

「CASP7」参加報告

タンパク質立体構造予測コンテスト「CASP7」に CBRC から Andante (富井 健太郎、本野 千恵、佐藤 美和、太田 元規、他) と CBRC-DR (野口 保、清水 佳奈、廣瀬 修一、井上 直子、金井 理)、CBRC-DP_DR (野口 保、滝沢 雅俊、井上 直子、富井 健太郎) の3チームが参加し、11月26日から30日までアメリカで開催された結果発表会に出席しました。

CBRC-DR チームは、ディスオーダー領域予測で世界第2位(長い領域の予測では第1位)となり、野口主幹研究員がパネル討論に登壇しました。Andante は、model-based 部門の立体構造予測および、ドメイン境界予測部門で世界トップレベルの成果を挙げました。



パネル討論に登壇した野口主幹研究員(中央)

「GIW2006」、「EABS & BSJ2006」参加報告

「GIW2006 (The 17th International Conference on Genome Informatics)」が12月18日から20日にかけて横浜で開催され、CBRCからはポール・ホートン研究チーム長(配列解析チーム)が口頭発表に採択されて登壇したほか、12件のポスター発表を行いました。



登壇したホートン研究チーム長

また、11月12日から16日に沖縄で開催された「EABS & BSJ 2006」では、マイケル・グロミハ研究員(生体膜情報チーム)が招待講演を行ったほか、数件のポスター発表も行いました。

「産総研 生命情報科学人材養成コース」事後評価

H13~H17年度の5カ年事業として実施した「産総研 生命情報科学人材養成コース」の事後評価が行われ、おかげさまで総合評点でA評価(最高評価)を受けました。同事業ではポスドク研究者等52名を輩出し、企業研究者および学生を延べ127名受け入れました。

平成18年度「BI速習コースII」が終了

「バイオインフォマティクス(BI)速習コースII」が11月22日に終了し、H18年度に計画した生命情報科学技術者養成コースの講習(リーダー養成・再教育コースは除く)は全て終了しました。

修了人数: BI速習コースI 25名

BI速習コースII 15名

創薬インフォマティクス技術者養成コース 20名

外部資金取得について

- ・JST 受託研究費『記号・代数計算に基づく計算技法のシステムズ・バイオロジーへの適用方法論の確立と実証評価』(堀本)
- ・企業『ガン診断のためのDNAチップデータ解析アルゴリズムの開発(食道ガン及び腎臓ガン診断用DNAチップの評価・検証及び成果普及事業(NEDO))』(藤淵)
- ・企業『生体ネットワーク解析技術の開発に関する研究』(堀本)
- ・(独) 国立環境研究所『環境化学物質の影響を測定した遺伝子発現データの類型解析に関する研究』(藤淵)
- ・企業『確率モデルを用いたゲノム情報解析に関する研究』(浅井、山名)

人事異動のお知らせ

【所内異動】(11/1付)

清水 佳奈 (タンパク質機能チーム 産総研特別研究員)

(最近の成果の中から選んだものを掲載しています。)

【論文】

- Hamada, M., Tsuda, K., Kudo, T., Kin, T., Asai, K.: "Mining frequent stem patterns from unaligned RNA sequences", *Bioinformatics*, **22**(20), pp.2480-2487 (2006).
- Kato, T., Murata, Y., Miura, K., Asai, K., Horton, P., Tsuda, K., Fujibuchi, W.: "Network-based de-noising improves prediction from microarray data", *BMC Bioinformatics*, **7**(Suppl 1), pp.54 (2006).
- Shimizu, K., Adachi, J., Muraoka, Y.: "ANGLE: a sequencing errors resistant program for predicting protein coding regions in unfinished cDNA", *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, **4**(3), pp.649-664 (2006).
- Nagano, N., Noguchi, N., Akiyama, Y.: "Systematic Comparison of Catalytic Mechanisms of Hydrolysis and Transfer Reactions Classified in the EzCatDB Database", *PROTEINS: Structure, Function, and Bioinformatics*, **66**(1), pp.147-159 (2006).
- Gromiha, M.M., Thangakani, A.M., Selvaraj, S.: "FOLD-RATE: prediction of protein folding rates from amino acid sequence", *Nucleic Acids Research*, **34**(Web Server issue), pp.W70-74 (2006).

清水 佳奈

Kana SHIMIZU



タンパク質機能チーム
産総研特別研究員

- 1 下手の横好きで、スキューバダイビングのライセンスを持っています。海に潜るたびに生物の多様性に感動します。
- 2 アミノ酸配列とタンパク質の立体構造の関心に興味があります。現在は、配列からディスオーダー(構造を持たない部位)を予測する研究をしています。

中川 康二

Koji NAKAGAWA



生体ネットワークチーム
産総研特別研究員

- 1 福岡県出身。お風呂に浸かってのんびりするのが好きです。昔頑張っていた筋トレを健康のために再開するつもりです。
- 2 実測データに最も適合したネットワークモデルを同定する技術の開発を行っています。これまでに培った記号計算(代数)の手法を生かしたいと考えています。

廣瀬 修一

Syuichi HIROSE



タンパク質機能チーム
共同研究

- 1 趣味は、バドミントンです。その他には、テニスやドライブやサッカー(観戦のみ)が好きです。
- 2 タンパク質のディスオーダー領域を予測する手法の開発に携わっており、さらにタンパク質の動的な作用についてより深く理解できればと考えています。

+ 編集後記 +

どんなことでも繰り返しや継続を経るうちに慣れというものが生じます。慣れているからこそ難しく熟せるということは確かですが、慣れきってしまい新たな行動を起こすのに腰が重くなるのも陥りがちなことであると思います。2007年の干支は亥。現状に満足せず、亥の勢いを借りるつもりで何事にも臆せず突き進んでいきたいところですが、視野狭窄な猪突猛進とはならず、目的を一にして剛毅果断に実行していければ新たな展開も望めるでしょうか。CBRCの新たな面を一つでも多くお伝えできる年になりますように。

CBRCニューズレター第18号
(2007年1月1日発行)

[編集発行]

技術者社会へ—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/

禁無断転載