



No. 3

NEWSLETTER

SPRING 2003

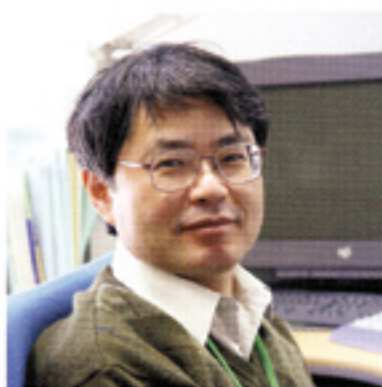
## バイオインフォマティクス今昔

アルゴリズムチーム長  
後藤 修

ちょうど20年ほど前、物理学会誌に記事を書いたことがあります。当時始めたばかりの配列アラインメントに関する研究について紹介した後、「これからは生物学と計算機科学との境界領域(生命情報科学もバイオインフォマティクスも用語として誕生するはるか以前でした)の研究が大事である」という趣旨をかなり強調して書きました。卓見だったと思われるかもしれませんが、そのときの編集者から指摘されたように、当時ですでに常識的な考えであると言ってよいものでした。しかし、自分自身も、おそらく他の方々も、この境界領域が今日見られるような産業界からも注目される分野にまで成長することを必ずしも予見したり期待したりしていたわけではありません。

この20年間にバイオインフォマティクスの内容は格段に拡充してきました。しかし、それ以上に大きく変わったのは周りの状況のほうかも知れません。最大のものは、

やはりヒトゲノムプロジェクトの提案とその成功でしょう。この4月にもヒトゲノム配列の完全解読宣言が出されると言われていますが、ただの文字列にすぎないゲノム塩基配列を読み解き、意味を見出すことは現在でもまだまだ難しい問題です。



すなわち、ゲノム上の遺伝子とその産物が担う機能(Function)、進化(Evolution)、配列(Sequence)、構造(Structure)の間の関係(FESS 相関)を明らかにすることが、これからのバイオインフォマティクスにおいても大きな課題であることに違いありません。これは人類が

いに手に入れたゲノム情報を最大限に利用するためには必須の問題であり、そのための方法を開発することが我々の務めであると私は考えています。

短期のものを含めれば、生物物理学、生化学、分子生物学、遺伝学、そして生命情報学といくつもの研究室を経験してきました。どこにいてもそれなりに快適に過ごせたのは、このような複合領域に元々資質が合っていたのかなと思います。かつてはバイオインフォマティクスの分野でも異なる背景を持つもの同士の文化的摩擦が問題になることもありました。しかし、当初言われた生物系と情報系の言葉の壁などはすでに実質解消したと言って良いでしょう。我々は生物物理学をはじめからホームグラウンドとする初期の世代でした。現在育ちつつあるバイオインフォマティクスをホームグラウンドとする世代の人々から、さらに新しい分野が開拓されることを期待しています。