)model」から「Induced-Fit model」や「Pre-existing equilibrium model」のような動的変化を伴う作用機序が提唱されてきています。創薬研究においても標的となるタンパク質がどのような作用機序でリガンドを認識するかを理解することは、インシリコスクリーニングやリード最適化の効率化に不可欠となります。今回の研究会では、タンパク質-リガンド相互作用の研究分野において第一線で御活躍の先生方をお招きし、分子動力学計算や高精度結合自由エネルギー計算、また有機合成の立場からタンパク質-リガンド相互作用について最新のご研究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)。

- ・近藤 寛子(東京大学・理化学研究所)
「Computational analysis of the conformational changes in proteins」
 - ・Sofia Burendahl(産総研CBRC)
「Molecular dynamic simulations of nuclear receptors-What can we learn from the jiggling and wiggling of atoms?」
 - ・藤谷 秀章(東京大学)
「創薬に向けた結合自由エネルギー計算の原理と精度」
 - ・周東 智(北海道大学)
「有機化学に基づくタンパク質-リガンド認識へのアプローチ」
- 当日の参加者は120名を超えた、また質疑応答や休憩時間でも活発な議論が行われました。近藤先生のご講演では、Open型と

Close型の2つの構造型を持つタンパク質について、分子動力学計算を用いた構造サンプリングからの構造変化解析へのアプローチをご紹介いただきました。Burendahl先生には、核内受容体を標的としたリガンド結合のシミュレーションについて、ランダムアクセレート分子動力学計算法などユニークな分子動力学法を活用した解析結果をご発表いただきました。藤谷先生のご講演では、Structure Based Drug Designにおける重要課題の一つである結合親和性の予測について、MP-CAFEE法による高精度予測法と実際の標的タンパク質への適用例を紹介いただきました。最後に周東先生より、合成の立場から見た、タンパク質-リガンド認識について、シクロプロパン骨格を軸にしたアプローチをご紹介いただきました。計算機系の研究者にも非常にわかりやすいご講演で、よい分野交流の場となりました。

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。



■ アグリバイオインフォマティクス研究会

運営委員 門田 幸二(東京大学 大学院農学生命科学研究科)

第2回アグリバイオインフォマティクス研究会が、2010年9月17日に琉球大学農学部で開催された。今回は、バイオインフォマティクス教育の充実に寄与すべく、2010年夏に沖縄で行われたバイオインフォマティクス人材育成講座の受講者を主な対象として二部形式で行った。第一部前半は琉球大学の平良東紀氏と齋藤星耕氏より、農産物の生産性向上を目指した植物の微生物との共生機構や耐塩性実現機構に関する最新の研究成果を系統樹やweb logoなどを用いて紹介いただきました。第一部後半は、東京大学の有田正規と門田幸二より、バイオインフォマティクス要素技術であるハッシュ、接尾辞配列、クラスタリング、エントロピーの基

本や応用に関する解説が行われました。第二部では、引き続き門田幸二より次世代シーケンサから得られる大量塩基配列データ解析の実演などを通じて、バイオインフォマティクスの職業としての魅力について述べられました。当日は大雨にもかかわらず、琉球大学や沖縄高専の学生を中心に30名の参加のもと、活発な質疑応答が行われました。ご講演を快諾いただきました琉球大学の先生方、講師や会場の調整にご尽力いただきました琉球大学の和田浩二先生、株式会社リバネスの岡崎敬様をはじめ関係者のご協力に御礼申し上げます。

■ 北海道地域部会

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、バイオインフォマティクス研究者同士、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深めるために、セミナー開催を中心とした研究活動を行っています。前任の遠藤俊徳先生のご尽力もあり、2006年の発足以来、これまで9回の「バイオインフォマティクスセミナー」が開催されました。

バイオインフォマティクス研究においては、生命情報を解析するための新規アルゴリズムの開発、実際の生物学データのコンピュータ解析、結果の生物学的な解釈の三つのプロセスを通じて、生命現象の解明に資することが目的とされます。これらの三つのプロセスが連続的につながっていることが重要であり、情報科学分野、生物学分野と連携することで、共通の課題を学際領域で解決する研究分野として、諸分野から注目を集めています。

アルゴリズム開発、コンピュータ解析、生物学的解釈のプロセスでは、それぞれ異なる学問分野の専門知識が必要とされるため、一人のバイオインフォマティクス研究者が、これらの三つのプロセスをカバーして研究成果を発表することはまれです。三つのプロセスのうちのある部分に重点を置いて研究したり、あるいは、異なる分野の研究者が連携することによって全プロセスをカバーしたりすることが多いように思われます。学問分野として各分野が独自に高度化・専門化されて

いる状況の中、学問的背景の異なる研究者同士が共同研究をするためには、多くの時間を共有し、密にコミュニケーションをとり続けることが大切であると考えます。

異分野の研究者との打ち合わせにおいては、首都圏などに比べて、北海道地域では出張などの負担が多くなりがちです。しかし、同一地域の研究者であれば、この負担を抑えることができます。このような観点から、地域部会は、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。

北海道地域では、情報科学、計算科学、応用数学、数理生物学、医学、獣医学、農学、薬学などバイオインフォマティクスに関連する、さまざまな分野の研究者が活躍され、それぞれの分野で地域の特色を活かした学会活動が展開されています。当地域部会では、これまでと同様に、「バイオインフォマティクスセミナー」により、諸分野の研究者との交流の機会を増やしたいと考えております。本年度は、2回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講演も企画しておりますので、どうぞよろしくお願い致します。

■ 東北地域部会

地域部会長 木下 賢吾(東北大学大学院・情報科学研究科)

この半年間は、部会長の交代などで部会としての十分な活動を行えませんでしたが、新部会長の木下が、2月に東北大学医学系研究科で、7月に加齢医学研究所でセミナーをさせて頂くなど、徐々に活動を開始しています。具体的には、現在以下のように1つのセミナーと1つの講習会を地区部会として企画しています。

セミナーは、2010年11月26日から28日に開催が予定されている、数学と諸分野の連携を目指す「応用数学連携フォーラム」のワークショップと連携した企画です。今回は、阪大蛋白研の金城玲博士と名大院情報科学の小池亮太郎博士を招いて、すこし情報よりのバイオインフォマティクスに関する研究をお話し頂く予定にしています。これをきっかけとして、東北地区の数学関連分野にもバイオインフォマティクスの課題に関して興味を持ってもらって連携をすすめるきっかけになればと思っています。

講習会としては、植物生理学会が2011年3月20日から仙台で開

かれるのに合わせて、19日に植物研究者向けの講習会を企画しています。講習会では実際に手を動かすことを最優先して、実際に参加者にノートパソコンを持ち込んでもらって、実際のデータの解析を行ってもらう事で、実験系の研究者にバイオインフォマティクス解析のスキルを身につけてもらう事を目指しています。

セミナー以外でも、部会の組織作りや部会のホームページの立ち上げを行い、東北地区のバイオインフォマティクス研究の拠点形成を行っていくことを計画しています。東北地区では、これまで長年にわたり中山雅晴先生(東北大学病院メディカルITセンター)が地域部会長として数多くのセミナーを企画し、東北地区のバイオインフォマティクス関連研究の活性化を行ってきました。新しい体制には移行しましたが、これまでの中山先生の活動を基盤として、今後とも東北地区のバイオインフォマティクス研究を盛り上げられるよう頑張っていきたいと思います。

国際会議レポート

■ ICAR2010 参加レポート

大林 武(東北大学大学院情報科学研究科)

6月6日～10日にかけてパシフィコ横浜で開催された第21回国際シ

ロイヌナズナ研究会議 (The 21st International Conference on Arabidopsis

Research, ICAR2010)に参加しましたので、報告します。

ICARは1965年にドイツのゲッティンゲンで第1回会議が開催され、数年おきの開催の期間を経て、1995年以降は毎年開催されている国際会議です。長い間アメリカが主な開催国でしたが、2008年以降はアメリカ大陸、ヨーロッパ大陸、アジア・オセアニアが持ち回りで開催することになっています。日本での開催は今回が初めてであり、アジアとしては2007年の中国会議に続いて2度目の開催になりました。アジアの植物科学を牽引する上で非常に重要な会であり、パシフィコ横浜という最高の場所での開催となったことを大変嬉しく感じています。1300人の参加者(内700人が海外からの参加)を迎える、盛大に会を執り行つた実行委員の方々に、心からの敬意を表します。国内での開催とはいえ、会場は国際学会特有の開放的な雰囲気に包まれており、1000人の聴衆が一つの会場にいても、一体感を感じることができました。

本年のICARのテーマは「2010 and beyond」であり、2000年のゲノム配列解読以降10年間に渡って行われてきたポストゲノムプロジェクトの総括と、今後のシステムバイオロジーの促進や有用作物への応用等の展開を見据えた内容となりました。破壊株が整備されているシロイスナズナにおいては、網羅的研究は特に有効であり、それに関するシステムバイオロジーの発表や解析ツールの発表に対する注目

度は押し並べて高くなっています。その一方で、800題以上あるポスター発表演題の中で、バイオインフォマティクス分野での発表は私を含めて9題のみであり、あまり活発とは言えませんでした。これは植物科学に携わるバイオインフォマティシャンの不足を反映しているかもしれませんし、あるいは細かいアルゴリズムなどは本会議での主たる関心対象ではないということかもしれません。

さて、前述のポスター発表における状況はともあれ、私個人としては、昼夜問わず、国内外の多くの研究者と討論できたことが何よりも貴重でした。特に、今まで面識の無かったSue Rhee博士(シロイスナズナの中心的データベースTAIRの代表的な研究者)が、オミクスデータを用いた遺伝子同定についての発表中に、特出すべきデータベースとして私の提供しているATTED-IIに言及して頂いたのは最も大きな驚きであり、それを切っ掛けにノンケットで互いの研究の方向性と協力できる点について議論することができたのは大変ありがたいことでした。今後、更にユーザ視点の情報を提供できるよう、互いの特長を活かしながらデータベース間の連携を計って行くことになりました。

次回以降のICARは、2011年6月にアメリカのウィスコンシン大学、2012年7月にオーストラリアのウーンでの開催が決まっています。今後、植物科学におけるバイオインフォマティクスがどのようにして行くのかを、楽しみにしています。

■ ISMB2010 参加レポート

李 晨(東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター)

第18回Annual international conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB)は2010年7月9日-13日アメリカ ボストンにて開催された。ISMBは世界最大のバイオインフォマティクスに関する国際会議の一つであるが、今回数十カ国の約1600名が参加し、例年に引き続き大変盛況だった。論文発表では、48件のProceedings Track、24件のLate Breaking Research、42件のHighlights Track、6件のSpecial Session、39件のTechnology Track、4件のWorkshop Trackと776件のポスター発表が採択され、9つの会場で平行して行われた。

7月9日-10日はPre-conferenceとして、Tutorials & SIGs (Special Interest Group Meetings)セッションが行われた。筆者はSIGsのBiopathwaysとAlternative Splicingのセッションに参加した。朝早々口頭発表の行われる部屋に入った途端、聴衆の密度の高さに驚かされた。Yoseph Barash博士(Univ. of Toronto)による発表を皮切りに、会場からの活発な質問や意見が出されるなど、当分野の盛り上がりを見せた。

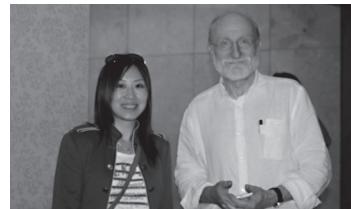
招待講演は7件で、Steven Brennerをはじめ、Susan Lindquist、Svante P_bo、Chris Sander、David Altshuler、Robert A. Weinberg、George Churchという最前線で積極的に活躍している研究者たちであった。中には、今年のISCB Accomplishment by a Senior Scientist

Awardに選ばれたChris Sander博士の発表"Systems Biology of Cancer Cells"により、興味深い内容が紹介され、とても勉強になった。次回、第19回は第15回開催国であるオーストラリアのウーンで開催される予定である。

余談ではあるが、ISMB2010主催者が参加者のtwitterの利用を勧めたため、会議の最新アナウンス及び各発表に対する熱心な議論が大変リアルタイムでフォローすることができた。一方、7月12日サッカーのワールドカップ決勝戦を挟み、主催側は液晶テレビ2台を用意してくれて、一部の研究者たちは発表のことを忘れ、生中継の試合を熱く応援した。

参考URL:<http://www.iscb.org/ismb2010>

Chris Sander博士と筆者



W杯決勝戦にて、"Soccer seems to be beating out computational biology" -- Twitterより

リレー紹介:日本のバイオインフォマティクス研究室

■ お茶の水女子大学 大学院人間文化創成科学研究科 瀬々研究室

寺田 愛花(お茶の水女子大学 大学院人間文化創成科学研究科 理学専攻 情報科学コース)

私が所属する瀬々研究室は、本誌の編集長の研究室です。リ

レー紹介の偶然の巡り合わせで編集長の研究室紹介を書く事に

なり、世の中の狭さに驚きを感じつつ執筆しています。

瀬々研究室は、東京都文京区にあるお茶の水女子大学に属しています。幼稚園から大学まで全てが同じ敷地内にあり、同大学の学科や他の研究室と連携が取りやすい事が特徴です。都心にあり交通の便が非常に良い環境でありながら、学内には桜や銀杏並木もあり、都会の喧騒からは離れて日々研究する事ができます。

瀬々研究室の特徴の一つは、研究室が情報科学科に属しており、メンバー全員のバックグラウンドが情報系である事です。そのため、研究室でウェットな実験をする事ではなく、計算機を用いたデータ解析やその手法の開発をするドライな研究のみを行っています。

研究室で行っている研究の一つは、ネットワーク解析の手法の開発です。細胞内で遺伝子は互いに相互作用して機能しており、頂点を遺伝子、相互作用を辺で構築した遺伝子相互作用ネットワークを解析する事で、様々な生命現象が解明できると考えられています。研究室では、二つの手法を開発しています。まず一つ目は複数のネットワークの比較を行う、ネットワークアラインメントです。種や細胞の成長段階によって異なる遺伝子相互作用ネットワークを比較する事で、種特有の機能が起るメカニズムの解明や、細胞の分化過程の解明に繋がると考えています。二つ目は、遺伝子相互作用ネットワークと発現量データを同時に解析する手法で、互いに相互作用し、発現量にも強い相関がある遺伝子グループを抽出する事を目的としています。この手法では、特定の環境下で協調して働く遺伝子グループを抽出する事ができ、薬の副作用予測に応用する事が期待されています。

また、ウェットな実験を行っている研究室と共同で、次世代シークエンサで取得した塩基配列を利用し、種の進化に関する研究も行っています。現在は、マイクロアレイのプローブ設計と遺伝子重複同定という二つのアプローチを取っています。一つ目のプローブ設計では、種間で発現量を比較するためのマイクロアレイのプローブ設計を目指しています。種間で発現量を比較する場合、ゲノム配列が未知な種では近縁のモデル生物向けに設計されたマイクロアレイ

で発現量を比較するしか方法がないという問題があります。この問題の解決に向け、次世代シークエンサによって得られた大量配列からホモログ遺伝子の共通領域を求め、これをを利用してプローブを設計する手法の開発を行っています。二つ目の遺伝子重複同定では、生命の機能獲得を引き起こす大きなイベントである遺伝子重複を、ゲノム未知種であっても次世代シークエンサで配列を取得することで同定する手法の開発を行っています。これには、取得した大量配列から分かれる変異パターンをデータマイニングの一手法である相関ルール解析を応用した手法で調べる事で遺伝子重複の同定を試みています。これらの手法の開発とウェットな研究者との共同研究が進むことで、現在モデル生物を中心に行われているネットワーク解析をモデル生物以外に拡張することを目指しています。

共同研究以外にも、他学科の研究室と関わる多くの機会があります。例えば、学内でバイオインフォマティクスの研究を行っている方が参加する英語のセミナーが週1回開かれており、私達もこれに参加しています。このような機会に、ウェットな研究を行っている先生のお話を伺うと、ドライな研究の重要性を認識し、今後も様々な生命現象の解明に貢献できるのではないかと感じています。



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：2010年12月13日(月)～15日(水)
場 所：九州大学医学部百年講堂
U R L：<http://www.grt.kyushu-u.ac.jp/bioinformatics/>

参 加 費		
	11月30日まで	12月1日から
正会員	¥10,000.-	¥15,000.-
学生会員	¥5,000.-	¥8,000.-
非会員(一般)	¥20,000.-	¥25,000.-
非会員(学生)	¥10,000.-	¥13,000.-
懇親会	¥8,000.-	

・平成22年度バイオインフォマティクス技術者認定試験

日 時：2010年11月28日(日)
場 所：全国7都市(札幌、仙台、東京、長浜、大阪、福岡、沖縄)
U R L：<http://www.jsbi.org/nintei/22/>

・平成22年度CAST教育講座 「機能性RNA—機能性RNAの歴史と応用展開ー」

日 時：2010年10月19日(火)～20日(水)
場 所：かながわサイエンスパーク内研修室
U R L：http://www.newkast.or.jp/kyouiku/kouzaboshu/ed22_III_07.html



学会議事録等

■ 第31回日本バイオインフォマティクス学会幹事会議事録

日 時：平成22年3月29日(月)13:00～15:00 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)、中井、本野、平川、白井、有田(幹事)、渋谷(幹事・議事録)、鈴木(事務局)

1.認定試験事業報告

中井幹事よりバイオインフォマティクス認定試験に関する報告があった。

今回出題ミス等があり追加合格の発表等を行ったが、出題ミスおよび採点ミスに関する態勢の強化を今後再考していく。また、今回、委員の出張費等の多くの手弁当で行ったが、これに関しても今後は再考していく。

2.GIW2009開催報告

事務局鈴木より、GIW2009の開催に関して報告があった。

GIWへは、当初200万円を補助金として、また、学生補助およびJSBiセッション等の資料印刷代として、32万円を拠出したが、残金1,943,268円がJSBiに返却され、実質40万円弱の拠出となった。

3.会計報告

平成21年度の会計に関して、事務局鈴木より報告があった。

4.研究会等活動報告

研究会等の活動報告に関して、事務局より報告があった。

5.サーバーの移行について

平川幹事よりサーバーの移行に関して報告があった。

HP移設等を(株)デジタルシープラーニングに委託することになった。また、Genome Informatics OnlineをJSTのJ-Stageに移設を計画している。会員データベースについては、新サーバ移設ではなく、ローカルPCあるいは他のサービス等を検討する。また、クレジットカード決済の移設に関しては、コストとのトレードオフを今後検討する。また、メールサーバに関しては、SPAM対策を施す予定である。また、松田副会長より、学協会情報発信サービスについて報告があった。

6.夏の学校について

夏の学校に関して今後どう運営していくかに関して議論がなされた。

今後は研究会の若手枠公募的なものを検討していくことになった。

7.学会法人化について

今後、バイオインフォマティクス学会の法人化について議論がなされた。

NPO法人あるいは一般社団法人の法人格を検討する。

■ 第27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22年3月29日(月)15:00～17:00 場 所：東京大学医科学研究所総合研究棟8階会議室
参加者：後藤(会長)、松田(副会長)、有田、白井、本野(幹事、評議員)、中井謙太、平川(幹事)、秋山、江口、金久、矢田、金谷、木下聖子、須山、富井、中村、野口、阿久津、浅井、大林、久原、佐藤、清水、関嶋、瀬々、中井雄治、米屋(評議員)、渋谷(幹事・議事録)、鈴木(事務局)

1.新任評議員の紹介

新任の評議員の紹介があった。

2.平成21年度認定試験事業報告

中井幹事より認定試験事業に関して報告があった。

全国6か所の会場で開催し、161名の受験登録者があった。

出題ミス等があり、追加合格があった。

3.InCoBについて

中井幹事より、国際会議InCoB (International Conference on Bioinformatics)の日本での開催について報告があった。JSBiからも協賛する予定。

4.GIW2009について

事務局鈴木より、GIW2009の開催について報告があった。参加者も多く、JSBiからの支出はわずかとすることことができた。

5.2010年日本バイオインフォマティクス学会年会について2010年の年会案について、久原評議員より報告があった。

6.学会サーバの移行について

平川幹事より学会HPの改良およびサーバの移行に関して報告があった。

(株)デジタルシープラーニングに業務を委託し、現在作業を進めている。また、Genome Informatics OnlineをJSTのJ-Stageに移設を計画している。会員データベースについては、新サーバ移設ではなく、ローカルPCあるいは他のサービス等を検討する。

また、クレジットカード決済の移設に関しては、コストとのトレードオフを今後検討する。また、メールサーバに関しては、SPAM対策を施す予定である。

また、松田副会長より、学協会情報発信サービスについて報告があった。

7.平成21年度会計中間報告

事務局鈴木より、21年度の会計の中間報告があった。

8.研究会活動報告

事務局鈴木より研究会および地域部会の活動に関して報告があった。

オントロジー研究会が閉会予定となっている。また、東北部会の新部会長として木下賢吾教授が就任した。

九州地域部会は、次期会長が決定するまで暫く休会することになった。

また、白井幹事より関西部会に関して報告があった。

また、応募要項に関して、参加者のリスト等の提出を義務付けることを検討する。

公募研究会に関して、活動内容の把握のため、参加者リスト

と配布資料を提出することになった。

9.夏の学校について

有田幹事より、夏の学校について報告があった。また、今後は夏の学校を公募型で募集していくこととなった。

10.ニュースレターについて

ニュースレターについて白井幹事より報告があった。

11.学会の法人化について

後藤会長より、学会の法人化に関するワーキンググループの検討結果の報告があった。

2012年度に公益法人法が改正されるため、それにあわせ、学会を一般社団法人あるいはNPO法人としての法人化することが決定した。細部に関しては今後ワーキンググループ内でさらに検討していく。

12.平成22年度会長選出選挙

次期会長選挙が行われ、松田副会長が次期会長として選任された。

■ 第32回日本バイオインフォマティクス学会議事録幹事会議事録

日 時：平成22年6月30日(水) 13:00～15:00 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：松田(会長)、浅井(副会長、評議員)、中井、久原、平川、瀬々、有田、清水、(幹事)、渋谷(幹事・議事録)、阿久津(評議員)、鈴木(事務局)

1.21年度収支決算報告について

松田会長より収支決算に関する報告があった。

収支報告における前期前受金の扱いについて議論がなされた。

り報告があった。本年度は沖縄(琉球大学)でも開催する予定。

2.22年度予算案・事業計画について

松田会長より22年度予算案・事業計画について報告があった。

クレジットカードでの会費支払いの利点、欠点について議論がなされた。また、地域部会で閉会中の九州部会について今後どのようにしていくか、またシステムバイオロジー研究会の次期主査の選定について議論がなされた。

本年度の年会について久原幹事より報告があった。

3.ニュースレター

ニュースレターについて瀬々幹事より報告があった。

5.本年度年会について

J-Stageについて平川幹事より報告があった。

今後のGenome Informaticsの扱いに関して議論がなされた。

4.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

7.来年度年会について

来年度の年会について阿久津評議員より報告があった。

CBI学会年会と併催する検討を行っており、その是非について評議員会において議論を行う。

8.法人化について

本学会の法人化について、松田会長より報告があった。

■ 日本バイオインフォマティクス学会第28回評議員会議事録

日 時：平成22年6月30日(水) 15:00～17:00 場 所：東京大学医科学研究所総合研究棟8階会議室

参加者：松田(会長)、浅井(副会長、評議員)、久原、清水(評議員、幹事)、奥村、木下、須山、富井、野口、阿久津、佐藤、中井雄治、米屋(評議員)、有田、中井(幹事)、渋谷(幹事、議事録)、鈴木(事務局)

1.平成21年度事業報告

平成21年度の事業について松田会長より報告があり、承認

された。

2.平成21年度収支決算報告

平成21年度収支決算報告について事務局鈴木より報告があり、承認された。

3.今年度予算案および事業計画について

松田会長より今年度の予算案および事業計画について報告があり、承認された。

4.沖縄バイオインフォマティクス教育プログラムについて

有田幹事より沖縄バイオインフォマティクス教育プログラムについて報告があった。それに関連して、沖縄においてアグリバイオ研究会の沖縄開催を認めることになった。

5.バイオインフォマティクス技術者認定試験について

中井幹事よりバイオインフォマティクス技術者認定試験について報告があった。

本年度は沖縄でも開催する予定。

また、協賛に新たに日本ゲノム微生物学会が加わった。

6.本年度年会について

久原幹事より本年度の年会について報告があった。

以上

7.Genome Informaticsについて

本年度のGIWはGenome Informaticsとは別の雑誌に掲載することになり、Genome Informaticsの今後の扱いに関して議論がなされた。

現時点では、年会の口頭発表の中より選ばれた論文に関して、投稿を促すことを検討している。また、今後存続させる場合にはJ-Stage等のオンラインジャーナルとして扱っていくことを検討している。

J-Stageに関しては平川幹事より報告があった。

8.来年度年会について

来年度年会について阿久津評議員より報告があり、来年度はCBI学会と併催で行うことに関して承認された。

9.法人化について

松田会長および平川幹事より、今後の本学会の法人化の現地点での検討結果・設立趣意書案・定款案について報告があり、それに関して議論がなされた。

学会の現況

・有効会員数(平成22年9月21日現在) 正会員:377名(学生会員38名を含む) 賛助会員:26社

賛助会員一覧(平成22年9月21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

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

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

財団法人沖縄科学技術振興センター

株式会社リバネス

・日本バイオインフォマティクス学会平成22年度役員一覧

会長	松田 秀雄	(大阪大学大学院情報科学研究科)				
副会長	浅井 潔	(東京大学大学院新領域創成科学研究科／産総研CBRC)				
会計監査	小森 隆	(株式会社インテックシステム研究所)	白井 剛	(長浜バイオ大学バイオサイエンス学部)		
幹事	有田 正規	(東京大学大学院新領域創成科学研究科)	瀬々 潤	(お茶の水女子大学大学院人間文化創成科学研究科)		
	久原 悟	(九州大学大学院農学研究院)	中井 謙太	(東京大学医科学研究所)		
	渋谷 哲朗	(東京大学医科学研究所)	平川 美夏	(京都大学化学生命科学研究所)		
	清水 佳奈	(産業技術総合研究所CBRC)	宮野 悟	(東京大学医科学研究所)		
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)	奥野 恭史	(京都大学大学院薬学研究科)		
	木下 賢吾	(東北大大学院情報科学研究科)	妹尾 昌治	(岡山大学大学院自然科学研究科)		
評議員	奥野 恭史	(京都大学大学院薬学研究科)	阿久津 達也	(京都大学化学生命科学研究所)		
	奥村 利幸	(三井情報株式会社)	浅井 潔	(東京大学大学院新領域創成科学研究科／産総研CBRC)		
	金谷 重彦	(奈良先端科学技術大学院大学)	大林 武	(東北大大学院情報科学研究科)		
	木下 聖子	(創価大学工学部)	久原 悟	(九州大学大学院農学研究院)		
	皿井 明倫	(九州工業大学情報工学部)	佐藤 賢二	(金沢大学理工研究域電子情報学系)		
	須山 幹太	(京都大学医学研究科ゲノム医学センター)	清水 佳奈	(産業技術総合研究所CBRC)		
	高木 利久	(ライフサイエンス統合データベースセンター)	関嶋 政和	(東京工業大学学術国際情報センター)		
	富井 健太郎	(産業技術総合研究所CBRC)	瀬々 潤	(お茶の水女子大学大学院人間文化創成科学研究科)		
	中村 保一	(国立遺伝学研究所/かずさDNA研究所)	中井 雄治	(東京大学大学院農学生命科学研究科)		
	野口 保	(産業技術総合研究所CBRC)	米屋 隆	(協和発酵キリン株式会社)		

JSBi



白井先生から編集長を引き継がせていただきました。本学会のNPO化議論も進み、研究だけではなく、産業応用も大事になってきている時期と考え、特集ではバイオインフォを活用する会の方々に寄稿いただきました。お礼申し上げます。ちなみに、研究室リレー紹介が私の研究室なのは権限行使ではなく、偶然の一一致です!優秀な学生さんお待ちしております。(瀬々)

恐ろしく暑い夏をいかがお過ごしでしたか?もしかしてこのままで暑いままかも?!と危惧し始めた頃、無事涼しい秋になってくれて、ほっとしています。季節はちゃんと巡るんだと改めて思います。あんまり「異常気象、異常気象」と騒ぎ立てるのは、律儀な地球に申し訳なく感じるのは、私だけでしょうか。(鈴木)