



**岡田 吉史**  
Yoshifumi OKADA

配列解析チーム  
産総研特別研究員

- 1 北海道出身。ラーメン屋巡りが趣味です。今住んでいる千葉県のある有名店は、ほぼ制覇しました。
- 2 従来の統計手法と既知の生物学知識を融合して、各組織・細胞で特異的に共発現する遺伝子群と、それらの制御関係を同定する手法の開発を行っています。



**山本 智子**  
Satoko YAMAMOTO

数理モデルチーム  
共同研究  
科学技術振興機構・BIRD

- 1 幼少より生き物好きで生物学の道に進みました。街で猫を見つけた時は、近寄ってアピールします。
- 2 現在はパスウェイデータベース INOHのキュレーターとして、どうしたら細胞の中のシグナル伝達を計算機の中に表現できるか、日々考えています。



**田中 康司**  
Kouji TANAKA

大規模計算チーム  
協力研究員  
早稲田大学 先端科学健康医療融合研究機構、  
早稲田大学 IT パイオ研究所

- 1 趣味は美味しい地酒をたくさん呑むことやホームシアターでの映画鑑賞、音楽鑑賞です。
- 2 遺伝子ネットワークの推定のためのシステム開発を遺伝的プログラミングを用いて行っています。テーラーメイド医療やゲノム創薬の実用化に貢献できたらと思います。

## 成果紹介

(最近の成果の中から選んだものを掲載しています。)

### 【論文】

- Park, K.-J., Gromiha, M.M., Horton, P. and Suwa, M.: "Discrimination of outer membrane proteins using support vector machines", *Bioinformatics*, **21**(33), pp.4223-4229 (2005).
- Horton, P. and Fujibuchi, W.: "An Upper Bound on the Hardness of Exact Matrix Based Motif Discovery", *Lecture Notes In Computer Science*, **3537**, pp.219-228 (2005).
- Tsukamoto, K., Watanabe, T., Nagashima, U. and Akiyama, Y.: "Hartree-Fock and density functional theory calculations for the reaction mechanism of nitric oxide reductase cytochrome P450nor from *Fusarium oxysporum*", *Journal of Molecular Structure: THEOCHEM*, **732**(1-3), pp.87-98 (2005).
- Tsuda, K. and Ratsch, G.: "Image reconstruction by linear programming", *IEEE Transactions on image processing*, **14**(6), pp.737-744(2005).
- Aita, T., Morinaga, S. and Husimi, Y.: "Thermodynamical interpretation of evolutionary dynamics on a fitness landscape in an evolution reactor, II", *Bulletin of Mathematical Biology*, **67**(3), pp.613-635(2005).

### 麹菌ゲノム解析 (12/22 プレスリリース)



記者会見の様子

CBRCから数理モデルチームなどが参加した麹菌(*A. oryzae*)ゲノム解析プロジェクトの成果と、国際協力のもと進められた他の*Aspergillus*属ゲノム(*A. nidulans*, *A. fumigatus*)解析結果が、3報同時にNature誌に掲載されました。

- Machida, M., et al. (incl. Asai, K., Kumagai, T., Terai, G., Gotoh, O., Kin, T., Nagasaki, H., Okada, K. from CBRC): "Genome sequencing and analysis of *Aspergillus oryzae*", *Nature*, **438**, pp.1157-1161, doi:10.1038/nature04300 (2005).
- Galagan, J.E., et al. (incl. Kumagai, T., Asai, K. from CBRC): "Sequencing of *Aspergillus nidulans* and comparative analysis with *A. fumigatus* and *A. oryzae*", *Nature*, **438**, pp.1105-1115, doi:10.1038/nature04341 (2005).
- Nierman, W., et al. (incl. Kumagai, T., Asai, K. from CBRC): "Genome sequence of pathogenic and allergenic filamentous fungus *Aspergillus fumigatus*", *Nature*, **438**, pp.1151-1155, doi:10.1038/nature04332 (2005).

## お知らせ

### 「生命情報科学技術者養成コース」

10~11月に開講した「バイオインフォマティクス速習コース」に引き続き「創薬インフォマティクス技術者養成コース」(2/6~17の10日間集中)の受講者を募集しています。応募〆切: 1/11。募集人数: 約20名。

計算機的手法を用いた創薬に関する初学者(社会人)が対象で、第一線の研究者が指導に当たり基礎から現場で活用できる技術まで概観します。

詳細→ E-mail: training@cbrc.jp  
http://training.cbrc.jp/



「速習コース」受講風景

### BioPax

パスウェイ・インフォマティクスの未来と可能性を考えるBioPAXシンポジウム(CBRC共催)が11/18開催されました。約180名が参加し、米MSKCCのChris Sander氏によるキーノートレクチャーの他、福田研究員による『INOH』データベースについての発表を含む12件の発表が行われ、活発な質疑応答が相次ぐ盛会となりました。



シンポジウムの様子

### 外部研究資金取得について

NEDO平成17年第2回産業技術研究助成事業『効率的バイオマーカー探索を目指した近接場プローブ・ナノ領域超高感度質量分析装置の開発』(研究代表者: 高橋 勝利)

### 人事異動のお知らせ

#### 【新規採用】

- ・清水 佳奈(タンパク質機能チーム テクニカルスタッフ)(1/1付)

#### 【退職】

- ・鄭 珉 仲(大規模計算チーム 産総研特別研究員)(10/31付) → Korea Automotive Technology Institute シニアエンジニア
- ・寺崎 真樹(細胞情報チーム 産総研特別研究員)(11/30付) → 生物情報解析研究センター 産総研特別研究員
- ・茂 穂 薫(細胞情報チーム テクニカルスタッフ)(11/16付) → 東京医科歯科大学 情報医学センター

#### ＋編集後記＋

先頃英国で旅人の目を通した世界という切り口の大規模な展覧会を見ました。日常にある旅、外に出かける旅に潜む凶暴で、バカさ加減、ロマンなどが見事に織り交ぜられたものでした。国際化と声高に言っても、育ってきた土壌、文化をどう踏まえるか、何を共有してコミュニケーションするか、古くから議論が続いています。目的意識を一つに集約しすぎないよう余所見するのは無駄なようで大きな意味のある事かもしれないと思いました。

### CBRCニューズレター第14号/2006年1月1日発行

編集発行: 独立行政法人 産業技術総合研究所 生命情報科学研究センター

〒135-0064 東京都江東区青海2-42 産総研臨海副都心センター別館 バイオ・IT融合研究棟

TEL: 03-3599-8080 (大代表), 8056 (広報) FAX: 03-3599-8081

E-MAIL: info@cbrc.jp URL: http://www.cbrc.jp/

禁無断転載