



バイオインフォマティクス教育カリキュラム  
(第2版、2006年6月)  
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は、当初ゲノムインフォマティクスとして、情報科学をゲノム科学の分野に導入する形で生まれてきた。その後のポストゲノム科学の進展に伴い、バイオインフォマティクスは多様化していき、生命科学の様々な局面で利用されるようになった。また、その過程の中で、バイオインフォマティクスは、ゲノムワイドな大量データの実験支援という受動的立場から、生命科学における”知“の創造の一端を担う新たな研究領域として成熟していった。しかし、バイオインフォマティクスの多様化は、その全貌をとらえ、体系的に教育することを困難にした。日本バイオインフォマティクス学会では、バイオインフォマティクスという学問分野を体系化し、その体系の中でバイオインフォマティクス研究者・技術者を育成することを目的として、2002年にバイオインフォマティクス教育カリキュラム案を策定し、学会のホームページ上で公開してきた。このカリキュラム案は、科学技術振興調整費バイオインフォマティクス人材養成プログラムなどをはじめとして様々な教育の現場で、バイオインフォマティクス教育の指針として利用されてきた。

カリキュラム案策定後のバイオインフォマティクスをめぐる状況はめまぐるしく変化してきている。近年の生命科学の進展は著しく、バイオインフォマティクスもそれに伴ってさらに多様化してきており、バイオインフォマティクスの体系化は以前にも増して急務となった。バイオインフォマティクスの体系化という点では、学会の事業として「バイオインフォマティクス事典」の編纂が行われ、現時点でのバイオインフォマティクスの全体像が描出された。また、いくつかのバイオインフォマティクス人材養成プ

ログラムが終わりを迎えつつある中、そこでの教育の経験をフィードバックすることで、より体系化された形に教育カリキュラムを改訂しようという気運が高まってきた。このような状況をふまえて、2005年に日本バイオインフォマティクス学会ではバイオインフォマティクス教育カリキュラム委員会を発足させ、カリキュラム第2版の策定を行った。

今回の改訂案は、バイオインフォマティクスの専門科目を横系とし、情報技術の科目を縦系としたタペストリーとして構成されている。これにより、各専門技術において必要な情報科目が何であるかを明示できると同時に、専門科目における情報科学的な説明の重複を避けることができる。また今回は、このカリキュラム案をベースとして、創薬科学や食品科学などの応用分野におけるバイオインフォマティクスの教育コースもあわせて提案している。第一版同様、この改訂案もバイオインフォマティクス教育に利用していただき、その結果をフィードバックしていただくことで、さらなる改良につなげていきたい。本案に対するご意見、ご要望などいただければ幸いである。

ID	大項目	小項目	内容(=技術)
1101	統計科学	多変量解析	判別分析、クラスタ分析、重回帰分析、回帰木、正準相関分析、主成分分析、因子分析、独立成分分析、次元縮小、共分散構造解析(構造方程式モデリング)
1102	統計科学	計算統計	マルコフ連鎖モンテカルロ(MCMC)法、ブートストラップ法、平均場近似、EM法、変分ベイズ法
1103	統計科学	統計モデル	情報幾何、グラフィカルモデル(ベイジアンネットワーク)
1104	統計科学	時系列解析	マルコフモデル、確率過程、生存時間解析
1105	統計科学	モデル選択	変数選択、情報量基準、交差検証法、ブートストラップ法
1106	統計科学	実験計画	実験計画法、分散分析、能動学習
1201	アルゴリズム	情報理論と符号理論	情報理論、符号理論、データ圧縮、情報量基準、乱択アルゴリズム
1202	アルゴリズム	最適化	数値計画法(線形計画法、非線形計画法)、組み合わせ最適化(動的計画法、分枝限定法)、探索(貪欲法、シミュレーテッドアニーリング、遺伝アルゴリズム)
1203	アルゴリズム	文字列	文字列検索、文字列照合、索引構造、n-グラム
1204	アルゴリズム	グラフ	離散数学、計算幾何、グラフ理論、グラフ分類、グラフ連結性、グラフアルゴリズム、
1205	アルゴリズム	数値計算	計算誤差、連立一次方程式、非線形方程式、固有値、曲線のあてはめ、数値積分、微分方程式、フーリエ変換、ウエーブレット変換、有限要素法、境界要素法
1206	アルゴリズム	計算の複雑さ	計算量理論、計算可能性、近似アルゴリズム
1301	知識科学	知識と推論	知識表現、知識ベース、エージェント、エキスパートシステム、推論
1302	知識科学	機械学習	帰納論理プログラミング(決定木)、統計的学習(サポートベクターマシン、ニューラルネットワーク、隠れマルコフモデル等確率モデル)、集団学習(ブースティング)、能動学習、学習理論
1303	知識科学	データベース	データベース管理システム、関係データベース、高速化手法、演繹データベース、オブジェクト指向データベース(XMLデータベース)
1304	知識科学	画像処理	画像処理、画像認識、レンダリング、画像圧縮
1305	知識科学	自然言語処理	コーパス、形態素解析、構文解析・文法、機械翻訳、テキストマイニング
B101	情報科学基礎	基礎統計学	記述統計、確率論(母集団と確率分布)、統計的推測、ベイズ統計学、仮説検定、分割表解析
B102	情報科学基礎	アルゴリズムとデータ構造	検索、ハッシュ法、マージ、ソート、データ構造(リスト、木)、再帰的アルゴリズム、疑似乱数
B103	情報科学基礎	形式言語とオートマトン	チューリングマシン、形式言語・文法(正規言語、文脈自由言語)、チョムスキー階層
B104	情報科学基礎	プログラミング言語	言語処理系、各種プログラミング言語、スクリプト言語、ページ記述言語
B105	情報科学基礎	インターネット	ルーティング、通信プロトコル、セキュリティ、テキストマークアップ言語
B106	情報科学基礎	計算機ハードウェアとシステムソフトウェア	CPU・メモリ、OS、プロセス、並列分散OS(グリッドコンピューティング)

ID	大項目	小項目	内容	技術
2101	配列解析	アライメント	スコア行列、ペアワイズアライメント(グローバル、ローカル)、ドットマトリックス法、マルチプルアライメント、sequence weight, RNAの二次構造予測への応用	アルゴリズム(情報理論と符号理論、最適化、文字列、グラフ、計算の複雑さ)
2102	配列解析	配列データベース検索	ヒューリスティックなアライメント法(FASTA, BLAST), 配列類似性の統計的検定(E-value)	統計科学(時系列解析)、アルゴリズム(最適化、文字列)、知識科学(データベース)
2103	配列解析	プロファイル・モチーフ解析	プロファイル法、モチーフ表現、重み行列、擬似度数、保存度/変異度、進化トレース、HMMIによるプロファイル表現、プロファイル・プロファイル比較、共通モチーフ抽出問題、Gibbsサンプリング、RNA二次構造予測	統計科学(計算統計、時系列解析)、アルゴリズム(情報理論と符号理論、最適化、文字列)、知識科学(知識と推論、機械学習、自然言語処理)
2104	配列解析	配列シグナル解析	転写/翻訳シグナル、スプライシングシグナル、翻訳後修飾シグナル、局在性解析、膜タンパク質予測、抗原決定基の予測	統計科学(多変量解析、計算統計、統計モデル、時系列解析、モデル選択)、アルゴリズム(情報理論と符号理論、文字列)、知識科学(知識と推論、機械学習)
2105	配列解析	配列データベース	1次DB(GenBank, DDBJ, EMBL, SwissProt, PIR)と2次DB(SMART, Pfam, PROSITE)	知識科学(データベース)
2106	配列解析	進化モデル	置換スコア行列、進化速度、塩基置換モデル(同義/非同義置換含む)、アミノ酸置換モデル、進化距離推定	統計科学(計算統計、時系列解析、モデル選択)
2107	配列解析	分子系統樹構築	最節約法、距離行列法(近隣結合法, UPGMA)、最尤法、ベイイズ法, reticulation	統計科学(多変量解析、計算統計、統計モデル、モデル選択)、アルゴリズム(最適化)
2201	タンパク質立体構造解析	構造表現	座標表現、水素結合の同定、二次構造同定、二次構造要素、 $\phi$ $\psi$ プロット、距離(コンタクト)マップ表現、分子グラフィクス、分子表面モデル、構造ドメイン同定	アルゴリズム(最適化、グラフ)、知識科学(画像処理)
2202	タンパク質立体構造解析	構造比較	構造の最適重ね合わせ(RMSD)、構造アライメント(DDP, DALI, VAST, CE)、構造進化と構造分類(SCOP, CATH)	統計科学(多変量解析)、アルゴリズム(最適化、グラフ、数値計算、計算の複雑さ)
2203	タンパク質立体構造解析	相互作用解析	結合部位の原子配置の比較、相互作用面の特徴比較(他のタンパク質、DNA、低分子)、相互作用分子予測、相互作用部位予測、ドッキングシミュレーション	統計科学(多変量解析、計算統計、統計モデル、時系列解析、モデル選択)、アルゴリズム(情報理論と符号理論、最適化、文字列、グラフ、数値計算、計算の複雑さ)、知識科学(知識と推論、機械学習)
2204	タンパク質立体構造解析	二次構造などの予測	二次構造予測、溶媒露出度予測、接触残基予測、disorder領域予測、ドメイン領域予測、膜貫通ヘリックス予測、膜タンパク質のトポロジー予測	統計科学(多変量解析、計算統計、統計モデル、時系列解析、モデル選択)、アルゴリズム(情報理論と符号理論、最適化、文字列、グラフ、数値計算、計算の複雑さ)、知識科学(知識と推論、機械学習)
2205	タンパク質立体構造解析	三次構造予測	ホモロジーモデリング、スレディング法、側鎖モデリング、ループモデリング、de novo構造予測(フラグメント・アセンブリ)、統計ポテンシャル関数、構造評価	統計科学(多変量解析)、アルゴリズム(最適化、グラフ、数値計算、計算の複雑さ)
2206	タンパク質立体構造解析	タンパク質構造データベース	1次DB(PDB)と2次DB(PDBsum, SCOP, CATH)	知識科学(データベース)
2301	分子シミュレーション	分子ポテンシャル関数と分子力学	分子間相互作用の起源、ポテンシャルエネルギー関数、レナード-ジョーンズポテンシャル、クーロン相互作用ポテンシャル、エネルギー最小化計算	アルゴリズム(最適化、数値計算)

2302	分子シミュレーション	分子動力学法とモンテカルロ法	分子動力学法、周期境界条件、拘束分子動力学法、長距離相互作用計算法(エワルド法、多重極子展開法)、アンサンブル(温度一定、圧力一定)、ブラウン運動とランジュバン方程式、モンテカルロ法	統計科学(多変量解析、計算統計、時系列解析)、アルゴリズム(最適化、数値計算、計算の複雑さ)
2303	分子シミュレーション	自由エネルギー計算	自由エネルギー計算法(自由エネルギー摂動法、熱力学的積分法、アンブレラサンプリング、Weighted histogram analysis法)、拡張アンサンブル法(マルチカノニカル法、レプリカ交換法)、溶媒和自由エネルギー計算法(ポアソン-ボルツマン方程式法、generalized Born法、溶媒露出表面積法)	統計科学(多変量解析、計算統計、時系列解析)、アルゴリズム(最適化、数値計算、計算の複雑さ)
2304	分子シミュレーション	分子シミュレーションの応用	シミュレートドアニーリング法、格子高分子モデル、フォールディングシミュレーション、ドッキングシミュレーション、フラグメントアセンブリ、基準振動解析、ガウシアンネットワークモデル	統計科学(計算統計、統計モデル、時系列解析)、アルゴリズム(最適化、数値計算、計算の複雑さ)
2305	分子シミュレーション	分子軌道法	多電子系の波動関数、ハートリー-フォック方程式、ab initio分子軌道法、密度汎関数法、半経験的分子軌道法	アルゴリズム(最適化、数値計算、計算の複雑さ)
2306	分子シミュレーション	分子軌道法の応用	分子軌道の解析と分子間相互作用、反応経路解析、遷移状態解析、巨大系計算(フラグメント分子軌道法、QM/MM)、量子分子動力学法	アルゴリズム(最適化、数値計算、計算の複雑さ)
2401	ゲノム情報解析	アセンブル	反復配列除去、オーバーラップ検出、クラスタリング、コンティグ形成	アルゴリズム(情報理論と符号理論、最適化、文字列、計算の複雑さ)
2402	ゲノム情報解析	アノテーション	コーディング遺伝子発見、RNA遺伝子発見、遺伝子機能予測	統計科学(計算統計、時系列解析)、アルゴリズム(文字列)、知識科学(機械学習)
2403	ゲノム情報解析	ゲノム・オントロジー	オントロジー、バイオ文献解析	知識科学(知識と推論、自然言語処理)
2404	ゲノム情報解析	ゲノム特徴解析	繰り返し配列、トランスポゾン解析、組成解析(相関解析含む)、Ori予測、	統計科学(時系列解析)、アルゴリズム(最適化、文字列、計算の複雑さ)
2405	ゲノム情報解析	ゲノムデータベース	1次DB(TIGR)と2次DB(COG)	知識科学(データベース)
2406	ゲノム情報解析	ゲノム進化解析	ゲノムアラインメント、シンテニー/重複領域解析、オーソログ推定、水平伝達解析、ゲノム再編成	アルゴリズム(最適化、文字列、グラフ、計算の複雑さ)
2407	ゲノム情報解析	ゲノム機能解析	系統プロファイル、遺伝子順序、ロゼッタストーン法、相互作用予測(ミラーツリー、インシリコ 2-ハイブリッド法)	アルゴリズム(文字列)
2408	ゲノム情報解析	ゲノム多様性解析	SNP解析、遺伝統計学	統計科学(計算統計、時系列解析、モデル選択、実験計画)
2501	トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析	アレイデータ統計処理	標準化、発現差検定	統計科学(多変量解析、実験計画)、知識科学(知識と推論、機械学習、画像処理)
2502	トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析	クラスタ解析	階層的クラスタ解析、非階層的クラスタ解析	統計科学(多変量解析)、知識科学(知識と推論、機械学習)
2503	トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析	ネットワーク推定	遺伝子発現ネットワーク推定、ネットワーク表示	統計科学(多変量解析、計算統計、統計モデル、時系列解析、モデル選択)、アルゴリズム(グラフ、計算の複雑さ)、知識科学(知識と推論、機械学習)
2504	トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析	トランスクリプトームDB	遺伝子発現データベース	知識科学(データベース)

2505	トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析	発現プロテオームデータ解析	発現プロテオーム標準化、発現差検定	統計科学(多変量解析)、知識科学(知識と推論、機械学習、画像処理)
2506	トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析	相互作用プロテオーム解析	タンパク質ネットワーク推定、ネットワーク表示	統計科学(多変量解析、計算統計、統計モデル、時系列解析、モデル選択)、アルゴリズム(グラフ、計算の複雑さ)、知識科学(知識と推論、機械学習)
2507	トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析	プロテオームデータベース	二次元電気泳動データベース、タンパク質相互作用データベース	知識科学(データベース)
2601	ネットワーク情報解析	代謝工学	化学反応モデル、流束解析、代謝ネットワーク解析	統計科学(時系列解析)、アルゴリズム(最適化、グラフ、数値計算、計算の複雑さ)
2602	ネットワーク情報解析	ネットワーク特徴解析	ネットワーク表現、スケールフリー、スモールワールド、ハブ遺伝子	アルゴリズム(グラフ、計算の複雑さ)
2603	ネットワーク情報解析	ネットワーク比較/探索	ネットワークアライメント、ネットワークモチーフ	アルゴリズム(最適化、グラフ、計算の複雑さ)
2604	ネットワーク情報解析	パスウェイデータベース	KEGG, EcoCyc, UMBDD	知識科学(データベース)
2605	ネットワーク情報解析	異種オミックスデータ統合解析	分子ネットワーク推定(メタボローム、グライコーム)	統計科学(多変量解析、計算統計、統計モデル、時系列解析、モデル選択)、アルゴリズム(グラフ、計算の複雑さ)、知識科学(知識と推論、機械学習、自然言語処理)
2606	ネットワーク情報解析	細胞シミュレーション/モデル化	ネットワークシミュレーション、シグナル伝達シミュレーション、パスウェイシミュレーション	統計科学(時系列解析)、アルゴリズム(グラフ、数値計算)
2701	ケモインフォマティクス	生体関連物質と構造表現法	代謝化合物、糖鎖、脂質、ドラッグ、環境因子、化合物命名法、線形表記、グラフ表現、立体化学、3次元構造表現、特徴表現	アルゴリズム(文字列、グラフ)、知識科学(知識と推論)
2702	ケモインフォマティクス	糖鎖構造比較・解析	糖鎖データベース、糖鎖構造アラインメント、糖鎖構造モチーフ	統計科学(多変量解析、計算統計、統計モデル、時系列解析、モデル選択)、アルゴリズム(最適化、グラフ、計算の複雑さ)、知識科学(知識と推論、機械学習、データベース)
2703	ケモインフォマティクス	化学構造比較・解析	化合物データベース、化学構造アラインメント、フィンガープリント、構造類似性、構造分類、構造比較	統計科学(多変量解析、計算統計、統計モデル、時系列解析、モデル選択)、アルゴリズム(最適化、グラフ、計算の複雑さ)、知識科学(知識と推論、機械学習、データベース)
2704	ケモインフォマティクス	化学反応予測	反応データベース、反応ネットワーク、反応類似性、反応分類、反応比較	統計科学(多変量解析、計算統計、統計モデル、時系列解析、モデル選択)、アルゴリズム(グラフ、計算の複雑さ)、知識科学(知識と推論、機械学習、データベース)
2705	ケモインフォマティクス	物性予測	物性データベース、ケモメトリクス、分子記述子、電子パラメータ、立体パラメータ、疎水パラメータ、QSAR	統計科学(多変量解析、計算統計、統計モデル、時系列解析、モデル選択)、アルゴリズム(グラフ、計算の複雑さ)、知識科学(知識と推論、機械学習、データベース)
2706	ケモインフォマティクス	相互作用解析	機能活性データベース、3D-QSAR、バーチャルライブラリー、ドッキングシミュレーション	統計科学(多変量解析、計算統計、統計モデル、時系列解析、モデル選択、実験計画)、アルゴリズム(最適化、グラフ、数値計算)、知識科学(知識と推論、機械学習、データベース)

ID	大項目	小項目	内容	技術	関連講義
3101	創薬インフォマティクス	創薬研究開発の流れ	創薬研究開発の課題、通常創薬(従来の創薬)の流れ、ゲノム創薬の流れの概観	通常創薬の各段階において用いるバイオインフォマティクス技術、ゲノム創薬の各段階において用いるバイオインフォマティクス技術	
3201	創薬インフォマティクス	創薬ターゲット探索	target-based drug discoveryに焦点をあて、ここではゲノム情報からの創薬ターゲット候補の抽出段階におけるバイオインフォマティクスの利用を概説する。	配列解析、蛋白質立体構造解析、ゲノム多様性解析、トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析、ネットワーク情報解析	2102 配列解析 2103 配列解析 2104 配列解析 2204 タンパク質立体構造解析 2408 ゲノム情報解析 2502 トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析 2503 トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析 2506 トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析 2601 ネットワーク情報解析 2603 ネットワーク情報解析 2605 ネットワーク情報解析 2606 ネットワーク情報解析
					配列データベース検索 プロフィール・モチーフ解析 配列シグナル解析 二次構造などの予測 ゲノム多様性解析 クラスタ解析 ネットワーク推定 相互作用プロテオーム解析 代謝工学 ネットワーク比較/探索 異種オミックスデータ統合解析 細胞シミュレーション/モデル化
3301	創薬インフォマティクス	創薬ターゲットバリデーション	バリデーションのための各種実験の流れとバイオインフォマティクスの利用を概説する。メインの講義内容に加え、パスウェイにおける薬物の作用に関する生体シミュレーションの講義を行う。	バイオ文献解析、パスウェイデータベース、パスウェイ比較/探索、細胞シミュレーション/モデル化	2403 ゲノム情報解析 2501 トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析 2503 トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析 2506 トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析 2603 ネットワーク情報解析 2604 ネットワーク情報解析 2605 ネットワーク情報解析 2606 ネットワーク情報解析
					ゲノム・オントロジー アレイデータ統計処理 ネットワーク推定 相互作用プロテオーム解析 ネットワーク比較/探索 パスウェイデータベース 異種オミックスデータ統合解析 細胞シミュレーション/モデル化
3401	創薬インフォマティクス	創薬リード探索	マスクリーニングによるリード探索の流れとバイオインフォマティクスの利用を概説する。	分子シミュレーション、ケモインフォマティクス	2701 ケモインフォマティクス 2703 ケモインフォマティクス 2706 ケモインフォマティクス
					生体関連物質と構造表現法 化学構造比較・解析 相互作用解析
3501	創薬インフォマティクス	創薬リード最適化	立体構造モデルを用いた薬物-タンパク質のドッキングシミュレーションなどの合理的設計によるリード最適化の流れとバイオインフォマティクスの利用を概説する。	相互作用解析、分子シミュレーション、分子軌道法の応用	2202 タンパク質立体構造解析 2203 タンパク質立体構造解析 2205 タンパク質立体構造解析
					構造比較 相互作用解析 三次構造予測

					2302 分子シミュレーション	分子動力学法とモンテカルロ法
					2303 分子シミュレーション	自由エネルギー計算
					2304 分子シミュレーション	分子シミュレーションの応用
					2305 分子シミュレーション	分子軌道法
					2306 分子シミュレーション	分子軌道法の応用
					2703 ケモインフォマティクス	化学構造比較・解析
					2705 ケモインフォマティクス	物性予測
					2706 ケモインフォマティクス	相互作用解析
3601	創薬インフォマティクス	前臨床データマイニング	前臨床の流れとバイオインフォマティクスの利用を概説する。メインの講義内容に加え、薬物動態に関する生体シミュレーションなど、薬学と情報科学の学際的領域についても講義を行う。	細胞シミュレーション/モデル化、ケモインフォマティクス、トキシコゲノミクス	2502 トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析	クラスタ解析
					2601 ネットワーク情報解析	代謝工学
					2606 ネットワーク情報解析	細胞シミュレーション/モデル化
					2704 ケモインフォマティクス	化学反応予測
3701	創薬インフォマティクス	臨床統計解析	臨床試験、治験において必要となる統計解析手法を学ぶ。特に個別化医療に関連し、薬物の特性(毒性や有効性)と遺伝子多型等の遺伝要因との関連解析を学ぶ。参考:医薬審第1047号「臨床試験のための統計的原則(ICH E9)」(1998年)	ゲノム多様性解析、統計科学、ファーマコゲノミクス		
4101	食品インフォマティクス	栄養成分と生体関連物質	栄養成分と生体関連物質の紹介。分子間の機能的関連付けや、代謝パスウェイとの関連付け、機能分類。食の分野におけるインフォマティクスの利用など。概論を述べる。	食の分野において用いるバイオインフォマティクス技術、代謝化合物、糖質、脂質、タンパク質、非栄養性食品成分、代謝パスウェイ、機能分類	2101 配列解析	アライメント
					2102 配列解析	配列データベース検索
					2103 配列解析	プロファイル・モチーフ解析
					2105 配列解析	配列データベース
					2604 ネットワーク情報解析	パスウェイデータベース
4201	食品インフォマティクス	ニュートリゲノミクス解析	マイクロアレイなどを用いた食品に対する生体応答の解析。	マイクロアレイのデータ解析、標準化、発現差検定、クラスタ解析、遺伝子発現ネットワーク、遺伝子発現データベース	2501 トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析	アレイデータ統計処理
					2502 トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析	クラスタ解析
					2503 トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析	ネットワーク推定
					2504 トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析	トランスクリプトームDB
4301	食品インフォマティクス	食品システムバイオロジー	食に関連する代謝、遺伝子発現ネットワーク。食品成分と生体応答の関係から、多成分である食品をインプットとした時の生体応答の予測など。	代謝、細胞、遺伝子発現ネットワーク、タンパク質ネットワーク、分子ネットワーク推定(メタボローム、グライコーム、リポドーム、ペプチドーム)、細胞シミュレーション、生体	2601 ネットワーク情報解析	代謝工学
					2603 ネットワーク情報解析	ネットワーク比較/探索
					2604 ネットワーク情報解析	パスウェイデータベース

			シミュレーション	2606 ネットワーク情報解析	細胞シミュレーション/モデル化
4401	食品インフォマティクス	テーラーメイド栄養	個人の遺伝情報に基づく食の解析とデザイン。 SNPs解析、バイオマーカー、発現プロテオーム標準化、発現差検定、翻訳後修飾、免疫応答、代謝酵素の構造と機能、構造比較・構造分類、構造予測、ドッキングシミュレーション、分子動力学法	2101 配列解析 2102 配列解析 2103 配列解析 2105 配列解析 2203 タンパク質立体構造解析 2204 タンパク質立体構造解析 2205 タンパク質立体構造解析 2206 タンパク質立体構造解析 2301 分子シミュレーション 2302 分子シミュレーション 2303 分子シミュレーション 2408 ゲノム情報解析 2505 トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析 2506 トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析 2507 トランスクリプトーム/プロテオーム情報解析 2702 ケモインフォマティクス 2703 ケモインフォマティクス	アライメント 配列データベース検索 プロファイル・モチーフ解析 配列データベース 相互作用解析 二次構造などの予測 三次構造予測 タンパク質構造データベース 分子ポテンシャル関数と分子力学 分子動力学法とモンテカルロ法 自由エネルギー計算 ゲノム多様性解析 発現プロテオームデータ解析 相互作用プロテオーム解析 プロテオームデータベース 糖鎖構造比較・解析 化学構造比較・解析
4501	食品インフォマティクス	食品センサリーインフォマティクス		2101 配列解析 2102 配列解析 2103 配列解析 2105 配列解析 2203 タンパク質立体構造解析 2204 タンパク質立体構造解析 2205 タンパク質立体構造解析 2206 タンパク質立体構造解析 2301 分子シミュレーション 2302 分子シミュレーション 2303 分子シミュレーション 2601 ネットワーク情報解析 2603 ネットワーク情報解析 2604 ネットワーク情報解析 2606 ネットワーク情報解析 2705 ケモインフォマティクス	アライメント 配列データベース検索 プロファイル・モチーフ解析 配列データベース 相互作用解析 二次構造などの予測 三次構造予測 タンパク質構造データベース 分子ポテンシャル関数と分子力学 分子動力学法とモンテカルロ法 自由エネルギー計算 代謝工学 ネットワーク比較/探索 パスウェイデータベース 細胞シミュレーション/モデル化 物性予測

				2706 ケモインフォマティクス	相互作用解析	
4601	食品インフォマティクス	食のセーフティとセキュリティ	<p>フードチェーン全体のトレーサビリティ、人と環境に配慮した安全な食の生産、製造・加工、食品衛生、遺伝子組み換え食品の安全性評価など。食品トレーサビリティシステム(生産、加工、流通)、食品トレーサビリティの要素技術、食品衛生管理、飼料添加物と食品添加物、食品アレルギー、農薬・動物用医薬品・水産用医薬品、化学肥料、環境汚染物質、食品廃棄物の再生利用、容器包装の安全性、遺伝子組み換え食品、食の安全性評価。</p>	<p>食品トレーサビリティのインフォマティクス技術(データベース、ICタグ、標準化、システム)、添加物、アレルギー、環境汚染物質、遺伝子組み換え食品、食の安全性の評価</p>	<p>2601 ネットワーク情報解析  2603 ネットワーク情報解析  2604 ネットワーク情報解析  2606 ネットワーク情報解析  2705 ケモインフォマティクス  2706 ケモインフォマティクス</p>	<p>代謝工学  ネットワーク比較/探索  パスウェイデータベース  細胞シミュレーション/モデル化  物性予測  相互作用解析</p>