

新研究チーム体制について

4月から新たに下記7研究チーム体制となりました。

- 遺伝子情報系
数理モデルチーム・配列解析チーム
- 分子機能系
生体膜情報チーム・タンパク質機能チーム・分子設計チーム
- 生命システム系
生体ネットワークチーム^(新)・大規模計算チーム

第5回 国際バイオEXPO出展のお知らせ

5/17(水)~19(金)、東京ビックサイトにて開催されるバイオEXPOで、CBRCからはタンパク質構造解析など10テーマをアカデミックフォーラムでプレゼンテーションするほか、パネル展示を予定しています。

皆様のご来場お待ちしております。

[詳細] → <http://www.bio-expo.jp/bio/jp/academia/>

F1000 Factor 6.0 論文

配列解析チーム 中尾 光輝(特別研究員)の論文が、Faculty of 1000において、読むべき論文(F1000 Factor 6.0)に選出されました。

Nakao, M., et al.: "Large-scale analysis of human alternative protein isoforms: pattern classification and correlation with subcellular localization signals", *Nucleic Acids Res.*, **33**(8), pp.2355-2363 (2005).

人事異動のお知らせ

【新規採用】(4/1付)

堀本 勝久(生体ネットワークチーム 研究チーム長)
油谷 幸代(生体ネットワークチーム 研究員)
山名 美智子(数理モデルチーム 産総研特別研究員)
新居 真史(生体膜情報チーム 産総研特別研究員)
横田 恭宣(タンパク質機能チーム テクニカルスタッフ)
寺田 朋子(分子設計チーム テクニカルスタッフ)
吉川 達也(大規模計算チーム 技振協フェロー)

【所内異動】(4/1付)

高橋 勝利(生命情報科学研究センター付 主任研究員)
津田 宏治(ドイツMax Plank Institute for Biological Cybernetics)(出向)
富井 健太郎(配列解析チーム 研究員)
富永 大介(生体ネットワークチーム 研究員)
福田 賢一郎(生体ネットワークチーム 研究員)
長崎 英樹(数理モデルチーム テクニカルスタッフ)

【退職】

中尾 光輝(配列解析チーム 産総研特別研究員)(3/31付)
→ かずさディー・エヌ・エー研究所
池田 和由(分子設計チーム 産総研特別研究員)(3/31付)
→ ファルマデザイン株式会社
公文代 康祐(細胞情報チーム 産総研特別研究員)(1/15付)
→ 大阪大学大学院 理学研究科 物理専攻 特任研究員
岩淵 紳一郎(細胞情報チーム 産総研特別研究員)(3/31付)
川井 孝明(細胞情報チーム 産総研特別研究員)(3/31付)
久永 真弓(細胞情報チーム テクニカルスタッフ)(1/31付)
→ 大日本インキ化学工業株式会社

(最近の成果の中から選んだものを掲載しています。)

【論文】

- Nagasaki, H., Arita, M., Nishizawa, T., Suwa, M., Gotoh, O.: "Species-specific variation of alternative splicing and transcriptional initiation in six eukaryotes", *Gene*, **364**, pp.53-62 (2005).
- Tomii, K., Hirokawa, T., Motono, C.: "Protein structure prediction using several methods of profile-profile comparison and 3D verification", *Proteins: Structure Function and Bioinformatics*, **61**(S7), pp.114-121 (2005).
- Terashima, Y., Onai, N., Murai, M., Enomoto, M., Poonpiriya, V., Hamada, T., Motomura, K., Suwa, M., Ezaki, T., Haga, T., Kanegasaki, S., Matsushima, K.: "Pivotal function for cytoplasmic protein FROUNT in CCR2-mediated monocyte chemotaxis", *Nature Immunology*, **6**(8), pp.827-35 (2005).
- Yabuki, Y., Muramatsu, T., Hirokawa, T., Mukai, H., Suwa, M.: "GRIFIN: a system for predicting GPCR-G-protein coupling selectivity using a support vector machine and a hidden Markov model", *Nucleic Acids Research*, **33**, pp.W148-W153 (2005).
- Ono, Y., Fujibuchi, W., Suwa, M.: "Automatic gene collection system for genome-scale overview of G-protein coupled receptors in eukaryotes", *Gene*, **364**, pp.63-73 (2005).

【ソフトウェア】

b-Src

<http://b-src.cbrc.jp/>

バイオインフォマティクス専用ソースコード検索サーバ。150以上のパッケージのソースコードの検索/ブラウズ機能、そして行単位までのURIを提供しています。



堀本 勝久

Katsuhisa HORIMOTO

生体ネットワークチーム
研究チーム長



1 読書。少数の観念的小説を書く作家を偏愛した後、面白い本がなくなり、現在濫読状態です。

2 統計的なアプローチに基づいたネットワーク推定が主な研究課題です。因果関係の推定・検証から、まだ見ぬ未知の関係性を探っています。面白くて堪りません！

榊原 康文

Yasubumi SAKAKIBARA

数理モデルチーム

客員研究員

(本務:慶應義塾大学 理工学部)



1 沼津で過ごした10年間を除いて、ずっと新宿で暮しています。東京をこよなく愛しています。

2 確率文法などの統計的手法を用いた配列解析の研究を行っています。機能性RNAの研究によって、またこの分野が見直されて来ています。継続は力なりです。

山名 早人

Hayato YAMANA

大規模計算チーム

共同研究

(早稲田大学 理工学術院)



1 山口県出身。大学時代のサークルに端を発し趣味は観劇。海外出張時など時間があれば観ています。

2 得意技は大規模データ解析。最近ではデータマイニングにとりつかれ、特に力を入れています。バイオインフォマティクスとデータマイニングの融合を目指します。

+ 編集後記 +

春眠暁を覚えずとも言いますが、春は眠っていた感覚を起こし、いろんなものに気づかせてくれる季節だなあと実感しています。氷が溶けるように、縮こまっていた肉体的感覚が緩むからかもしれません。春のにおい、春の風、春の霞、春の芽吹きなど、何かに気づきたくなるように仕向けているようにも感じます。それは人との関わりにも通じて、春の出会いや別れも、他の季節に増して感じ入るところが多いものです。感傷だけでなく、春の発見が次々と展開を生むように期待しています。

CBRCニューズレター第15号

(2006年4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(代表)

FAX:03-3599-8081

E-MAIL:info@cbrc.jp

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