

ICSB2006を共催

10月9日から13日まで開催されるICSB2006 (The Seventh International Conference on Systems Biology) を共催いたします。既に9日~11日までパシフィコ横浜で開催されたカンファレンスの展示ブースに出展しました。また、12日~13日には、産総研臨海副都心センター別館11階でReceptor tyrosine kinases (RTK) ワークショップが開催されます。

<http://icsb-2006.org/workshops/workshops.htm#RTK>

新しいRNA/RNPを見つける会

9月1日、2日の2日間にわたり、産総研臨海副都心センター別館11階で「新しいRNA/RNPを見つける会」が開催されました。RNA研究に関する、最新の様々な手法が紹介されるとともに、研究者同士の盛んな交流が持たれました。

平成18年度「BI速習コースII」開講間近

10月18日より生命情報科学技術者養成コースの「バイオインフォマティクス (BI) 速習コース II」が始まります。「BI速習コース II」では、第一線の研究者が講師として、バイオ情報取り扱いの基礎理論から実際の解析研究までを計算機実習を取り入れて指導します。

産学官交流助成金獲得

(財)丸文研究交流財団の産学官交流助成金をタンパク質機能チーム実習生 豊田毅嗣が獲得しました。

外部資金取得について

- ・企業『血中アミノ酸データからの生体内状態予測に関する基盤研究』(生体ネットワーク)
- ・(社)バイオ産業情報化コンソーシアム (JBIC) 『機能性 RNA プロジェクト』(数理モデル)

人事異動のお知らせ

【新規採用】・中川 康二 (生体ネットワークチーム 産総研特別研究員) (8/1 付)

・藤田 直也 (配列解析チーム テクニカルスタッフ) (9/5 付)

【退職】・ナターリヤ・ポリリャーフ

(配列解析チーム 産総研特別研究員) (9/30 付)

→(株) ソニーコンピュータサイエンス研究所

ポストドクトラルフェロー

(最近の成果の中から選んだものを掲載しています。)

【論文】

- Polouliakh, N., Natsume, T., Harada, H., Fujibuchi, W., Horton, P.: "Comparative Genomic Analysis of Transcription Regulation Elements Involved In Human Map Kinase G-Protein Coupling Pathway", *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, **4**(2), pp.469-482 (2006).
- Tabei, Y., Tsuda, K., Kin, T., Asai, K.: "SCARNA: fast and accurate structural alignment of RNA sequences by matching fixed-length stem fragments", *Bioinformatics*, **22**(14), pp.1723-1729 (2006).
- Tominaga, D., Horton, P.: "Inference of Scale-free Networks From Gene Expression Time Series", *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, **4**(2), pp.503-514 (2006).
- Fukui, K., Takada, Y., Sumiyoshi, T., Imai, T., Takahashi, K.: "Infrared Multiphoton Dissociation Spectroscopic Analysis of Peptides and Oligosaccharides by Using Fourier Transform Ion Cyclotron Resonance Mass Spectrometry with a Midinfrared Free-Electron Laser", *Journal of Physical Chemistry B*, **110**(32), pp.16111-16116 (2006).
- Kushida, T., Takagi, T., Fukuda, K.: "Event Ontology : A Pathway-Centric Ontology for biological processes", *Pacific Symposium on Biocomputing*, **11**, pp.152-163 (2006).
- Muramatsu, T., Suwa, M.: "Statistical analysis and prediction of functional residues effective for GPCR-G-protein coupling selectivity", *PROTEIN ENGINEERING DESIGN & SELECTION*, **19**(6), pp.277-283 (2006).
- Yamagaki, T., Fukui, K.: "Analysis of glycosyl bond cleavage and related isotope effects in collision-induced dissociation quadrupole/time-of-flight mass spectrometry of isomeric trehaloses", *Analytical Chemistry*, **78**(4), pp.1015-1022 (2006).

【DB】

SGCAL (Structural Glycomics Calculation)

SGCALは、構造上の多様性を持つ糖鎖を対象とし断片化メカニズム計算に基づいた、糖鎖質量分析スペクトラのフラグメント同定のための支援ツールです。

<http://sgcal.cbrc.jp/>



内古閑 伸之

Nobuyuki UCHIKOGA

分子設計チーム
共同研究



1 名古屋から東京に戻ってきました。休日はほぼ合気道三昧です。音楽を聴いたりたまに演奏したりします。

2 物性物理から塩基配列の統計解析、アミノ酸配列によるタンパク質立体構造分類の研究を変遷した経験と独自のセンスでタンパク質間相互作用予測に挑みます。

横田 恭宣

Kiyonobu YOKOTA

タンパク質機能チーム
テクニカルスタッフ



1 4月に北陸から東京にやってきました。ようやく都会のペースになれてきました。趣味はのんびり釣りをすることです。

2 「生命情報科学技術者養成コース」の専任講師を業務としています。「バイオ」と「インフォマティクス」をわかりやすく教えることができればと思います。

吉川 達也

Tatsuya YOSHIKAWA

大規模計算チーム
技術協フェロー



1 京都市出身。趣味はバレーボールで、中学の頃からずっと続けています。最近、陶芸や弓道に心を惹かれています。

2 タンパク質-タンパク質ドッキングに関する研究に取り組んでいます。現在、BlueGene 並列計算機(CBRC BlueProtein system)を用いた大規模システムの開発を行っています。

+ 編集後記 +

休日の夕暮れに手元の珈琲から立ち上る湯気に引かれて視線を上げると窓の外には曇り止まぬ雨が降り、一雨ごとに秋深まるという言葉を感じました。夏の日差しを耐え抜いた木々は秋の冷たい雨を受け、1ヶ月後には美しい紅葉を見せてくれます。やがて散るそれらも来年への種となります。季節に負けぬ位を深め、成長したいと思うものの、目新しいことに心移ろってしまうと秋の空にこそ共通点を見つけ、師走を目前に控えた日常の忙しさよりも己自身が自分の敵かも知れないと珈琲の苦味も増すようでした。

CBRCニューズレター第17号

(2006年10月10日発行)

[編集発行]

禁無断転載

技術を社会へ—Integration for Innovation
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 (代表)

FAX: 03-3599-8081

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