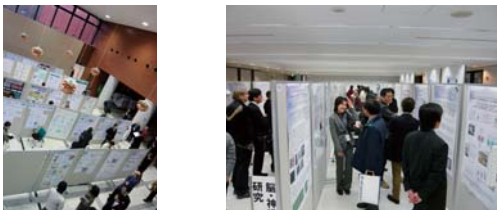


産総研・産技連LS-BT合同研究発表会 参加報告

産総研ライフサイエンス分野と産技連ライフサイエンス部会・バイオテクノロジー分科会の合同会議が1月29日(木)から30日(金)にかけて産業技術総合研究所つくばセンター共用講堂で開催され、CBRCは15件のポスター発表を行いました。



- 【所内異動】・油谷幸代(配列解析チーム研究員)(4/1付)
・清水佳奈(RNA情報工学チーム研究員)(4/1付)

- 【退職】・関嶋政和(分子機能計算チーム)→東京工業大学 学術国際情報センター准教授(3/31付)
・大里直樹(配列解析チーム産総研特別研究員)→University of Massachusetts Medical School(3/31付)
・山田真介(分子機能計算チーム産総研特別研究員)→株式会社フィックスターズ(3/31付)
・中田淳一(テクニカルスタッフ)(3/31付)
・平木愛子(細胞機能設計チームテクニカルスタッフ)(3/31付)
・吉本瑛梨(細胞機能設計チームテクニカルスタッフ)(3/31付)
・孫富艶(生体ネットワークチームテクニカルスタッフ)(3/31付)
・原田肇(配列解析チーム技振協フェロー)→株式会社Kaspersky Labs Japan(2/28付)
・吉川達也(分子機能計算チーム技振協フェロー)(3/31付)

平成21年度「バイオインフォマティクス速習コースI」ご案内

生命情報科学技術者養成コースの平成21年度実施内容が決定しました。バイオインフォマティクス速習コースIは4月6日(月)から受講生募集を開始します。
詳細⇒ <http://training.cbrc.jp/>

連携大学院「CBRCで学ぶバイオインフォマティクス」研究室説明会のご案内

CBRCで学生を受け入れている研究室(お茶の水女子大学、東京大学、東京医科歯科大学、奈良先端科学技術大学院大学、早稲田大学)と、お台場における学生生活、研究施設の紹介のための説明会を行います。

日時: 4月18日(土) 14:00~17:00

場所: 生命情報工学研究センター(CBRC)

詳細⇒ <http://www.cbrc.jp/>

人事異動

- 【新規採用】・JF Kenichi Pessiot
(細胞機能設計チーム産総研特別研究員)(1/19付)
・佐藤大介(分子機能計算チーム産総研特別研究員)(2/1付)
・Raymond Wan(産総研特別研究員)(4/1付)
・藤田直也(配列解析チームテクニカルスタッフ)(4/1付)
・宋毅暉(細胞機能設計チームテクニカルスタッフ)(4/1付)

研究員紹介

- 1 趣味や自己紹介など
2 研究内容や抱負

JF ケンイチ ペシオ

JF Kenichi Pessiot

細胞機能設計チーム
産総研特別研究員



- 1 I enjoy outdoors activities, and especially rock climbing. Hopefully I will be able to climb Mount Fuji some day!
2 I completed my PhD in computer science last year in France. I'm especially interested in using machine learning to analyze various types of biological data, including gene regulatory networks and gene expression data.

佐藤 大介 Daisuke Sato

分子機能計算チーム
産総研特別研究員



- 1 はじめまして。佐藤大介と申します。趣味は、読書、音楽、スポーツです。生き物全般、植物と動物が好きです。
2 分子認識、タンパク質フォールディングの理論研究を行ってきました。現在は、タンパク質-タンパク質間相互作用の研究を行っています。

成果紹介

- 【論文】 ● Frith, M.C., Park, Y., Sheetlin, S.L., Spouge, J.L.: "The whole alignment and nothing but the alignment: the problem of spurious alignment flanks", *Nucleic Acids Res.*, **36**(18), pp.5863-5871(2008).
● Gotoh, O.: "Direct mapping and alignment of protein sequences onto genomic sequence", *Bioinformatics*, **24**(21), pp.2438-2444(2008).
● Tsukamoto, K., Yoshikawa, T., Hourai, Y., Fukui, K., Akiyama, Y.: "Development of an affinity evaluation and prediction system by using the shape complementarity characteristic between proteins", *J Bioinform Comput Biol.* **6**(6), pp.1133-1156(2008).
● Imai, K., Gromiha, M.M., Horton, P.: "Mitochondrial beta-barrel proteins, an exclusive club?", *Cell*, **135**(7), pp.1158-1159(2008).
● Gromiha, M.M., Yabuki, Y., Suresh, M.X., Thangakani, A.M., Suwa, M., Fukui, K.: "TMFunction: database for functional residues in membrane proteins", *Nucleic Acids Res.*, **37**(Database issue), D201-204(2009).
● Ohnuma, S., Miura, K., Horii, A., Fujibuchi, W., Kaneko, N., Gotoh, O., Nagasaki, H., Mizoi, T., Tsukamoto, N., Kobayashi, T., Kinouchi, M., Okabe, M., Sasaki, H., Shiiba, K., Miyagawa, K., Sasaki, I.: "Cancer-associated splicing variants of the CDCA1 and MSMB genes expressed in cancer cell lines and surgically resected gastric cancer tissues", *Surgery*, **145**(1), pp.57-68(2009).
● Hamada, S., Satoh, K., Hirota, M., Fujibuchi, W., Kanno, A., Umino, J., Ito, H., Satoh, A., Kikuta, K., Kume, K., Masamune, A., Shimosegawa, T.: "Expression of the calcium-binding protein S100P is regulated by bone morphogenetic protein in pancreatic duct epithelial cell lines", *Cancer Sci.*, **100**(1), pp.103-110(2009).
● Suzuki, H., Kameyama, A., Tachibana, K., Narimatsu, H., Fukui, K.: "Computationally and experimentally derived general rules for fragmentation of various glycosyl bonds in sodium adduct oligosaccharides", *Anal Chem.*, **81**(3), pp.1108-1120(2009).
● Mituyama, T., Yamada, K., Hattori, E., Okida, H., Ono, Y., Terai, G., Yoshizawa, A., Komori, T., Asai, K.: "The Functional RNA Database 3.0: databases to support mining and annotation of functional RNAs", *Nucleic Acids Res.*, **37**(Database issue), D89-92(2009).