

バイオインフォマティクス推進センター事業
事業報告書

平成 21 年 3 月

独立行政法人
科学技術振興機構

目次

目次	1
第1章 事業の目標	2
第2章 事業の概要	5
第3章 研究開発課題の選考	9
第1節 生命情報データベース高度化・標準化 研究開発課題の選考	9
第2節 創造的な生物・情報知識融合型の研究開発 研究開発課題の選考	13
第4章 事業運営	24
第5章 研究開発成果	27
第6章 人材の輩出	38
第7章 研究成果情報発信	38
第8章 事業の位置づけ（ロジックモデルの適用の試み）	43
別冊	
資料1：バイオインフォマティクス推進センター事業の支援で作成されたデータベースや 解析ツールの概要	47
資料2：ゲノムリテラシー講座 開講リスト	49
資料3：研究成果情報発信	59
資料4：GBIF 生物多様性情報機構	74
資料5：事業に対する評価	81
参考1：科学技術政策	95
参考2：バイオインフォマティクスの動向	101

第1章 事業の目標

第1節 事業の発足

バイオインフォマティクス推進センター事業は、平成12年11月の「科学技術会議ライフサイエンス部会ゲノム科学委員会報告書『ゲノム情報科学における我が国の戦略について』」において、述べられている「データベース構築」および「情報解析技術開発」を担う目的で平成13年4月に発足した。報告書の要約を以下に示す。

なお、「人材養成」に関しては科学技術振興調整費により大学や研究所での人材養成に対する支援が開始された。

『ゲノム情報科学における我が国の戦略について』（要約）

目標：バイオインフォマティクス（バイオのための情報科学および情報論的解釈に基づく生命科学）の推進

方策

○人材養成	
	・即戦力の養成 研修プログラム開発、研修機会・インセンティブ提供、外国人の登用 専門学校活用と国家資格設定 ・研究交流、試行錯誤の「場」としての拠点形成 大型計算機の利用環境の提供、異分野の若手研究者の交流、習熟度に応じた体系的研修プログラムやセミナー ・大学等における中長期的視点に立った人材の育成 教育研究組織（学科や専攻、教育センター等）の整備
○データベース構築	
	・国家レベルでの有識者会議による戦略立案 生物医学の基盤として不可欠の情報に対応したデータベースの支援 永続的な予算措置 データの格納方式や利用者インタフェースの統一化、標準化 既存大学等の活用 ・戦略の検討、実施を支える組織の設置 世界的動向調査、計画作り、細部にわたる評価（予算措置への競争原理導入） ・留意事項 データの公開、データ産出プロジェクトや機関との連携、統合化データベースの重要性、計測装置との連携、研究との連携、教育機関との連携
○情報解析技術開発	
	・情報解析技術開発の在り方等に関する戦略を検討する体制の整備 競争原理と評価体制の導入 ・国家的な支援を要する分野 生命科学のための高速アルゴリズムや高速コンピューターの研究開発 画期的な情報解析技術の研究開発 例：数百生物種規模のゲノム配列比較技術、大規模な遺伝子タンパク質系のシミュレーション技術、大規模のタンパク質の分子動力学計算

第2節 中期目標

独立行政法人として科学技術振興機構（以下、JST）が発足するにあたり、文部科学省は、独立行政法人科学技術振興機構が達成すべき業務運営に関する目標として、平成 15 年 10 月 1 日、第 1 期「中期目標」を定めた。その後、平成 19 年 4 月 1 日からの第 2 期「中期目標」が定められている（<http://www.jst.go.jp/pr/intro/jigyoku.html>）。以下に第 1 期「中期目標」および第 2 期「中期目標」を記載する。

1. 第 1 期「中期目標」：期間 平成 15 年 10 月 1 日から平成 19 年 3 月 31 日

以下に第 1 期「中期目標」の機構の全体的事項とバイオインフォマティクス推進センター事業の個別事項を記載した。

【全体的事項】

【全体的事項】

- (1) 科学技術創造立国の実現を目指し、社会経済発展の原動力となる知の創造とその活用を目的として、科学技術基本計画等の国の政策に沿って、機構における科学技術振興戦略の企画立案を行う。
- (2) 研究者、企業等のユーザーをはじめとする国民の立場に立った効果的・効率的な業務を行うため、事業の評価活動を充実するとともに外部ニーズを的確に把握し、事業の改善を適宜行う。
- (3) 事業の成果の社会への波及を目的として、分かりやすい形で公表する。
- (4) 業務運営の効率化、成果の有効活用及び積極的な外部機関実施業務への貢献のために、文部科学省その他関係行政機関、大学、公的研究機関等との有機的連携を行う。
- (5) 機構の自主・自律性を確保する観点から、中期目標には機構が達成すべき基本的な目標を定め、中期目標を達成するために必要なより詳細かつ定量的な事項は、中期目標を達成するために機構が作成する中期計画において定めることとする。

【個別事項】

3. 科学技術情報の流通促進

科学技術の振興のための基盤の整備に資するため、国内外の科学技術に関する情報を収集し、整理し、保管し、提供し、閲覧させる事業を行う。

(1) 科学技術の研究開発等に関する情報の流通促進

我が国の科学技術の研究開発等に関する情報の流通を促進するため、大学、公的研究機関、研究者等に関する情報を収集し、インターネット等を活用することにより、利用者が利用しやすい形での提供等を行うとともに、科学技術情報に関する国際協力、標準化等を行う。

① ～ ③ 略

④ ゲノム情報等の膨大な生物情報を整理統合し、有用な知識を見出すことによる新産業の創出等を図るため、新しい生物情報の研究開発によるデータベースの整備等を推進するとともに、当該データベースの普及を促進する。

⑤ 略

2. 第2期「中期目標」期間：平成19年4月1日から平成24年3月31日

以下に第2期「中期目標」の機構の全体的事項とバイオインフォマティクス推進センター事業の個別事項を記載した。

【全体的事項】

イ.機構の事業内容及び成果について、可能な限り定量的に国民にわかりやすい形で情報発信する。

ロ.研究費の執行体制を充実させることにより、研究費の不合理的な重複及び過度の集中の排除、研究費の不正使用及び不正受給の防止に努める。また、研究上の不正の防止対策についても強化する。

ハ.外部有識者・専門家の参画による評価を実施した上で、その結果を機構の活動の改善に反映させることにより、機構における PDCA サイクルを構築する。

二.事業の実施に当たっては、関連する事業を実施している機関との適切な連携・協力関係を構築する。

【個別事項】

3.科学技術情報の流通促進

(1)～(3) 略

(4)バイオインフォマティクスの推進

ゲノム情報等の生物情報データベースの構築、高度化、活用のための研究開発を行い、研究開発成果を情報発信することにより、世界最高水準のライフサイエンス分野の情報基盤の整備の一翼を担うとともにライフサイエンス研究のさらなる進展に貢献する。

(5)～(6) 略

なお、平成21年4月1日付けで以下のように個別事項は変更になる予定である。

【個別事項】

3.科学技術情報の流通促進

(1)～(3) 略

(4)バイオインフォマティクスの推進

ゲノム情報等の生物情報データベースの構築、高度化、活用のための研究開発を行い、研究開発成果を情報発信するとともに、データベースの統合・維持・運用を図ることにより、世界最高水準のライフサイエンス分野の情報基盤の整備の一翼を担うとともにライフサイエンス研究のさらなる進展に貢献する。

(5)～(6) 略

第2章 事業の概要

膨大かつ多種多様な生物情報を整理統合し、そこから有用な知識を見出すことにより、新しい産業の創出、新しい医療の開拓、新しい農業の構築へと発展することを可能とする情報生物科学（バイオインフォマティクス）の発展の推進及びそれを基盤とした21世紀の新しい生物科学の創造を目指してバイオインフォマティクス推進センターを平成13年4月に設置し、統括、副統括の指導のもと、本事業が運営されている。また、バイオインフォマティクス委員会を設置し、事業の推進と課題評価について調査審議がなされている。事業内容は、大きく分けると、1.生物情報データベースの高度化・標準化および2.バイオインフォマティクスの創造的研究開発の研究開発支援、発足当時から平成18年度末までは比較的規模が大きい科学技術計算サーバシステムを研究者の利用に供するサービス、3.研究成果情報の発信を行っている。

＜統括・副統括＞ （所属機関名役職は平成13年当時）

統括 勝木元也（大学共同利用機関法人 自然科学研究機構 基礎生物学研究所 所長）

副統括 高木利久（東京大学医科学研究所 教授）

第1節 生命情報データベースの高度化・標準化：研究開発期間5年

膨大な生物情報からの新しい知識の発見等に不可欠なデータベースの構築や高度化を行っている。また、これらのデータベースを有機的に統合化し、生物をシステムとして理解することを可能とするとともに、それらが広く社会に活用されるような環境を整備している。このために、平成13年～17年度に高度化第Ⅰ期研究開発を実施した。現在、高度化第Ⅱ期研究開発を平成18年～22年度の期間で実施中である。高度化第Ⅰ期研究開発課題および高度化第Ⅱ期研究開発課題について、それぞれ、代表研究者と研究開発課題を下記の表に記載した。

① 高度化第Ⅰ期 研究開発課題（研究開発期間：平成13年～17年度）：終了課題

代表研究者(所属:終了時)	研究開発課題
金久 實 (京都大学化学研究所 教授)	2項関係に基づくゲノムと生命システムの機能解読
菅原 秀明 (国立遺伝学研究所 教授)	ゲノム生物学バックボーンデータベースの構築提供
高木 利久 (東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授)	シグナルオントロジーとバイオタームバンクの開発
中村 春木 (大阪大学蛋白質研究所 教授)	蛋白質立体構造データベースの高度化

② 高度化第Ⅱ期 研究開発課題（研究開発期間：平成18年～22年度）：進行中課題

代表研究者(所属:採択時)	研究開発課題
---------------	--------

稲葉 一男 (筑波大学下田臨海実験センター 教授)	ホヤプロテイン統合データベースの構築
金久 實 (京都大学化学研究所 教授)	ゲノムと環境の統合解析による生命システムの機能解読 (KEGG)
菅原 秀明 (国立遺伝学研究所 教授)	バイオ基幹情報資源の高準化と共有化
高木 利久 (東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授)	オントロジーによるパスウェイの高度化および国際標準化 (INOHパスウェイデータベース)
中村 春木 (大阪大学蛋白質研究所 教授)	蛋白質構造データバンクの国際的な構築と高度化 (PDBj)
西岡 孝明 (慶應義塾大学大学院 教授)	メタボロームMSスペクトル統合データベースの開発 (Metabolome-Mass Spectral Database)
森下 真一 (東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授)	マルチモーダル統合バイオDB (Multimodal BIODB)

第2節 創造的な生物・情報知識融合型の研究開発：研究開発期間3年＋継続期間2年

情報科学と生物科学との融合したアプローチにより、多才な生物情報から生物現象の原理や法則を発見し体系化することを目指す研究開発を推進し、これらの成果がバイオインフォマティクスの発展及び新しい情報生物学創造のインセンティブとして機能し、これを基盤として新たな生物科学が樹立されるよう支援している。このために、新規採択は、平成13年度、平成17,18,19年度に行い、それぞれ3年間の研究開発を支援するとともに、継続評価することにより、2年間の継続研究開発を支援している。これらの研究開発課題について、それぞれ、代表研究者と研究開発課題を下記の表に記載した。

① 平成13年度採択 新規研究開発課題（研究開発期間：平成13年10月～平成16年9月）：終了課題

代表研究者(所属:終了時)	研究開発課題
伊藤 啓 (東京大学分子細胞生物学研究所 助教授)	ショウジョウバエ脳神経回路の徹底解析にもとづく感覚情報処理モデルの構築
伊藤 隆司 (東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授)	インタラクトーム解析からの生物知識獲得
大浪 修一 (慶應義塾大学大学院理工学研究科 助教授)	線虫 <i>C. elegans</i> 発生過程のシステム解析
岸野 洋久 (東京大学大学院農学生命科学研究科 教授)	ゲノム進化とマッピングの階層モデルと解析アルゴリズムの開発
肥後 順一 (東京薬科大学 生命科学部 教授)	高速計算機システムによる蛋白質フォールディングの研究
森下 真一 (東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授)	遺伝子破壊株イメージ・マイニング
矢田 哲士	ヒト遺伝子の転写・発現の多様性解明を目指した基盤データ

(京都大学大学院情報学研究科 助教授)	ベースの開発
---------------------	--------

② 平成 16 年度採択 継続研究開発課題（研究開発期間：平成 16 年 10 月～平成 18 年 9 月）：終了課題

代表研究者(所属:採択時)	研究開発課題
伊藤 啓 (東京大学分子細胞生物学研究所 助教授)	ショウジョウバエ脳神経回路の徹底解析にもとづく感覚情報処理モデルの構築
伊藤 隆司 (東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授)	絶対定量オーミックスからの知識発見
森下 真一 (東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授)	遺伝子破壊株イメージ・マイニング
矢田 哲士 (京都大学大学院情報学研究科 助教授)	ヒトゲノムにおける広義の遺伝子発見研究

③ 平成 17 年度採択 新規研究開発課題（研究開発期間：平成 17 年 10 月～平成 20 年 9 月）：終了課題

代表研究者(所属:採択時)	研究開発課題
内山 郁夫 (自然科学研究機構基礎生物学研究所 助手)	大規模な比較ゲノム研究を展開するためのワークベンチの構築
太田 元規 (東京工業大学学術国際情報センター 助教授)	タンパク質の構造・機能予測法の開発とヒトゲノム配列への適用
川戸 佳 (東京大学大学院総合文化研究科 教授)	脳スライス中で可視化した神経シナプスの自動解析
塩田 浩平 (京都大学大学院医学研究科 教授)	ヒト胚の形態発生に関する三次元データベース
白井 剛 (長浜バイオ大学バイオサイエンス学部 教授)	実践による超分子複合体モデリングシステムの開発
宮川 剛 (京都大学大学院医学研究科 助教授)	マウスを用いた脳機能表現型データベースの開発

④ 平成 18 年度採択 新規研究開発課題（研究開発期間：平成 18 年 11 月～平成 21 年 9 月）：進行中課題

代表研究者(所属:採択時)	研究開発課題
石井 信 (奈良先端科学技術大学院大学情報科学研究科 教授)	予測技術を用いた生命システムの同定手法の開発
黒川 顕 (奈良先端科学技術大学院大学情報科学研究科 助教授)	メタゲノムオーソログ遺伝子統合解析システムの開発
榊原 康文	タンパク質化合物相互作用の網羅的予測手法とデータベ

(慶應義塾大学理工学部 教授)	スの開発
清水 謙多郎 (東京大学大学院農学生命科学研究科 教授)	高精度タンパク質間相互作用予測システムの開発
中井 謙太 (東京大学医科学研究所 教授)	転写制御領域の構築原理解明

⑤ 平成 19 年度採択 新規研究開発課題 (研究開発期間:平成 19 年 10 月～平成 22 年 9 月)
): 進行中課題

代表研究者(所属:採択時)	研究開発課題
長野 希美 (独)産業技術総合研究所 生命情報 工学研究センター 主任研究員)	酵素反応分類に基づく酵素反応予測システムの開発
馳澤 盛一郎 (東京大学大学院新領域創成科学研究 科 教授)	進化型計算と自己組織化による適応的画像分類法の開発
馬見塚 拓 (京都大学化学研究所 教授)	生命科学上の非構造化データの統合マイニング
水口 賢司 (独)医薬基盤研究所 バイオインフォ マティクスプロジェクト プロジェクトリー ダー)	ダイナミクスを考慮した膜蛋白質の構造モデリング法の開発

⑥ 平成 20 年度採択 継続研究開発課題(研究開発期間:平成 20 年 10 月～平成 22 年 9 月):
進行中課題

代表研究者(所属:採択時)	研究開発課題
内山 郁夫(自然科学研究機構 基礎生 物学研究所 助教)	大規模比較ゲノムワークベンチの実践的応用に向けた研究 開発
太田 元規(東京工業大学 学術国際 情報センター 准教授/4月1日より名 古屋大学 大学院情報科学研究科 教 授)	タンパク質の構造・機能・相互作用予測システムの開発と展 開
塩田 浩平(京都大学 大学院医学研究 科 教授)	ヒト胚の形態発生に関する三次元データベース
白井 剛(長浜バイオ大学 バイオサイ エンス学部 教授)	実践による超分子ネットワークモデリングシステムの開発

第 3 節 研究成果情報発信

バイオインフォマティクスに関連するソフトウェアの紹介や実習を伴う研修会の開催のほか、平成 14 年度には「高機能生体データベース開発事業」および「多型情報データベース開発事業」として開発、提供してきた事業成果である各種データベースの運用や公開も当事業に一本化し、これらの成果公開を継続している。

また、GBIF (地球規模生物多様性情報機構) への我が国の参画についても実施している。

第3章 研究開発課題の選考

第1節 生命情報データベースの高度化・標準化

1. 高度化第I期 研究開発課題（研究開発期間：平成13年～17年度）

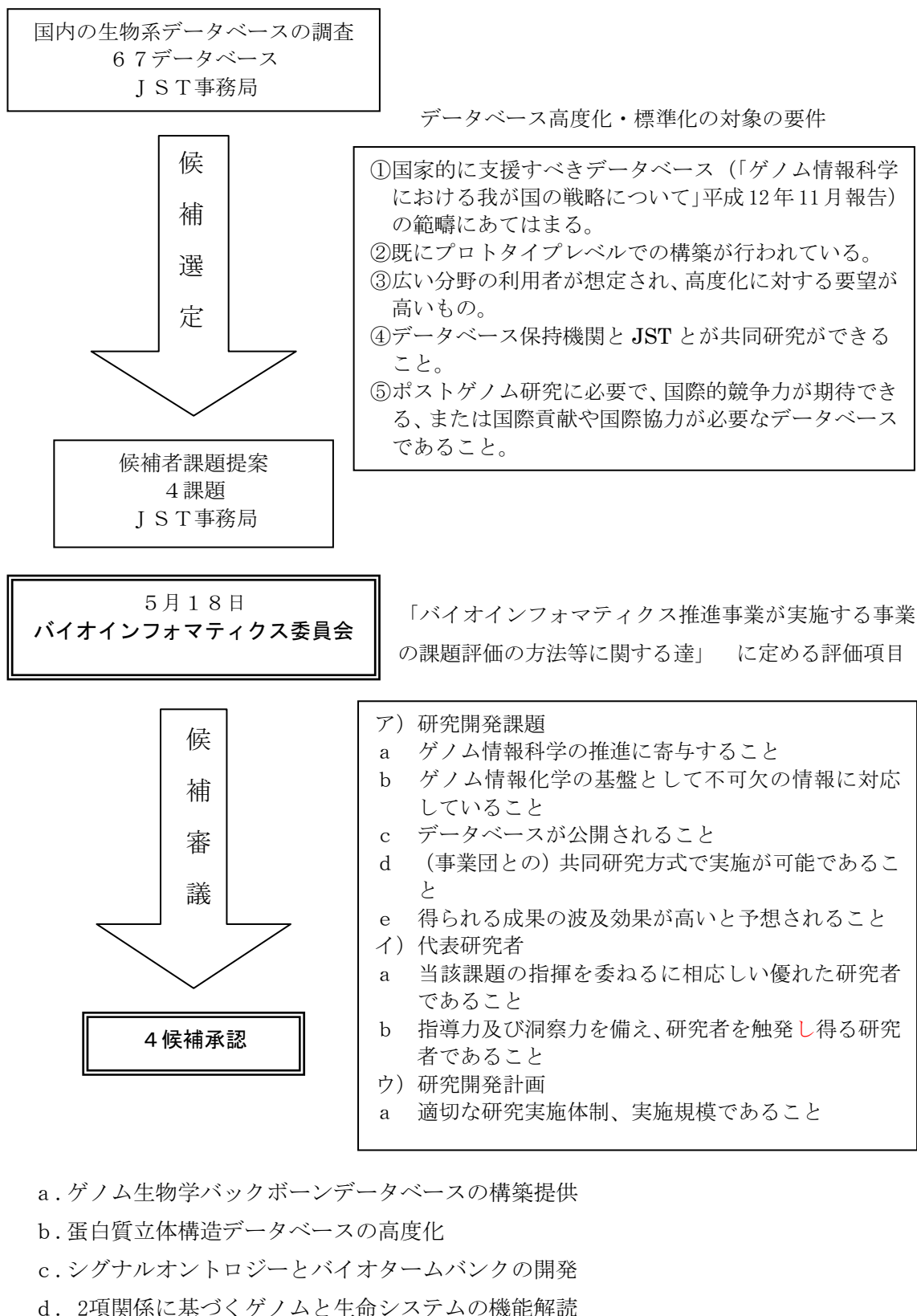
1) 採択課題

代表研究者(所属:終了時)	研究開発課題
金久 實 (京都大学化学研究所 教授)	2項関係に基づくゲノムと生命システムの機能解読
菅原 秀明 (国立遺伝学研究所 教授)	ゲノム生物学バックボーンデータベースの構築提供
高木 利久 (東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授)	シグナルオントロジーとバイオタームバンクの開発
中村 春木 (大阪大学蛋白質研究所 教授)	蛋白質立体構造データベースの高度化

2) 委員会

バイオインフォマティクス委員会（所属機関役職 平成13年当時）
委員長
バイオインフォマティクス推進センター 統括
勝木 元也 岡崎国立共同研究機構 基礎生物学研究所 所長
バイオインフォマティクス委員会委員（五十音順・敬称略）
榊 佳之 東京大学 医科学研究所 教授
堀田 凱樹 国立遺伝学研究所 所長
松原 謙一 奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科 教授
吉田 光昭 万有製薬株式会社 つくば研究所 所長

3) 選考基準と選考経過



2. 高度化第 II 期 研究開発課題（研究開発期間：平成 18 年～22 年度）

1) 採択課題

代表研究者(所属:採択時)	研究開発課題
稲葉 一男 (筑波大学下田臨海実験センター 教授)	ホヤプロテイン統合データベースの構築
金久 實 (京都大学化学研究所 教授)	ゲノムと環境の統合解析による生命システムの機能解読 (KEGG)
菅原 秀明 (国立遺伝学研究所 教授)	バイオ基幹情報資源の高準化と共有化
高木 利久 (東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授)	オントロジーによるパスウェイの高度化および国際標準化 (INOHパスウェイデータベース)
中村 春木 (大阪大学蛋白質研究所 教授)	蛋白質構造データバンクの国際的な構築と高度化 (PDBj)
西岡 孝明 (慶應義塾大学大学院 教授)	メタボロームMSスペクトル統合データベースの開発 (Metabolome-Mass Spectral Database)
森下 真一 (東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授)	マルチモーダル統合バイオDB (Multimodal BIODB)

2) 委員会・分科会

「バイオインフォマティクス委員会」分科会委員	
主査	
勝木元也	(自然科学研究機構 基礎生物学研究所 所長)
委員 (五十音順) (敬称略)	
秋山 泰	(産業技術総合研究所 生命情報科学研究センター センター長)
榊 佳之*	(理化学研究所 ゲノム科学総合研究センター センター長)
堀田 凱樹*	(情報・システム研究機構 機構長)
松田 秀雄	(大阪大学大学院 情報科学研究科 教授)
松原 謙一*	(株式会社 DNA チップ研究所 代表取締役)
*はバイオインフォマティクス委員会委員	

募集は、膨大な生命情報からの有用知識の発見や、実験計画の立案等に不可欠なデータベースの構築、及びその高度化を目指して研究開発を行うものを対象に、平成 17 年 10 月 31 日から 11 月 22 日まで行いました。合計で 31 件の応募があり、統括がバイオインフォマティクス委員会の協力を得て課題の選考を行った。

3) 公募時のねらい（募集要項より抜粋）

今回、募集する研究開発課題は、生命情報科学に不可欠で生命情報科学の高度化に資す

るデータベースの高度化・標準化（データ整備を含む）を対象とした研究開発を行う課題です。特に、国際共同運用データベースを始めとする継続運用が重視されるデータベースについて高度化・標準化を目指す研究開発提案を募集します。この研究開発の成果が、情報科学的、生物学的研究のインセンティブとして機能することで、21 世紀のバイオインフォマティクスの確立を目指します。

現在のデータベース公開状況（URL、データ数、利用状況など）、国際的競争力または国際貢献や国際協力の状況について、提案に記述して頂く必要があります。

注：「データ整備」は、実験データ取得のための実験を対象としていません。

4) 選考基準（募集要領より抜粋）

課題選考にあたっては、生命情報科学に不可欠で生命情報科学の高度化に資するデータベースの高度化・標準化（データ整備を含む）を対象とした研究開発（特に、国際共同運用データベースを始めとする継続運用が重視されるデータベースについて高度化・標準化を目指す研究開発）であることを必須とし、研究開発計画及び体制が整備されていることを条件とします。

1. 課題

- a 生命情報科学の推進に寄与すること。
- b 生命情報科学の基盤として不可欠の情報に対応していること。
- c 既に公開されており今後開発される部分も公開されること。
- d 得られる成果の波及効果が高いと予想されること。

2. 代表研究者

- a 当該課題の指揮を委ねるに相応しい優れた研究者であること。
- b 指導力及び洞察力を備え、研究者を触発し得る研究者であること。

3. 研究開発計画及び体制

- a 適切な研究実施体制、実施規模であること。
- b 所属機関等と J S T が委託研究契約を締結して研究開発を実施することが可能であること。

4. その他

- a 国際的競争力が期待できる、または国際貢献や国際協力が必要なデータベースであること。

第2節 創造的な生物・情報知識融合型の研究開発

1.平成13年度採択 新規研究開発課題（研究開発期間：平成13年10月～平成16年9月）

1) 採択課題

代表研究者(所属:終了時)	研究開発課題
伊藤 啓 (東京大学分子細胞生物学研究所 助教授)	ショウジョウバエ脳神経回路の徹底解析にもとづく感覚情報処理モデルの構築
伊藤 隆司 (東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授)	インタラクティブ解析からの生物知識獲得
大瀧 修一 (慶應義塾大学大学院理工学研究科 助教授)	線虫 C. elegans 発生過程のシステム解析
岸野 洋久 (東京大学大学院農学生命科学研究科 教授)	ゲノム進化とマッピングの階層モデルと解析アルゴリズムの開発
肥後 順一 (東京薬科大学 生命科学部 教授)	高速計算機システムによる蛋白質フォールディングの研究
森下 真一 (東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授)	遺伝子破壊株イメージ・マイニング
矢田 哲士 (京都大学大学院情報学研究科 助教授)	ヒト遺伝子の転写・発現の多様性解明を目指した基盤データベースの開発

2) 委員会・分科会（委員会委員は分科会委員も兼ねており、選考に従事している）

「バイオインフォマティクス委員会」委員（所属機関役職 平成13年度当時）	
委員長	
勝木 元也	岡崎国立共同研究機構 基礎生物学研究所 所長
委員	
榊 佳之	東京大学 医科学研究所 教授
堀田 凱樹	国立遺伝学研究所 所長
松原 謙一	奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科 教授
吉田 光昭	萬有製薬株式会社 つくば研究所 所長
分科会委員	
高木 利久	東京大学 医科学研究所 教授
松田 秀雄	大阪大学 大学院基礎工学研究科 助教授
(但し、「情報生物科学に関する創造的な研究開発」の書類選考のみ。)	

平成13年6月20日から7月31日まで募集し、101件の応募の中から、統括がバイオ

インフォマティクス委員会の協力を得て課題の選考を行った。

3) 公募時のねらい（募集要項の抜粋）

この研究開発領域は、生物科学情報から、生物現象の原理や法則を発見し、体系化するための情報科学と生物学が融合して研究する領域を対象とするものです。

具体的には、生物の構造、機能、関係などの生物学的データの生産者と情報科学的解析手法の提案者が協力し、新しい生物学上の発見や情報学の新たな創造へとつながるような、データ処理、データ表現を創出する研究開発などです。また、特定の生物現象や生物の共通原理の探求を目的とした実験を情報科学的視点からデザインし、情報学的に予測された理論を生物学的に検証、補完し、さらに、それらの成果が、情報科学的、生物学的研究のインセンティブとして機能する21世紀のバイオインフォマティクスの確立を目指します。

生物という複雑な対象を扱い、原理を解明していく上において、多種多様の情報を考慮することは必須であり、生物科学と情報科学はこの目標にアプローチするための両輪であると言えます。そこで、両方のポテンシャルを持つ研究者、研究グループの参加を求めます。思考実験にとどまらず、データを収集し、検証していく過程で生物学的、情報科学的発想、問題解決手法がそれぞれに活かされ、生物科学上の発見をもたらすことを期待しています。

1) 情報生物科学に関する創造的な研究開発

実際の生物研究から発生した情報源（データベース、実験、文献）に由来するデータを解析し、生物科学的発見にむすびつく知識発見、知識表現にかかわる方法論および技術の研究開発。

2) 情報科学と生物科学との融合型アプローチによる研究開発

新規に開発された実験手法による新しいタイプのデータの発生、既存のデータ種の増大、多様化を対象とした、データの採取から蓄積、解析に至る一連の情報処理技術の開発。これには新しい切り口や焦点の提案を含みます。生物科学者と情報科学者とが協力し合い、データ生産と協調しつつ、情動的観点から実験デザインし、結果をフィードバックすることにより、目標とする事象に対してダイナミックなアプローチを行う研究開発。単に実験規模のスケールアップやオートメーションのための開発は含みません。

また、時間的ファクター、定量性等、これまでの生物学的データの収集において欠落、あるいは未測定 of データであって、生物現象の記述や再現において重要なファクターとなりうるデータを獲得するための方法論、技術の開発及び、その結果獲得したデータの知識化、体系化のための情報処理技術の開発。技術開発のみではなく、実際にデータを収集し、特定の現象または普遍的法則を再現または、モデル化することが目的である研究開発。

4) 選考基準

課題選考にあたっては、ゲノム情報科学の推進に寄与すること、創造的で新しいアルゴリズムや仮説提案につながる可能性を有していること、特定分野の研究開発であることを必須とし、研究開発計画及び体制が整備されていることを条件とします。

1. 課題

- a ゲノム情報科学の推進に寄与すること
- b 創造的で新しいアルゴリズムや仮説提案につながる可能性を有していること
- c 研究成果は公開されること
- d 創造的情報生物学の開発を志すこと
- e 研究開発に適時性があること

2. 代表研究者

- a 自らが創造的な研究構想の発案者であること
- b 活力、統率力を有すること

3. 研究開発計画及び体制

- ・研究開発の目標設定が具体的であること。
- ・3年間で所要の成果を達成できること、あるいは、達成する見通しが得られることを基本とし、委員会が必要性を認めた場合、2年延長し得る。
- ・実施体制が整備されていること。

4. その他の条件

- ・同じ時期に、代表研究者は国や特殊法人（科学技術振興事業団、日本学術振興会、新エネルギー・産業技術総合開発機構（NEDO）、情報処理振興事業協会（IPA）、生物系特定産業技術研究推進機構（BRAIN）、医薬品副作用被害救済・研究振興調査機構（医薬品機構）、通信・放送機構（TAO）、運輸施設整備事業団等）が推進する大型の研究開発事業の課題の代表者になっていないこと。
- ・平成13年6月に公募する科学技術振興事業団の戦略的基礎研究推進事業（CREST）、若手研究者研究推進事業（TOREST）及び計算科学技術活用型特定研究開発推進事業（ACT-JST）に同時に応募しないこと。

2. 平成16年度採択 継続研究開発課題（研究開発期間：平成16年10月～平成18年9月）

1) 採択課題：平成13年度新規採択課題の継続を審査し、採択されると2年間継続する

代表研究者(所属:採択時)	研究開発課題
伊藤 啓 (東京大学分子細胞生物学研究所 助教授)	ショウジョウバエ脳神経回路の徹底解析にもとづく感覚情報処理モデルの構築
伊藤 隆司 (東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授)	絶対定量オーミックスからの知識発見
森下 真一 (東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授)	遺伝子破壊株イメージ・マイニング
矢田 哲士 (京都大学大学院情報学研究科 助教授)	ヒトゲノムにおける広義の遺伝子発見研究

2) 委員会・分科会（委員会委員は分科会委員も兼ねており、選考に従事している）

バイオインフォマティクス委員会 委員名簿

委員長

勝木 元也 岡崎国立共同研究機構 基礎生物学研究所 所長

委員

榊 佳之 東京大学 医科学研究所 教授

堀田 凱樹 国立遺伝学研究所 所長

松原 謙一 株式会社DNAチップ研究所 代表取締役

吉田 光昭 万有製薬株式会社 つくば研究所 所長

選考分科会委員

久原 哲 九州大学 大学院農学研究院 教授

高木 利久 東京大学 大学院新領域創成科学研究科 教授

藤 博幸 京都大学 化学研究所 教授

松田 秀雄 大阪大学 大学院情報科学研究科 教授

3) 公募時のねらい

バイオインフォマティクス推進事業 平成13年度公募採択研究開発課題で、当初の研究開発期間内にきわめて優れた成果が得られる見込みがあり、研究開発を継続することでさらに発展することが期待されるもの。

4) 選定基準

I. バイオインフォマティクス推進事業での研究開発実績

- ① 当事業で研究開発を始めてからこれまでにきわめて優れた成果が得られているか、または当該研究開発期間内に得られる見通しがあるか。
- ② 代表研究者が自らの構想実現のために、適切な研究開発実施体制をとってきたか。

II. 研究開発継続後の発展性

- ① 研究開発目標・計画が具体的であり、研究開発終了後にきわめて優れた成果が得られる見通しがあるか。
- ② 継続することにより、バイオインフォマティクス領域はもとよりライフサイエンス分野の発展・展開に対して革新的なインパクトをもたらすことができるか。

3. 平成17年度採択 新規研究開発課題（研究開発期間：平成17年10月～平成20年9月）

1) 採択課題

代表研究者(所属:採択時)	研究開発課題
内山 郁夫 (自然科学研究機構基礎生物学研究所 助手)	大規模な比較ゲノム研究を展開するためのワークベンチの構築
太田 元規 (東京工業大学学術国際情報センター 助教授)	タンパク質の構造・機能予測法の開発とヒトゲノム配列への適用
川戸 佳	脳スライス中で可視化した神経シナプスの自動解析

(東京大学大学院総合文化研究科 教授)	
塩田 浩平 (京都大学大学院医学研究科 教授)	ヒト胚の形態発生に関する三次元データベース
白井 剛 (長浜バイオ大学バイオサイエンス学部 教授)	実践による超分子複合体モデリングシステムの開発
宮川 剛 (京都大学大学院医学研究科 助教 教授)	マウスを用いた脳機能表現型データベースの開発

2) 委員会・分科会

バイオインフォマティクス委員会委員及び分科会委員

主査

勝木元也 (自然科学研究機構 基礎生物学研究所 所長)

委員 (五十音順) (敬称略)

秋山泰 (産業技術総合研究所 生命情報科学研究センター センター長)

久原哲 (九州大学大学院 農学研究院 教授)

榊佳之* (理化学研究所 ゲノム科学総合研究センター センター長)

高木利久 (東京大学大学院 新領域創成科学研究科 教授)

藤博幸 (九州大学 生体防御医学研究所 微生物ゲノム情報学分野 教授)

堀田凱樹* (情報・システム研究機構 機構長)

松田秀雄 (大阪大学大学院 情報科学研究科 教授)

松原謙一* (株式会社 DNA チップ研究所 代表取締役)

吉田光昭* (万有製薬株式会社 つくば研究所 所長)

*はバイオインフォマティクス委員会委員

募集は、生物科学情報から生物現象の原理や法則を発見し体系化するために、情報科学と生物科学が融合して研究開発を行うものを対象に、平成17年3月22日から5月16日まで行いました。合計で113件の応募があり、統括がバイオインフォマティクス委員会の協力を得て6課題を選考しました。

3) 公募時のねらい

募集する研究開発課題は、ライフサイエンス分野における大量、複雑化するデータを統合し、知識を発見する数学的な理論および情報科学の要素技術の開発、また、効果的な理解と発想を促すような表現技術、生物情報データベースを活用する情報科学技術等を対象とします。多様な生物科学情報から生物現象の原理や法則を発見し体系化するために、数理科学や情報科学の面から研究開発を行う課題です。情報科学が有効に機能できると期待されている分野を始め、新しい生物学上の発見や情報学の新たな創造へとつながるような、データ処理、データ表現を創出する研究開発などです。情報科学的、生

物学的研究のインセンティブとして機能する21世紀のバイオインフォマティクスの確立を目指します。

生物という複雑な対象を扱い、原理を解明していく上において、多種多様の情報を考慮することは必須であり、生物科学と情報科学はこの目標にアプローチするための両輪であると言えます。生物学の実験や知識、経験則の学習やそのフィードバックによる強化により予測や隠れた法則の顕在化のための情報技術の開発を対象とし、生物科学上の発見までのスピードの短縮および過程の改善をもたらすことを期待しています。

○情報生物科学に関する創造的な研究開発

- ・ライフサイエンス分野における大量、複雑化するデータを対象に、知識を発見する数学的な理論および情報科学の要素技術の開発
- ・ライフサイエンス分野における大量、複雑化するデータを対象に、知識を発見するための効果的な理解と発想を促すような表現技術
- ・生物学の実験や知識、経験則の学習やそのフィードバックによる強化により予測や隠れた法則の顕在化のための情報技術の開発（実データによるバリデーションを行ってもよい）など、データベースを活用する情報科学の要素技術の研究開発

3) 選考基準

課題選考にあたっては、情報生物科学の推進に寄与すること、創造的で新しいアルゴリズムや仮説提案につながる可能性を有していること、特定分野の研究開発であることを必須とし、研究開発計画及び体制が整備されていることを条件とします。

1. 課題

- a 情報生物科学の創造的な研究開発を志し、情報生物科学の推進に寄与すること
- b 創造的で新しいアルゴリズムや仮説提案につながる可能性を有していること
- c 研究成果は公開されること
- d 研究開発に適時性があること
- e 得られる成果の波及効果が高いと予想されること

2. 代表研究者

- a 自らが創造的な研究構想の発案者であること
- b 活力、統率力を有すること

3. 研究開発計画及び体制

- a 研究開発の目標設定が具体的であり、3年間で所要の成果を達成できること、あるいは、達成する見通しが得られること。
- b 実施体制が整備されていること。
- c 適切な研究実施体制、実施規模であること。
- d 所属機関等とJSTが委託研究契約を締結して研究開発を実施することが可能であること。

4. その他の条件

応募の時点で、代表研究者は国（科学研究補助金、科学技術振興調整費等）や独立行政法人等（科学技術振興機構（JST）、日本学術振興会（JSPS）、新エネルギー・産業技術総合開発機構（NEDO）、情報処理推進機構（IPA）、農業・生物系特定産業技術研究推進機構（NARO）、医薬品医療機器総合機構（PMDA）、情報通信研究機構（NICT）、鉄道建設・運輸施設整備支援機構（JRTT）等）が推進する大型の研究開発事業の課題（平成17年度終了予定のものを除く）の代表者と重複しないこと。

4. 平成18年度採択 新規研究開発課題（研究開発期間：平成18年11月～平成21年9月）

1) 採択課題

代表研究者(所属:採択時)	研究開発課題
石井 信 (奈良先端科学技術大学院大学情報科学研究科 教授)	予測技術を用いた生命システムの同定手法の開発
黒川 顕 (奈良先端科学技術大学院大学情報科学研究科 助教授)	メタゲノムオーソログ遺伝子統合解析システムの開発
榊原 康文 (慶應義塾大学理工学部 教授)	タンパク質化合物相互作用の網羅的予測手法とデータベースの開発
清水 謙多郎 (東京大学大学院農学生命科学研究科 教授)	高精度タンパク質間相互作用予測システムの開発
中井 謙太 (東京大学医科学研究所 教授)	転写制御領域の構築原理解明

2) 委員会・分科会（委員会委員は分科会委員も兼ねており、選考に従事している）

委員長

勝木元也（自然科学研究機構 基礎生物学研究所 所長）

委員

榊佳之（理化学研究所 ゲノム科学総合研究センター センター長）

堀田凱樹（情報・システム研究機構 機構長）

松原謙一（株式会社 DNA チップ研究所 代表取締役）

吉田光昭（東京大学 名誉教授）

分科会委員

秋山泰（産業技術総合研究所 生命情報科学研究センター センター長）

阿久津達也（京都大学化学研究所 教授）

高木利久（東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授）

藤博幸（九州大学生体防御医学研究所 教授）

松田秀雄（大阪大学大学院 情報科学研究科 教授）

宮野 悟（東京大学医科学研究所 教授）

募集は、ライフサイエンス分野における大量、複雑化するデータを対象とし、知識を発見する新しい数学的な理論および情報科学の要素技術の開発及び効果的な理解と発想を促すような表現技術など生物情報データベースを活用する情報科学技術を対象に、平成18年8月1日から9月12日まで行いました。合計で73件の応募があり、統括がバイオインフォマティクス委員会の協力を得て5課題を選考しました。

3) 公募時のねらい

平成17年度 新規採択時の公募要領とほぼ同じ。

4) 選考基準

平成17年度 新規採択時の公募要領と同じ。

5. 平成19年度採択 新規研究開発課題（研究開発期間：平成19年10月～平成22年9月）

1) 採択課題

代表研究者(所属:採択時)	研究開発課題
長野 希美 ((独)産業技術総合研究所 生命情報工学研究センター 主任研究員)	酵素反応分類に基づく酵素反応予測システムの開発
馳澤 盛一郎 (東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授)	進化型計算と自己組織化による適応的画像分類法の開発
馬見塚 拓 (京都大学化学研究所 教授)	生命科学上の非構造化データの統合マイニング
水口 賢司 ((独)医薬基盤研究所 バイオインフォマティクスプロジェクト プロジェクトリーダー)	ダイナミクスを考慮した膜蛋白質の構造モデリング法の開発

2) 委員会・分科会（委員会委員は分科会委員も兼ねており、選考に従事している）

バイオインフォマティクス委員会委員及び分科会委員

委員長

勝木元也 自然科学研究機構 基礎生物学研究所 名誉教授

委員会委員（兼分科会委員）

秋山泰 東京工業大学大学院 情報理工学研究科 教授

榊佳之 (独)理化学研究所 ゲノム科学総合研究センター センター長

田畑哲之 (財)かずさ DNA 研究所 副所長

藤山秋佐夫 情報・システム研究機構 国立情報学研究所 教授

松原謙一 (株)DNA チップ研究所 代表取締役

吉田光昭 東京大学 名誉教授

分科会委員

高木利久 東京大学大学院 新領域創成科学研究科 教授

藤博幸 九州大学生体防御医学研究所 教授

深海薫 (独)理化学研究所 バイオリソースセンター情報解析技術室 室長

松田秀雄 大阪大学大学院 情報科学研究科 教授

宮野悟 東京大学医科学研究所 教授

ライフサイエンス分野における大量、複雑化するデータを対象に、知識を発見する数学的な理論および情報科学の要素技術の開発、また、効果的な理解と発想を促すような表現技術、生物情報データベースを活用する情報科学技術等の研究開発を対象に、平成 19 年 6 月 14 日から 7 月 31 日の期間で募集を行い、合計で 45 件の応募がありました。

募集締め切り後、選定基準に従って、統括がバイオイノフォーマティクス委員会の協力を得て 4 課題を選考しました。

3. 公募時のねらい

○生物情報科学に関する創造的な研究開発

ライフサイエンス分野における大量、複雑化するデータ（例えば、表現型、マーカー、発現情報、最新の大量ゲノム情報など）を対象とし、生命現象の原理解明をめざすインフォーマティクスを駆使した提案。研究分担者には生物学を理解している研究者が参画していることが望ましいですが、主として実験研究に研究費を使用する課題は対象としません。また、新たに実験データを取得しデータベースを構築する提案は対象としません。

インフォーマティクスとしては、生物知識の発見に導く数学的な理論および情報科学の要素技術（例えば、情報の記述形式など）の研究開発、生物知識を発見するために効果的なデータの理解と新たな仮説を促すような表現技術の研究開発が対象となります。

また、生物学の知識、経験則の学習、そのフィードバックによる強化により、多様な生物現象を普遍的に説明できる原理の予測や隠れた法則の顕在化のための情報技術の開発など、既存のデータベースを活用する情報科学の要素技術の研究開発が対象となります。

4) 選考基準

平成 17 年度 新規採択時の公募要領と同じ。

6. 平成 20 年度採択 継続研究開発課題（研究開発期間：平成 20 年 10 月～平成 22 年 9 月）

1) 採択課題平成 17 年度新規採択課題の継続を審査し、採択されると 2 年間継続する

代表研究者(所属:採択時)	研究開発課題
内山 郁夫(自然科学研究機構 基礎生物學研究所 助教)	大規模比較ゲノムワークベンチの実践的応用に向けた研究開発
太田 元規(東京工業大学 学術国際情報センター 准教授/4月1日より名古屋大学 大学院情報科学研究科 教授)	タンパク質の構造・機能・相互作用予測システムの開発と展開
塩田 浩平(京都大学 大学院医学研究科 教授)	ヒト胚の形態発生に関する三次元データベース
白井 剛(長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部 教授)	実践による超分子ネットワークモデリングシステムの開発

2) 委員会・分科会

バイオインフォマティクス委員会委員および分科会委員 <委員長> 勝木 元也 自然科学研究機構 基礎生物學研究所 名誉教授 <委員会委員(兼分科会委員)> 秋山 泰 東京工業大学 大学院情報理工学研究科 教授 田畑 哲之 (財)かずさDNA研究所 副所長 藤山 秋佐夫 情報・システム研究機構 国立情報学研究所 教授 <分科会委員> 高木 利久 東京大学 大学院新領域創成科学研究科 教授 藤 博幸 九州大学 生体防御医学研究所 教授 深海 薫 理化学研究所 バイオリソースセンター情報解析技術室 室長

3) 公募時のねらい

バイオインフォマティクス推進事業 平成17年度公募採択研究開発課題で、当初の研究開発期間内にきわめて優れた成果が得られる見込みがあり、研究開発を継続することでさらに発展することが期待されるもの。

4) 選考基準

I. バイオインフォマティクス推進事業での研究開発実績 ①当事業で研究開発を始めてからこれまでにきわめて優れた成果が得られているか、または当該研究開発期間内に得られる見通しがあるか。 ②代表研究者が自らの構想実現のために、適切な研究開発実施体制をとってきたか。 II. 研究開発継続後の発展性 ①研究開発目標・計画が具体的であり、研究開発終了後にきわめて優れた成果が得られる
--

見通しがあるか。

②継続することにより、バイオインフォマティクス領域はもとよりライフサイエンス分野の発展・展開に対して革新的なインパクトをもたらすことができるか。

7. 平成 21 年度採択 継続研究開発課題（研究開発期間：平成 21 年 10 月～平成 23 年 9 月）

1) 採択課題平成 18 年度新規採択課題の継続を審査し、採択されると 2 年間継続する

代表研究者(所属:採択時)	研究開発課題
黒川 顕 (奈良先端科学技術大学院大学情報科学研究科 助教授)	メタゲノムオーソログ遺伝子統合解析システムの開発
榊原 康文 (慶應義塾大学理工学部 教授)	タンパク質化合物相互作用の網羅的予測手法とデータベースの開発
清水 謙多郎 (東京大学大学院農学生命科学研究科 教授)	高精度タンパク質間相互作用予測システムの開発

2) 委員会・分科会

バイオインフォマティクス委員会委員および分科会委員

<委員長>

勝木 元也 自然科学研究機構 基礎生物学研究所 名誉教授

<委員会委員（兼分科会委員）>

田畑 哲之 (財)かずさ DNA 研究所 副所長

松田秀雄 大阪大学大学院 情報科学研究科 教授

深海 薫 理化学研究所 バイオリソースセンター情報解析技術室 室長

藤山 秋佐夫 情報・システム研究機構 国立情報学研究所 教授

吉田光昭 東京大学 名誉教授

<分科会委員>

藤 博幸 九州大学 生体防御医学研究所 教授

3) 公募時のねらい

バイオインフォマティクス推進事業 平成 18 年度公募採択研究開発課題で、当初の研究開発期間内にきわめて優れた成果が得られる見込みがあり、研究開発を継続することでさらに発展することが期待されるもの。

4) 選考基準

平成 20 年度採択 継続研究開発課題と同じ。

第4章 事業運営

第1節 事業運営の体制

研究開発体制は統括をプログラムオフィサーとし、助言する有識者としてバイオインフォマティクス委員会を組織した体制により事業を運営した。

具体的には、統括は生命情報データベースの高度化・標準化、ツール開発や創造的なゲノム情報科学における研究開発課題の評価のとりまとめ、研究者に対する指導・助言、研究開発の進捗状況の総合的な把握・調整等を職務としている。

なお、副統括は生命情報データベースの高度化・標準化の総合調整とツール開発や創造的なゲノム情報科学における研究開発課題の実施者への指導や助言、普及活動の調整、計算機資源活用の調整および統括の補佐を職務としている。

バイオインフォマティクス委員会は、バイオインフォマティクス推進センター事業に関し、次に掲げる事項を調査審議するため、外部の学識経験者で構成されている。

- (1) 研究開発課題及び代表研究者の選考に関すること。
- (2) 研究開発の実施及び評価に関すること。
- (3) その他事業の推進に必要な事項に関すること。

バイオインフォマティクス推進センターは、ゲノム情報等の膨大な生物情報を整理統合し、有用な知識を見出すことによる新産業の創出を図るため、新しい生物情報の研究開発によるデータベースの整備等を推進するとともに、当該データベースの普及を促進するための拠点として設置し、統括、副統括、技術参事、事務参事、事務補助員で構成される組織とした。推進センターでは、研究開発経費の管理および執行、研究員等の雇用、知財取得の支援、科学技術計算サーバの運用と利用支援など研究開発課題の進捗を支援する多様な業務を担っていた。大学等とは共同研究契約を締結し、消耗品や大学等に雇用される研究者の旅費等は大学等に納入した。

平成14年度以降は、それ以前「高機能生体データベース開発事業」および「多型情報データベース開発事業」として開発、提供してきた各種情報提供をバイオインフォマティクス推進事業に組み入れ、情報提供を行うこととなった。

平成17年度採択課題より推進センターでの事務所機能（研究開発経費の執行、研究員等の雇用、特許等知財取得の支援など）による推進支援に代え、大学等で経理事務を行う受託研究契約締結に基づき研究開発を推進する体制とした。平成18年度末には事務所機能を終了している。ただし、研究員等の雇用は一部継続している。

このように受託研究契約を締結して研究機関等で行う事務処理について説明した「事務処理説明書」や「様式」等をホームページに掲載している。「事務処理説明書」等は毎年度、または年度の半ばで更新される場合がある。

第2節 研究開発進捗状況の把握と評価

研究開発課題については統括がバイオインフォマティクス委員会の助言を受け、事前評価、事後評価、5年以上継続する課題については3年目の中間評価を実施した。また、年度単位で、年度報告と年度計画を毎年3月に提出を受け、バイオインフォマティクス委員会委員からの助言、統括の了承などの進捗状況把握と進捗に応じた研究開発費を含めた統括のマネジメントを要する運営としていた。

また、追跡評価を課題終了数年後に行うこととなっており、平成19年度は追跡調査の予備調査、平成20年度は追跡調査、平成21年度は追跡評価を平成13年の採択研究開発課題11課題について行った。

なお、事業単位では、平成15年度概算要求より総合科学技術会議による評価、文部科学省に設置された独立行政法人評価部会による毎年度の独立行政法人の法人評価の一環としての事業評価などによる評価を受けている。

研究開発課題の進捗については、成果発表報告や知的財産取得の相談のほか、課題毎に行われる打ち合わせへの参加、シンポジウムやワークショップへの参加、その他、採択年度単位での成果発表などにより把握に努め、要望や相談を受けて解決策の提示などを行った。

第3節 研究費の配分

平成13年度の事業開始に際し、生命情報データベースの高度化・標準化については1課題あたり1.5億円／年を目安とし、創造的な研究開発のうち、情報科学と生物科学との融合的研究では1課題あたり1億円程度、情報科学を主体とした研究開発では1課題あたり3千万円／年という目安を提示し、公募した。審査にあたり3年間あるいは5年間の経費が含まれている提案書で経費の妥当性と提案者が経費についても考える仕組みとした。

採択後は全研究開発期間について提示された予算額を基準とし、研究開発の進捗や一時的な経費の発生など年度毎の報告と計画についてバイオインフォマティクス委員会の助言を得て統括による判断で決定されている。ただし、これまで予算額の大きな減少はなく、事業の予算総額による影響は生じなかったことから、前述のような配分で大多数は当初課題採択時の計画に沿った配分となっている。

平成17年度以降の採択課題はJSTによる研究開発経費の直接執行から大学等研究開発機関での執行に変更すると同時に受託研究契約の締結を行うこととし、間接経費30%の納入を行うこととした。生命情報データベースの高度化・標準化については間接経費30%を含めた1課題あたりの研究費は年間2億円から5,200万円、創造的な研究開発課題は同様に年間1課題1あたり3,900万円を目安に公募した。その際も全研究開発期間について提案された研究開発費を基準として、研究開発の進捗や一時的な経費の発生など年度毎の報告と計画についてバイオインフォマティクス委員会の助言を得て統括による判断で決定されている。これまで進捗に伴う人件費に増額や他のプロジェクトとの関係での増額などが実施

されている。

第4節 バイオインフォマティクスの推進

生命情報データベースの高度化・標準化のプログラムを遂行するため、我が国および諸外国のデータベースについて調査し、それを WING としてデータベースのデータベースとして提供するほか、バイオインフォマティクス関係のソフトウェア（ツール）についても調査を行い、その結果をリンク集として提供を始め、現在は検索可能なリンク集として使い方や引用文献情報も加味したサービスとして提供している。

人材養成については、平成 13 年度より振興調整費にてプログラムとして実施されている。こうした一連の大学や研究機関での養成とは異なるが、実習を伴う講習会を副統括等のアドバイスにより開催した。詳細は資料にまとめている。

その他、バイオインフォマティクス相談として、匿名で個別の相談を受けるサービスも提供した。

平成 14 年度に一本化した「高機能生体データベース開発事業」および「多型情報データベース開発事業」として開発、提供してきた事業成果である各種データベースのサービスも更新を行いながら、寄せられる質問に対応することで、バイオインフォマティクスの推進に努めている。

研究開発課題については、課題終了時に、各課題での新しい試みや得られた知見を多くの方々に直接紹介することを目的に、研究開発成果報告会を開催している。現在までに、下記に示す成果報告会が 4 回実施された。

第 1 回成果報告会（2005 年 01 月 27 日）

創造的な生物・情報知識融合型の研究開発 平成 13 年度採択新規研究開発課題

第 2 回成果報告会（2006 年 03 月 13 日）

生命情報データベースの高度化・標準化 第 I 期 研究開発課題

第 3 回成果報告会（2006 年 11 月 02 日）

創造的な生物・情報知識融合型の研究開発 平成 16 年度採択 継続研究開発課題

第 4 回成果報告会（2008 年 11 月 04 日）

創造的な生物・情報知識融合型の研究開発 平成 17 年度採択 新規研究開発課題

第5章 研究開発成果

第1節 研究開発課題の当初計画に対する達成度

1. 当初計画の達成度など

個々の研究開発課題について、当初計画の達成度に関する事後評価の結果を表にまとめた。

(1) 高度化第Ⅰ期 研究開発課題（研究開発期間：平成13年～17年度）

図表 5.1.1 高度化第Ⅰ期研究開発課題に関する当初計画の達成度

研究代表者	当初計画の達成度
金久 實	研究開発計画の個々の項目の実施という観点から見ればいくつか変更があったことから、当初計画に記載したことがすべて実現されているわけではない。しかし、BRITE の位置づけとしてオントロジーのような機能階層に焦点を絞ったこと、つまり BRITE に KEGG を取り入れるのではなく、BRITE を KEGG の一部としたことで、本研究開発の目的が明確にされた。KEGG に GO のような語彙の階層表現を取り入れ、KEGG BRITE として完成させたことから、大きな枠組みの中で当初計画は充分達成されたと評価できる。
菅原 秀明	高品位データベースと四次元データベースという概念を、OASYS、GTOP、CIBEX および BSD として具体化した。OASYS は、DDBJ から入手可能なゲノム配列データのアノテーションを再評価することを目的としていたが、新規のゲノム配列に対して比較ゲノム解析を行なってアノテーションを付与する G-InforBIO の開発へと広がった。また、公開されている微生物ゲノム由来の ORF の再評価を行い新規 ORF 候補を発見した。GTOP 解析によって、ORF の信頼性評価に加えて ORF の構造やタンパク質の立体構造について新たな知見を得ることができた。MADB は CIBEX として DDBJ 固有の事業から国際公共データベース事業の中に位置づけられた。さらに、4 データベースに KEGG と PDB を加えた情報資源の統合検索システムが構築された。本研究開発課題で利用した XML 技術と Web サービス技術は、本研究開発課題と DDBJ のデータサービスの間の相乗効果をもたらした。
高木 利久	数年先の研究動向や需要をにらんだ、先進的かつ、高度で、標準化を指向したデータベースを開発する、という挑戦的な計画に基づいた研究開発である。その結果、既存のデータベースにはない高付加価値のデータを新たに電子化したデータベースが構築された。現在の公開までに変遷を要したのは、枠組み構築は研究的側面が非常に強く、また人材育成をしながらの研究開発であったことから考えれば、相応であったと考えられる。
中村 春木	国内では、「日本蛋白質構造データバンク (PDBj:Protein Data Bank japan)」を設立し、複数の国内の大学の研究室をサテライト・サイトとする研究開発体制を構築する一方、国際的には、米国 RCSB や欧州 EBI と共同で「国際蛋白質構造データバンク (worldwide Protein Data Bank:wwPDB)」を設立して国際的な連携を強化させ、研究開発を推進した。 当初計画の、1) 新規蛋白質立体構造データベース構築、2) 蛋白質構造を基にした解析システムの開発と二次データベースの構築、3) PDB データベース業務の日本の分担作業の実施、4) BioMagResBank (BMRB) の日本の分担作業の実施、5) 日本国内での教育用データベースの作成と公開、ほどの項目も実施され、その成果が Web を通して公開されている。それぞれの内容が充実しており、想定以上の成果が得られ、望ましい展開となった。

(2) 創造的な生物・情報知識融合型の研究開発

- ①平成 13 年度採択 新規研究開発課題（研究開発期間：平成 13 年 10 月～平成 16 年 9 月）
事後評価から「研究開発成果」を図表 5.1.2～図表 5.1.4 にまとめた。

図表 5.1.2 平成 13 年度採択新規研究開発課題に関する研究開発成果

研究代表者	研究開発成果
伊藤 啓	ショウジョウバエ脳全体の回路図を作成してコンピューター上での動作再現を行うことを究極の目標とし、視覚、嗅覚、聴覚の 3 つの感覚経路について、感覚細胞から順にステップを追って神経回路の網羅的同定を行った。この過程で現実の神経回路を定量的にコンピューター内にデータベース化するために、細胞体の位置情報を抽出するアルゴリズムおよび細胞体の個数を計測するアルゴリズムを開発し特許出願を行った。
伊藤 隆司	インタラクトーム解析を広義に捉えてその更なる発展を促す為に、様々な実験手法や計測技術の開発を情報科学技術と連携のもとに進め、それぞれユニークな基盤技術の開発が達成された。とりわけ遺伝子断片の絶対定量法に解析支援的なパイオインフォマティクス技術を組み合わせて構築したアダプタ付き付加競合 PCR 法（GATC-PCR）システムは、遺伝子発現、転写因子-DNA 相互作用をはじめ様々な応用が可能なものであり、これまでに例のない種類のデータの創出を可能にした。
大浪 修一	時間的空間的に動的な多細胞生物の発生機構を解明するために、遺伝子機能を阻害した <i>C. elegans</i> 初期胚を用いて細胞分裂パターンの実験的解析および計算科学的解析を並行して行った結果、機能破壊により細胞分裂のタイミングあるいは胚内の細胞の空間配置のいずれかのみに顕著な異常を生じる遺伝子を 10 種類以上検出することに成功した。この過程で大規模な遺伝子発現量データより遺伝子制御ネットワークを導出するアルゴリズムの開発に成功し特許出願を行った
岸野 洋久	一般に利用されているゲノムデータベースを用いて独自のモデルを構築し、ゲノムに映し出された生物多様化と適応のプロセスを検出するとともに、ゲノム上の重要遺伝子をマッピングする手法を構築することを目的とした。主な成果として広く多細胞生物における分子進化の速度の変化と分岐年代を推定するプログラムを開発し公開した。
肥後 順一	水分子存在下での蛋白質フォールディング計算に着目し、ペプチドの立体構造解析のための並列型専用計算機システムと並列化アルゴリズムの開発を行った。その主な成果として 30 残基長ペプチドのフォールディングシミュレーションが可能となり、また蛋白質とリガンドのドッキングシミュレーションにより分子同士が離れた状態でも会合を促す長距離力が働くことを示した。
森下 真一	酵母の遺伝子破壊株画像解析ソフトウェアを開発し、4780 の非必須遺伝子破壊株中で約 2,000 株が野生株に比べ形態が異常に変異している事実をつきとめた。また新規の細胞周期チェックポイントを発見した。
矢田 哲士	ヒトゲノム配列中に潜むタンパク質をコードする遺伝子を網羅的に探索することを目指し、3 つの異なった手法に基づいた遺伝子発見プログラムを開発、改良を進めた。また、これらプログラムを効果的にゲノムに適用するためのプロトコルも合わせて開発し、ゲノム全体に適用することで信頼度の高い遺伝子候補の抽出に成功した。

②平成 16 年度採択 継続研究開発課題(研究開発期間:平成 16 年 10 月～平成 18 年 9 月)

図表 5.1.3 平成 16 年度採択継続研究開発課題に関する研究開発成果

研究代表者	当初計画の達成度	
	当初の研究開発計画から見た達成度等 はどうか	当初計画では想定されていなかった新 たな展開が生じたか
伊藤 啓	脳神経回路の視覚、嗅覚、聴覚、味覚の 4 情報処理系経路を地道に解析し、脳内 神経回路の総合的理解を高めることが できた意義は大きい。ただし、計画に書 かれているシミュレーションを行うに はいたらなかった。	脳神経細胞数が想定されたよりもはるか に少なかったことやグリア細胞の役割の 大きさ、キノコ体の役割など、当初には予 想されていなかったことが明らかにされ た。これらは、現段階までの研究展開に大 きな影響は与えなかったにしても、今後 に向けて望ましい展開となることが期待さ れる。
伊藤 隆司	蛋白質-核酸相互作用絶対定量解析で は、GATC-PCR による定量的トランスクリ プトーム解析、そのためのプライマー設 計法の開発、酵母の転写開始点の網羅的 同定など、途中で生じた問題点の克服も 含め十分な達成度が得られた。しかし、 蛋白質-脂質相互作用の定量解析におけ る技術開発の点では、解析対象とする物 質の性質上困難な点も多く十分に達成 したとは言えなかった。知識発見手法や 支援システムの開発ではインフォマテ ィクスとしての新規性は少ないものの、 実験支援技術としては、実用的かつ有効 な方法が開発されたといえる。	当初想定されていなかった展開として、 ORF 単位とは無関係に多様な部位から、し かも DNA のセンス・アンチセンスの両鎖か らの転写が予想外に多く見出され、転写の 複雑性を見出したことがあげられる。この ことから、トランスクリプトーム自身の考 え方や解析法の再検討を迫られる結果と なったが、科学的な価値は高い。本研究の 大いなる成果と見ることも出来る。非コード RNA の問題への展開は興味深い。
森下 真一	出芽酵母形態異常の網羅的解析を行っ た結果、表現型異常が遺伝子機能を推定 する一つのモデルになり得ることを示 すことが出来たという点で計画通りに 進行したと言える。このように単純と思 える測定を基本から行った点は重要で ある。	形態異常のパラメータや異常を示す遺伝 子破壊株の数が想定以上に多かったが、そ れらが成果の質に反映され望ましい展開 となった。パラメータが予想以上に収集さ れているが、正規分布という仮定のため、 その解析という意味では十分とは言い難 い部分がある。今回の成果が外部との共同 研究に発展しており、その意味でも望まし い方向に進んだと言える。
矢田 哲士	タンパク質遺伝子のアノテーションは 大いに改良されたが、プロセス型偽遺伝 子の探索法についてはさらなる改良が 必要と思われる。また、RNA 遺伝子探索 法については、現在問題となっている非 コード遺伝子をカバーできるものとは なっていない。	バイオインフォマティクスの側面からは 新たな展開が見えないが、生物学的側面か らは従来の見方では不十分である点が示 唆されている。

③平成 17 年度採択 新規研究開発課題(研究開発期間:平成 17 年 10 月～平成 20 年 9 月)

図表 5.1.4 平成 17 年度採択新規研究開発課題に関する研究開発成果

研究代表者	当初計画の達成度	
	当初の研究開発計画から見た進捗状況や達成度等	当初計画では想定されていなかった新たな展開
内山 郁夫	ゲノム比較を行うためのオーソログ分類の改良や補助ツールの開発が行われ、包括的な微生物ゲノム比較を可能とする微生物ゲノムデータベースが開発された。	計画後にさらに多くの生物種のゲノムが明らかにされたので、近縁ゲノム比較ツール CGAT が開発され、近縁種の比較も同時に行えるシステムの開発につながった。
太田 元規	タンパク質の構造予測システムを開発し、従来よりも高い確率で予測できることを確認した。また、これまで個別に実施された構造予測、分子機能に関する研究結果を集約し、構造予測パイプラインを核とした構造・機能アノテーションシステムとその結果を格納するデータベースが構築された。	研究開発を通して、新たに発見された事をツールの機能に追加し、改良した。
川戸 佳	神経シナプスの 3 次元自動解析プログラムが開発され、3 次元スパイン自動検出のツールとして実用可能な状態となった。プログラムを用いて、大量の実験データの解析が可能となり、神経シナプスの解析を大きく加速させた。	マウスの神経細胞での解析が行われ、ホルモンシグナル等神経栄養因子やストレスによるスパイン変動にスパイン内部や樹状突起に存在する多くのキナーゼ群が関係していることを明らかにした。また、実時間スパイン追跡により、スパインが短時間に形成・消滅を繰り返していることが発見された。
塩田 浩平	約 1200 例のヒト胚標本の撮像を行い、ヒト胚 3 次元形態データベースを構築した。構築されたデータベースは、京都大学のヒト胚標本コレクションに基づくもので、他で例を見ない新規性の高い内容となっている。	MR 顕微鏡の開発や EFIC イメージングの導入により、当初の想定よりも解像度の高い画像データが得られ、きわめて実際に近いヒト胚の 3 次元モデルが作製された。
白井 剛	超分子複合体モデリングシステムを整備し、データベースサーベイツールからフィッティングツールまでを開発した。複数のタンパク質複合体の構造解析の実験結果との比較により、モデリングに成功したことから、モデリング手法の有効性が示された。	研究開発を通して、システムを構造変化や相互作用変化に十分に利用できるよう、改良する糸口を見つけた。
宮川 剛	当初の計画の通り、データ収集とマウスの脳機能表現型データベースの構築を行い、90 系統以上の遺伝子改変マウスを解析した。	90 系統以上の遺伝子改変マウスの網羅的な行動解析により、疾患に関わる遺伝子について新しい発見がなされている。また、解析に使用されたマウスの脳切片も供給する体制を整備している。

第2節 事業に対する評価

1. 文部科学省独立行政法人評価より抜粋

(1) 第1期中期目標期間 平成15年度～平成18年度の評価

文部科学省による本事業に対する評価より、本事業の目標に対する達成度を記載する。平成15年度～平成18年度の評価を表5.1.5にまとめた。「生命情報データベース等の高度化・標準化、研究開発によるデータベースの整備等はそれらの独創性に留意しつつ適切に実施されているか」と「データベースの活用・普及が適切に図られているか」の視点から、事業のねらいに対する達成度についてのコメントが記載されている。

結論として、「各年度計画は着実に達成・履行されており、また事前に定めた事業評価の視点を満足する成果が得られている」と評価されている。

図表 5.2.1 平成15年度～平成18年度の文部科学省による本事業に対する評価のまとめ

	生命情報データベース等の高度化・標準化、研究開発によるデータベースの整備等はそれらの独創性に留意しつつ適切に実施されているか	データベースの活用・普及が適切に図られているか
平成15年度	生命情報データベースについては、専門家からも世界的なレベルで独創的であるとの評価が得られている。また、高機能生体データベースでは、データベースを引き続き提供するとともに、ゲノム解析ツールを提供し、バイオインフォマティクスの研究活動への貢献が認められる。特に、一塩基多型データベース（JSNP）については、海外研究者により論文中に引用される等、その有用性は評価されている。以上の通り、独創性に留意しつつ適切に実施されている。	本事業で開発されるデータベースや解析ツールをはじめとした種々のバイオインフォマティクス技術の研修会等活用・普及が適切に図られている。 以上、各年度計画は着実に達成・履行されており、また、事前に定めた事業評価の視点を満足する成果が得られている。
平成16年度	総括、副総括の指導の下、各種データベースの整備・運用、及び研究開発の推進を活動計画に基づき実施されている。生命情報データベースについては、専門家からも世界的なレベルで独創的であるとの評価が得られている。また、高機能生体データベースでは、各種データベースを引き続き提供するとともに、特に、一塩基多型データベースについては、海外研究者により論文中に引用される等、その有用性が評価されている。以上の通り独創性に留意しつつ適切に実施されている。	本事業で開発されるデータベースや解析ツールを始めとした種々のバイオインフォマティクス技術の研修会を開催する等、データベースの活用・普及が適切に図られている。 以上のとおり、年度計画は着実に達成・履行されており、また事前に定めた事業評価の視点を満足する成果が得られている
平成17年度	生命情報データベースについては、専門家からも世界的なレベルで独創的であるとの評価が得られている。また、高機能生体データベース	本事業で開発されるデータベースや解析ツールを始めとした種々のバイオインフォマティクス技術に関して、実習を伴った実践的な研修会を14講義開催する等、デ

	では、各種データベースを引き続き提供するとともに、特に一塩基多型データベースについては、海外研究者により論文中に引用される等、その有用性が評価されている。また、国内外の研究動向におけるデータベースの位置づけ等を専門家で構成される評価委員会にて評価する等、独創性に留意しつつ適切に実施されている。	データベースの活用・普及が適切に図られている。 以上のとおり、各年度計画は着実に達成・履行されており、また事前に定めた事業評価の視点を満足する成果が得られている。
平成18年度	生命情報データベースについては、専門家からも世界的なレベルで独創的であるとの評価が得られている。また、高機能生体データベースでは、各種データベースを引き続き提供するとともに、特に一塩基多型データベースについては、海外研究者により論文中に引用される等、その有用性が評価されている。また、国内外の研究動向におけるデータベースの位置づけ等を専門家で構成される評価委員会にて評価する等、独創性に留意しつつ適切に実施されている。	本事業で開発されるデータベースや解析ツールを始めとした種々のバイオインフォマティクス技術に関して、実習を伴った実践的な研修会を11回（目標：10回）開催する等、データベースの活用・普及が適切に図られている。 以上のとおり、各年度計画は着実に達成・履行されており、また事前に定めた事業評価の視点を満足する成果が得られている。

（２）第２期中期目標期間 平成19年度の評価

達成すべき目標に対して平成19年度得られた成果については、下記の報告を行っている。

「17年度に採択した「創造的研究開発」の6課題について、研究開発を2年延長するための事前評価を行ったところ、「これまでに優れた成果が得られている、あるいは3年間の研究開発期間終了時に優れた成果が得られると期待できる」以上の評価が5課題、「計画提案どおりに進捗している」との評価が1課題との結果が得られた。」

また、下記の指摘も科学技術情報流通促進（JSTより無料で提供されている各種情報サービス事業）という大きな括りに対してなされている。

① 今後の課題、改善すべき事項

- ・独立行政法人整理合理化計画を踏まえ、各データベースの科学技術情報政策上の必要性、利用者からのニーズ等を勘案しつつ評価し、その必要性が低いと認められる事業については廃止を含めた見直しを行うことが重要である。

- ・無料データベースに関する費用対効果を示す指標については、19年度から開始した調査結果に基づき、実効性のある分析指標のあり方について引き続き検討を行う必要がある。

なお、文部科学省による評価において別項での記述中、バイオインフォマティクスの推進に関して、「引き続き、日本の中でJSTが担うべき役割を明確にした上で、文部科学省の「ライフサイエンス分野の統合データベース整備事業」等との連携を十分に図りつつ、事業に取り組むとともに、データベースが広く活用されるようにユーザーの観点から継続的に改善を図っていく必要がある」との記述がある。

2. 総合科学技術会議による科学技術関係施策に対する優先度判定

平成 20 年度概算要求における科学技術関係施策【継続】（ライフサイエンス）に対する総合科学技術会議による優先度判定より、JST のバイオインフォマティクス推進センターの事業に関する優先度判定の記述を以下に記載する。

施策の概要

・膨大なゲノム情報等の解析の格段の効率化・省力化、利用の高度化等を実現するため、革新的なゲノム解析ツールの研究開発等、バイオインフォマティクス研究を推進する。

改善・見直し指摘内容

・世界最高水準のライフサイエンス基盤整備を推進するため、国内にある代表的な生命情報データベースを立ち上げ、高度化・標準化を行い、維持してきた実績は評価できる。

・統合データベースプロジェクトとの役割分担を明確にし、着実・効率的に実施する必要がある。

特記事項

・統合データベースプロジェクトとの連携について、将来的な一本化を含めた検討を行うことが必要である。

結論として、上記記述にみられるように、「国内にある代表的な生命情報データベースを立ち上げ、高度化・標準化を行い、維持してきた実績は評価できる」と、本事業の実績が認められている。

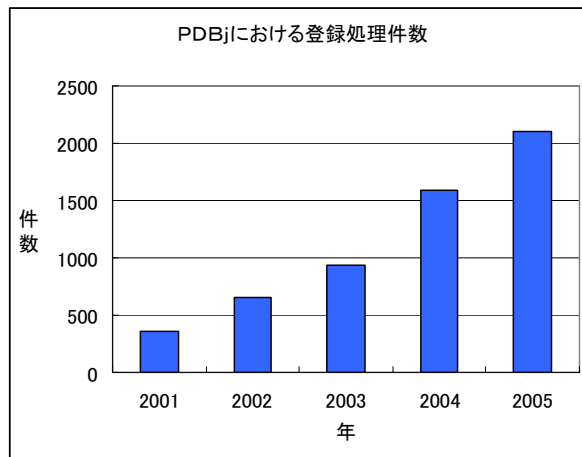
第3節 ライフサイエンス分野の研究の進歩に資する効果

1. 事業関連データベース公開によるライフサイエンス分野の研究の進歩への寄与

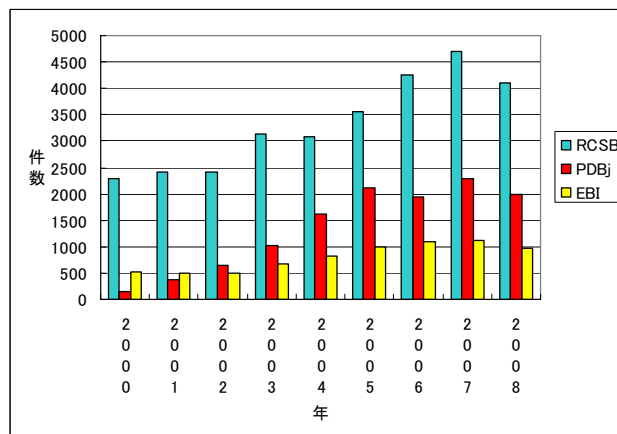
(1) 国際的蛋白質構造データバンク PDBj による貢献

2001 年から 2005 年までの PDBj における登録処理件数の年次推移を図表 5.3.1 に示す。直線的な増加を凌ぐ勢いで増加した。2005 年の世界全体の登録処理件数は 6043 件であり、日本の 2005 年の 2101 件の全世界に占める寄与率は 34.8%となった。世界の 3 分の 1 を分担し、タンパク質データベースの役割を相応に務め、日本を含めて世界のライフサイエンス分野の研究の進歩に貢献している。図表 5.3.2 には 3 極での PDBj と RCSB-PDB(米国)、ESI(欧州)での構造登録処理数のグラフを掲げた（数値は図表 5.3.3 を参照）。なお参考までに、図表 5.3.4 に、3 大国際蛋白質構造データバンクの概要をまとめた。

図表 5.3.1 PDBj における登録処理件数



図表 5.3.2 3 大国際蛋白質構造データバンクでの PDBj 構造登録データ統計



図表 5.3.3 PDBj 構造登録データ統計

	RCSB	PDBj	EBI
2000	2297	158	528
2001	2408	383	495
2002	2401	657	505
2003	3135	1026	669
2004	3083	1613	812
2005	3563	2110	1005
2006	4252	1945	1085
2007	4703	2299	1128
2008	4108	1992	973

(出典 : <http://www.wwpdb.org/stats.html>)

図表 5.3.4 3 極国際蛋白質構造データバンク

国・地域	蛋白質構造データバンク	経緯・備考など
日本	PDBj (Protein Data Bank Japan)	現在、大阪大学蛋白質研究所が JST-BIRD のデータベース高度化事業の一つとして運営
米国	RCSB (Research Collaboratory for Structural Bioinformatics)-PDB	PDB は、1971 年、米国ブルックヘブン国立研究所と英国ケンブリッジ結晶学データセンターが生体高分子立体構造データの電子版アーカイブを管理したことが発端。英国ケンブリッジ結晶学データセンターのグループは、その後、低分子の結晶構造データベースへシフト。その後、米国ブルックヘブン国立研究所のみが 1998 年までデータベースの構築と保守を担当。 1999 年から、米国では PDB 運営組織が公募になった。現在は Rutgers 大学の Berman 教授が率いる RCSB が運営。このため、RCSB-PDB と表記される。
欧州	EBI(European Bioinformatics Institute) –MSD(Macromolecular Structure Database)	英国ケンブリッジ結晶学データセンターのグループは、低分子の結晶構造データベースへシフト。その後、EBI (European Bioinformatics Institute、欧州バイオインフォマティクス研究所)が管理する EBI-MSD となった。
国際 (組織)	wwPDB (worldwide PDB、国際蛋白質構造データバンク)	日米欧 3 極での蛋白質構造データバンク構築の体制を整備

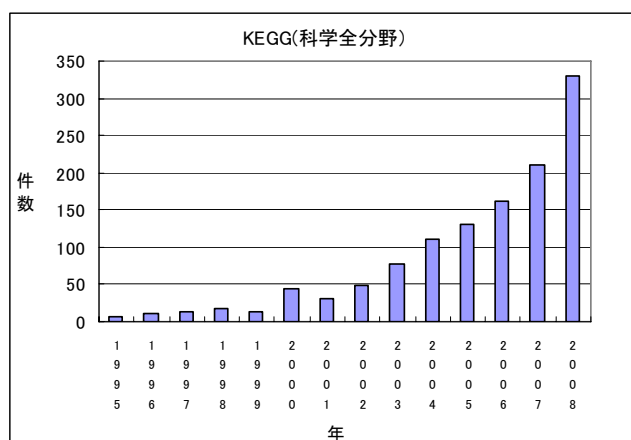
(出典：蛋白質 核酸 酵素 2008 年 Vol.53, No.2, p.182-185)

(2) JST 関連のデータベース論文などの被引用件数の年次推移

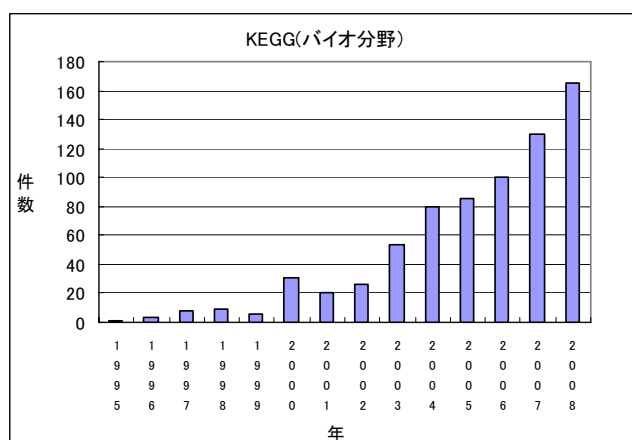
本事業で支援された「生命システム情報統合データベース、KEGG」の世界中の論文での引用傾向を解析した。データベース ScienceDirect を用いて、All Fields を対象にキーワード「KEGG」で検索した結果を図表 5.3.5 と図表 5.3.6 の棒グラフに示す。2001 年以降、着実に定常的に増加している。特に All Sciences 分野での 2008 年の伸びが注目される。本事業で提供している「日本人一塩基多型情報データベース、JSNP」の論文での引用蛍光は、図表 5.3.7 に ISI Web of Science を用いて得られた引用論文件数の年次推移を示した。図表 5.3.8 には JSNP を海外のサイトで引用している事例を示した。データベースの利用以外でも、論文で一定の引用があることがわかる。

図表 5.3.5 KEGG を論文中に表記している論文件数の年次推移

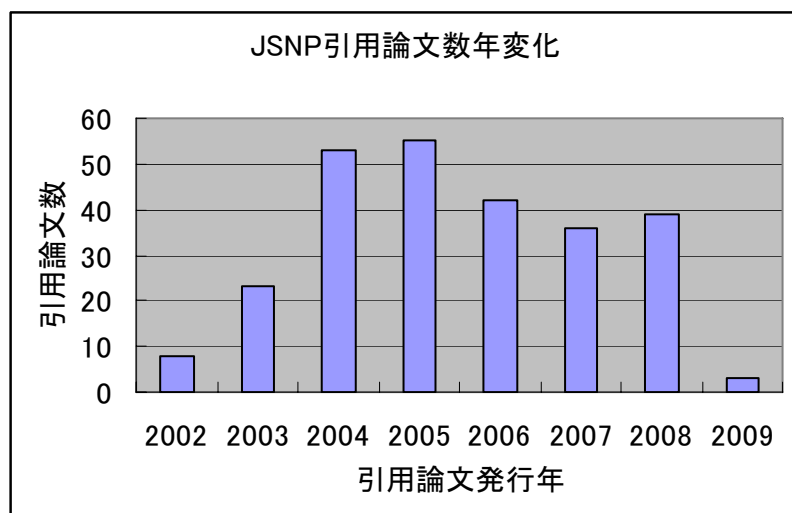
(分野：All Sciences)



図表 5.3.6 KEGG を論文中に表記している論文件数の年次推移
(分野 : Biochemistry, Genetics and Molecular Biology)



図表 5.3.7 JSNP の論文を引用している論文件数の年次推移
(検索データベース ISI Web of Science)



図表 5.3.8 JSNPを引用している事例 米国のサイト <http://www.pharmgkb.org/>

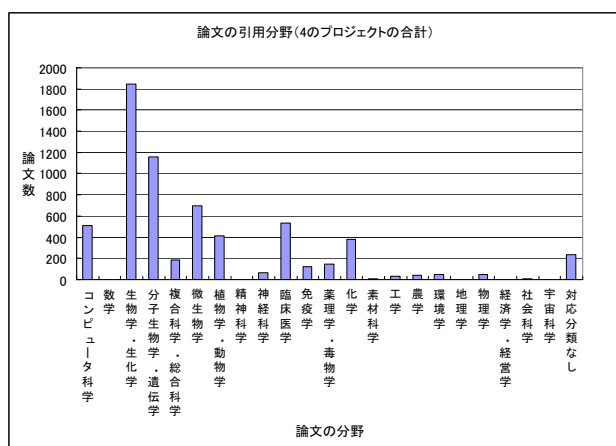


2. 研究成果発表論文の引用から見たライフサイエンス分野の研究の進歩への寄与

(1) 生命情報データベースの高度化・標準化－高度化第Ⅰ期 研究開発課題の4研究グループ全体

図表 5.3.9 に示すように本事業での成果が発表された論文の引用の多い分野は、上位3位まで多い順に、生物学・生化学、分子生物学・遺伝学、微生物学である。これら3分野に加えて、臨床医学、コンピューター科学、化学の分野への貢献があると言える。

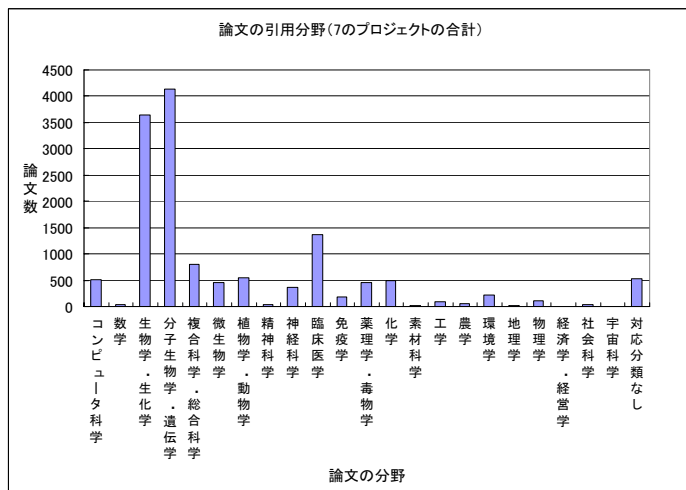
図表 5.3.9 4研究プロジェクトの研究論文を引用している論文の分野別件数（棒グラフ）



(2) 創造的な生物・情報知識融合型の研究開発－平成 13 年度採択 新規研究開発課題の7研究プロジェクト全体

図表 5.3.10 に示すように本事業での成果が発表された論文の引用の多い分野は、上位3位まで多い順に、分子生物学・遺伝学、生物学・生化学、臨床医学である。これら3分野に加えて、複合科学・総合科学、植物学・動物学、コンピューター科学の分野への貢献があると言える。

図表 5.3.10 7研究プロジェクトの研究論文を引用している論文の分野別件数（棒グラフ）



第6章 人材の輩出

本事業による人材の輩出という観点から、課題参加研究者の昇格状況について、平成 13 年度採択 11 課題の追跡調査データに基づき以下に概要を記載する。

平成 13 年度採択 11 課題全参加者数 294 名に関して、

BIRD 課題参加時 研究員～助教授クラス、108 名が

テニユアの准教授、教授にステップアップしたケースとして、29 名を数えた。

その内訳は、

研究員、助手、講師が、准教授に昇格 14 名（2008 年 7 月）

研究員、助手、助教授が、教授に昇格 15 名（2008 年 7 月）

であった。

なお、参考までに、

JST さきがけ（研究者個人の独創性を活かした研究を推進）の場合は、

1991 年から 2004 年までに「さきがけ」研究を終了した研究者に関して、

さきがけ参加時 研究員～助教授クラス 396 名

ステップアップ 170 名

であった。

出典：戦略的創造研究推進事業国際評価報告書.2006 年 8 月.科学技術振興機構

<http://www.jst.go.jp/kisoken/pdf18/seika03-18.pdf>

第7章 研究成果情報発信

第1節 データベースや解析ツールの提供

HOWDY、HGS、HapMap、JSNP、SILA など JST が情報発信を行っているサービスについて、その概要を図表 7.1 に紹介する。

図表 7.1 バイオインフォマティクス推進事業の支援で作成されたデータベースや解析ツールの概要

分野	略称や関連研究機関	概要
ゲノム解析	HGS (Human Genome Sequencing; JST)	ヒトの 7 染色体(Ch1, 3, 6, 8, 9, 21, 22)を対象として行ったプロジェクト。シーケンシングデータを利用できる。

分野	略称や関連研究機関	概要
	HOWDY® (ヒトゲノム情報統合データベース; JST)	ヒトのゲノム情報および遺伝子について、複数のデータベースを一度に検索できるシステムを提供。
	ECGB (真核生物比較ゲノムブラウザ; JST)	ヒトやチンパンジー、マウス、ラットなどの生物のDNA 配列を比較し、生物種の間で保存されているDNA 配列を提供。
一塩基多型	JSNP® (日本人一塩基多型データベース; 東京大学医科学研究所/JST)	日本人の SNP データのデータベース。
	多型情報ネットワーク (JST)	JSNP、JG-SNP、mtSNP、dbProP 等、遺伝子の個人差に関する情報を集めたデータベースをネットワーク化。
	HapMap ミラーサイト	ヒトの病気や薬に対する反応性に関係する遺伝子を発見するためのプロジェクト「国際 HapMap 計画」のデータ (SNP とハプロタイプ) を提供。
遺伝子発現	PGE (Gene Expression Pattern Database of Mouse Embryos; JST)	マウス胚の遺伝子発現パターンを発生段階を追って参照することができる。
タンパク質アミノ酸配列	SILA (Structural Initial data Library of Amino acid residues; JST)	アミノ酸残基の構造データライブラリで、立体構造未知のアミノ酸配列を持つタンパク質の立体構造予測に利用される。
生物関連データベース・解析ツール案内	ALIS (Advanced Life Science Information Systems; JST)	BIRD が提供・サポートするデータベース・解析ツールを案内。
	ゲノム解析ツール (JST)	分子生物学に関わるデータ解析ツールを集めたリンク集。
	WING (BIRD's WWW Intelligent Navigator for Genomics; JST)	JST-BIRD が提供する、医学生物関連データベース専門の探索・活用サイト。
その他	GBIF JAPAN (Global Biodiversity Information Facility in JAPAN; GBIF/JST)	全世界の生物多様性に関するデータを各国で分散的に収集し、ネットワークを通じて利用することを目的とした国際的な科学プロジェクト。

(出典 : <http://www-bird.jst.go.jp/database/bird/>)

上記の JST 事業成果のうち、HOWDY、HSG、HapMap、JSNP、SILA などについて詳細を図表 7.2 に紹介する。

図表 7.2 HOWDY、HSG、HapMap、JSNP など JST が情報発信を行っているデータベースの概要

略称	概要など	URL
HOWDY	HOWDY (Human Organized Whole genome Database:ヒトゲノム情報統合データベース)は、ヒトゲノムに関連する情報を持つ複数のデータベースを、1つのデータベースのようにまとめて検索できるデータベースである。HOWDY は、現在14の公共データベースを情報源としている。HOWDY は毎日更新しているので、最新のヒトゲノム情報を網羅的に検索・取得することができる。 HOWDY には HOWDY Light と HOWDY Classic がある。すなわち、 ・HOWDY Light: ユーザビリティを考慮したインターフェイスで、検索速度が速くなった web search サービス ・HOWDY Classic: 大量データの batch 検索や、染色体地図検索にも対応した、従来の HOWDY	http://howdy.jst.go.jp/HOWDY/top_ja.pl
HGS	JST では、高機能基盤生体データベース (ALIS) プロジェクトにおいて、日本における大規模な DNA シークエンシングプロジェクトを進めている。このプロジェクトのシークエンシングデータは、JST 当該ホームページから利用できる。 JST シークエンシングプロジェクトは、JST と4シークエンシングチームが7つの染色体(1、3、6、8、9、21、22番)を対象として行っている。JST sequence Regions は、プロジェクトのシークエンシング対象であり、JST シークエンシングチームが生物学的興味を持って選択した1 MB 以上の連続した領域である。JST region は、一つまたは複数の team sequencing region から構成されている。 マップとシークエンシングデータはWeb画面表中の染色体名または染色体内の領域名を選択することにより、シークエンシングチームの情報は、チーム名をクリックすることによって見るることができる。	http://www-alis.tokyo.JST.go.jp/HGS/top_ja.pl
HapMap	国際 HapMap 計画は、ヒトの病気や薬に対する反応性に関わる遺伝子を発見するための基盤を整備するプロジェクトである。この計画は、カナダ、中国、日本、ナイジェリア、英国、米国の科学者と各国政府、財団などの協力により行われている。詳細はホームページ上の「国際 HapMap 計画について」で参照できる。	http://www.hapmap.org/index.html.ja
JSNP	SNPs (一塩基多型)は、DNA 配列中に見られる多型のうちもっともよく見られる多型である。SNPs は、疾患易罹患性や薬剤反応性に関連する遺伝子を探索する際の有用な多型マーカーである。SNPs は、遺伝子産物の質や量に直接影響を与えたり、ある疾患や薬剤による重篤な副作用に対する危険性を増やすことがある。よって、多くの SNPs を探索することにより、疾患関連遺伝子の同定や薬剤による副作用を避ける診断方法の確立に寄与できると期待されている。 上記に関連した事項の情報提供や検索サイトを JST と東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センターが共同で開設・運営している。	http://snp.ims.u-tokyo.ac.jp/index_ja.html

JSNP においてアクセス数や検索数の経年変化を図表 7.3 に、また検索サービスの例を図表 7.4 にそれぞれ掲げる。

図表 7.3 JSNP のアクセス数や検索数の経年変化

年	アクセス数	検索数	
2000	105,482	32,341	注: 7-12 月
2001	804,370	76,472	
2002	2,014,426	185,309	
2003	2,673,318	317,944	
2004	1,543,276	107,775	
2005	1,968,638	88,847	
2006	757,385	89,187	
2007	1,483,490	123,491	
2008	572,181	40,451	

検索数は当初より公開している文字列検索のみの件数

(出典 : http://snp.ims.u-tokyo.ac.jp/index_ja.html)

図表 7.4 JSNP による情報発信と検索サービスの例

検索の種類など	概要と検索例 (検索例は一部項目のみ)
遺伝子検索	遺伝子検索では、その遺伝子関連の多彩な情報とその遺伝子領域にマップされる JSNP 多型の一覧表を得ることができる。 【例】遺伝子カルボニックアンヒドラーゼ 6 (CA6) の 検索例 と 検索出力例
キーワード検索	キーワード検索では、多型 (SNP や indel) に付与された各種情報を検索することができる。
Dump JSNP®	'Dump JSNP®' は、SNP や遺伝子の特徴から絞込みをすることができ、検索結果から必要なデータ項目を選択し、各種データ形式でダウンロードすることができる。
統合マップ (Integrated Maps) ブラウザー および検索	統合マップは、染色体別に SNP と遺伝子、マーカーなど各種情報を詳細マップ上を表示することができる。 検索は染色体の区別なく、統合マップ右上の検索ボックスから行うことができる。遺伝子シンボル、RefSeq アクセッション番号、マーカー名、マーカーアクセッション番号、モチーフに関する情報で検索できる。JSNP および dbSNP とモチーフの関係やアミノ酸置換を表示できる。 【例】遺伝子カルボニックアンヒドラーゼ 6 (CA6) の出力例 統合マップ / モチーフおよびアミノ酸置換画面
各種リスト	ヒトゲノム配列に JSNP をマッピングした結果、JSNP が存在する遺伝子一覧や、理化学研究所遺伝子多型研究センター遺伝子多型タイピング研究・支援チームによる薬物代謝酵素遺伝子領域の SNP 一覧など各種一覧リストを用意している。
BLAT Genome	mRNA や DNA 配列を検索式とし質問すると、ヒトゲノム上にマップされ、その結果を質問配列とヒトゲノム配列のアライメントとして表示したり、JSNP の

	統合マップ上に質問配列をマップし、表示させることができる。 【例】遺伝子カルボニックアンヒドラーゼ 6 (CA6)の検索結果 マップ出力例 とペアワイズアライメント出力例
BLAST SNP	JSNP データベースおよびヒト以外の生物種を含む dbSNP に対して、3 種のアルゴリズム (blastn, megablast, tblastn) によるホモロジー検索できる。WEB 回答では、質問配列とアライメントできた配列中に多型領域が含まれているか、表示した一覧回答も見ることができる。

(出典 : http://snp.ims.u-tokyo.ac.jp/index_ja.html)

なお、これらのデータベース・解析ツールは更新され BIRD のホームページで「データベース・解析ツールの更新情報」(www.bird.jst.go.jp/kousin/・33k) として公表されている。

第2節 ゲノムリテラシー講座

JST では、ゲノムリテラシー講座を開講し、バイオインフォマティクス分野での研修や普及活動も行っている。

平成 13 年度～18 年度はバイオインフォマティクスの普及活動であり、バイオインフォマティクスの基礎講義及び新しいツール、ソフトウェア等、研究成果を活用した実習が実施された。年 10 講義程度が開催された。

一方、平成 19 年度からは、バイオインフォマティクス分野の研究情報発信が中心である。研究開発課題の代表研究者等が講義・実習、研究内容紹介を行っている。

実習を伴うことから、1 回の受講者数は 24 名までに限定されている。

参加者は事業発足当初、バイオインフォマティクス初級者、大学院生、企業等の研究者が中心だったが、最近はバイオインフォマティクス授業を担当する教官、都道府県の衛生試験場研究者等の参加が見られるようになり受講者層が拡大してきた。

受講者アンケートでは、今後自分の研究で活用してみたいとか、実習により今後の自分の講義で生かしたいなどの結果が得られている。

第3節 その他

バイオインフォマティクスに係る相談やサービスを実施している。サービスの例として、NCBI (National Center for Biotechnology Information) ミニコース日本語版の提供や当事業に含まれていないが、Web ラーニングプラザにおける e-ラーニングサービスを提供している。

1. バイオインフォマティクス相談

バイオインフォマティクス研究を進めるにあたってのちょっとした疑問や、各種ツールの使い方などの問い合わせに対応している。

2. NCBI ミニコース日本語版

米国 NCBI が公開する解析ツールやデータベースの利用講習サイトを日本語で提供している。

3. Web ラーニングプラザ（実習）

Web ラーニングプラザは、技術者の継続的能力開発や再教育の支援を目的とし、科学技術振興機構が無料にて提供している。技術者向け e-ラーニングサービスである。ライフサイエンスの教材も充実している。

第4節 国際活動 GBIF

GBIF (Global Biodiversity Information Facility、地球規模生物多様性情報機構)について詳しくは資料4に記載する。

GBIF は、生物多様性に関するデータを各国・各機関で分散的に収集し、ネットワークを通じて全世界的に利用することを目的とする国家・経済体・国際機関の多国間協約に基づく国際的科学協力プロジェクトである。

第8章 ロジックモデル適用の試み（政策評価の一方法の適用）

第1節 はじめに

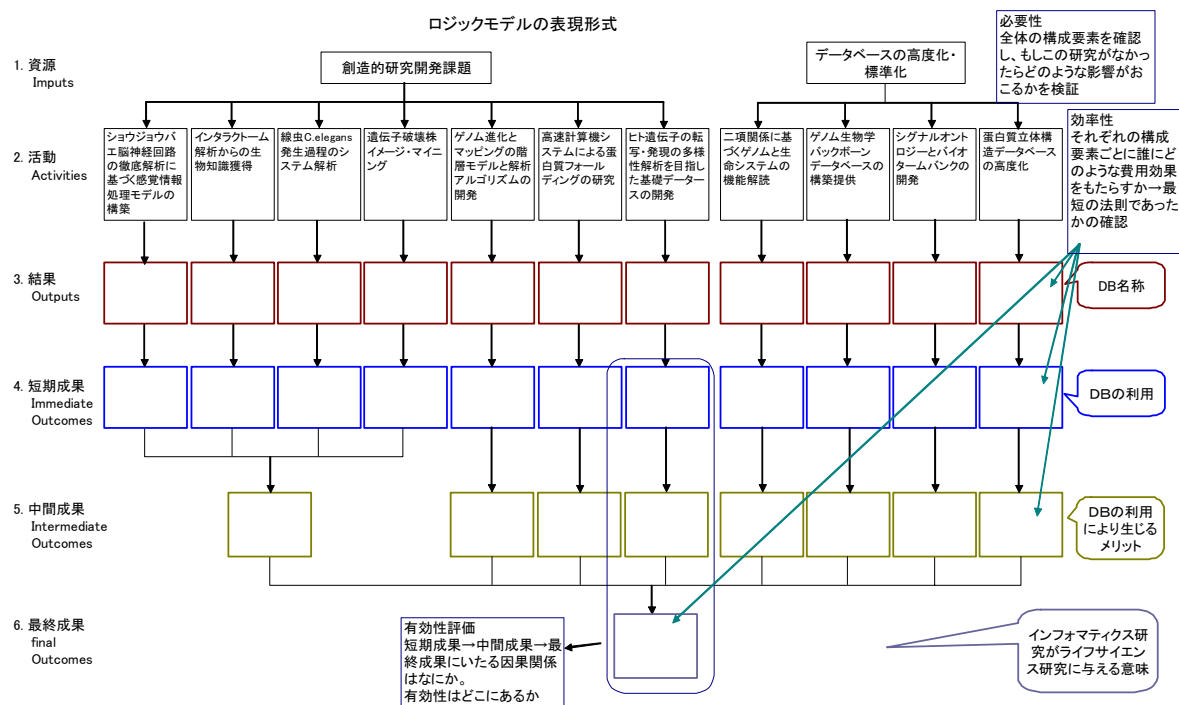
ある特定の政策の実施から一定期間を経過した時期において、特定のテーマに係る政策・施策等を対象に、政策効果の発現状況や、効果の発現に至る因果関係などを検討する方法の一つとして、ロジック・モデルがある。

ロジック・モデルでは、評価対象となるプログラムを実施することによって、施策・事業の対象にどのように影響を及ぼし、最終的にどのような成果をあげていくのかについて、複数の段階・手順に分けて表現しつつ、それぞれについての一連の関連性を整理・図式化することにより、施策・事業の意図を明らかにする。

ロジックモデルの表現形としては、具体的な行政活動から最終的な成果に至るまでの中間段階でおこりうる種々のイベントを要素として示す。それらの要素間の関係を一本もしくは複数の線でつなげることによって、成果達成のための過程・手順を明らかにする役割を果たす。成果については、数段階（短期・中期・最終）にブレイクダウンして表現する。本事業に対するロジックモデルの表現形のイメージを図表 8.1.1 に添付する。

このロジックモデルを適用することにより、政策評価に必須である必要性・有効性・効率性を検討することができると期待される。本事業のバイオインフォマティクス分野は、基盤的位置づけが強く、他のライフサイエンス分野へどのように利用されたかが政策効果把握の重要ポイントである。

図表 8.1.1 本事業に対するロジックモデルの表現形のイメージ



第2節 ロジックモデルの試み

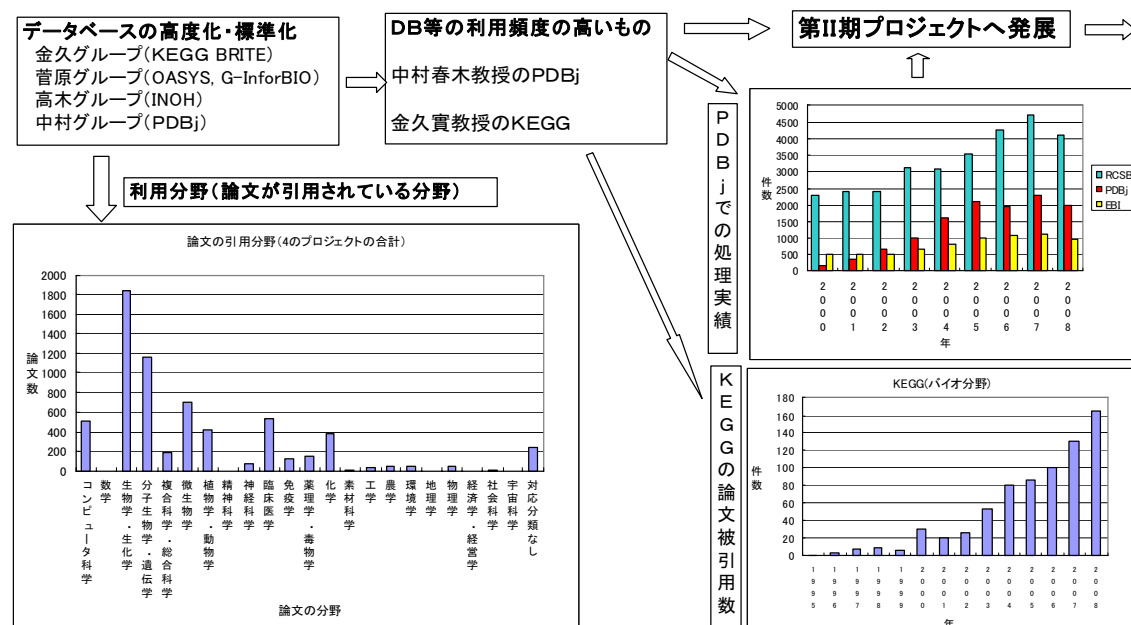
本事業のプロジェクト全てに対して、網羅的にロジックモデルを検討することは、本調査の主たる目標ではないので、ここでは、本事業で実施したプロジェクトの一部のテーマに限定し、ロジックモデル解析の試みとする。

1. 生命情報データベースの高度化・標準化

平成13年度採択の生命情報データベースの高度化・標準化のプロジェクトでは4つのグループがそれぞれ、データベースソフトの開発あるいはデータベースバンクの運営を含む業務を担った。代表的なソフトウェア等を図表8.2.2の研究グループ名に続く括弧内に記載した。いずれのグループも独創性と実用性の高いソフトを開発したが、中でも、金久教授のKEGGは世界的に著名な存在となり、パスウェイ解析の国際標準となりうるものである。KEGGは図表8.2.2右下に示したように他の研究者の論文で引用される回数も年々増加の一途を辿っている。一方PDBjは世界3大タンパク質データベースとして、日米欧の協調下、世界中のタンパク質情報の登録処理とデータの公開業務を分担しており、国際的レベルでの役割を十分に担うことで本事業の存在価値を示している。これらの点において、本事業発足の起点であった施策は、必要性・有効性の観点から当を得たものであったと言える。これらの成果を踏まえ、引き続き第II期プロジェクトが開始され、今後のバイオインフォマティクスの発展と生命科学分野への応用を通じての生命科学分野への貢献をさらに高めるという必要性・効率性の観点も意識しつつ、研究開発を継続している。これらの研究開発では、今後のバイオインフォマティクス分野におけるソフトウェアの国際標準化へ向け、日本発の独創的なアイデアを織り込んだ国際競争力のある成果が得られ、本事業に係る政

策の効果として優れた評価が下されることが期待される。

図表 8.2.2 ロジックモデル分析の試みにおける事業の関連性（その1）



2. 創造的な生物・情報知識融合型の研究開発

平成13年度採択の創造的な生物・情報知識融合型の研究開発では、7つのグループがそれぞれ、特徴のある生命体やその機能の研究において、情報知識を組合わせ、生命情報を取り扱うプロジェクトを実施した。これらのグループによる研究成果を発表した論文は、世界の研究者から論文に引用されるという形でその成果が評価されている。開発された個々のソフトウェアやアルゴリズムに、特段の優れた評価を受けているものの散在は、前記プロジェクト「データベースの高度化・標準化」の4グループのそれに比べると、やや見劣りがするが、7つのグループが発表した論文に対する他研究者からの引用論文の総数の点では、1研究課題あたりの件数で前記プロジェクトのそれを上回っている。この意味で、世界の研究者から相応の評価を与えられていると言える。臨床医学分野での論文引用が3位であり、前記のプロジェクトよりやや顕著であるという特徴を示している。このプロジェクトは3年間の研究開発後、テーマを絞り込んで、平成16年度より継続プロジェクトが実施された。事業におけるプロジェクトテーマに対する必要性・有効性・効率性を考慮したものであると思われる。継続プロジェクトでは、継続前プロジェクトの研究成果を踏まえ、データベース関連のソフト開発が新規なタイプを含めて実施され、効率的に相応の成果が得られている。図表8.2.3に、各研究グループの開発した代表的なデータベース関連のソフト等をグループ名に続く括弧の中に記載した。

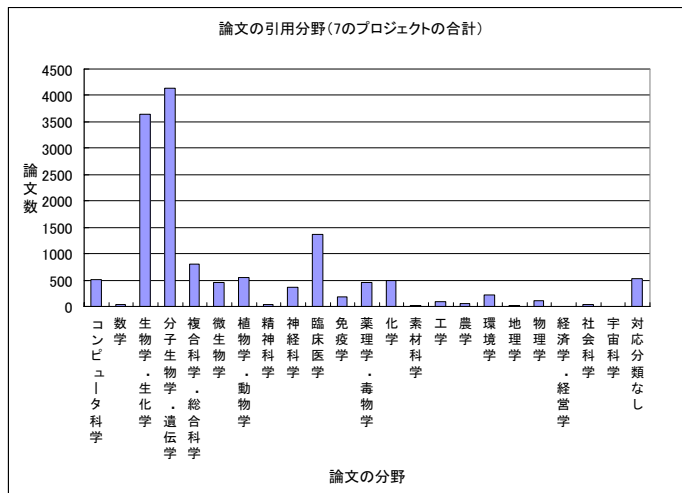
図表 8.2.3 ロジックモデル分析の試みにおける事業の関連性（その2）

創造的な生物・情報知識融合型の研究開発

伊藤啓グループ(計測アルゴリズムを開発) 肥後順一グループ(アルゴリズム開発、シミュレーション)
 伊藤隆司グループ(EAST) 森下真一グループ(SCMD)
 大浪修一グループ(DBRF-MEGN method) 矢田哲士グループ(HAL)
 岸野洋久グループ(Multidivtime)



利用分野(論文が引用されている分野)



継続プロジェクトへ発展



伊藤隆司グループ(EAST, SDSSPrimer)

森下真一グループ(SCMD, CalMorph)

矢田哲士グループ(HAL, AIn, DIGIT, PHINAL, PSTAG)

資料 1 : バイオインフォマティクス推進センター事業の支援で作成されたデータベースや解析ツールの概要

バイオインフォマティクス推進センター事業の支援で作成されたデータベースや解析ツールの概要を紹介し、その後、HOWDY、HGS、HapMap、JSNP、SILA など JST が情報発信を行っている案件について、その概要を図表に紹介する。

図表 バイオインフォマティクス推進事業の支援で作成されたデータベースや解析ツールの概要

分野	略称や関連研究機関	概要
ゲノム解析	OASYS (Open Annotation system; 国立遺伝学研究所)	INSD(国際塩基配列データベース)の公開エントリに第三者によるアノテーションを付与・集積するシステム。遺伝研からのみアクセス可。
	HGS (Human Genome Sequencing; JST)	ヒトの 7 染色体 (Ch1, 3, 6, 8, 9, 21, 22) を対象として行ったプロジェクト。シーケンシングデータを利用できる。
	HAL (Human genome Annotation Library; Jablon Genome Viewer から提供)	ヒトゲノムに潜む遺伝子の位置と構造、その機能などの注釈情報を提供。
	HOWDY® (ヒトゲノム情報統合データベース; JST)	ヒトのゲノム情報および遺伝子について、複数のデータベースを一度に検索できるシステムを提供。
	ECGB (真核生物比較ゲノムブラウザ; JST)	ヒトやチンパンジー、マウス、ラットなどの生物の DNA 配列を比較し、生物種の間で保存されている DNA 配列を提供。
一塩基多型	JSNP® (日本人一塩基多型データベース; 東京大学医科学研究所/JST)	日本人の SNP データのデータベース。
	多型情報ネットワーク (JST)	JSNP、JG-SNP、mtSNP、dbProP 等、遺伝子の個人差に関する情報を集めたデータベースをネットワーク化。
	HapMap	ヒトの病気や薬に対する反応性に関係する遺伝子を発見するためのプロジェクト「国際 HapMap 計画」のデータ (SNP とハプロタイプ) を提供。
遺伝子発現	CIBEX (Center for Information Biology gene EXpression database; 国立遺伝学研究所)	マイクロアレイデータを中心とする遺伝子発現データベース。
	BSD (Bio Simulated Database; 国立遺伝学研究所)	マイクロアレイ、EST、SAGE データを扱う遺伝子発現解析システム。
	PGE (Gene Expression Pattern Database of Mouse Embryos; JST)	マウス胚の遺伝子発現パターンを発生段階を追って参照することができる。
蛋白質立体構造	PDBj (Protein Data Bank Japan; 大阪大学蛋白質研究所)	米国 RCSB および欧州 EBI と協力して、生体高分子の立体構造データベースを国際的に統一化されたアーカイブとして運営するとともに、様々な解析ツールを提供。
	eF-site (electrostatic surface of Functional-site; 東京大学医科学研究所)	タンパク質の分子表面に関するデータベースで、静電的ポテンシャルと疎水の性質を活性部位のコロニー表面と合わせて表示し、分子認識機構の分析に有用な情報を提供。

分野	略称や関連研究機関	概要
	eProtS (Encyclopedia of Protein Structures; 大阪大学蛋白質研究所)	生物学的に重要なタンパク質を選び、その立体構造を表示するとともに、タンパク質の構造と機能についてわかりやすく解説。
	Promode (早稲田大学)	基準振動解析によって得られたタンパク質立体構造の動的構造に関するデータを集めたデータベース。
	BMRB (BioMagResBank; 大阪大学蛋白質研究所)	生体高分子の NMR データのデータベース。
	GTOP (Genomes TO Protein structures and functions; 国立遺伝学研究所)	ゲノムにコードされる全タンパク質の配列データを解析した結果をまとめたデータベース。
化合物	SILA (Structural Initial data Library of Amino acid residues; JST)	アミノ酸残基の構造データライブラリで、立体構造未知のアミノ酸配列を持つタンパク質の立体構造予測に利用される。
タンパク質総合データベース	CIPRO (ホヤプロテイン統合データベース)	ホヤのタンパク質に関する様々な情報を提供。
マスペクトルデータベース	MassBank (慶應義塾大学)	代謝物質を高分解能質量分析によって測定したマスペクトルを収集したデータベース。
細胞形態	SCMD (Saccharomyces Cerevisiae Morphological Database; 東京大学大学院新領域創成科学研究科)	出芽酵母の突然変異体の顕微鏡写真を集めたデータベース。
知識データベース	KEGG-BRITE (京都大学化学研究所)	生体系の様々な側面に関する知識を階層的に分類したデータベース。
	INOH (Integrating Network Objects with Hierarchies; 東京大学/産業技術総合研究所)	文献から人の手で抽出したパスウェイ情報を格納したデータベース。シグナル伝達する複数の生体分子間の関係のような高次機能情報をオントロジーを使ってデータベース化している。
	Ontology (東京大学)	
生物関連データベース・解析ツール案内	ALIS (Advanced Life Science Information Systems; JST)	BIRD が提供・サポートするデータベース・解析ツールを案内。
	ゲノム解析ツール (JST)	分子生物学に関わるデータ解析ツールを集めたリンク集。
	WING (BIRD's WWW Intelligent Navigator for Genomics; JST)	JST-BIRD が提供する、医学生物関連データベース専門の探索・活用サイト。
その他	GBIF JAPAN (Global Biodiversity Information Facility in JAPAN; GBIF/JST)	全世界の生物多様性に関するデータを各国で分散的に収集し、ネットワークを通じて利用することを目的とした国際的な科学プロジェクト。

(出典 : <http://www-bird.jst.go.jp/database/bird/>)

資料 2：ゲノムリテラシー講座 開講リスト

以下の図表に過去開講した講座について、題、講師、日時などのリストを記載した。

図表 過去に開催されたゲノムリテラシー講座

転写制御領域の配列解析入門(講義と実習)				
題	講師	日時	場所	受講料
転写制御領域の配列解析入門	中井 謙太 (東京大学)	2008 年 9 月 3 日(水) 14 時 00 分～15 時 00 分	独立行政法人科学技術 振興機構 住宅棟1階 会議室	無料
共発現遺伝子の上流配列解析実習	中井 謙太 (東京大学)	2008 年 9 月 3 日(水) 15 時 10 分～16 時 10 分	独立行政法人科学技術 振興機構 住宅棟1階 会議室	無料

ケモインフォマティクスを利用したリード化合物の探索入門				
題	講師	日時	場所	受講料
ケモインフォマティクスを利用したリード化合物の探索入門	榊原 康文 (慶應義塾大学)	2008 年 8 月 18 日(月) 14 時 00 分～16 時 00 分	独立行政法人科学技術 振興機構 住宅棟1階 会議室	無料

タンパク質構造予測とデータベース実習				
題	講師	日時	場所	受講料
タンパク質構造予測の基礎	清水 謙多郎 (東京大学)	2008 年 7 月 31 日(木) 14 時 00 分～15 時 00 分	独立行政法人科学技術 振興機構 住宅棟1階 会議室	無料
構造予測実習	清水 謙多郎 (東京大学)	2008 年 7 月 31 日(木) 15 時 10 分～16 時 10 分	独立行政法人科学技術 振興機構 住宅棟1階 会議室	無料

データベースと構造生物学				
題	講師	日時	場所	受講料
PDB からの超分子構造のモデリング: 非対称単位から4次構造モデルを作るときに知っていると便利なこと	白井 剛 (長浜バイオ大学)	2007 年 10 月 18 日(木) 14 時 00 分～15 時 30 分	独立行政法人 科学技 術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料

バイオインフォマティクスに基づいた遺伝子改変マウスの表現型解析と精神疾患の研究				
題	講師	日時	場所	受講料
バイオインフォマティクス的手法を活用した遺伝子改変マウスの表現型解析と精神疾患の研究	宮川 剛 (藤田保健衛生大学・京都大学)	2007 年 9 月 28 日(金) 14 時 00 分～15 時 30 分	独立行政法人 科学技 術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料

ゲノムネットとKEGG から始めるバイオデータベース検索				
題	講師	日時	場所	受講料
バイオデータベース入門	平川 美夏	2007 年 8 月 24 日(金)	独立行政法人 科学技	無料

	(京都大学化学研究所・科学技術振興機構)	14 時 00 分～15 時 00 分	術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	
<u>バイオデータベースの利用法</u>	平川 美夏 (京都大学化学研究所・科学技術振興機構)	2007 年 8 月 24 日(金) 15 時 10 分～16 時 40 分	独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料

細菌の比較ゲノム解析

題	講師	日時	場所	受講料
<u>細菌の比較ゲノム解析からメタゲノム解析へ</u>	黒川 顕 (奈良先端科学技術大学院大学・情報科学研究科)	2006 年 11 月 24 日(金) 13 時 30 分～14 時 20 分	独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料
<u>統合ソフトウェアをもちいた細菌の比較ゲノム解析の初歩</u>	黒川 顕 (奈良先端科学技術大学院大学・情報科学研究科)	2006 年 11 月 24 日(金) 14 時 30 分～16 時 00 分	独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料

遺伝子からみた生物の系統樹

題	講師	日時	場所	受講料
<u>分子系統学講義</u>	舘野 義男 (国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ研究センター)	2006 年 11 月 13 日(月) 15 時 00 分～15 時 50 分	独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料
<u>分子系統樹の作成</u>	舘野 義男、小見山 智義 (国立遺伝学研究所、東海大学医学部)	2006 年 11 月 13 日(月) 16 時 00 分～17 時 00 分	独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料

バイオインフォマティクスを活用した新規ドメインの発見・解析技術

題	講師	日時	場所	受講料
<u>バイオインフォマティクスを活用した新規ドメインの発見・解析技術</u>	廣明 秀一 (横浜市立大学大学院・国際総合科学研究科・超分子科学専攻)	2006 年 10 月 3 日(火) 10 時 30 分～12 時 00 分	独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料

決定的ハプロタイプの概要とそのデータベース D-HaploDB の利用法

題	講師	日時	場所	受講料
<u>決定的ハプロタイプ構造の概要と構造の意義</u>	林 健志、宮武克行、日笠 幸一郎 (九州大学・生体防御医学研究所・遺伝情報実験センター・ゲノム構造学分野)	2006 年 8 月 25 日(金) 14 時 00 分～15 時 20 分	独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料

<u>D-HaploDB の利用法・活用法</u>	林 健志、宮武 克行、日笠 幸一 郎 (九州大学・生体 防御医学研究所・ 遺伝情報実験セ ンター・ゲノム構 造学分野)	2006 年 8 月 25 日(金) 15 時 30 分～16 時 30 分	独立行政法人 科学技 術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料
---------------------------	--	---	--------------------------------------	----

脳型データベースの推論機能を使ったポジショナルキャンディデートクロニング入門				
題	講師	日時	場所	受講料
<u>文献を擬似ニューロンとするデータベ ースの推論機構と遺伝学への応用</u>	豊田 哲郎 (理化学研究所 ゲノム科学総合 研究センター)	2006 年 7 月 26 日(水) 13 時 30 分～14 時 30 分	独立行政法人 科学技 術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料
<u>理研GSCのウェブサイトを使った候 補遺伝子選択演習</u>	豊田 哲郎 (理化学研究所 ゲノム科学総合 研究センター)	2006 年 7 月 26 日(水) 14 時 30 分～15 時 30 分	独立行政法人 科学技 術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料

トランスクリプトームからの代謝経路の解析				
題	講師	日時	場所	受講料
<u>トランスクリプトームからの代謝経路 解析の実際</u>	坊農秀雅 (埼玉医科大学ゲ ノム医学研究セン ター)	2006 年 7 月 19 日(水) 15 時 00 分～18 時 00 分	独立行政法人 科学技 術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料

生物系研究のための XML・SOAP 技術				
題	講師	日時	場所	受講料
<u>バイオデータベースの構築と利用</u>	宮崎 智 (東京理科大学 薬学部)	2005 年 11 月 25 日(金) 13 時 30 分～14 時 30 分	独立行政法人 科学技 術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料
<u>XML の取り扱いと SOAP サービスの 利用</u>	宮崎 智 (東京理科大学 薬学部)	2005 年 11 月 25 日(金) 14 時 40 分～16 時 10 分	独立行政法人 科学技 術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料

タンパク質立体構造データベース PDB と BMRB				
題	講師	日時	場所	受講料
<u>Protein Data Bank と PDBj</u>	伊藤暢聡 (東京医科歯科大 学 大学院疾患生 命科学研究部)	2005 年 11 月 15 日(火) 13 時 30 分～14 時 30 分	独立行政法人 科学技 術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料
<u>BMRB データベースと BMRB データを 利用した応用研究の一例</u>	中谷英一、松木 陽 (大阪大学蛋白質 研究所・科学技術 振興機構)	2005 年 11 月 15 日(火) 14 時 40 分～15 時 40 分	独立行政法人 科学技 術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料
<u>PDBj のウェブサービスの利用方法</u>	伊藤暢聡 (東京医科歯科大 学 大学院疾患生 命科学研究部)	2005 年 11 月 15 日(火) 15 時 50 分～16 時 50 分	独立行政法人 科学技 術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料

UniProt/Swiss-Prot データベース				
題	講師	日時	場所	受講料
<u>タンパク質情報の宝の山 Swiss-Prot をどのように攻略するか</u>	本間 桂一 (国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ研究センター・科学技術振興機構)	2005 年 10 月 5 日(水) 13 時 30 分～15 時 00 分	<u>独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室</u>	無料
<u>Swiss-Prot の賢い使い方</u>	本間 桂一、多田 雅人 (国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ研究センター・科学技術振興機構/国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ研究センター 遺伝情報分析研究室)	2005 年 10 月 5 日(水) 15 時 10 分～16 時 40 分	<u>独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室</u>	無料

E-Cell による細胞シミュレーション				
題	講師	日時	場所	受講料
<u>バイオシミュレーション講義</u>	中山 洋一 (慶應義塾大学 先端生命科学研究所)	2005 年 9 月 30 日(金) 13 時 30 分～15 時 00 分	<u>独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室</u>	無料
<u>E-Cell モデリング入門</u>	中山 洋一、木下 綾子、北山 朝也 (慶應義塾大学 先端生命科学研究所)	2005 年 9 月 30 日(金) 15 時 10 分～17 時 10 分	<u>独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室</u>	無料

KEGG におけるケモインフォマティクスへの取り組み				
題	講師	日時	場所	受講料
<u>KEGG の化学情報データベース</u>	服部 正泰 (京都大学化学研究所 バイオインフォマティクスセンター 助手)	2005 年 8 月 2 日(火) 10 時 30 分～12 時 00 分	<u>独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室</u>	無料
<u>ケミカルゲノミクスのためのデータ検索と処理</u>	服部 正泰 (京都大学化学研究所 バイオインフォマティクスセンター 助手)	2005 年 8 月 2 日(火) 13 時 00 分～15 時 30 分	<u>独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室</u>	無料

プロテインインフォマティクスによるタンパク質の機能推定				
題	講師	日時	場所	受講料
<u>プロテインインフォマティクスによるタンパク質の機能推定</u>	木下 賢吾 (東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター)	2005 年 8 月 5 日(金) 10 時 30 分～12 時 00 分	<u>独立行政法人科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室</u>	無料

遺伝子からみた生物の系統樹				
題	講師	日時	場所	受講料
分子系統学講義	館野 義男 (国立遺伝学研究所 生命情報・DBJ研究センター 教授)	2005 年 6 月 24 日(金) 13 時 30 分～15 時 30 分	独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料
分子系統樹の作成	館野 義男、小見山 智義 (国立遺伝学研究所 生命情報・DBJ研究センター)	2005 年 6 月 24 日(金) 15 時 40 分～17 時 40 分	独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料

RNA干渉を用いた効果的な遺伝子発現抑制技術				
題	講師	日時	場所	受講料
RNA干渉を用いた効果的な遺伝子発現抑制技術	鈴木 勉 (東京大学大学院工学系研究科化学生命工学専攻助教授)	2005 年 1 月 11 日(火) 13 時 30 分～15 時 30 分	独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料

プロテオミクスにおけるIT 技術				
題	講師	日時	場所	受講料
プロテオミクスにおける情報技術の原理と応用	谷口 寿章 (徳島大学分子酵素学研究センター・理化学研究所播磨研究所)	2004 年 12 月 3 日(金) 10 時 30 分～11 時 30 分	独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料
プロテオームデータの更なる活用 - ゲノム配列へのマッピング -	石野 洋子 (広島大学大学院理学研究科・理化学研究所播磨研究所)	2004 年 12 月 3 日(金) 11 時 30 分～12 時 00 分	独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料
プロテオミクスにおけるデータベース検索と情報処理	谷口寿章、石野洋子、岡田ひとみ、橋本志穂 (徳島大学分子酵素学研究センター、広島大学大学院理学研究科、理化学研究所播磨研究所、NEC ソフト)	2004 年 12 月 3 日(金) 13 時 00 分～16 時 00 分	独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料

ゲノムから得られるすべてのタンパク質を理解するには……				
題	講師	日時	場所	受講料
ゲノムから得られるすべてのタンパク質を理解するには……	美宅 成樹 (名古屋大学大学院工学研究科)	2004 年 11 月 5 日(金) 10 時 30 分～12 時 00 分	独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料

<u>SOSUI 群 (アミノ酸配列情報解析ツール)</u>	美宅成樹、今井賢一郎、辻敏之 (名古屋大学大学院工学研究科)	2004 年 11 月 5 日 (金) 13 時 00 分～17 時 00 分	独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料
--------------------------------	-----------------------------------	--	----------------------------------	----

<u>ゲノムアノテーション データベースとツールの活用</u>				
題	講師	日時	場所	受講料
<u>ゲノムデータ活用の基礎知識</u>	平川 美夏 (京都大学化学研究所・科学技術振興機構)	2004 年 8 月 24 日 (火) 10 時 30 分～12 時 00 分	独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料
<u>KEGG DAS と KEGG API で繋がるゲノムアノテーションとパスウェイ</u>	片山 俊明 (東京大学医科学研究所 ヒトゲノム解析センター)	2004 年 8 月 24 日 (火) 13 時 00 分～17 時 00 分	独立行政法人 科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料

<u>データベースを利用した蛋白質の立体構造予測</u>				
題	講師	日時	場所	受講料
<u>蛋白質の立体構造予測</u>	西川 建 (国立遺伝学研究所生命情報センター大量遺伝情報研究室)	2004 年 7 月 29 日 (木) 10 時 30 分～12 時 00 分	独立行政法人科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料
<u>全ゲノム立体構造予測データベース GTOP: 機能と使い方</u>	福地 佐斗志 (国立遺伝学研究所生命情報センター大量遺伝情報研究室)	2004 年 7 月 29 日 (木) 13 時 00 分～14 時 30 分	独立行政法人科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料
<u>Web サーバを使った一次元構造予測: 二次構造と埋もれ度の予測</u>	金城 玲 (国立遺伝学研究所生命情報センター大量遺伝情報研究室)	2004 年 7 月 29 日 (木) 14 時 40 分～16 時 00 分	独立行政法人科学技術振興機構 東京本部 住宅棟1階会議室	無料

<u>高速計算機システムによる蛋白質フォールディング</u>				
題	講師	日時	場所	受講料
<u>蛋白質 folding の分子シミュレーション</u>	肥後 順一 (東京薬科大学生命科学部生物情報科学研究室教授)	2004 年 5 月 20 日 (木) 10 時 30 分～12 時 00 分	独立行政法人科学技術振興機構 住宅棟1階会議室	無料
<u>蛋白質の folding simulation の実際</u>	宮川 博夫 (大正製薬)	2004 年 5 月 20 日 (木) 13 時 00 分～16 時 00 分	独立行政法人科学技術振興機構 住宅棟1階会議室	無料

<u>インタラクティブおよび定量オミックスデータからの知識発見入門</u>				
題	講師	日時	場所	受講料
<u>インタラクティブ解析と定量オミックス</u>	伊藤 隆司	2004 年 3 月 17 日 (水)	独立行政法人科学技術	無料

<u>スの最前線</u>	(東京大学大学院 新領域創成科学 研究科)	10時30分～12時00分	振興機構 住宅棟1階 会議室	
<u>タンパク質相互作用予測と分子シミュレーション</u>	佐藤 賢二 (北陸先端科学技 術大学院大学知 識科学研究科)	2004年3月17日(水) 13時10分～14時40分	独立行政法人科学技術 振興機構 住宅棟1階 会議室	無料
<u>インタラクティブデータ/定量オミックスデータ解析ツールの紹介</u>	尾山 卓也 (インテック・ウェ ブ・アンド・ゲノム・ インフォマティクス 株式会社)	2004年3月17日(水) 15時00分～16時30分	独立行政法人科学技術 振興機構 住宅棟1階 会議室	無料

ゲノム進化・マッピング階層モデルについて

題	講師	日時	場所	受講料
<u>ゲノム進化・マッピング階層モデルについて</u>	岸野洋久 (東京大学大学院 農学生命科学研 究科)	2004年2月6日(金) 10時30分～16時00分	独立行政法人科学技術 振興機構 住宅棟1階 会議室	無料

比較ゲノム解析

題	講師	日時	場所	受講料
<u>比較ゲノム解析</u>	渡邊日出海 (奈良先端科学技 術大学院大学 情 報科学研究科)	2004年1月9日(金) 10時30分～12時00分	独立行政法人 科学技 術振興機構 住宅棟1 階会議室	無料
<u>比較解析の基礎と実習</u>	小柳香奈子 (奈良先端科学技 術大学院大学 情 報科学研究科)	2004年1月9日(金) 13時00分～16時00分	独立行政法人 科学技 術振興機構 住宅棟1 階会議室	無料

バイオインフォマティクス入門2

題	講師	日時	場所	受講料
<u>データベース・Webツールの利用方法</u>	橋本 洋一 (インテック・ウェ ブ・アンド・ゲノム・ インフォマティクス 株式会社)	2003年9月25日(木) 10時00分～17時00分	科学技術振興事業団 住宅棟1階会議室	無料

テキストからの情報抽出

題	講師	日時	場所	受講料
<u>テキストからの情報抽出技術の必要性と開発動向の紹介</u>	高木 利久 (東京大学大学院 新領域創成科学 研究科)	2003年9月26日(金) 10時00分～11時00分	科学技術振興事業団 住宅棟1階会議室	無料
<u>具体的な抽出技術の解説</u>	小池 麻子 (東京大学大学院 情報理工学系研 究科)	2003年9月26日(金) 11時00分～16時00分	科学技術振興事業団 住宅棟1階会議室	無料

生命のシステムの理解(シミュレーション)

題	講師	日時	場所	受講料
システム同定の現在(概日時計の分子機構の解明)	上田 泰己 (東京大学)	2003 年 1 月 22 日(水) 10 時 00 分～12 時 00 分	科学技術振興事業団 住宅棟1階会議室	無料
シグナル伝達経路のシステム解析	黒田 真也 (東京大学)	2003 年 1 月 22 日(水) 13 時 30 分～17 時 00 分	科学技術振興事業団 住宅棟1階会議室	無料

オーソログ同定とパスウェイ解析				
題	講師	日時	場所	受講料
オーソログ同定	内山 郁夫 (岡崎国立共同研究機構)	2002 年 11 月 20 日(水) 10 時 30 分～12 時 00 分	科学技術振興事業団 東京本部 住宅棟1F 会議室	無料
パスウェイ解析	五斗 進 (京都大学化学研究所)	2002 年 11 月 20 日(水) 13 時 30 分～15 時 00 分	科学技術振興事業団 東京本部 住宅棟1F 会議室	無料
「オーソログ同定」と「パスウェイ解析」	内山郁夫、五斗 進 (岡崎国立共同研究機構、京都大学化学研究所)	2002 年 11 月 20 日(水) 15 時 00 分～17 時 00 分	科学技術振興事業団 東京本部 住宅棟1F 会議室	無料

ゲノムアノテーション				
題	講師	日時	場所	受講料
「ヒトゲノム配列の読解術:遺伝子の発見とその周辺」1 日目	矢田哲士、伊藤 武彦 (東京大学、株式会社三菱総合研究所)	2002 年 9 月 18 日(水) 13 時 30 分～17 時 00 分	科学技術振興事業団東京本部 住宅棟1F 会議室	無料
「ヒトゲノム配列の読解術:遺伝子の発見とその周辺」2 日目	矢田哲士、野口 英樹 (東京大学、理化学研究所)	2002 年 9 月 18 日(水) 13 時 30 分～17 時 00 分	科学技術振興事業団東京本部 住宅棟1F 会議室	無料

バイオインフォマティクス入門				
題	講師	日時	場所	受講料
「perl 入門とデータベース検索サービス構築法入門」1 日目	佐藤 賢二 (北陸先端科学技術大学院大学)	2002 年 8 月 8 日(木) 13 時 30 分～17 時 00 分	科学技術振興事業団東京本部 住宅棟1F 会議室	無料
「perl 入門とデータベース検索サービス構築法入門」2 日目	佐藤 賢二 (北陸先端科学技術大学院大学)	2002 年 8 月 9 日(金) 10 時 00 分～17 時 00 分	科学技術振興事業団東京本部 住宅棟1F 会議室	無料

バイオインフォマティクス技術と、バイオインフォマティクスを用いた研究成果の特許による保護について				
題	講師	日時	場所	受講料
バイオインフォマティクス特許	香島 拓也 (酒井国際特許事務所)	2002 年 6 月 26 日(水) 13 時 30 分～15 時 00 分	科学技術振興事業団東京本部 住宅棟1F 会議室	無料
バイオインフォマティクスを用いた研	田坂 一朗	2002 年 6 月 26 日(水)	科学技術振興事業団東	無料

研究成果の特許による保護	(酒井国際特許事務所)	15 時 30 分～16 時 30 分	京本部 住宅棟1F 会議室	
--------------	-------------	---------------------	---------------	--

アレイ・インフォマティクス(遺伝子発現解析)				
題	講師	日時	場所	受講料
アレイ設計・作成のための情報処理	久原 哲 (九州大学農学研究院遺伝子資源工学部門遺伝子制御学講座)	2002 年 5 月 9 日(木) 13 時 00 分～16 時 00 分	科学技術振興事業団東京本部 住宅棟1階会議室	無料
発現プロファイル解析 薬理ゲノミクス	田中 利男 (三重大学医学部医学科薬理学講座)	2002 年 5 月 10 日(金) 13 時 00 分～15 時 00 分	科学技術振興事業団東京本部 住宅棟1階会議室	無料
発現情報の診断への応用	角田 達彦 (理化学研究所遺伝子多型研究センター遺伝子多型情報解析研究チーム)	2002 年 5 月 10 日(金) 15 時 00 分～17 時 00 分	科学技術振興事業団東京本部 住宅棟1階会議室	無料

多型解析と疾患遺伝子同定				
題	講師	日時	場所	受講料
連鎖解析「罹患同胞対連鎖解析および連鎖不平衡解析の実際」	井ノ上 逸朗 (東京大学医科学研究所 ゲノム情報応用診断部門)	2002 年 3 月 9 日(土) 13 時 00 分～17 時 00 分	東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター3階 講習室	無料
「QTL 解析」	松本 耕三 (徳島大学医学部)	2002 年 3 月 12 日(火) 13 時 00 分～17 時 00 分	東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター3階 講習室	無料
多型(SNP、マイクロサテライト)解析「ゲノムワイド遺伝的相関解析の実際」	田宮 元 (東海大学分子生命科学)	2002 年 3 月 15 日(金) 13 時 00 分～17 時 00 分	東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター3階 講習室	無料

cDNA 解析・EST 解析				
題	講師	日時	場所	受講料
「ゲノムへのマッピング」	森下 真一 (東京大学大学院新領域創成科学研究科)	2001 年 11 月 20 日(火) 10 時 10 分～15 時 00 分	東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター3階 講習室	無料
「EST クラスタリング、配列解析」	鈴木 穰 (東京大学医科学研究所)	2001 年 11 月 22 日(木) 10 時 00 分～15 時 00 分	東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター3階 講習室	無料

遺伝子機能予測				
題	講師	日時	場所	受講料

「 <u>ホモロジー検索</u> 」	藤 博幸 (生物分子工学研 究所(BERI)情報 解析研究部門)	2001 年 11 月 10 日(土) 10 時 10 分～15 時 00 分	東京大学医科学研究所 <u>ヒトゲノム解析センター</u> <u>3階 講習室</u>	無料
「 <u>モチーフ検索</u> 」	小池 麻子 (東京大学医科学 研究所)	2001 年 11 月 16 日(金) 10 時 00 分～15 時 00 分	東京大学医科学研究所 <u>ヒトゲノム解析センター</u> <u>3階 講習室</u>	無料
「 <u>ホモロジー以外の機能予測</u> 」(局在 予測、膜タンパク質解析、立体構造 予測)	諏訪 牧子 (産業技術総合研 究所生命情報科 学研究センター)	2001 年 11 月 21 日(水) 10 時 00 分～15 時 00 分	東京大学医科学研究所 <u>ヒトゲノム解析センター</u> <u>3階 講習室</u>	無料

資料3 研究成果情報発信

1. 公開されている成果プログラムおよびデータベース等

(1) 生命情報データベース高度化・標準化

①高度化第I期 研究開発課題（研究開発期間：平成13年～17年度）

i) 代表研究者：金久 實

KEGG BRITE : <http://www.genome.jp/kegg/brite.html>

ii) 代表研究者：菅原秀明

国立遺伝学研究所 JST-BIRD ポータルサイト : <http://www.jst-bird.nig.ac.jp/>

GIB (Genome Information Broker) : <http://gib.genes.nig.ac.jp/>

G-InforBIO : <http://www.wdcm.org/inforbio/G-InforBIO/download.html>

OASYS : <http://althea.ddbj.nig.ac.jp/index.jsp>

Gene Trek in Prokaryote Space (GTPS) : <http://gtps.ddbj.nig.ac.jp/>

DDBJ-XML : <http://gtps.ddbj.nig.ac.jp/>

GTOP : <http://spock.genes.nig.ac.jp/~genome/gtop.html>

国際公共遺伝子発現データベース CIBEX : <http://cibex.nig.ac.jp/index.jsp>

BioSimulated DataBase (BSD) : http://bsd.genes.nig.ac.jp/bsd_web/Top.jsp

iii) 代表研究者：高木利久

INOH データ : <http://www.inoh.org/download.html>

INOH クライアント : http://www.inoh.org/Web_Installers/install.htm

Ontology Viewer : <http://www.inoh.org/ontology-viewer/>

オントロジーデータ : <http://www.inoh.org/download.html>

iv) 代表研究者：中村春木

PDBj ホームページ : <http://www.pdbj.org/>

RCSB-PDB データ閲覧サイト : <http://pdb.protein.osaka-u.ac.jp/pdb/>

xPSSS ブラウザサイト : <http://www.pdbj.org/xpsss/>

PDBj 登録サーバ : <http://www.pdbj.org/deposit.html>

BMRB ミラーサーバ : <http://bmrbl.protein.osaka-u.ac.jp>

BMRB データ登録日本語ウェブマニュアル :

http://bmrbldep.protein.osaka-u.ac.jp/manual_top.html

蛋白質分子表面形状と物性・機能データベース eF-site : <http://ef-site.hgc.jp/eF-site/>

蛋白質分子表面計算サーバ eF-surf : <http://ef-site.hgc.jp/eF-surf/>

蛋白質類似分子表面検索サーバ eF-seek : <http://ef-site.hgc.jp/eF-seek>

分子グラフィックス・プログラム jV (PDBjViewer) :

<http://pdbj.protein.osaka-u.ac.jp/PDBjViewer/>

蛋白質ダイナミクス・データベース ProMode : <http://promode.socs.waseda.ac.jp/>

蛋白質立体構造比較ツール ASH : <http://timpani.genome.ad.jp/~ash/>

教育用蛋白質構造百科事典 eProtS :

http://eprotS.protein.osaka-u.ac.jp/eProtS/Top_e.jsp(英語版)

<http://eprotS.protein.osaka-u.ac.jp/eProtS/Top.jsp> (日本語版)

蛋白質機能情報抽出支援システム PROFESS : 未公開

平成 17 年度終了「生命情報データベース高度化・標準化」研究開発課題 事後評価報告書」によれば平成 13 年度から平成 17 年度終了時までの 5 年間に公開されているデータベースの主要なホームページは以下の通りである。

<http://www.genome.jp/kegg/brite.html>

<http://www.jst-bird.nig.ac.jp/>

<http://www.inoh.org/>

<http://www.pdbj.org/>

(2) 創造的な生物・情報知識融合型の研究開発

① 平成 13 年度採択 新規研究開発課題(研究開発期間:平成 13 年 10 月～平成 16 年 9 月)

i) 代表研究者: 伊藤隆司

Enhanced Annotator for Saccharomyces Transcriptome (EAST)

<http://itolab.cb.k.u-yokyo.ac.jp/BIRD/GATC-PCR/>

出芽酵母トランスクリプトームデータの解釈を支援するシステム。

ii) 代表研究者: 大浪修一

DBRF-MEGN method

<http://www.so.bio.keio.ac.jp/dbrf-megn/>

遺伝子機能の欠失株の遺伝子発現量データから符号付有向グラフで表現される遺伝子機能制御ネットワークを導出するアルゴリズムを実装したソフトウェア。

Cell Division Pattern Data

<http://www.so.bio.keio.ac.jp/pattern/>

RNAi により遺伝子の機能を阻害した *C.elegans* 初期胚の 24 細胞期までの細胞分裂パターンの測定データ閲覧。

iii) 代表研究者：岸野洋久 共同研究者：Dr.Jeffery Thorne(ノースカロライナ州立大学)
Multidivtime

<http://statgen.ncsu.edu/throne/multidivtime.html>

マルコフ連鎖モンテカルロ法に基づき、分子進化の速度と分岐年代を推定するプログラム。

(代表研究者：岸野洋久 共同研究者：和田康彦 (佐賀大学))

マウスゲノムの重複領域データベース。

<http://genome.ag.saga-u.ac.jp/genome/duplicate/index.html>

Mouse Genome Database と Genbank をもとにマウスゲノム上の 27 箇所 の重複領域を推定し、それらの領域に存在する 129 個の遺伝子についてデータベース化。

iv) 代表研究者：森下真一

Saccharomyces Cervisiae Morphological Database (SCMD)

<http://yeast.gi.k.u-tokyo.ac.jp/>

出芽酵母をモデル生物として、非必須遺伝子の破壊が形態におよぼす影響を定量的に計測した情報を公開したデータベースサーバー。

v) 代表研究者：矢田哲士

HAL (Human genome Annotation Library)

<http://hal.genome.ist.i.kyoto-u.ac.jp/>

ヒトゲノムに潜む未知のタンパク質遺伝子の情報を提供するデータベース

(代表研究者：矢田哲士)

ALN

http://www.genome.ist.i.kyoto-u.ac.jp/~aln_user/ALN/top.html

2 つのタンパク質アミノ酸配列、核酸塩基配列の間の大域的、半大域的、または局所的な最良アラインメントを求めるソフトウェア。

(代表研究者：矢田哲士 共同研究者：十時泰 (理化学研究所))

DIGIT

<http://digit.gsc.riken.go.jp>

複数の遺伝子発見プログラムの解析結果を組み合わせで遺伝子を発見するソフトウェア。

PHINAL

<http://phinal.gsc.riken.go.jp>

ゲノム比較による遺伝子発見プログラム。

② 平成 16 年度採択 継続研究開発課題（研究開発期間：平成 16 年 10 月～平成 18 年 9 月）

i) 代表研究者：伊藤隆司

Enhanced Annotator for Saccharomyces Transcriptome (EAST)

<http://itolab.cb.k.u-tokyo.ac.jp/BIRD/GATC-PCR/html>

出芽酵母トランスクリプトームデータの解釈を支援するシステム。今回は、ART をクラスタリンなどの既存手法と連携させて、より複雑な解析を行う機能や、SAF/EPF ツールなどを追加開発した。また、システムで用いるアノテーションデータベースの充実を図っている。

SDSSPrimer

<http://itolab.cb.k.u-tokyo.ac.jp/GATC/SDSSPrimer.html>

独自の SDSS アルゴリズムに基づいて高性能の PCR プライマーの設計を行うプログラム。GATC-PCR や RACE など特異性が 1 本のプライマーに依存するアプリケーションで特に有効。

ii) 代表研究者：森下 真一

Saccharomyces Cerevisiae Morphological Database (SCMD)

<http://yeast.gi.k.u-tokyo.ac.jp/>

出芽酵母をモデル生物として、非必須遺伝子の破壊が形態におよぼす影響を定量的に計測した情報を公開したデータベースサーバー。4,784 個の非必須遺伝子破壊株の細胞壁・核・アクチンを染色し、同じ角度から顕微鏡画像を撮影し、細胞壁の形態変化、核分裂の異常、アクチン分布の異常を計測。91,271 枚の顕微鏡画像から、1,899,247 個の細胞を抽出しているため、実験誤差の影響を抑え、有意に変化している形態パラメーターを同定できる。非必須遺伝子の破壊がもたらす「変異体」の概念を確立することに成功している。

CalMorph

<http://scmd.gi.k.u-tokyo.ac.jp/datamine/calmorph/>

出芽酵母をモデル生物として、非必須遺伝子の破壊が形態におよぼす影響を定量的に計測するソフトウェア。SCMD の画像処理に使われているプログラムを、個々の計算機で利用可能にした。

iii) 代表研究者：矢田哲士

HAL (Human genome Annotation Library)

<http://hal.genome.ist.i.kyoto-u.ac.jp>

ヒトゲノムに潜む未知のタンパク質遺伝子の情報を提供するデータベースである。HAL は、NCBI が提供する最新のヒトゲノムデータに合わせて更新され、タンパク質遺伝子のゲノム上での位置や構造に加え、GC 含量、CpG アイランド、反復配列、マーカーなどの情報がグラフィカルに表示される。また、それらの一次情報へのリンクも豊富に用意され、さらに、NCB や Sanger 研究所で行われている遺伝子発見プロジェクトの様子を併せてブラウズすることができる。HAL は、アノテーションデータの GFF ファイルを用意すれば、簡単にその情報を取り込むことができ、今後のアノテーション情報の増加やユーザ独自のアノテーション情報の追加に容易に対応することができる。

代表研究者：矢田哲士 共同研究者：後藤修（京都大学）

Aln

http://www.genome.ist.i.kyoto-u.ac.jp/~aln_user/ALN/top.html

2 つのタンパク質アミノ酸配列、核酸塩基配列の間の大域的、半大域的、または局所的な最良アラインメントを求めるソフトウェア。塩基配列とアミノ酸配列の間のアラインメントも可能。片方がゲノム DNA 配列の場合、スプライシングを伴うアラインメントを行う。結果として、ゲノム上の翻訳エクソンを予測することが可能となる。

代表研究者：矢田哲士 共同研究者：十時泰（理化学研究所）

DIGIT

<http://digit.gsc.riken.go.jp>

複数の遺伝子発見プログラムの解析結果を組み合わせる遺伝子発見ソフトウェア。ひとつの遺伝子発見プログラムが検出したエクソンより、幾つかの遺伝子発見プログラムが同時に検出したエクソンを尤もらしいと考える。DIGIT のモデルパラメータは、ヒトの *ab initio* 遺伝子発見プログラムを組み合わせるために最適化されている。DIGIT は、感度を犠牲にすることなく、偽陽性を大きく低減することに成功している。

代表研究者：矢田哲士 共同研究者：野口英樹（東京大学）

PHINAL

<http://phinal.gsc.riken.go.jp>

ゲノム比較による遺伝子発見プログラム Phinal(Phase-INdexeD ALignment)は、まず、ヒトゲノムとマウスゲノムのシンテニー領域の配列をアラインメントし、続いて、アラインメントで浮かび上がった保存領域から遺伝子の領域を取り出す。アラインメントでは、コドンの 3 文字目の置換が蓄積されやすいことを利用して、できるだけオルソログなコード領域がアラインされるように工夫している。また、遺伝子領域の取り出しでは、新しい指標として、コード領域のアラインメントと非コード領域のアラインメントに観察されるギャップの入り方の違いに着目している。</dd>

代表研究者：矢田哲士 共同研究者：榊原康文（慶応義塾大学）

PSTAG

<http://pstag.dna.bio.keio.ac.jp/>

PSTAG(POair Stochastic Tree Adjoining Grammars)は、2次構造が既知のRNA配列が与えられたときに、2次構造が決定されていないRNA配列をこの既知の構造にアラインメントすることにより2次構造を予測するプログラム。RNAの機能予測とゲノム上での発見においては、その2次構造とともにシュードノット構造を考慮することが正確な予測には不可欠となる。木接合文法と呼ばれる形式文法をペア確率文法に拡張することにより、シュードノット構造も考慮した構造的アラインメントを行うことができる。

③ 平成17年度採択 新規研究開発課題（研究開発期間：平成17年10月～平成20年9月

i) 代表研究者：内山郁夫

・MBGD (<http://mbgd.genome.ad.jp/>)

利用者が生物種を選んでオーソログ解析を行える機能を持った微生物比較ゲノムデータベース。

・DomClust (<http://mbgd.genome.ad.jp/domclust/>)

ゲノム中の遺伝子間の総当たりのホモロジー検索結果を用いて、独自に開発された階層的クラスタリングアルゴリズムによって、ドメイン単位のオーソロググループを作成するプログラム。

・MyMBGD (<http://mbgd.genome.ad.jp/MyMBGD/>)

公開ゲノムデータに利用者のゲノムを加えた上でオーソログテーブルを作成し、MBGDのインターフェイスを通して比較解析を行えるようにするシステム。

・CGAT (<http://mbgd.genome.ad.jp/CGAT/>)

近縁ゲノム間のアライメントに基づく比較ゲノム解析ツール。アライメントの計算やデータの管理を行うサーバと、ドットプロットとアライメント表示とを組み合わせたビューアとから構成され、特にゲノム上の繰り返し構造とゲノム多型との関連を詳細に調べるのに適している。スタンドアローンのプログラムとして配布しているほか、ビューアはMBGDの機能の一部としても利用可能。

・CoreAligner (<http://mbgd.genome.ad.jp/CoreAligner/>)

類縁ゲノム間の遺伝子の並び順の保存性に基づいてコア構造を構築するプログラム。MBGDのクラスタリング結果とMBGDからダウンロードしたゲノムデータを入力として

実行する。

・ RECOG (<http://mbgd.genome.ad.jp/RECOG/>)

MBGD を発展させて作成された比較ゲノムワークベンチ。クライアント・サーバ型ソフトウェアとして動作する。基本的な使い方は MBGD と同様に、生物種を選択してオーソログクラスタリングを実行して、その結果を基にして様々な比較解析を行う、というものであるが、系統パターンマップの全体像の表示、内群・外群を指定したオーソログクラスタリング(DomClust)の実行と表示、コア構造プログラム(CoreAligner)の実行と表示などの解析機能を含んでいる。公開ゲノムデータに利用者のゲノムを加えた上でオーソログテーブルを作成し、MBGD のインターフェイスを通して比較解析を行えるようにするシステム。

ii) 代表研究者：太田元規

・ EzCatDB (<http://mbs.cbrc.jp/EzCatDB/>)

酵素反応の触媒機構を階層的に分類する新しい枠組み (RLCP) を導入し、立体構造が解かれている酵素を分類したデータベース。現在、706 のエントリーが登録され、欧州バイオインフォマティクス研究所 (EBI)、ケンブリッジ大学の酵素関連データベース (Catalytic Site Atlas, MACiE)、大阪大学蛋白質研究所の PDBj と相互リンクを行っている。

・ POODLE (Prediction Of Order and Disorder by machine Learning)
(<http://mbs.cbrc.jp/poodle/>)

配列的特徴の異なる 3 種類 (配列全体、30 残基程度、数残基程度) の長さのディスオーダーについて、各々に最適な機械学習法を用いて予測を行うプログラム。世界的に権威のある CASP コンテストで高い評価を得ている。

・ classPPI (<http://pre-s.protein.osaka-u.ac.jp/~classppi>)

PDB に登録されているホモタンパク質の相互作用部位のデータベース。SCOP での分類を利用し、冗長性を除いた 737 個のエントリーが登録されている。相補性の解析結果を閲覧することができる。

・ piSite (<http://pisite.hgc.jp>)

タンパク質立体構造データベース PDB を利用して、タンパク質複合体の相互作用部位を網羅的に集めたデータベース。相互作用部位を集める際に、異なる複数のタンパク質と相互作用出来るタンパク質の相互作用部位を同時に考慮している点が特徴。また副産物として、多くの異なるタンパク質と一時的な相互作用することが出来る Sociable protein のリストも提供している。110,325 タンパク質鎖が登録されている。

・ PreBI (<http://pre-s.protein.osaka-u.ac.jp/~prebi>)

タンパク質複合体の立体構造を X 線結晶構造解析で決定した際には、タンパク質間相互作用面として、結晶学的な相互作用面と生物学的な相互作用面が存在する。これまでその決定は、個別に総合的な判断により決定されてきたが、**PreBI** では相互作用面の物理化学的な性質の相補性を利用して、生物学的な相互作用面を手助けする **Web** サーバ。

iii) 代表研究者：塩田浩平

・ ヒト胚 3 次元データベース (http://mrlab.frsc.tsukuba.ac.jp/human_embryos/)

予備的なデータベースの内容を公開している。

iv) 代表研究者：白井剛

・ **SIRD** (<http://sird.nagahama-i-bio.ac.jp/sird/>)

自動で PDB の構造と相互作用の情報を分類するプログラム群 **SIRDp** (processor) とユーザーインタフェースとウェブサイト兼ねる **SIRDi** (interface) からなる。**SIRDi** は HP 形式で利用できるほか、ユーザーがローカルに **GUI** としても用いる。本研究開発のモデリングツールは **SIRD** データベースをモデリングテンプレートとして利用する。最新版 080909 は 309,286 エントリーの情報を含む。

・ **BIOMOL** (<http://sird.nagahama-i-bio.ac.jp/sird/> の 3. SIRD modeling - 3. 1: Make quaternary complex より Web ツールとして利用可能)

BIOMOL は PDB 形式の結晶構造(非対称単位原子座標が含まれる)を元に、生理学的な複合体構造(4 次構造)を推定するツール。**BIOMOL** はデフォルト内部パラメータで自動推定を行えるほか、ユーザー指定のパラメータ/モードで 4 次構造推定ができる。

・ **EXT** (<http://sird.nagahama-i-bio.ac.jp/sird/> の 3. SIRD modeling - 3. 1: Make complex より Web ツールとして利用可能)

SIRD を利用し、クエリ構造と類似した既知タンパク質と相互作用する分子をクエリ構造に重ね合わせて示すプログラム。モデリングのテンプレートを提供する。相互作用する分子として i) タンパク質ドメイン、ii) 非タンパク質分子(DNA/RNA/糖鎖などのポリマー、低分子化合物)、iii) 両方を選択可能である。類似した位置に存在する類似した分子のクラスタリングにより代表モデルを選ぶ機能がある。

・ **CMP** (<http://sird.nagahama-i-bio.ac.jp/sird/> の 3. SIRD modeling - 3. 2: Assemble complex より Web ツールとして利用可能)

PDB フォーマットの分子座標ファイルを 2 つ与えると、重ね合わせ可能な分子(タンパク質、ペプチド、DNA、RNA、糖鎖などのポリマー、および低分子リガンドを含む)を検索し、それらを重ね合わせることによって複合体分子モデルを構築する。

v) 代表研究者：宮川剛

・ Mouse Phenotype Database (<https://behav.hmro.med.kyoto-u.ac.jp/>)

網羅的行動テストバッテリーによる遺伝子改変マウスの解析データを閲覧検索することが出来る。データは改変した遺伝子についての情報と、全ての個体について生データが登録されており、マウスの系統は合計 20 系統、匹数にして 1539 匹分のデータが登録されている。(平成 20 年 10 月 24 日現在)

2. 外部発表件数*¹

(1) 生命情報データベース高度化・標準化

① 平成 13 年度採択高度化第 I 期 研究開発課題（研究開発期間：平成 13 年～17 年度）

	国内	国外	計
論文* ²	24	112	136
招待・口頭講演	121	133	254
ポスター発表	196	37	233
合計	341	282	623

(2) 創造的な生物・情報知識融合型の研究開発

① 平成 13 年度採択 新規研究開発課題（研究開発期間：平成 13 年 10 月～平成 16 年 9 月）

	国内	国外	計
論文* ²	4	105	109
招待・口頭講演	79	45	124
ポスター発表	115	37	152
合計	198	187	385

② 平成 16 年度採択 継続研究開発課題（研究開発期間：平成 16 年 10 月～平成 18 年 9 月）

	国内	国外	計
論文* ²	0	48	48
招待・口頭講演	18	14	32
ポスター発表	39	24	63
合計	57	86	143

③ 平成 17 年度採択 新規研究開発課題（研究開発期間：平成 17 年 10 月～平成 20 年 9 月）

	国内	国外	計
論文* ²	51	154	205
招待・口頭講演	98	21	119
ポスター発表	184	50	234
合計	333	225	558

* 1：件数は各代表研究者が研究開発終了報告書に記したデータを採用した。

* 2：論文は原著論文のみで印刷中のものは含むが、投稿中のものは含まない。

3. 特許出願

(1) 生命情報データベース高度化・標準化

高度化第Ⅰ期 研究開発課題（研究開発期間：平成13年～17年度）

記載なし

(2) 創造的な生物・情報知識融合型の研究開発

①平成13年度採択 新規研究開発課題（研究開発期間：平成13年10月～平成16年9月）

i) 国内3件

・発明者：大浪修一、濱橋秀互「核領域認識における結合核領域の切断方法」

（特開2004-350508）

・発明者：伊藤啓、島田尚「画像からの対象物検出方法」（特開2003-409873）

・発明者：大浪修一、京田耕司「遺伝子ネットワークからの推定方法および推定プログラム」（特願2004-153739）

ii) 外国1件

・発明者：伊藤啓、島田尚「画像からの対象物検出方法及び対象物検出装置」

（PCT/JP2004/18024）

②平成16年度採択 継続研究開発課題（研究開発期間：平成16年10月～平成18年9月）

：記載なし

③平成17年度採択 新規研究開発課題（研究開発期間：平成17年10月～平成20年9月）

i) 国内3件

・発明者：川戸佳、釣木沢朋和、田辺伸聡「化学物質のステロイドホルモン様作用を形態学的手法を用いて検出する方法」（特願2005-102311）

・発明者：川戸佳、三橋賢司「線状の形態を有する細胞等を解析する方法及び神経細胞解析方法ならびにそれら方法を実行する装置及びプログラム」（特願2005-359828）

・発明者：大竹陽介、巨瀬勝美、拝師智之「磁気共鳴撮像装置および撮像方法」（特開2007-209658）

ii) 国際1件

・発明者：川戸佳、三橋賢司「線状の形態を有する細胞等を解析する方法及び神経細胞解析方法ならびにそれら方法を実行する装置及びプログラム」（PCT/JP2006/322537）

4. 研究開発成果報告会

(1) 第1回 研究開発成果報告会

情報科学と生物科学の融合による知識発見への挑戦

日時 2005 年 1 月 27 日 (木) 13:00~17:50 <開催済>

場所 日本科学未来館 7 階 みらい CAN ホール

主催 独立行政法人 科学技術振興機構 (JST)

参加費 無料

開会挨拶

科学技術振興機構バイオインフォマティクス推進センターの事業として平成 13 年 10 月より開始した研究開発課題が当初の研究期間 (3 年) を終了するにあたり、研究開発成果報告会を企画しました。科学技術に限らず、生活のあらゆる分野において、必須で多種多様な、大量の情報を得る方法の急速な発展は、21 世紀の科学技術の最も大きな手段になりました。なかでも、複雑多岐にわたる生物現象の解析には、生物化学と情報科学とが解析の両輪であることから、双方のポテンシャルを持つ研究者、研究グループの参加を求め、思考実験にとどまらず、データを収集し、検証していく過程で生物学的、情報科学的発想、問題解決手法がそれぞれに活かされると期待されます。

そこで、双方の分野の専門家が研究課題を決めて、その解決の過程で、新しい生物科学上の発見をもたらすことを期待して、本事業の研究課題を採択しました。今回の成果報告会が、ここでの新しい試みや得られた知見を産業界、学術分野の多くの方々に直接紹介し、交流できる場となれば幸いです。また、バイオインフォマティクスは重要であると認識されるところですが、いかにして我が国の研究活動を高め、多くの成果を得、さらにそれを産業界を含め共有するために望まれる当センターの活動に対する助言も期待するところです。ぜひ会場で直接お声をお聞かせいただければ幸いに存じます。

プログラム

13:00 開会挨拶

勝木元也 JST バイオインフォマティクス推進センター 統括

大学共同利用機関法人 自然科学研究機構 基礎生物学研究所 所長

セッション 1 酵母のインフォマティクス

13:10 「インタラクティブ解析からの生物知識獲得」

伊藤隆司 東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授

13:40 「インタラクティブ解析からの生物知識獲得」

伊藤隆司 東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授

セッション 2 形態形成のインフォマティクス

14:10 「ショウジョウバエ脳神経回路の徹底解析にもとづく感覚情報処理モデルの構築」

伊藤啓 東京大学分子細胞生物学研究所 助教授

14:40 「線虫 *C.elegans* 発生過程のシステム解析」

大浪修一 慶應義塾大学大学院理工学研究科 助教授

15:10~15:25 休憩

15:25 特別講演

「遺伝子情報とバイオインフォマティクス」

松原謙一 (株) DNA チップ研究所 代表取締役

セッション 3 塩基配列・アミノ酸配列のインフォマティクス

16:05 「ゲノム進化とマッピングの階層モデルと解析アルゴリズムの開発」

岸野洋久 東京大学大学院農学生命科学研究科 教授

16:35 「高速計算機システムによる蛋白質フォールディングの研究」

肥後順一 東京薬科大学生命科学部 教授

17:05 「ヒト遺伝子の転写・発現の多様性解明を目指した基盤データベース開発」

矢田哲士 京都大学大学院情報学研究科 助教授

17:35 まとめ

高木利久 JST バイオインフォマティクス推進センター 副統括

東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授

17:45 閉会挨拶

科学技術振興機構

18:00 懇親会 (会費制 : 1,000 円)

(2) 第2回研究開発成果報告会

知識発見への挑戦～ここまでの我が国の生物情報データベースの現状～

日時 2006年3月13日(月) 13:00～16:25 <開催済>

場所 日本科学未来館 7階 みらいCANホール

主催 独立行政法人 科学技術振興機構 (JST)

参加費 無料

開会挨拶

独立行政法人科学技術振興機構(JST)では、情報生物科学(バイオインフォマティクス)の推進、及びそれを基盤とした21世紀の新しい生物科学の創造を目指しています。このために、平成13年にバイオインフォマティクス推進センターを設置し、バイオインフォマティクス推進事業を実施しています。

このたび、本事業の一環である「生命情報データベース高度化・標準化」事業の第I期研究期間が終了するにあたり、研究開発成果報告会を開催することになりました。

「生命情報データベース高度化・標準化」事業では、膨大な生命情報からの、有用知識の発見、実験計画の立案に不可欠なデータベースの構築、及びその高度化を目指した研究を採択しました。これらの研究成果が21世紀のバイオインフォマティクスの先駆けとして発展していくことを期待しています。

私共は本事業を通じて、ライフサイエンスに関わる会社のニーズに応えることが出来るデータベースが構築され、さらに、より高度に統合化されたデータベースから、新しい知識発見ができることを強く希望します。

この機会に皆様からのご意見をお聞かせいただければ幸いです。お誘いあわせのうえ、是非ご参加ください。

プログラム

13:00 開会挨拶

勝木 元也

JST バイオインフォマティクス推進センター 統括

大学共同利用機関法人 自然科学研究機構 基礎生物学研究所 所長)

セッション1

13:10 パスウェイ・データベース

(座長 松原 謙一 (株)DNAチップ研究所 代表取締役)

「シグナルオントロジーとバイオタームバンクの開発」

高木 利久 (東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授)

福田 賢一郎 (産業技術総合研究所生命情報科学研究センター)

「2項関係に基づくゲノムと生命システムの機能解説」

金久 實 (京都大学化学研究所 教授)

14:30～14:45 休憩

セッション2

14:45 国際協力データベース

(座長 吉田 光昭 東京大学 名誉教授)

「ゲノム生物学バックボーンデータベースの構築提供」

菅原 秀明 (国立遺伝学研究所 教授)

「蛋白質立体構造データベースの高度化」

中村 春木 (大阪大学蛋白質研究所 教授)

16:05 まとめ

高木 利久

(JST バイオインフォマティクス推進センター 副統括

東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授)

16:20 閉会挨拶

科学技術振興機構

16:30～17:30 交流会<参加費無料>

(3) 第3回研究開発成果報告会

知識発見への挑戦～多様化するバイオインフォマティクス研究

日時 2006年11月2日(木) 14:00～17:20 <開催済み>

場所 東京コンファレンスセンター・品川

主催 独立行政法人 科学技術振興機構 (JST)

ごあいさつ

近年の急速なバイオテクノロジーの発達や各種ハイスループット技術の導入により、実験作業の効率は飛躍的に向上し、日々膨大な実験データが得られるようになりました。このような膨大で多種多様な生物情報を効率よく整理・解析し、その生物学的・医学的意味を明らかにするためには、バイオインフォマティクス(Bioinformatics)が必要不可欠となっています。

こうした流れのなか、科学技術振興機構はバイオインフォマティクスの発展とそれを基盤とした新しい生物科学の創造をめざして平成13年度にバイオインフォマティクス推進センター

(BIRD)を設置し、生命情報データベースの高度化・標準化やバイオインフォマティクスの創造的な研究開発を支援し、またこれに携わる人材の育成活動を推進するなど様々な事業を展開してきました。

このたび、本事業の一環である「バイオインフォマティクスの創造的研究開発」事業の平成16年度採択継続研究開発課題が終了するに当たり、研究開発成果報告会を開催することになりました。これらの課題は、情報科学と生物科学との融合したアプローチにより、多様な生物情報から生物現象の原理や法則を発見し体系化することをめざした研究として採択しました。この機会に、各課題での新しい試みや得られた知見を多くの方々に直接ご紹介し、皆様のご意見をお聞かせいただければ幸いです。

多くの皆様にぜひご参加いただきたくご案内申し上げます。

バイオインフォマティクス推進センター

プログラム

14:00 開会挨拶

勝木 元也 JST バイオインフォマティクス推進センター 統括
自然科学研究機構 基礎生物学研究所 所長

14:05 「絶対定量オーミックスからの知識発見」

伊藤 隆司 東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授

14:45 「遺伝子破壊株イメージ・マイニング」

森下 真一 東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授

15:25～15:40 休憩

15:40 「ショウジョウバエ脳神経回路の徹底解析にもとづく感覚情報処理モデルの構築」

伊藤 啓 東京大学分子細胞生物学研究所 助教授

16:20 「ヒトゲノムにおける広義の遺伝子発見研究」

矢田 哲士 京都大学大学院情報学研究科 助教授

17:00 まとめ

高木 利久 JST バイオインフォマティクス推進センター 副統括
東京大学大学院新領域創成科学研究科 教授

17:15 閉会挨拶

科学技術振興機構

(4) 第4回 研究開発成果報告会

知識発見への挑戦～進化するバイオインフォマティクス

日時 2008年11月4日(火) 14:45～18:00 <開催済み>

場所 東京コンファレンスセンター・品川

主催 独立行政法人 科学技術振興機構 (JST)

ごあいさつ

生物、医学に関する高度のバイオインフォマティクスやデータベースの構築は、現代の生物学・医学の基盤であるのみならず、創薬をはじめ、実際に応用することで科学技術の発展の基盤になりつつあります。しかし我が国の現状は必ずしも進んでいるとは言えません。

こうした流れのなか、科学技術振興機構はバイオインフォマティクスの発展とそれを基盤とした新しい生物科学の創造をめざし、当時の科学技術会議ライフサイエンス部会の報告を受けて、いち早く平成13年度にバイオインフォマティクス推進センター(BIRD)を設置しました。バイオインフォマティクスの創造的な研究開発や、生命情報データベースの高度化・標準化を支援し、またこれに携わる人材の育成を図るなど様々な事業を展開してきました。

このたび、本事業の一環である「バイオインフォマティクスの創造的研究開発」事業の平成17年度採択研究開発課題が終了するに当たり、研究開発成果報告会を開催することになりました。これらの課題は、情報科学と生物科学との融合したアプローチにより、生物科学情報から生物現象の原理や法則を発見し体系化することをめざした研究として採択されたものです。この機会に、各課題での新しい試みや得られた知見を多くの方々に直接ご紹介するとともに、成果の利用はもちろん、次につながる問題点を議論していただき、今後のバイオインフォマティクスの推進に貢献できればと思います。

多くの皆様にぜひご参加いただきたくご案内申し上げます。

バイオインフォマティクス推進センター

プログラム

14:45～14:50 開会挨拶

勝木 元也 JSTバイオインフォマティクス推進センター 統括
自然科学研究機構基礎生物学研究所 名誉教授

セッション1

神経、脳、形態形成のインフォマティクスとデータベース

座長：吉田 光昭 東京大学 名誉教授

14:50～15:20 脳スライス中で可視化した神経シナプスの自動解析

川戸 佳 東京大学大学院総合文化研究科 教授

15:20～15:50 マウスを用いた脳機能表現型データベースの開発

宮川 剛 京都大学大学院医学研究科先端技術センター グループリーダー

15:50～16:20 ヒト胚の形態発生に関する三次元データベース

塩田 浩平 京都大学大学院医学研究科 教授

16:20～16:30 休憩

セッション2

ゲノム、タンパク質のインフォマティクス

座長：藤山 秋佐夫 情報・システム研究機構 国立情報学研究所 教授

16:30～17:00 大規模な比較ゲノム研究を展開するためのワークベンチの構築

内山 郁夫 自然科学研究機構基礎生物学研究所 助教

17:00～17:30 実践による超分子複合体モデリングシステムの開発

白井 剛 長浜バイオ大学バイオサイエンス学部 教授

17:30～18:00 タンパク質の構造・機能予測法の開発とヒトゲノム配列への適用

太田 元規 名古屋大学大学院情報科学研究科 教授

18:00 閉会挨拶

科学技術振興機構

資料4 GBIF

第1節 GBIF とは

GBIF(Global Biodiversity Information Facility、地球規模生物多様性情報機構)は国家・経済体・国際機関の多国間協約（地球規模生物多様性情報機構（GBIF）了解覚書）に基づく国際的科学協力プロジェクトである。

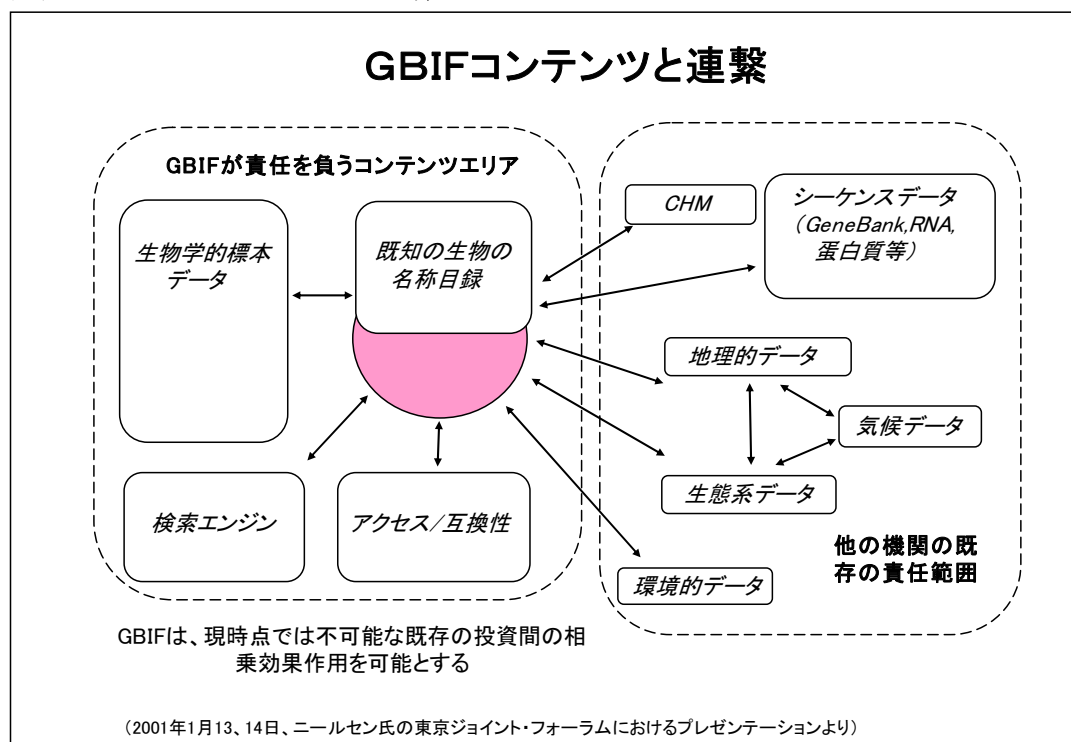
第2節 GBIF の概要

GBIF は、生物多様性に関するデータを各国・各機関で分散的に収集し、ネットワークを通じて全世界的に利用することを目的とする国際協力による科学プロジェクトである。

その活動により、動物、植物、微生物、菌類等広範な生物種、生物標本データから遺伝子配列情報、蛋白質データ、生態系データ等の相互運用、利用が可能になることが期待されている。これら GBIF コンテンツとその連携を図表 4.1 に示した。

2001 年 3 月から正式に活動を開始し、現在までに GBIF 了解覚書に署名し参加している国及び組織・機関としては、投票権を有する参加国（voting participants）と、投票権を有しない国及び組織・機関(Associate participants)[参加国等のリストは後述]とがあり、各代表で理事会が構成されている。

図表 4.1 GBIF コンテンツと連携



第3節 GBIF 設立の背景

- ・生物多様性と生態系の情報の範囲は、膨大で複雑、しかも社会にとって非常に重要である。
- ・しかし、既存の生物多様性と生態系の情報は、機能的にアクセスできず、従って、充分に活用できていない。
- ・近年の技術的進歩と政治的発展によって、生物多様性と生態系の情報科学に、活気に満ちた機会が与えられて来た。

(出典：2001 年 1 月 13,14 日、ニールセン氏の東京ジョイント・フォーラムにおけるプレゼンテーションより)

第4節 GBIF の特徴

- ・生物多様性条約／クリアリングハウス機構および、他の生物多様性情報活動と緊密な関係を持つ、独立の機関である。
- ・参加資格は、あらゆる国、経済共同体、国際機関、生物関連の各種組織等に与えられ、このような提携は地球規模生物多様性情報機構(GBIF)了解覚書への署名で有効となる。
- ・理事会での投票権は、拠出金を納付した国等に対して与えられる。
- ・参加国（機関）は、生物多様性データの共有と加盟国（機関）に GBIF ノードを設置することに同意する。
- ・全体の調整は GBIF 事務局が行なう。
- ・活動の大部分は、参加国（機関）の国内プログラムによって実施される。
- ・事務局は、（１）運営資金と、（２）GBIF 作業プログラムを取りまとめる資金を有す。

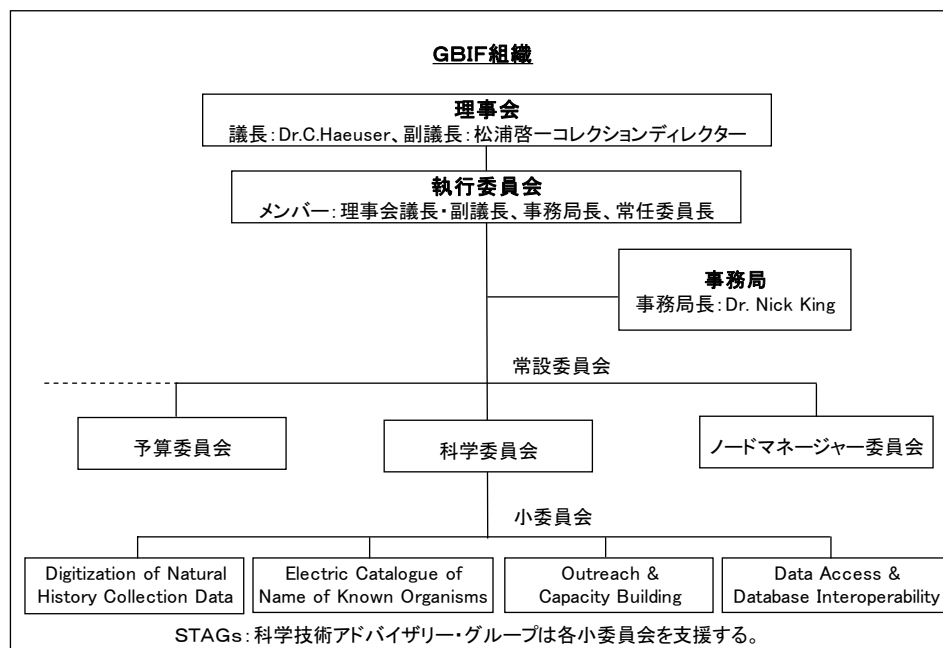
(出典：2001 年 1 月 13,14 日、ニールセン氏の東京ジョイント・フォーラムにおけるプレゼンテーションより、2 および 3 項目を一部更新・追加し転載)

第5節 GBIF 組織

1. GBIF 組織

活動の拠点となる事務局はデンマークのコペンハーゲンに置かれ、運営のための組織として理事会(Governing Board)の下に、予算委員会(Budget Committee)、科学委員会(Science Committee)、ノードマネージャー委員会(NODES Committee)等が設置されている。図表 4.2 に GBIF 組織を示した。

図表 4.2 GBIF 組織



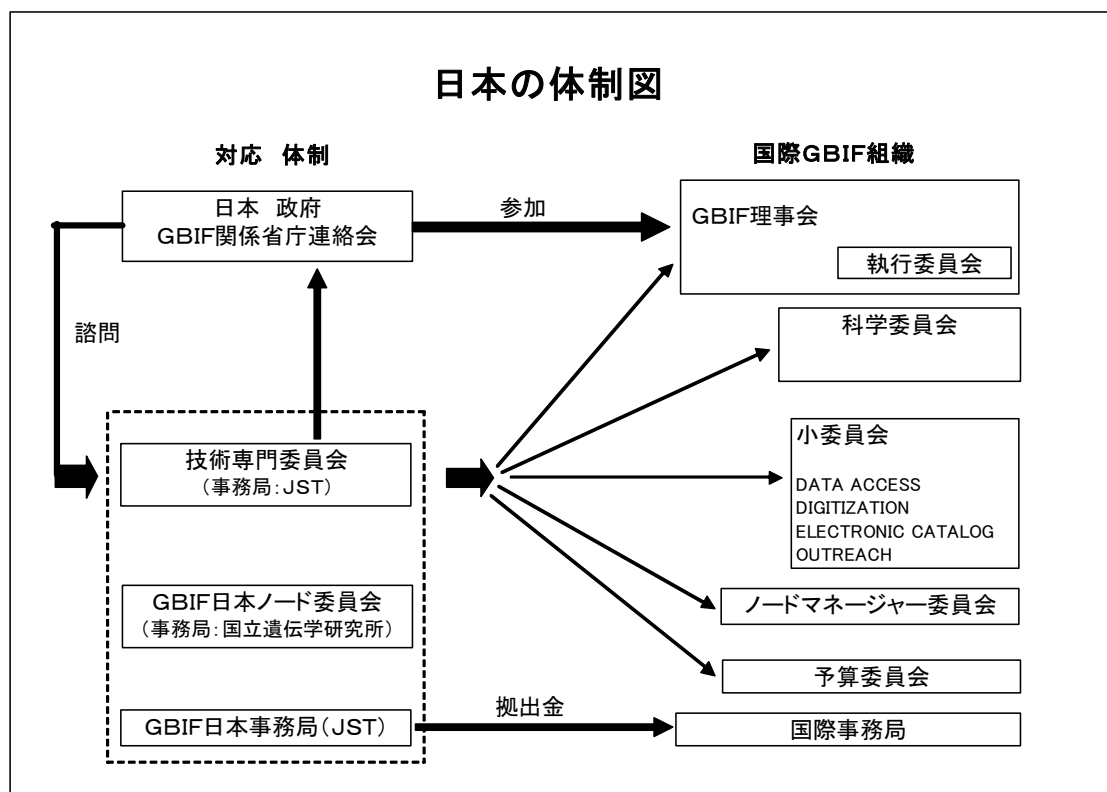
2. GBIF 日本の体制

・日本国内での GBIF の活動は、多数の省庁、機関の業務に関わる。このため、GBIF の運営、活動に係る諸問題の連絡・調整を図るため、「GBIF 関係省庁連絡会」が設置されており、体外的な窓口は外務省が務めている。図表 4.3 に日本の体制図を示した。

・また、GBIF の活動及びこれに関連する重要な事項について、専門家が科学的見地から調査・審議を行い、意見を述べる組織として「GBIF 技術専門委員会」が設置されており、文部科学省からの要請に基づき、科学技術振興機構がその事務局を務めている。

・GBIF の活動の基盤となる資金を確保するため、加盟国の GDP に応じた分担金を拠出することが定められており、わが国も定められた分担金を拠出している。

図表 4.3 日本の体制図



第6節 GBIFの活動と歴史

1. GBIFの活動と歴史(国内活動と経緯)

GBIFの日本国内における活動と経緯を下記にまとめた。

[1999. 6]	OECD 閣僚級科学技術政策委員会 GBIF 設立を承認
[1999. 9-2000. 12]	第1回～第4回 GBIF ISC(暫定運営委員会)に参加。
[2000. 6-2000. 12]	日本の対応と方向性検討のため、ワーキング・グループ4回と拡大ワーキング・グループ2回開催(JSTが事務局)。
[2001. 2]	関係省庁連絡会設置
[2001. 02]	日本政府 地球規模生物多様性情報機構(GBIF)了解覚書に調印。
[2001. 03. 01]	GBIF(International)設立。
[2001. 03]	国内における生物多様性データベースの現状に関するアンケート調査を実施。技術専門委員会設置。
[2001. 03. 27]	生物多様性に関する国家戦略策定。
[2001. 04]	GBIF 関係予算を(旧)科学技術振興事業団(JST)に認可。
[2001. 06. 06]	第3回技術専門委員会開催。GBIF アンケート調査結果報告。 (国内における生物多様性データベースの現状に関するアンケート調査)
[2002. 03. 20]	筑波大学 伊藤希氏が第1回 Ebbe Nielsen 賞を受賞。
[2002. 03. 31]	平成13年度生物多様性データベース構築フィジビリティースタディ完了。H13年度FS報告書
[2002. 06]	科学分科会を設置。
[2003. 01]	平成14年度生物多様性データベース構築中間発表。
*発表資料	
・菌類・地衣類データベース構築	
・植物多様性情報データベースの開発・構築	
[2003. 10]	第7回理事会と併せてジョイントフォーラム「生物多様性情報に関する国際会議」をエポカルつくばで開催。 国内海外から生物学、分類学、情報学、生態学、自然史学などの研究者が多数参加した。
[2004. 04]	GBIF 日本ノードを国立遺伝学研究所に設置

2. GBIF の活動と歴史(国際的活動と経緯)

GBIF の国際社会における活動と経緯を下記にまとめた。

[1998 末]	OECD メガサイエンスフォーラムのバイオロジカル・インフォマティクスで GBIF 構想が取りまとめられた。
[1999. 03]	アドホック・ミーティング * GBIF を OECD の閣僚級科学技術政策委員会へ提案することを決定。 * IMPLEMENTING AGREEMENT (IA 案) 提案。 * 拠出金(案)提案。
[1999. 06]	OECD の閣僚級科学技術政策委員会 GBIF を承認。
[1999. 09～2000. 12]	第 1 回～第 4 回暫定ステアリング・コミッティ * ビジネスプラン(案)提案 * IMPLEMENTING AGREEMENT (IA 案) → MEMORANDUM OF UNDERSTANDING (MOU 案) * 事務局候補国募集
[2001. 03]	第 1 回 GBIF 理事会(カナダ : モントリオール) : The First meeting of GBIF Governing Board (理事会) * 理事会議長・副議長選出 * 科学委員会、予算委員会設置
[2001. 06]	第 2 回 GBIF 理事会(ドイツ : ボン) : The 2nd meeting of GBIF Governing Board * 事務局設置場所決定 : デンマーク * 科学委員会、予算委員会の議長・副議長決定 * 科学小委員会設置 * Ebbe Nielsen 賞 (ニールセン賞) 設立
[2001. 09]	第 3 回 GBIF 理事会(フランス : パリ) : The 3rd meeting of GBIF Governing Board * 事務局長任命 * 4 科学小委員会の議長選出
[2002. 03]	第 4 回 GBIF 理事会(オーストラリア : キャンベラ) : The 4th meeting of GBIF Governing Board * Node Managers 委員会設置(常設委員会) * STAGs (Scientific and Technological Advisory Group) の予算枠決定と活動促進 * 「理事会手続き規則」承認 * 第 1 回 Ebbe Nielsen 賞表彰
[2002. 10]	第 5 回 GBIF 理事会(コスタリカ : サンホセ) : The 5th meeting of GBIF Governing Board * 第 7 回 GBIF 理事会の日本開催を承認 * Node Managers 委員会の活動開始
[2003. 05]	第 6 回 GBIF 理事会(デンマーク : コペンハーゲン) : The 6th meeting of GBIF Governing Board * GBIF ビル落成式 * 「理事会手続き規則」改訂提案
[2003. 10]	第 7 回 GBIF 理事会(日本 : つくば) : The 7th meeting of GBIF Governing Board * 第 2 期役員選出 * 2004 年度ワークプログラムおよび予算その他を審議・採択
[2004. 04]	第 8 回 GBIF 理事会(メキシコ : オアハカ) : The 8th meeting of GBIF Governing Board * デモンストレーションプロジェクト発表 * GBIF データポータルでのデモンストレーション * GBIF3 年目レビュー検討状況報告
[2004. 10]	第 9 回 GBIF 理事会(ニュージーランド : ウェリントン) : The 9th meeting of GBIF Governing Board * ノード委員会役員改選 * 覚書 (MoU) 延長検討 * GBIF3 年目レビュー検討状況報告 * 2005 年度予算可決
[2005. 04]	第 10 回 GBIF 理事会(ベルギー : ブリュッセル) : The 10th meeting of GBIF Governing Board * GBIF3 年目レビュー検討結果報告承認 * 評価対応チーム (Review Response Team, RRT) の任命 * 2005 年度実施予算修正案承認
[2005. 10]	第 11 回 GBIF 理事会(スウェーデン : スtockホルム) : The 11th meeting of GBIF Governing Board * 第 3 期役員選出 * 2006 年度予算可決 * 2007 年 1 月以降の GBIF プロジェクトの進め方の検討審議

第7節 生物多様性情報(生物多様性情報ウェブサイト)

生物多様性情報ノート

・科学的生物多様性情報を有する共同利用できる分散型のデータベース・ネットワークの構築に専心している。

- ・ 生物多様性に関する国内情報にアクセスできる。
- ・ 世界中の科学的生物多様性情報を皆が自由に利用できるようにする。
- ・ 最初の段階は種や標本レベルのデータから集中的に整備する。
- ・ 将来は、分子、遺伝子や生態系レベルまでリンクする。

(出典：<http://bio.tokyo.jst.go.jp/GBIF/gbif/japanese/index.html>)

以下のページに、

1. 標本データベースのリスト
2. 関連機関リンク(関連機関[五十音順])のリスト
3. 関連文書・名簿のリスト

を添付する。

資料5 事業に対する主な評価

第1節 文部科学省による評価

以下に文部科学省の「④ バイオインフォマティクスの研究情報基盤整備の推進」に対する評価を各年度ごと(平成15年度～平成19年度)に記載する。

1. 平成15年

評価項目「④ バイオインフォマティクスの研究情報基盤整備の推進」
評価結果 A
留意事項 「バイオインフォマティクスの研究情報基盤整備の推進」の評価は、年度計画の各計画項目の達成・履行状況(各計画項目の評価結果を基に判断する。)をもとに、以下の視点に留意して行う。 ○生命情報データベース等の高度化・標準化、研究開発によるデータベースの整備等はそれらの独創性に留意しつつ適切に実施されているか ・生命情報データベースについては、専門家からも世界的なレベルで独創的であるとの評価が得られている。また、高機能生体データベースでは、データベースを引き続き提供するとともに、ゲノム解析ツールを提供し、バイオインフォマティクスの研究活動への貢献が認められる。特に、一塩基多型データベース(JSNP)については、海外研究者により論文中に引用される等、その有用性は評価されている。以上の通り、独創性に留意しつつ適切に実施されている。 ○データベースの活用・普及が適切に図られているか ・本事業で開発されるデータベースや解析ツールをはじめとした種々のバイオインフォマティクス技術の研修会等活用・普及が適切に図られている。 以上、各年度計画は着実に達成・履行されており、また、事前に定めた事業評価の視点を満足する成果が得られていると判断しA評価とした。

2. 平成16年

評価項目「④ バイオインフォマティクスの研究情報基盤整備の推進」
評価結果 A
留意事項 「バイオインフォマティクスの研究情報基盤整備の推進」の評価は、年度計画の各計画項目の達成・履行状況(各計画項目の評価結果を基に判断する。)をもとに、以下の視点に留意して行なったところ、 ○生命情報データベース等の高度化・標準化、研究開発によるデータベースの整備等はそれらの独創性に留意しつつ適切に実施されているか ・総括、副総括の指導の下、各種データベースの整備・運用、及び研究開発の推進を活動計画に基づき実施されている。生命情報データベースについては、専門家からも世界的なレベルで独創的であるとの評価が得られている。また、高機能生体データベースでは、各種データベースを引き続き提供するとともに、特に、一塩基多型データベースについては、海外研究者により論文中に引用される等、その有用性が評価されている。以上の通り独創性に留意しつつ適切に実施されている。 ○データベースの活用・普及が適切に図られているか ・本事業で開発されるデータベースや解析ツールを始めとした種々のバイオインフォマティクス技術の研修会を開催する等、データベースの活用・普及が適切に図られている。 以上のとおり、年度計画は着実に達成・履行されており、また事前に定めた事業評価の視点を満足する成果が得られていると判断しA評価とした。 平成17年度に係る業務の実績に関する評価について(概要)

3. 平成 17 年度－その 1

独立行政法人通則法第 32 条に基づき、文部科学省独立行政法人評価委員会において、平成 17 年度の業務の実績に関する評価が実施された。下記にその内容の一部を記載するように、科学技術振興機構は、各法人における全ての評価項目に対して、「特に優れた実績を上げている」(S または A 評価)、または「中期計画を十分に履行し、中期目標に向かって着実に成果を上げている」(A 評価) と評価を受けた評価項目の割合が 95 パーセント以上の法人(注 1) : 10 法人のうちに含まれていた。

平成 18 年 8 月 30 日
文部科学省
大臣官房政策課評価室

独立行政法人通則法第 32 条に基づき、文部科学省独立行政法人評価委員会において、平成 17 年度の業務の実績に関する評価を実施(対象法人 : 30 法人)。

(1) 総論

中期目標の達成に向けて、全ての法人がほぼ全ての評価項目でおおむね成果を上げている。特に、10 法人がほぼ全ての評価項目で特に優れた実績を上げている、または着実に成果を上げている。

一方で、5 法人において、中期目標達成のためには業務の改善が必要である評価項目がある。

◆ 各法人における全ての評価項目に対して、「特に優れた実績を上げている」(S または A 評価)、または「中期計画を十分に履行し、中期目標に向かって着実に成果を上げている」(A 評価) と評価を受けた評価項目の割合が 95 パーセント以上の法人(注 1) : 10 法人

- 教員研修センター
- 日本私立学校振興・共済事業団
- 物質・材料研究機構
- 放射線医学総合研究所
- 宇宙航空研究開発機構
- 日本学術振興会
- 科学技術振興機構
- 日本原子力研究開発機構
- 国立国語研究所
- 文化財研究所

注 1 : 「特に優れた実績を上げている」を S または A 評価、「中期計画を十分に履行し、中期目標に向かって着実に成果を上げている」を A 評価、「中期計画をほぼ履行し、中期目標に向かっておおむね成果を上げている」を B 評価、「中期計画を十分には履行しておらず、中期目標達成のためには業務の改善が必要である」を C、C または F 評価としているが、各部会等においては、当該段階的評定の区分を基本としつつ各法人の業務の特性を踏まえ、法人毎に段階的評定の区分を設定しているため、具体的な記述は必ずしも一致しない。

なお、段階別評価は 3 段階 (A、B、C)、4 段階 (S、A、B、F または A、A、B、C) または 5 段階 (A、A、B、C、C または S、A、B、C、F) のいずれかとなっている。

3. 平成 17 年度－その 2

評価項目「④ バイオインフォマティクスの研究情報基盤整備の推進」

J S T 評価 A

評価結果 A

留意事項

「バイオインフォマティクスの研究情報基盤整備の推進」の評価は、年度計画の各計画項目の達成・履行状況（各計画項目の評価結果を基に判断する。）をもとに、以下の視点に留意して行なったところ、

○生命情報データベース等の高度化・標準化、研究開発によるデータベースの整備等はそれらの独創性に留意しつつ適切に実施されているか

・生命情報データベースについては、専門家からも世界的なレベルで独創的であるとの評価が得られている。また、高機能生体データベースでは、各種データベースを引き続き提供するとともに、特に一塩基多型データベースについては、海外研究者により論文中に引用される等、その有用性が評価されている。また、国内外の研究動向におけるデータベースの位置づけ等を専門家で構成される評価委員会にて評価する等、独創性に留意しつつ適切に実施されている。

○データベースの活用・普及が適切に図られているか

・本事業で開発されるデータベースや解析ツールを始めとした種々のバイオインフォマティクス技術に関して、実習を伴った実践的な研修会を 14 講義開催する等、データベースの活用・普及が適切に図られている。

以上のとおり、各年度計画は着実に達成・履行されており、また事前に定めた事業評価の視点を満足する成果が得られていると判断し A 評価とした。

4. 平成 18 年度

評価項目 バイオインフォマティクスの研究情報基盤整備の推進

J S T 評価 A

評価結果 A

「バイオインフォマティクスの研究情報基盤整備の推進」の評価は、年度計画の各計画項目の達成・履行状況（各計画項目の評価結果を基に判断する。）をもとに、以下の視点に留意して行ったところ、

○生命情報データベース等の高度化・標準化、研究開発によるデータベースの整備等はそれらの独創性に留意しつつ適切に実施されているか

・生命情報データベースについては、専門家からも世界的なレベルで独創的であるとの評価が得られている。また、高機能生体データベースでは、各種データベースを引き続き提供するとともに、特に一塩基多型データベースについては、海外研究者により論文中に引用される等、その有用性が評価されている。また、国内外の研究動向におけるデータベースの位置づけ等を専門家で構成される評価委員会にて評価する等、独創性に留意しつつ適切に実施されている。

○データベースの活用・普及が適切に図られているか

・本事業で開発されるデータベースや解析ツールを始めとした種々のバイオインフォマティクス技術に関して、実習を伴った実践的な研修会を 11 回（目標：10 回）開催する等、データベースの活用・普及が適切に図られている。

以上のとおり、各年度計画は着実に達成・履行されており、また事前に定めた事業評価の視点を満足する成果が得られていると判断し A 評価とした。

5. 平成 19 年度

中期目標

(4) バイオインフォマティクスの推進

ゲノム情報等の生物情報データベースの構築、高度化、活用のための研究開発を行い、研究開発成果を情報発信することにより、世界最高水準のライフサイエンス分野の情報基盤の整備の一翼を担うとともにライフサイエンス研究のさらなる進展に貢献する。

自己評価 A

文部科学省評価 A

総合判定 A

【評価理由】

(4) バイオインフォマティクスの推進

- ・17 年度に採択した「創造的研究開発」の6 課題について、研究開発を2 年延長するための事前評価を行ったところ、「これまでに優れた成果が得られている、あるいは3 年間の研究開発期間終了時に優れた成果が得られると期待できる」以上の評価が5 課題、「計画提案どおりに進捗している」との評価が1 課題との結果が得られた。
- ・終了した研究開発課題について、追跡調査の調査項目について予備調査を行った。
- ・バイオインフォマティクス推進事業の研究開発課題において開発されたツールやデータベースを利用・応用した成果が、The EMBO Journal、Nature および Nature シリーズに計 14 報掲載された。

【今後の課題、改善すべき事項】

- ・独立行政法人整理合理化計画を踏まえ、各データベースの科学技術情報政策上の必要性、利用者からのニーズ等を勘案しつつ評価し、その必要性が低いと認められる事業については廃止を含めた見直しを行うことが重要である。
- ・無料データベースに関する費用対効果を示す指標については、19 年度から開始した調査結果に基づき、実効性のある分析指標のあり方について引き続き検討を行う必要がある。

(4) バイオインフォマティクスの推進

- ・引き続き、日本の中で J S T が担うべき役割を明確にした上で、文部科学省の「ライフサイエンス分野の統合データベース整備事業」等との連携を十分に図りつつ、事業に取り組むとともに、データベースが広く活用されるようにユーザーの観点から継続的に改善を図っていく必要がある。

(出典：http://www.mext.go.jp/a_menu/hyouka/d_kekka/main10_a11.htm)

第2節 総合科学技術会議による科学技術関係施策に対する優先度判定等

1. はじめに

総合科学技術会議による科学技術関係施策に対する優先度判定等における、「優先順位付けの結果、優先順位付けの対象、優先順位付けの考え方」に関する科学技術政策担当大臣、総合科学技術会議有識者議員による通達を掲げる

平成15年度科学技術関係概算要求の優先順位付けについて

平成14年10月18日

科学技術政策担当大臣

総合科学技術会議有識者議員

科学技術政策担当大臣及び総合科学技術会議有識者議員は、関係府省の平成15年度科学技術関係概算要求について、新規・既存施策を精査・検討の上、優先順位(SABC)付けを行った。

1. 優先順位付けの結果

(1) 優先順位付けの結果については、次のとおり。

- S: 90項目(29%)
- A: 129項目(41%)
- B: 65項目(21%)
- C: 27項目(9%)

(2) 優先順位付けの例を基礎研究、重点4分野(ライフサイエンス、情報通信、環境、ナノテクノロジー・材料)、科学技術システム改革の主要項目について示すと以下のとおり。

① 基礎研究については、Sが20%、Aが67%、Bが13%となっている。

Sの例: 21世紀COEプログラム(文科省)

② ライフサイエンス分野においては、Sが26%、Aが40%、Bが25%、Cが9%となっている。

Sの例: テーラーメイド医療(文科省、厚労省)

食品の安全性確保(農水省)

(3) 優先順位付けの過程においては、

① 大臣及び有識者議員が各省からヒアリングを実施

② 検討を進める上で以下の点に配慮

- ・ 1つの施策に複数の研究課題がまとめられているものについては、極力細分化して個別の研究課題毎に精査
- ・ 府省間で重複する施策については、役割分担、連携の必要性について指摘を行い、総合的に調整
- ・ 経済活性化に資するプロジェクトについては、その経済効果、推進体制、民間の負担割合などの観点からも検討

(4) 優先順位付けと合わせて、施策の実施に当たっての問題点、改善策等をコメントとして提示。

[参考]

1. 優先順位付けの対象

15年度科学技術関係概算要求のうち、

- ・ 新規施策

・既存施策(原則20億円以上。ただし20億円未満であって各省が重要施策と判断したものも含む。)であって、以下を除いた施策について優先順位付けを実施。

- ①義務的経費である国立研究所等の人件費
- ②独立行政法人の中期計画に基づき決定される運営費交付金
- ③特許特別会計等における制度運営費
- ④治安・防衛等特別の政策目的で実施される研究開発等の経費
- ⑤1億円以下の調査研究の経費等

2.優先順位付けの考え方

「平成15年度の科学技術に関する予算、人材等の資源配分の方針」に照らし、分野・事項毎に、効果的な研究の推進、関係府省連携、成果の社会還元、実施体制等の総合的な観点から施策を俯瞰・検討し、次の区分で優先順位付けを行った。

S:特に重要な研究課題等であり、積極的に実施すべきもの

A:重要な研究課題等であり、着実に実施すべきもの

B:問題点等を解決し、効果的、効率的な実施が求められるもの

C:研究内容、計画、推進体制等の見直しが求められるもの

2. 独立行政法人等の主要業務に対する見解

以下に独立行政法人科学技術振興機構のバイオインフォマティクス推進センターに対する見解部分を各年度ごと(平成16年度～平成21年度)に記載する。

(1) 平成16年度

独立行政法人等の主要業務に対する見解(独立行政法人科学技術振興機構)

(金額の単位=百万円)

業 務	要望額 (見込み)	前年度 配分額	業務の概要	見 解
【ライフサイエンス分野】				
バイオインフォマティクス 推進センター	2,295	2,017	生命現象の総合的理解や創薬産業等への応用を進めるため、バイオインフォマティクスについて推進を図る。	○重要な研究分野であり、GBIF(地球規模生物多様性情報機構)への拠出金としての予算の必要性は理解できる。 ○バイオインフォマティクスに関する、文部科学省「ゲノムネットワーク研究の戦略的推進」など他の研究プロジェクトおよびデータベースとの分担、連携関係については検討が必要である。

(2) 平成17年度

独立行政法人等の主要業務に対する見解(独立行政法人科学技術振興機構)

(金額の単位=百万円)

業 務	要望額 (見込み)	前年度 配分額	業務の概要	見 解
独立行政法人 科学技術振興機構(所管:文部科学省)				
【ライフサイエンス分野】				
バイオインフォマティクス 推進センター[連携施策 群(再掲)]	2,070の内数	1,770の内 数	生命現象の総合的理解や創薬産業等への応用を進めるため、バイオインフォマティクスについて推進を図る。	○ゲノム解析などの進展によって膨大な情報もたらされており、これらを統合的に解析処理するバイオインフォマティクスの重要性はさらに増している。 ○我が国でもデータベースはきわめて多種多様であり、これらのヘッドクォーター的な役割を担うべきである。 ○国内外の技術動向に十分配慮しつつ、着実に実施する必要がある。

(3)平成18年度

平成18年度概算要求における科学技術関係独立行政法人等の主要業務に対する見解(独立行政法人科学技術振興機構)

(金額の単位:百万円)

業務	要望額 (見込み)	前年度配分額	業務の概要	見解
独立行政法人科学技術 振興機構 (所管=文部科学省)	(運営費交付金 要望総額) 110,120	(運営費交付金 配分総額) 99,611		
【ライフサイエンス分野】				
バイオインフォマテ ィクス推進センター	1,859	1,859	生命現象の総合的理解や創薬産業等への応用を進めるため、バイオインフォマティクスに不可欠な生命情報データベースの高機能化および研究開発、普及活動を行い、バイオインフォマティクスについて推進を図る。	○我が国における生命情報データベースの構築を下支えする重要な事業である。科学技術連携施策群(ポストゲノム)のもとで推進される統合データベースの取組と整合性をとりながら、着実に実施すべきである。
【社会基盤分野】				
社会技術研究開発事業	2,783	2,498	社会問題解決に重要と考えられる「安全安心」、「情報と社会」、「脳科学と社会」、「科学技術と人間」の研究開発領域について、それぞれ研究開発テーマを設定し、研究チームを組織しての研究実施と、公募の2種の研究体制により、自然科学と人文・社会科学の複数領域の知見を用いて幅広い視点から研究開発を行う。4つの研究開発領域の他に「社会システム/社会技術論」、「循環型社会」のテーマについての横断的な研究を実施する。平成18年度は、既存の研究開発テーマの他に、「安全安心」と「科学技術と人間」の領域に新規の研究開発テーマを設定する。	○人間社会に生じている諸問題の克服の検討に当たっては、自然科学と人文・社会科学を合わせた総合的な取組みが必要であり、個別の研究開発テーマの重要性は理解できる。 ○研究開発テーマの設定には、特に新たに社会が要求するテーマを選ぶとともに、第三者による意見を反映して評価を徹底し、成果が出たものはすみやかに利用者に成果を移転していく必要がある。特に、「科学技術と人間」領域等は、社会の要求やテーマ設定を明確にしていくことが引き続き必要であり、効果的、効率的に実施すべきである。

3. 概算要求における科学技術関係施策

(1) 平成17年度

平成17年度概算要求における科学技術関係施策(ライフサイエンス)

(金額の単位:百万円)

優先順位	施策名	所管	概算要求額	前年度予算額	施策の概要	優先順位の理由	留意事項
【ポストゲノム研究の推進】							
B	先端基盤開発研究疾患関連たんぱく質解析研究 [連携施策群(再掲)]	厚生労働省	662	662	医薬品開発のシーズとなる疾患関連たんぱく質を発見し、その知的財産権を確保するため、高血圧、糖尿病、がん、痴呆等を対象に、産学官が連携して、大規模かつ集中的に疾患関連たんぱく質を解析・同定し、データベース化を行う基盤的研究、医療機関からの提供サンプルの採取・保存方法や効率的なハイスループット分析方法などの基盤技術を確立するための研究、疾患関連たんぱく質のデータベース構築に必要なバイオインフォマティクスに係る研究などを進める。	○疾患関連タンパク質を同定し、それらの結果をデータベース化することによって、創薬ターゲットをより効率的に特定することができるという期待があるが、まだ成果はあまのり上がっていない。今後どのよう創薬に結びつけていくかが課題である。 ○また国際競争が激化し、国内外のベンチャーや企業などが同様の取組をしており、国としての関与のあり方などについて十分考慮した上で効果的、効率的に実施する必要がある。	○このような研究がコンソーシアムで有効に働くか不明で、目標と計画を明確に設定する必要がある。
B	先端基盤開発研究 萌芽の先端医療技術推進研究(トキシコ分野) [連携施策群(再掲)]	厚生労働省	1,177	1,176	官民が共同して実験動物(ラット)、ラット初代肝細胞及びヒト培養肝細胞を用いて、医薬品候補化合物の暴露実験を行い、主として肝臓・腎臓に確率の上昇に結びつく重要な遺伝子発現変化を網羅的に収集・解析する。具体的には、解析された遺伝子情報や毒性・副作用情報、病理学的・生化学的情報のデータを集積し、バイオインフォマティクス技術を活用して、遺伝子の変異と副作用の発生を関連づけ、医薬品候補化合物の安全性を従来の毒性試験よりも早期に評価・予測し、安全性評価(リスクアセスメント)に用いることができるデータベースを構築する。これにより創薬の更なる効率化、迅速化を目指す。	○トキシコゲノミクス研究は、創薬における毒性による開発中止などを事前に予測・防ぎ止めることができ、開発成功率の上昇に結びつく重要な研究であるが、既に商業レベルでサービスを展開している海外ベンチャーもあることなどから、国策として展開する必要性等を十分考慮しつつ効果的、効率的に実施する必要がある。	○各企業でのトキシコロジー研究との関係が不明である。 ○対象とする化合物が少なく、対象を増やすとともに、広範な企業に開示することが有効である。

(2) 平成18年度

平成18年度概算要求における科学技術関係施策(ライフサイエンス)

(金額の単位:百万円)

優先 順位	施策名	所管	概算 要求額	前年度 予算額	施策の概要	優先順位の理由	留意事項
【ゲノム関連研究】							
C	創薬基盤総合研究(トキシコゲノミクス研究) [一部、競争的研究資金]	厚生労働省	1,381	1,150	本研究事業では、創薬環境の充実に資するため安全性予測技術の研究開発を行う。具体的な研究内容は次のとおり。 ヒト肝細胞及びラット肝細胞に対して医薬品候補物質を暴露させ、並行してラットに同じ物質を投与する実験系を構築する。そこから得られた遺伝子変異の情報や毒性・副作用情報、病理学的・生化学的情報のデータを集積し、バイオインフォマティクス技術を活用することにより、医薬品候補化合物の安全性を従来の毒性試験よりも早期に評価・予測し、安全性評価(リスクアセスメント)に用いることができるデータベースを構築する。この研究は、官民が共同で行う。(指定型) またあわせて、ゲノム科学やバイオインフォマティクスを活用し、医薬品候補化合物等について迅速・効率的に安全性(毒性・副作用)を予測する新規スクリーニング技術の開発を行う。(公募型) なお、より一層の創薬環境の充実・強化を図る観点から、平成18年度より創薬基盤総合研究事業(仮称)を新たに立ち上げ、その中で引き続きトキシコゲノミクス研究の推進を図る。	○本施策を効果的、効率的に実施する観点から、公募と指定のバランスや両者の関連などについて十分検討するなど、計画を見直して実施する必要がある。	○本分野を支える基盤としてのデータベースの重要性を踏まえ、これまでの成果を取りまとめた企業の開発力の強化に資するよう検討する必要がある。 ○医薬品候補化合物の毒性評価にマイクロアレイ技術を加えて精度の向上とコストの削減を図る重要な研究であり、従来法と相関する結果も得られていることから、平成18年度の成果を踏まえた上で、今後の構想について見直す必要がある。
B	創薬基盤総合研究(疾患関連たんぱく質解析研究)	厚生労働省	662	661	国際的に競争力のある医薬品開発のシーズの探索を効率的に進めるため、高血圧、糖尿病、がん、認知症等を対象に、産学官が連携して、大規模かつ集中的に疾患関連たんぱく質を解析・同定し、データベース化を行う基盤的研究、医療機関からの提供サンプルの採取・保存方法や効率的なハイスループット分析方法などの基盤技術を確立するための研究、疾患関連たんぱく質のデータベース構築に必要なバイオインフォマティクスに係る研究などを進める。	○医薬品開発の出発点の一つである新規創薬ターゲットやバイオマーカーの探索は重要な課題であり、本研究により膨大なデータの集積が行われているが、有効な疾患関連タンパク質を見出すための視点が明確でない。統計的に有意な成果が得られるよう、効果的、効率的に実施する必要がある。	○科学技術連携施策群(ポスツゲノム)におけるデータベース統合化の取組のもと、関係施策と密接に連携をとりつつ実施する必要がある。 ○民間企業では入手困難な生体組織を用いた研究に焦点を当てるなどにより、さらなる成果の実現が期待される。

(3) 平成19年度

平成19年度概算要求における科学技術関係施策(ライフサイエンス)

(金額の単位:百万円)

優先 順位	施策名	所管	概算 要求額	前年度 予算額	施策の概要	優先順位の理由	留意事項
体制整備							
【データベース】							
S	統合データベースプロジェクト	文部科学省	1,976	290	ライフサイエンス分野において大量に産み出されているDNA塩基配列データ、タンパク質の立体構造データ、遺伝子の発現データなどのデータベースについて、ライフサイエンス研究における利便性の向上を図るため、我が国のライフサイエンス関係データベース整備戦略の立案・評価支援、統合化及び利活用のための基盤技術開発、人材育成等を行い、ライフサイエンス関係データベースの統合的活用システムを構築・運用する。	○我が国のライフサイエンスの基盤として国家的プロジェクトとして推進すべき重要な課題であり、積極的に推進する必要がある。	○文部科学省関連のDBを対象として統合化を進めつつ、運営委員会には始めから関係府省・機関の関係者を入れるなどして、最終的にはオールジャパンの体制が確立するよう、厚生労働省、農林水産省、経済産業省等、関係府省・機関との連携が必要である。 ○JSTのBIRDとの関係を明確にすることが必要である。 ○個人情報については十分に関係者との話し合いでどのように扱うかを決めてから対応する必要がある。
B	バイオインフォマティクス推進センター	文部科学省 JST	1,809	1,809	バイオインフォマティクスの展開に不可欠なデータベースの高度化・標準化、データベースの提供、バイオインフォマティクスの創造的研究開発の進展、普及活動等を促進する。また、世界的協力体制の地球規模生物多様性情報機構(GBIF)への参画に必要な諸活動を行う。具体的には、統括、副統括を委嘱し、専門家の指導の下、事業を運営する。 また、有識者および専門家からなる委員会を設置し、評価を行う。データベースの高度化・標準化は公募により5年間の研究期間で実施し、バイオインフォマティクスの創造的研究開発課題は、公募により3年間の研究開発期間で実施し、3年目に継続評価を行い、更なる発展が望める場合、2年間の継続研究が実施される。	○有用な生物学データの中核のひとつであり、これまで我が国のデータベースやバイオインフォマティクスの研究開発の基盤を支えてきた実績は評価できるが、統合データベースプロジェクト等、他の関連施策や関係府省と連携するとともに、より効果的、効率的に実施する必要がある。	○統合データベースプロジェクト運営委員会や関連府省との連携が重要である。 ○事業内容が多岐に渡っているため、公募型の研究プロジェクトとその他のサービス事業をわかり易く整理することが必要である。

(4) 平成20年度

平成20年度概算要求における科学技術関係施策【継続】(ライフサイエンス)

(金額の単位:百万円)

施策名	所管	概算 要求額	前年度 予算額	施策の概要	改善・見直し指摘内容	特記事項
【体制整備】						
統合データベース プロジェクト	文部科学省	1,600	1,600	我が国のライフサイエンス関係のデータベースの利便性の向上を図るため、データベースの統合化及び利活用のための基盤技術開発、人材育成等を行い、データベースの統合的活用システムを構築する。	○文部科学省、厚生労働省、経済産業省、農林水産省の4省庁のデータベースの統合を可能とする技術開発は極めて重要な課題である。 ○JSTバイオインフォマティクスセンター(BIRD)との役割分担を明確にし、連携して行うことが必要である。 ○本システムの構築は、将来の4省庁統合データベースの基盤技術となるため、早急に整備すべきものであり、着実・効率的に実施する必要がある。	○継続性をいかに担保するかが重点課題である。 ○JST-BIRDとの連携について、将来的な一本化を含めた検討を行うことが必要である。 ○データベースを作るのみにとどまらず常に改訂していくことが必要である。
バイオインフォマティクス推進センター	文部科学省 JST	1,730	1,682	膨大なゲノム情報等の解析の格段の効率化・省力化、利用の高度化等を実現するため、革新的なゲノム解析ツールの研究開発等、バイオインフォマティクス研究を推進する。	○世界最高水準のライフサイエンス基盤整備を推進するため、国内にある代表的な生命情報データベースを立ち上げ、高度化・標準化を行い、維持してきいた実績は評価できる。 ○統合データベースプロジェクトとの役割分担を明確にし、着実・効率的に実施する必要がある。	○統合データベースプロジェクトとの連携について、将来的な一本化を含めた検討を行うことが必要である。

(5) 平成21年度

平成21年度概算要求における科学技術関係施策(ライフサイエンス分野)(継続案件)SABC

結果

(金額の単位=百万円)

施策名	所管	概算 要求 額	前年 度予 算額	施策の概要	改善・見直し指摘内容	特記事項	昨年度特記内容
【体制整備】							
統合データベース 関連事業 (統合データベース プロジェクト)	文 部 科 学 省	2,691 (850)	2,782 (1,100)	我が国のライフサイエ ンス関係のデータベー スの利便性の向上を 図るため、データベー スの統合化及び利活 用のための基盤技術 開発、人材育成等を行 い、データベースの統 合的活用システムを構 築する。	○これまで積み重ねられて きたライフサイエンス分野 の研究成果をデータベース として整備することは、今 後の研究開発に向けた基 盤整備としての意義は大き く、成果も着実にあげられ ている。特に、統合データ ベースプロジェクトは、将来 の4省統合のデータベース の基盤技術となるものであ り、更なる事業の充実が求 められる。 ○こうした期待に応えるた めには、将来の4省統合の データベース化を視野に入 れた検討委員会のメンバ ーの充実や、他省のデータ ベースとの連携、特に農林 水産省のデータベースとの 連携を積極的に進める必 要がある。また、恒常的な 体制として、将来的な統合 データベースをどのように 整備して行くのかについて も、検討が求められる。 ○将来的な統合データベ ースの整備に当たっては、	○総合科学技術会 議としては、最重要 課題の一つとして、 本事業の成果を重 視。 ○恒久的な体制整 備に向けて、統合デ ータベースプロジェ クトとJSTバイオイン フォマティクス研究セ ンター(BIRD)との一 本化を目標として具 体的検討を進めるべ きである。	○継続性をいかに担保 するかが重点課題であ る。 ○JST-BIRDとの連携に ついて、将来的な一本化 を含めた検討を行うこと が必要である。 ○データベースを作るの みにとどまらず、常に改 訂していくことが必要で ある。
統合データベース 関連事業 (バイオインフォ マティクス研究 センター)	文 部 科 学 省 JST	1,841 ()	1,682 ()	膨大なゲノム情報等の 解析の格段の効率化・ 省力化、利用の高度 化等を実現するため、 革新的なゲノム解析ツ ールの研究開発等、バ イオインフォマティクス 研究を推進する。	統合データベースプロジェ クトとバイオインフォマティ クス研究事業との一体化 が必須であり、そのための 検討を含め、我が国として の統合データベースの整 備を加速して実施する必要 がある。		○統合データベースプロ ジェクトとの連携につい て、将来的な一本化を含 めた検討を行うことが必 要である。

農林水産生物ゲノム情報統合データベースの構築	農林水産省	707	707	イネ、カイコ、ブタ等農林水産生物のゲノムや遺伝子の情報等を統合したデータベースを整備し、大学や民間企業等の研究者に提供する。 また、他生物のゲノム情報をもつデータベース機関である Genbank,EMBL 等とリンクし、高精度に遺伝子情報の類似性検索を行うことが出来るシステムを構築する。	○我が国が優れているイネやカイコ等のゲノム情報に関するデータベースとしてはレベルが高く、そうした分野の研究基盤としては有用性が高い。 ○しかし、科学技術の基盤となるデータベースとして拡張していく必要がある。 また、他省との統合データベース化に向けた観点から、より積極的な取組が求められる。 ○農林水産生物のデータベースの整備については、国民の関心が高い、安心・安全な食料の開発や確保にとって重要であることから、将来的な統合データベース化を踏まえ、着実・効率的に実施する必要がある。	○農林水産省の事業に閉鎖されず、他省のデータベースとの統合化に向けて積極的に視野を広げるべき。特に、データベースの項目立てについて、広がりのある名称とすべきである。 ○データベースに収載する内容としても、ゲノム配列以外の分野の更なる充実に努めるべきである。	○統合データベースの構築のみならず、データの更新、修正にも配慮して実施体制を充実させること。
統合データベースプロジェクト	経済産業省	70	70	政府全体の“生命科学データベース統合化の取組”の一環として、経済産業省関連の公的資金研究から産出される研究データを、産業上の有用性を評価のうえ、統合化し、産業界等に提供する。	○経済産業省関連機関から産生されるヒト遺伝子関連のデータや、糖鎖や機能性RNA等に関するデータをデータベースとして整備し、その活用を図ることは、医薬品等の産業化にとって重要であり、本データベースと他省庁のデータベースを統合することによる成果も期待されるところである。 ○文部科学省の統合データベースとの連携を強化しながら、着実・効率的に実施する必要がある。	○関係者の役割分担を含め、他省とも十分連携し、政府全体で臨床情報も含めた真のデータベース構築に向けて積極的に取り組むべきである。	○積極的に活用される統合化したデータベースの質の向上や維持には一定の経費が必要であり、予算の確保に努めること。 ○各省とのデータベースの統合を視野に入れて連携を図りながら実施すること。

参考1 科学技術政策

第1節 科学技術政策の変遷

バイオサイエンス／バイオテクノロジー分野におけるバイオインフォマティクス関連の科学技術政策の変遷について、概要を記載し、科学技術政策の変遷における本事業の位置付けを行う。

1999 年末のミレニアム・プロジェクトの決定により、ヒトやイネのゲノム関連の研究に、重点的に研究資金が分配された。2000 年には、バイオインフォマティクスの重要性が指摘され、翌年にはシステム生物学も戦略的重要性が謳われた。この流れの中、2001 年には JST にバイオインフォマティクス推進センターが設置された。同年、経済産業省傘下には生物情報解析研究センター（JBIRC）と生命情報科学研究センター（CBRC）が設置された。これらのセンターのプロジェクトに参画する大学や農林水産省、厚生労働省の研究機関、あるいは NEDO のプロジェクトにおいてバイオインフォマティクスやバイオインフォマティクス関連の研究や研究開発が活発化した。このような研究の発展により蓄積されたバイオ情報のデータの活用をめぐって、統合データベースの重要性が指摘された。これを受け平成 19 年（2007 年）には、大学共同利用機関法人、情報・システム研究機構内に、「ライフサイエンス統合データベースセンター（Database Center for Life Sciences:DBCLS）」が設立された。翌年、2008 年には、経済産業省ライフサイエンス統合データベースポータルサイトが、バイオ産業情報化コンソーシアム（JBIC）と産業技術総合研究所バイオメディシナル情報研究センター（BIRC）で運用され始めた。

1. ゲノミクス研究関連

（1）ミレニアム・プロジェクト

1999 年（平成 11 年）12 月、政府は、新しいミレニアム（千年紀）の始まりを目前に控え、人類の直面する課題に応え、新しい産業を生み出す大胆な技術革新に取り組む「ミレニアム・プロジェクト」を決定した。

今後の我が国経済社会にとって重要性や緊要性の高い情報化、高齢化、環境対応の三分野について、技術革新を中心とした産学官共同プロジェクトを構築し、明るい未来を切り拓く核を作り上げるものである。

ミレニアム・プロジェクトの高齢化分野に該当する「高齢化社会に対応し個人の特徴に応じた革新的医療の実現（ヒトゲノム）」、「豊かで健康な食生活と安心して暮らせる生活環境の実現（イネゲノム）」（以下これらを「ミレニアム・ゲノム・プロジェクト」と呼ぶ）においては、ゲノムに係る研究開発を国家のイニシアティブの下に、研究者を結集して強力に推し進めることにより、来るべき新世紀を高齢者にとって活気ある社会への道を切り拓き、安全性の確保と国民の理解の増進を図りつつ、バイオテクノロジーの応用によって幅広い分野における新しい産業の創出を図っていくこととともに、新世紀の人類社会の発展に大きく貢献していくことを目指すとされた。

各個別事業の研究代表者から構成されるプロジェクトチーム（① ヒトゲノム多様性、②

疾患遺伝子、③ バイオインフォマティクス、④ 発生・分化・再生、⑤ イネゲノム) を部門毎に設け、プロジェクトが推進された。

なお、平成 16 年度でミレニアム・ゲノム・プロジェクト全体は終了した。

<http://www.kantei.go.jp/jp/mille/genomu/report/17report.pdf>

(2) 農林水産省のイネゲノミックス

1991 年(平成 3 年)に、農林水産省は、わが国の基幹穀物であるイネのゲノム研究を開始した。研究基盤の構築を目標にして、イネの遺伝子の大量解析、遺伝地図作成及び物理地図作成に取り組んだ。1998 年(平成 10 年)以降、イネゲノム研究の新たな展開をめざしてイネゲノム全塩基配列解明プロジェクト、ミュータントパネルプロジェクト、イネ完全長 cDNA プロジェクト等の研究プロジェクトを推進し、現在に至っている。

平成 15 年 4 月 1 日には、農業生物資源研究所は国内外の多くの研究者らに、ゲノム情報及び研究材料などが活用されるべく、イネゲノムリソースセンターを開設した。

(出典：<http://www.rgrc.dna.affrc.go.jp/jp/about.html>)

2. バイオインフォマティクス研究の立ち上げ

(1) 「バイオインフォマティクスの推進」を目標とした「ゲノム情報科学におけるわが国の戦略について」の方策のとりまとめ

2000 年(平成 12 年)11 月に科学技術会議ライフサイエンス部会ゲノム科学委員会は「バイオインフォマティクス(バイオのための情報科学および情報論的解釈に基づく生命科学)の推進」を目標として、「ゲノム情報科学におけるわが国の戦略について」の方策をまとめた。①人材養成、②データベース構築、③情報解析技術開発の項目について方策を提案している。①では、即戦力の養成、研究交流、試行錯誤の「場」としての拠点形成、大学等における中長期的視点に立った人材の育成などが、②では、国家レベルでの有識者会議による戦略立案、戦略の検討、実施を支える組織の設置などが、③では、情報解析技術開発の在り方等に関する戦略を検討する体制の整備、国家的な支援を要する分野などが謳われた。

(2) システム生物学の列举

2001 年(平成 13 年)、総合科学技術会議は諮問第一号「科学技術に関する総合戦略」に対する答申(平成 13 年 3 月 22 日)において科学技術の戦略的重点化の「急速に発展する領域への対応」としてシステム生物学を挙げている。

(総合科学技術会議諮問第一号「科学技術に関する総合戦略」に対する答申)

3. バイオインフォマティクス関連センターの設立

(1) 文部科学省のバイオインフォマティクス推進センターの発足

2001 年(平成 13 年)3 月、第 2 期科学技術基本計画が閣議決定され、そこにおいて、ラ

イフサイエンス分野で重点的・戦略的に取り組む課題の一つとして、バイオインフォマティクスが挙げられた。同年度に、文部科学省は科学技術振興事業団にバイオインフォマティクス推進センターを発足させた。

(科学技術政策研究所科学技術動向 2001 年 12 月号 2. 特集 バイオインフォマティクスの展開。pp.7-8)

(2) 経済産業省の生物情報解析研究センターと生命情報科学研究センターの発足

2001 年(平成 13 年)3 月、我が国では、第 2 期科学技術基本計画が閣議決定された(上記参照)のをうけ、同年、経済産業省は生物情報解析研究センター(JBIRC)と生命情報科学研究センター(CBRC)を発足させた。バイオ産業情報化コンソーシアム(JBIC)には民間企業が 87 社参画しているが、産学官連帯体制の基、バイオインフォマティクス関連の研究開発に取り組んでいる。

(出典：<http://medals.jp/contents/about>)

4. 各省庁関連機関でのバイオインフォマティクスの展開

(1) 文部科学省のバイオインフォマティクスの人材養成ユニットの設置

2001 年度(平成 13 年度)から科学技術振興調整費によりバイオインフォマティクス分野において専門家を早期に育成する人材養成ユニットを設置している。平成 14 年度(2002 年度)までに東京大学、京都大学、慶應義塾大学、奈良先端技術大学院大学、産業技術研究所に計 6 ユニット設置され、各人材養成ユニットにおいて融合的な人材養成が行われている。この種の動向が他の大学や研究機関にも波及することによって、バイオインフォマティクス分野の活性化が促進されるものと期待されている。

(出典：科学技術政策研究所科学技術動向 2003 年 1 月号 [特集 2] バイオインフォマティクスの技術動向)

(2) 農業生物資源研究所イネゲノムリソースセンターの開設

2003 年(平成 15 年)4 月 1 日、農林水産省の農業生物資源研究所は国内外の多くの研究者らに、ゲノム情報及び研究材料などが活用されるべく、イネゲノムリソースセンターを開設した。

(出典：<http://www.rgrc.dna.affrc.go.jp/jp/about.html>)

(3) 厚生労働省所管の試験研究機関の再編成—医薬基盤研究所の設立

2005 年、厚生労働省は厚生労働省所管の試験研究機関の再編成の一環として、独立行政法人医薬基盤研究所を設立した。研究所における課題の一部として、ゲノム科学、たんぱく質科学、バイオインフォマティクスを利用した医薬品等開発のための研究を進めている。

(4) 経済産業省の「技術戦略マップ」

経済産業省は研究開発の戦略的推進においては「技術戦略マップ」に基づいた研究開発プロジェクトの戦略的重点化と相互の連携強化を図っている。技術戦略マップは、ライフ

サイエンス分野、情報通信分野、環境・エネルギー分野、製造産業分野の 4 分野について策定され、ライフサイエンス分野では、創薬・診断、診断・治療機器、再生医療が策定された。経済産業省で策定された研究開発プログラムは新エネルギー・産業技術開発機構（NEDO）に提示されコア的实施機関として産業界・大学・公的研究機関との広範なネットワークと公的資金を活用して産業技術に関する研究開発プロジェクトが実施される。ライフサイエンス／バイオテクノロジー部門のバイオインフォマティクス関連分野は主に、創薬および医療分野に含まれ、例えば「バイオ・IT 融合機器開発プロジェクト（平成 14 年～平成 17 年）」、「バイオ診断ツール実用化開発（平成 18 年～平成 20 年）」、「悪性腫瘍等治療支援分子イメージング機器研究開発プロジェクト（平成 17 年～平成 21 年）」等が挙げられる。

5. データベース統合化の動き

2005 年度（平成 17 年度）より、内閣府連携施策群にて「ライフサイエンス分野のデータベースの統合化に関する調査研究」（平成 17 年度～19 年度）が実施された。

2006 年（平成 18 年）3 月 28 日閣議決定の第 3 期「科学技術基本計画」に基づき総合科学技術会議が策定したライフサイエンス分野の推進戦略では、戦略重点科学技術の一つとして「世界最高水準のライフサイエンス基盤整備」が掲げられている。この流れに関わり、近年、国・地域レベルでのデータベース整備戦略の立案と実施を行うデータベース関連のコア組織の必要性が重要視されている。

（出典：<http://lifesciencedb.mext.go.jp/>）

（1）文部科学省科学技術・学術審議会の「データベース整備戦略作業部会報告書」

2006 年（平成 18 年）5 月、文部科学省において、我が国におけるライフサイエンス分野のデータベース整備戦略のあり方について、科学技術・学術審議会 研究計画・評価分科会 ライフサイエンス委員会にて「データベース整備戦略作業部会報告書」がまとめられた。それを受け、文部科学省において、平成 18 年度より「ライフサイエンス分野の統合データベース整備事業」が開始された。同事業では、「我が国のライフサイエンス関係のデータベースの利便性の向上を図るため、我が国のライフサイエンス関係データベース整備戦略の立案・評価支援、データベース統合化の基盤技術開発、ポータルサイトの整備等を行い、統合化を推進する」ことを謳っている。

（出典：<http://lifesciencedb.mext.go.jp/>）

（2）ライフサイエンス統合データベースセンターの設立

2007 年（平成 19 年）には、大学共同利用機関法人、情報・システム研究機構内に、「ライフサイエンス統合データベースセンター（Database Center for Life Sciences:DBCLS）」が設立された。センター長として高木利久氏が就任した。このセンターでは国内に散在している種々の生命科学データベースに対して、「統一（unification）ではなく集積化（integration）という意味あいからの統合化を図ること」を謳っている。この事業には、

経済産業省、厚生労働省、農林水産省も省庁連携施策として参画し、共に推進している。

(出典：蛋白質 核酸 酵素 Vol.52, No.9 p.1026 (2007))

(3) 経済産業省産業技術総合研究所・バイオメディシナル情報研究センターの設立

2008年(平成20年)4月に経済産業省産業技術総合研究所にバイオメディシナル情報研究センターが設立された。同センターは、母体の産業技術総合研究所・生物情報解析研究センターの成果に基づいて、ポストゲノム研究の中核として、タンパク質など遺伝子産物の構造と機能を解析し、その機能を制御する物質を提供する一連の創薬基盤技術の開発を行なう。

(出典：<http://unit.aist.go.jp/birc2/outline/index.html>)

第2節 他の施策との連携

1. 科学技術連携施策群

2004年7月総合科学技術会議で、科学技術連携施策群の制度が決定された。各府省の縦割り施策に横串を通す観点から、総合科学技術会議が国家的・社会的に重要であって関係府省の連携下に推進すべきテーマを定めテーマごとの関係施策の不必要な重複を排除し連携強化を図るもので、相乗効果、融合効果が発揮され全体として、より優れた成果を生み出すことを目的としている。総合科学技術会議の下に基本政策推進専門調査会が設けられ、2006年4月より第3期科学技術基本計画に沿った政策の確実な推進を図るため、科学技術に関する基本的な政策に係わる事項についての調査・検討を実施している。この調査会には、次の8つの科学技術連携施策群がある。

ポストゲノム、
新興感染症、
ユビキタスネットワーク電子タグ、
次世代ロボットー共通プラットフォーム技術の活用、
バイオマス活用、
水素利用／燃料電池、
ナノバイオテクノロジー、
地域科学技術クラスター

である。

この中でバイオインフォマティクスに関連する関連施策群は、「ポストゲノム」および「ナノバイオテクノロジー」の2つである。「ポストゲノム」がバイオインフォマティクスに関連することは自明であるが、「ナノバイオテクノロジー」では、「分子イメージングによるナノ・ドラッグ・デリバリー・システムの支援」、「ナノバイオセンサー」(2課題)等の課題が挙げられている。

(出典：<http://www8.cao.go.jp/cstp/siryo/haihu61/siryo4-2-1.pdf>)

2. 経済産業省ライフサイエンス統合データベースポータルサイト

2008年より、経済産業省ライフサイエンス統合データベースポータルサイトが、経済産業省からの委託により、バイオ産業情報化コンソーシアム(JBIC)と、産業技術総合研究

所バイオメディシナル情報研究センター (BIRC)で運用されている。経済産業省関連機関により実施されたライフサイエンス分野の研究開発プロジェクトの成果であるデータベースに関する情報提供サイトを構築・運用している。また、ヒト遺伝子に関連した各種研究成果に関して、平成 17～19 年度に実施された事業である「ゲノム情報統合プロジェクト」において構築された、ヒト全遺伝子のアノテーション統合データベース (H-Invitational DB : <http://www.h-invitational.jp/>) を基礎として、経済産業省関連の研究成果を連携して利用できるシステムを構築する計画である。終了年度として 2010 年が予定されている。

上記ポータルサイトは、文部科学省「統合データベースプロジェクト」と連携して進められている。

(出典 : <http://medals.jp/contents/about>)

3. 情報・システム研究機構のライフサイエンス統合データベースセンター (文部科学省「統合データベースプロジェクト」)

2007 年 (平成 19 年) には、経済産業省、厚生労働省、農林水産省も省庁連携施策として参画し、大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構内に、「ライフサイエンス統合データベースセンター (Database Center for Life Sciences:DBCLS)」が設立された。センター長として高木利久氏が就任した。このセンターでは国内に散在している種々の生命科学データベースに対して、「統一 (unification) ではなく集積化 (integration) という意味あいからの統合化を図ること」を謳っている。

(出典 : 蛋白質 核酸 酵素 Vol.52, No.9 p.1026 (2007))

参考2 バイオインフォマティクスの動向

第1節 バイオインフォマティクス発足の背景・理由と動向

概要を図表 2.1.1 にまとめた。

生命科学の最大の研究目標の一つであるヒトのゲノムの塩基配列の解析がほぼ完成し、2001年2月に国際解析チームとセセラ社はそれぞれ独立にヒトゲノム配列の概要を報告した。技術的には解析装置の自動化・高速化により産出されるデータ量は膨大となった。さらに塩基配列データのみならず多種多様な生物情報が加わり、ますます複雑化してきた。したがってデータを体系的に整理し、効率化したデータベースの構築が求められる。さらにゲノム配列情報を活用した網羅的な解析の複雑さに対応するため、数学や情報科学の知識・手法が必要となっている。生物科学と情報科学の融合により、これらの課題に体系的に取り組む必要が生じてきた。これを解決する研究分野がバイオインフォマティクスの大部分をしめる。数学的な近似解法だけでは必ずしも最適解へ導くことはできない。生物学的な視点に立ったアルゴリズムやパラメータが必要となる。バイオインフォマティクスは実験で確かめるべき膨大な探索空間を絞り、体系的でかつ網羅的な解析を可能にする。これで個々の遺伝子の解析では見えない生命現象の全体像を明らかにすることができる。

図表 2.1.1 バイオインフォマティクス発足の背景・理由と動向の概要

構造・機能	研究・技術領域	バイオインフォマティクス発足の背景・理由	バイオインフォマティクスの動向
データベース	データベース構築	① データの増加 mRNA の部分配列(EST)が登録されたこと、各種生物の DNA 塩基配列が次々と明らかにされたこと、等のためにデータ量が著しく増加した[1]。 ② データベース構築 単に塩基の文字列を羅列するだけの段階から、遺伝子領域の位置、その構造や機能、その遺伝子に関連する文献、解析の結果わかった事項の注釈づけを行い、それらの情報も収録する必要が出てきた。 ○ アノテーション 情報がデータベースに登録されたままで放置されていることが多い。研究に使えるように、解析の結果わかった事項を注釈づけする必要がある[1]。 ○ オントロジー これまでのようにモデル生物ごとにデータベースが作られたままでは、使われる用語や分子の呼び方に統一した基準がない。これを解決するため、まず語彙の不統一を整理し、体系的に記述し直し、概念に首尾一貫した用語と定義を与える必要がある[1,2]。	解読された塩基配列は公共のデータベースである GenBank(米国)、EMBL(欧州)、DDBJ(日本)のいずれかに登録することになっている。 ○ アノテーション マウス完全長 cDNA について、2000 年 8 月に理化学研究所において各国研究者の議論をもとにしてアノテーション作業を進めた。アノテーションには個人の解釈をこえた各機関の研究者の確認作業が必要となるため、国際的に各分野の研究者の議論に基づき試行錯誤しつつ行ったのは有意義であった[2,5]。 ○ オントロジー 遺伝子を対象とした遺伝子オントロジー、分子や細胞の相互作用を対象としたインタラクションオントロジー、シグナル伝達系を対象としたシグナルオントロジーなど研究分野ごとにオントロジーの構築が進められている。これによりデータベース間の相互運用性が高まり、異種のデータベースが互いに参照し合えるようになりつつある[2]。
	データベースの統合化	バイオインフォマティクスの解析では、一種類だけのデータベースを使用することはまれである。多様なデータベースや検索システムを組み合わせで行われる。各種データベースや検索ソフトウェアを Web 上でリンク付けした統合化システムの構築が必要である。このためにデータベースのデータ表示方式や検索条件の記述式の標準化や統一が必要である[1]。	代表的な総合検索システムの例としては、DBGET(日本:京大、東大)、Entrez(米国:N CBI)、SRS(欧州:EMBL)が実際に使用されている[1]。 2001 年 3 月より GBIF(地球規模生物多様性情報機構)が正式に活動を開始した。これにより、動物、植物、微生物、菌類等広範な生物種の標本データから遺伝子配列情報、タンパク質データ、生態系データ等の相互運用・利用が可能になろうとしている[3]。 我が国で行った cDNA や SNP などを含めた統合データベースの作成、H-Invitational の開催などが大きな成果をあげた[4,5]。

脚注： ➡ は研究がカバーする領域・範囲を示し、太さは今後の期待度を示している。

参考文献は、前節と同じである。以下同様。

構造・機能	研究・技術領域	バイオインフォマティクス発足の背景・理由	バイオインフォマティクスの動向
↑ 構造の世界 ↓	ホモロジー解析	遺伝子、タンパク質の機能を調べる有力な方法として、生物種間のアミノ酸配列の類似性にもとづく解析が行われる。タンパク質の構造は近縁の生物種ほど構造・機能が類似している。逆に類似した遺伝子が別種に見つかり、別種での機能がわかっておれば、もとの遺伝子の機能的性質が予測できる。対象がヒトゲノム配列のように長い配列の場合、高速で精度よく類似・一致する遺伝子領域を見つける必要がある[2]。	世界的に多用されているソフトウェアとしては FASTA と BLAST がある。BLAST が高速のため一般的に多く使われている。共用計算環境の利用としてグリッド方式が進められつつある。大阪大学のバイオグリッドプロジェクトや並列生物情報処理イニシアティブ(IPAB)の OBIGrid がある[2]。 ○ バイオグリッド バイオインフォマティクスに必要な設計パスをグリッド技術で共有する目的で計画された。中でも OBIGrid(Open Bioinformatics Grid)は、文部科学省科研特定領域研究ゲノム情報科学と並列情報処理イニシアティブ(IPAB)が母体となっており、グリッドに接続するだけで最新データやアプリケーションが利用できる環境を目指している[2]。
	タンパク質構造解析	タンパク質のアミノ酸配列と立体構造の関係を明らかにすることはバイオインフォマティクスの大きな目標の一つである。立体構造のデータ数は過去 10 年で 10 倍以上になっている。アミノ酸配列から立体構造は一意的に決まる。これを分子動力学で予測しようとするれば、計算量が膨大すぎて十分な精度は得られない。これを解決するため、ホモロジーモデリング法が使用され、類似したアミノ酸配列をもつタンパク質は構造も類似しており、これをもとにしてタンパク質の立体構造を予測する[2]。	タンパク質の機能特性の予測は創薬につながるため、その役割は極めて大きい。北里大学が開発した FAMS はタンパク質構造予測の国際コンテストである CASP (the Critical Assessment of Techniques for Protein Structure Prediction) の 2000 年の大会で優秀な成績を収めた。世界レベルのコンテストで好成績を収めることは研究開発の促進へつながる[2,4,5]。
	遺伝子ネットワーク	これまで蓄積された生命科学の膨大な知識を相互作用という観点で体系化し、計算機で扱えるような対象とすることが必要である。 細胞中で発現している全遺伝子をトランスクリプトーム、また遺伝子から生成された全タンパク質をプロテオームとして解析する。機能未知の遺伝子が、いつ、どのように発現するかを知り、その機能を明らかにする手がかりとする研究も必要である。	ノンコーディング RNA の出現で、ゲノム DNA のトランスクリプトーム自体のコンセプトが変化してきた。さらにゲノム DNA のメチレーション、テリトメスベシフィックのトランスクリプションを考慮した解析が必要になってきた[4,5]。 京大が開発した KEGG システムは遺伝子ネットワークの研究成果をデータベースとして公開している。この分野では従来のように遺伝子機能の記述中心の生物研究では不十分であり、情報科学との融合が必須となりつつある[2,4,5]。
↑ 関係の世界 ↓	関係・機能解析	ポストゲノムの研究はデータベース「構造の世界」の研究から「関係性の世界」の研究へと移行してきている。生命のシステム的な理解を目指して、細胞や個体の機能「機能の世界」の研究を指向するようになってきた。 「関係性の世界」の研究分野では、遺伝子のスイッチのオン・オフを見る遺伝子発現解析、および遺伝子発現情報による遺伝子分類の研究が必要である。タンパク質間などの相互作用をみる分子間相互作用の解析では、アミノ酸配列から予測されるタンパク質の物理化学的性質をもとにした細胞内での挙動や細胞内局在位置の予測の研究が必要である。 「機能の世界」の研究では、細胞間のシグナル伝達、個体発生メカニズムの解析が必要である[1]。	DNA を用いたタンパク質の構造と機能解析は、我が国が世界をリードする得意分野である。中でも京大が開発した KEGG(生命システム情報統合データベース)は個々のツールとしては独創的でよくできている。代謝(パスウェイ)解析においては国際標準化となっている。今後は、遺伝子・タンパク質と化合物・化学反応においても国際標準化を狙うべきである[2]。 ヒト以外の生物のゲノムの解明もスピードアップして達成されつつある。タンパク質機能解析結果、臨床・医学的情報、SNP データとの相関において、日本が主導権をとって標準化を図ろうとしている[4,5]。
	システム生物学	データベースに関連した研究(Data Driven Science)から進んで、タンパク質の機能解析、疾病感受性遺伝子の同定、脳関連遺伝子の進化的解析がバイオインフォマティクスの課題となってきた。ワーキング・ハイポセシス・オリエンティッド・サイエンスへ向かいつつある。これらに関連してシステムバイオロジーが華やかになってきており、バイオインフォマティクスは個々の遺伝子の時空間の正確なインフォメーションを提示するという意味でも大切である[4,5]。	日本のバイオインフォマティクスはデータベースの構築、それをもとにした解析では世界的にも評価される業績は出ている。今のところ、バイオインフォマティクスから得られた概念をもとに、これまでの生物学の解釈を改めさせるようなものは出てきていない。したがってワーキング・ハイポセシス・オリエンティッド・サイエンスとしての生物学を進めるべきという意見が出ている。その意味ではシステム生物学とバイオインフォマティクスは目指すゴールは一致しており、大部分は重なっている。現時点では我が国のシステムバイオロジーは代謝工学といった代謝経路のネットワーク研究に特化しつつある[4, 5]。
↓	機能の世界		

前述のバイオインフォマティクス発足の背景・理由と動向の概要について、要点を図表 2.1.2 にまとめた。事業の動向の記述において、イタリック表記が、本事業による成果等を反映した動向である。

図表 2.1.2 バイオインフォマティクス発足の背景・理由と動向の要点

研究・技術分野	事業の背景・理由	事業の動向
構造	データベース構築	○遺伝子データベースGenBank(米国)、EMBL(欧州)、DDBJ(日本)での登録・公開 ○タンパク質データベースRCSB-PDB(米国)、ESI-MSD(欧州)、<i>PDBj(日本)</i>での登録・公開 ○2000年8月、理研で国際的アノテーション作業実施 <i>○遺伝子、分子間相互作用、シグナル伝達を対象としたオントロジー開始</i>
	データベース統合	○統合検索システム DBGET{日本}、Entrez(米国)、SRS(欧州)の使用 <i>○2001年3月、GBIFの活動開始</i> ○H-Initationalの開催
	ホモロジー検索	○世界的にはFASTA、BLASTの利用 ○バイオグリッドOBIGridの計画・推進 ○バイオグリッドプロジェクト(阪大)の開始
関係	タンパク質構造解	○膨大なアミノ酸配列データからのタンパク質の立体構造予測の高速化および高精度化の必要性 ○ホモロジーモデリング法の適用 ○FAMS(北里大)の開発 <i>○構造特性の創薬への利用</i>
	遺伝子ネットワーク	○生命科学の膨大な知識の相互作用という観点での体系化の必要性 <i>○トランスクリプトーム、プロテオーム解析などオミクス解析の展開</i> <i>○KEGG(京大開発)はパスウェイ解析の国際標準となる。</i>
	関係・機能解析	○アミノ酸配列データから予測したタンパク質の物理化学的性質をもとに細胞内での局在、挙動の予測。 ○細胞間のシグナル伝達、個体発生の予測の必要性 <i>○KEGGをもとにして遺伝子・タンパク質と化合物との相互作用でも国際標準化を目指す。</i> <i>○臨床・医学情報、SNPデータにおいても日本が主導権を目指す。</i>
機能	システム生物学	○疾病関連遺伝子の同定、脳関連遺伝子の進化的解析など遺伝子の時空間的な正確な情報解析が必要。 ○システム生物学とバイオインフォマティクスの目指す方向が一致してきた。<i>例えば代謝経路のネットワーク解析</i>

事業の動向の欄でイタリックで表示されている部分はJST支援事業によるもの。

第2節 バイオインフォマティクスの進展

1. 国内バイオインフォマティクス関連学会の進展

日本国内でのバイオインフォマティクスの進展を示す指標として、日本バイオインフォマティクス学会の年会や分科会の開催動向、学会会員数、学会発表件数の年次推移を示し、バイオインフォマティクスの進展を記載する。

日本バイオインフォマティクス学会の設立と年会の推移、および、関連分科会としての研究会の開催動向を図表 2.2.1 に示す。各年の研究会毎の欄に研究会の開催月あるいは開催順番号と開催月を記載した。

図表 2.2.1 日本バイオインフォマティクス学会とその分科会の開催の年次推移

学会・研究会	年	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008
日本バイオインフォマティクス学会	平成11年末 設立趣意書	12月：平成 13年度年 会	12月：平成 14年度年 会	12月：平成 15年度年 会	12月：平成 16年度年 会	12月：平成 17年度年 会	12月：平成 18年度年 会	5月：平成 19年度年 会	12月：平成 20年度年 会	
バイオシミュレーション 研究会		10月	9月	6月	5月					
アレイインフォマティク ス研究会		8月								
システムバイオロジー 研究会					① 10月	② 2月 ③ 5月 ④ 8月 ⑤ 11月	⑥ 3月 ⑦ 6月 ⑧ 9月	⑨ 1月 ⑩ 3月 ⑪ 6月 ⑫ 8月 ⑬ 11月	⑭ 2月 ⑮ 4月 ⑯ 8月 ⑰ 8月	⑱ 3月 ⑲ 6月 ⑳ 11月
生物情報ネットワーク 研究会					① 12月	② 6月 ③ 11月 ④ 12月	⑤ 2月 ⑥ 11月 ⑦ 12月	⑧ 2月		
創薬インフォマティクス 研究会						① 6月 ② 10月	③ 1月 ④ 9月	⑤ 1月 ⑥ 9月	⑦ 5月	⑧ 3月
オントロジー研究会							① 9月 ② 11月	③ 10月	④ 5月	⑤ 10月
機能ゲノミクス研究会									① 2月 ② 4月	③ 3月

(出典：<http://www.jsbi.org/modules/jsbi/index.php/activity07.html> など)

学会発足初期の頃、2001年に、バイオシミュレーション研究会とアレイインフォマティクス研究会が始まった。2003年からは、システムバイオロジー研究会や生物情報ネットワーク研究会が、2004年からは、創薬インフォマティクス研究会が、2005年からはオントロジー研究会が、2007年からは機能ゲノミクス研究会が、それぞれ開始された。こららの中で、最も頻繁に研究会を開催し活動しているのは、システムバイオロジー研究会であり、2008年末までに20回を数えた。

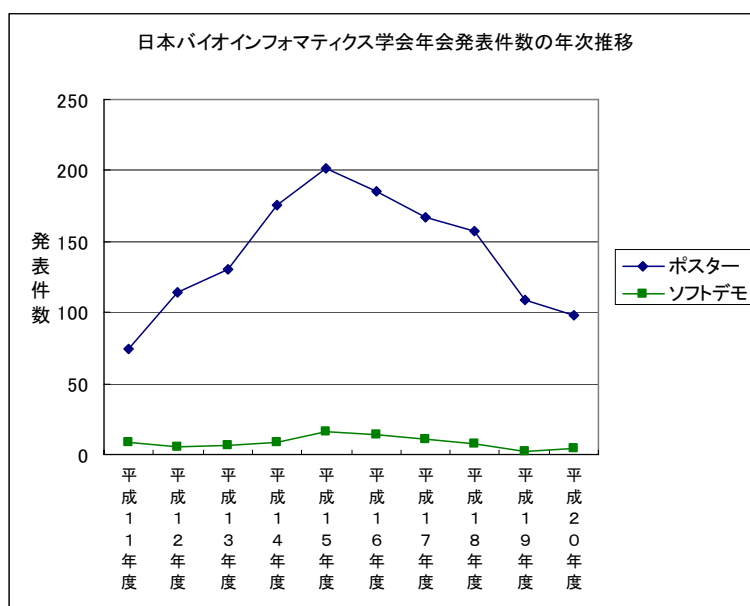
なお、閉会した（と思われる）研究会としては、次のものがある。生物情報ネットワーク研究会、バイオシミュレーション研究会、アレイインフォマティクス研究会。

(出典：http://www.jsbi.org/?ml_lang=ja
：<http://www.jsbi.org/modules/jsbi/index.php/kenkyukai.html>)

① 学会年会での発表件数の年次推移

日本バイオインフォマティクス学会年会での発表件数の年次推移を図表 2.2.2 と図表 2.2.3 に示す。平成 15 年度までは増加傾向にあった。同年度にポスター発表 201 件を数えたが、以後減少傾向にある。日本バイオインフォマティクス学会の年会は平成 18 年度まで、GIW 国際会議との合同で行われてきたが、平成 19 年度からは日本バイオインフォマティクス学会年会 JSBi として開催されている。

図表 2.2.2 日本バイオインフォマティクス学会年会での発表件数の年次推移



(出典：日本バイオインフォマティクス学会データ提供による)

図表 2.2.3 日本バイオインフォマティクス学会年会発表件数の年次推移

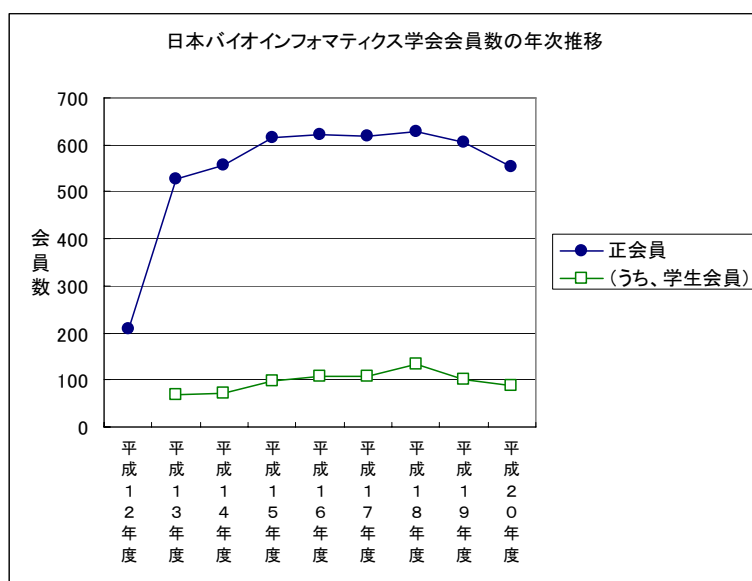
年度	年会名称	ポスター発表件数	ソフトデモ発表件数	発表件数の合計
平成11年度	GIW '99	74	9	83
平成12年度	GIW 2000	114	5	119
平成13年度	GIW 2001	130	6	136
平成14年度	GIW 2002	176	9	185
平成15年度	GIW 2003	201	16	217
平成16年度	GIW 2004	185	14	199
平成17年度	GIW 2005	167	11	178
平成18年度	GIW 2006	157	8	165
平成19年度	JSBi 2007	109	2	111
平成20年度	JSBi 2008	98	4	102

② 学会会員数の年次推移

i) 正会員数の年次推移

日本バイオインフォマティクス学会会員数の年次推移を図表 2.2.4 と図表 2.2.5 に示す。学生会員を含めた正会員数は、平成 12 年の 200 名強から平成 15 年度には 600 名を超える程度に増加した。以後その水準で平成 18 年度まで推移したが、その後減少傾向にある。学生会員数は平成 13 年度より平成 18 年度まで緩やかな増加傾向にあり 100 名を超えるに至ったが、平成 19 年度より減少傾向にある。

図表 2.2.4 日本バイオインフォマティクス学会正会員数の年次推移（グラフ）



（出典：日本バイオインフォマティクス学会提供データによる）

図表 2.2.5 日本バイオインフォマティクス学会正会員数の年次推移（表）

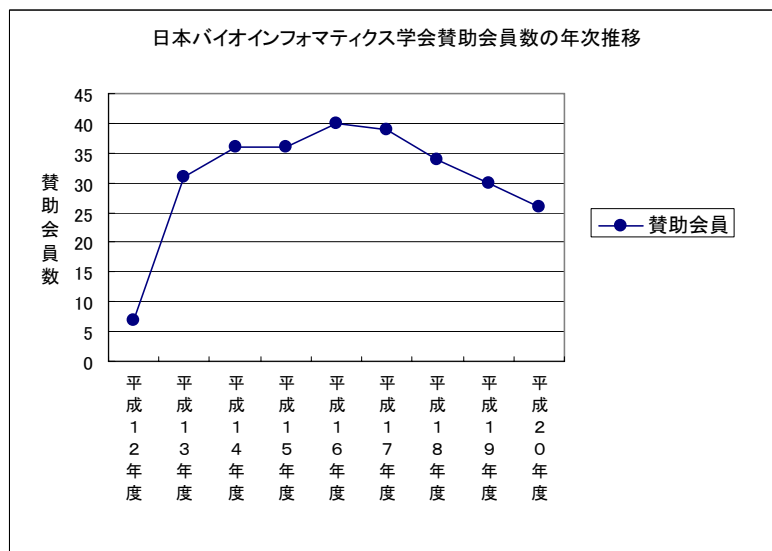
	正会員	(うち、学生会員)	賛助会員
平成12年度	210	7	
平成13年度	529	31	
平成14年度	557	36	
平成15年度	614	36	
平成16年度	623	40	
平成17年度	620	39	
平成18年度	630	34	
平成19年度	605	30	
平成20年度	553	26	

（出典：日本バイオインフォマティクス学会提供データによる）

ii) 協賛会員数の年次推移

日本バイオインフォマティクス学会協賛会員数の年次推移を図表 8.2.6 に示す。同学会協賛会員数は平成 16 年度まで増加傾向にあり、同年には 40 社の最多を記録した。以後減少傾向にあり、平成 20 年は 26 社である。

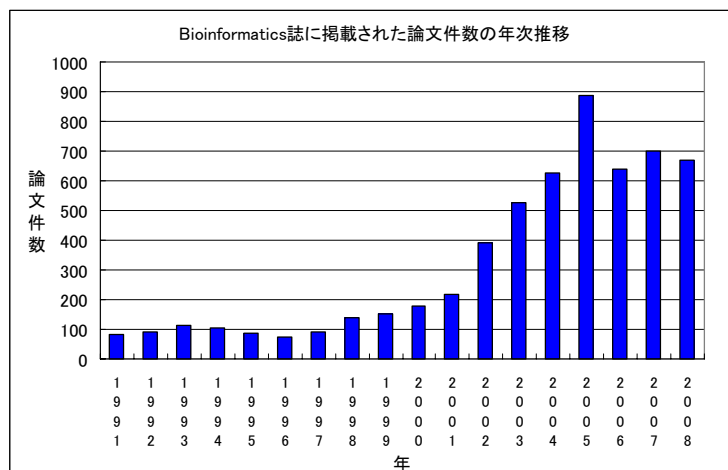
図表 2.2.6 日本バイオインフォマティクス学会協賛会員数の年次推移（グラフ）



（出典：日本バイオインフォマティクス学会提供データによる）

次に、国際的なバイオインフォマティクスの進展を示す指標として、バイオインフォマティクスの学術専門誌である Bioinformatics 誌の掲載論文件数の年次推移を図表 2.2.7 とに示す。

図表 2.2.7 Bioinformatics 誌に掲載された論文件数の年次推移



2. バイオインフォマティクス関連の主要な国内大学・学部・学科の動向

国内のバイオインフォマティクス関連の主要な大学や学部、センターの設置や開設の時期などを、時系列で図表 2.2.8 に掲げ、それら大学の変遷を外観した。

1991 年には、東京大学医科学研究所にヒトゲノム解析センターが設置され、また、同時期に、京都大学化学研究所にはスーパーコンピュータが導入されゲノムネットの開発と運用が開始された。1998 年には理化学研究所ゲノム化学総合研究センターが開設された。東京大学のヒトゲノム解析センターは、その後、施設・設備・規模等が拡充され、2003 年には、総合研究棟が完成した。一方、京都大学化学研究所に 2001 年にバイオインフォマティクスセンターが設置された。京都大学は研究活動は勿論、東京大学や京都大学薬学部と連携して、バイオインフォマティクス人材養成プログラムを実施している。また KEGG の開発で著名な金久教授は、東京大学医科学研究の教授も兼務し、医学方面への応用・実用に注力している。

一方、私立大学として慶応大学は、1996 年に、湘南キャンパスの SFC 研究所にバイオインフォマティクス・ラボを設置し、バイオインフォマティクス分野の研究に先見の明を示した。慶応大学はさらに 2001 年には、先端生命科学研究所を山形県鶴岡市に開設、続いて 2002 年には工学部に生命情報学科を新設するなど、バイオインフォマティクス関連の研究分野に、主要国立大学にひけを取らない勢いで注力している。2008 年にはバイオインフォマティクス・ラボは、欧米で脚光を浴びている用語「システムバイオロジー」を名称に採用した「システムバイオロジー・ラボ」と改名され、時代の変化に的確にすばやく追随している。一方、日本で最初のバイオサイエンスの単科大学として長浜バイオ大学が 2003 年 4 月に開設された。バイオサイエンス学部・バイオサイエンス学科に生命情報科学コースが設置されたが、このコースは発展的に 2009 年 4 月からコンピュータバイオサイエンス学科に改組され、新たな教育と研究が開始される予定である。2006 年 4 月には、明治薬科大学薬学部生命創薬科学科にバイオインフォマティクス研究室が設けられた。2008 年 4 月には、立命館大学に生命科学部が設置され、その一環として生命情報学科が開設された。

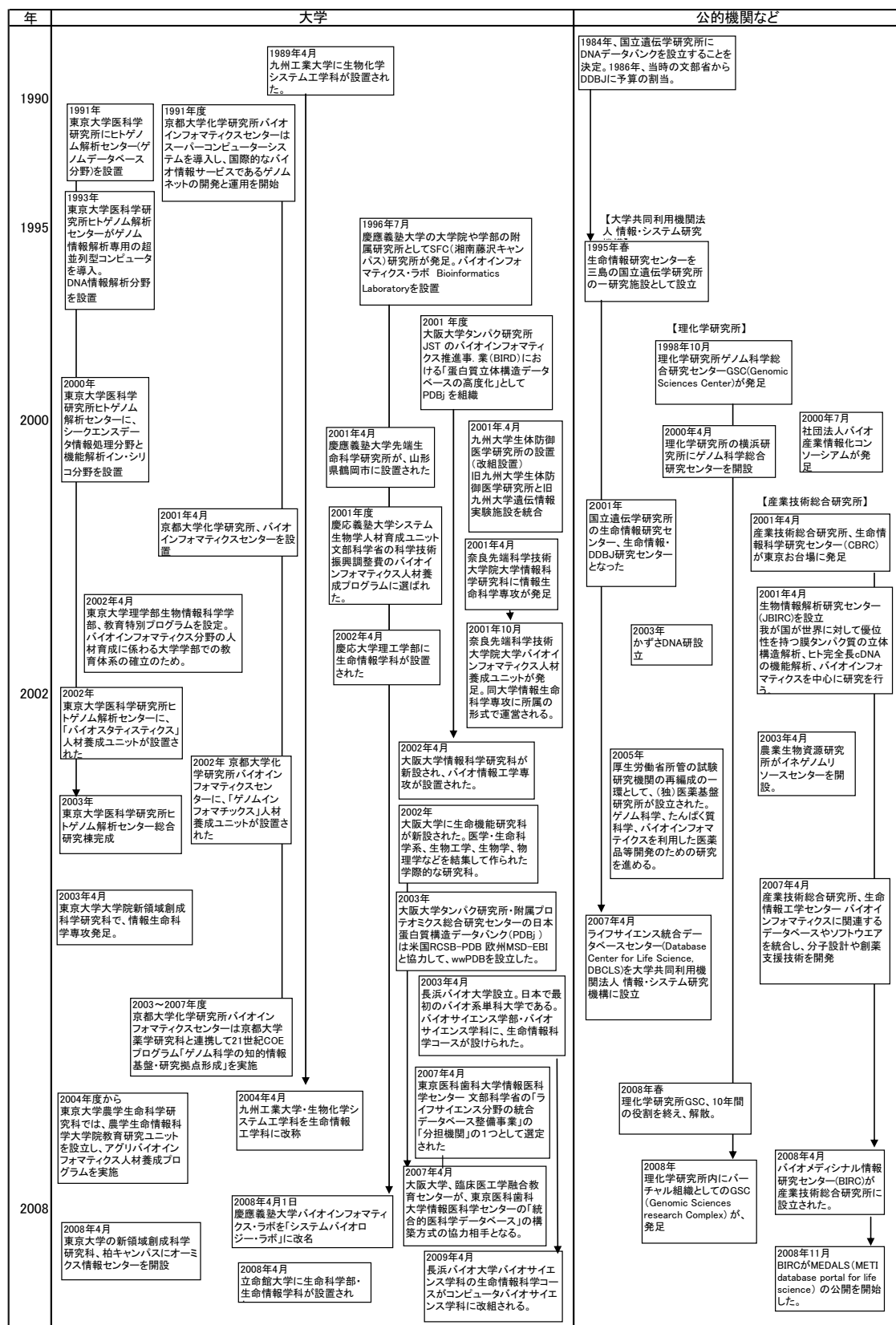
早稲田大学は、早稲田大学総合研究機構の枠組みにおいて、先端的な IT 研究の分類枠に、バイオインフォマティクス研究所を設けている。

一方、年代を軸に概観すると、2001 年には、奈良先端科学技術大学に情報生命科学専攻が設置され、また九州大学でバイオインフォマティクス研究部門を含む研究所が改組されるなど、バイオインフォマティクス関連の講座・施設の拡充の動きが見られる。

2007 年ごろからは、統合データベース関連の動きがある。東京医科歯科大学情報医科学センターは、文部科学省の「バイオインフォマティクス人材養成プログラム」の分担機関の 1 つになっている。

また、大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構には、ライフサイエンス統合データベースセンターが設立された。

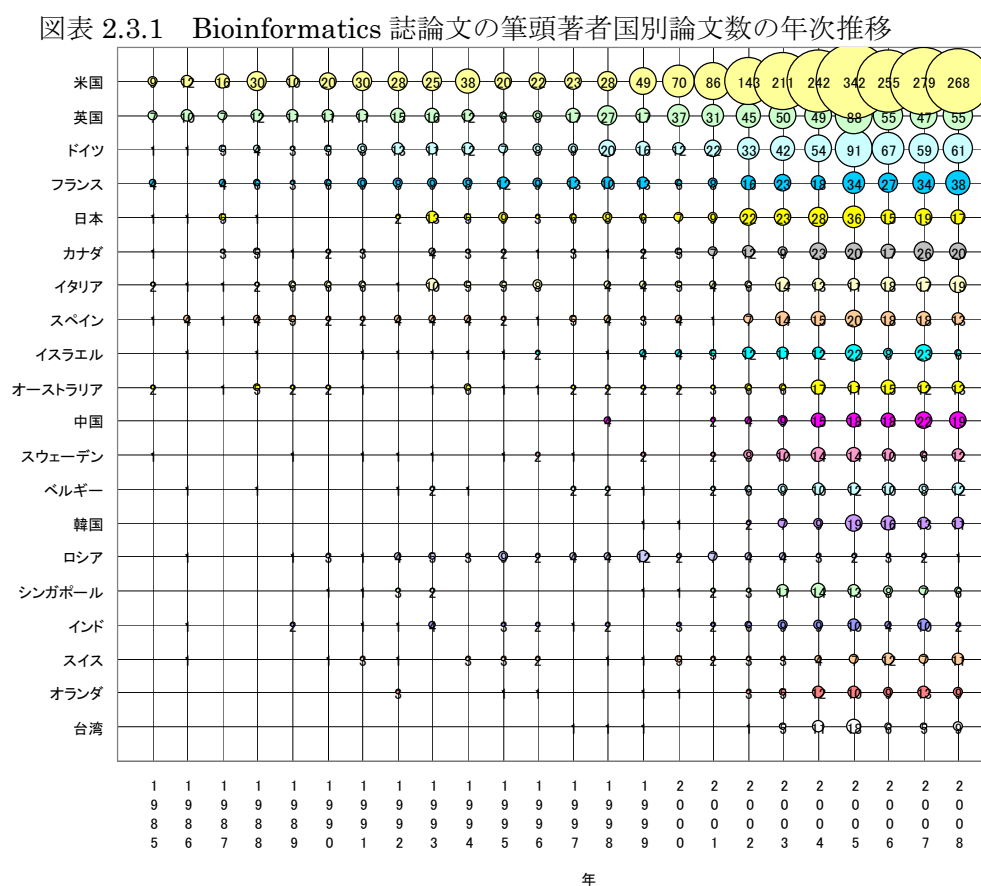
図表 2.2.8 バイオインフォマティクス関連の主要な大学や研究機関の変遷



第3節 国際的な発展状況

1. Bioinformatics 誌論文の筆頭著者国別論文数の年次推移にみる発展状況

バイオインフォマティックスの国際的な発展状況を示す指標として、国際的なバイオインフォマティックスの学術専門誌である **Bioinformatics** 誌の掲載論文における筆頭著者所属の研究機関の国別論文数の年次推移を図表 2.3.1 に示す。



1985 年から 2008 年の国別累積発表件数では、米国、英国、ドイツ、フランス、日本の順に、発表件数が多い。件数が多い上位 5 国では、いずれも、2000 年頃からの増加が見られる。米国は 1988 年ごろからすでに、他国より件数が多く、研究のリーディングプレイヤーであったが、2000 年以後の件数の増加は図表より明らかなように著しい。英国は米国よりは件数は明瞭に少ないが、年次推移的な傾向は米国と同様である。ドイツは 2000 年までは英国より件数的には少ないが 2000 年以後件数が多く特に 2005 年には英国の件数を上回っている。日本は 2005 年に件数的にピークがあり、以後減少している。

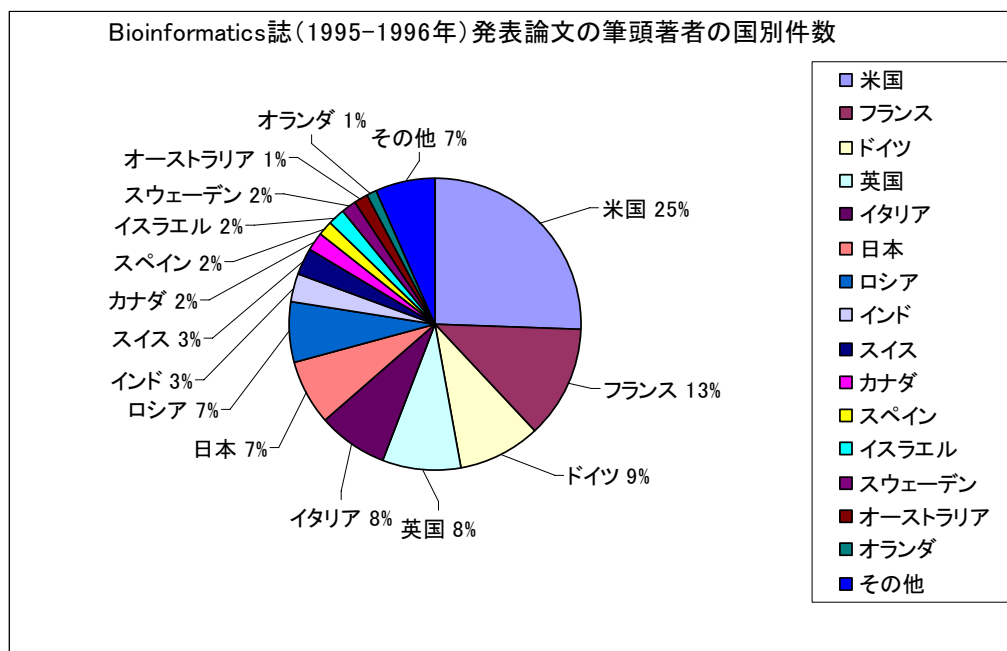
2. バイオインフォマティクス専門誌の論文著者国籍の年代別特徴

Bioinformatics 誌論文の筆頭著者の国別件数（国別比率）の全体に対する割合を 1990 年代中頃、2001 年頃、最近（2007 年—2008 年）の 3 時期について解析し、特徴を記載した。

（1）1990 年代中頃の Bioinformatics 誌に発表された論文の筆頭著者の国別割合

1995 年—1996 年の Bioinformatics 誌に発表された論文の筆頭著者（First-Author）の所属研究機関の国別件数の割合（国別比率）を図表 2.3.2 に示す。米国が全体の約 1/4 を占める。次いでフランス、ドイツ、英国と欧州の主要国が続く。5 位はイタリア、6 位は日本で 7% を占めていた。これら上位 6 カ国で全体の 2/3 を占めていた。前記欧州 4 カ国の合計は米国を上回っていた。

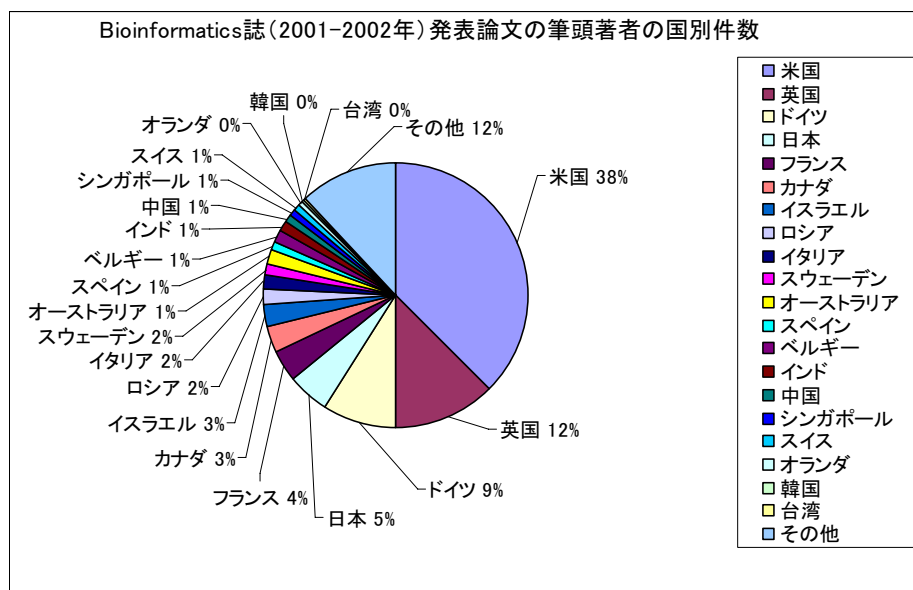
図表 2.3.2 1995 年—1996 年の Bioinformatics 誌に発表された論文の筆頭著者の所属研究機関の国別件数の割合



（2）2000 年代初期頃の Bioinformatics 誌に発表された論文の筆頭著者の国別割合

2001 年—2002 年の Bioinformatics 誌に発表された論文の筆頭著者の所属研究機関の国別件数の割合を図表 2.3.3 に示す。米国が全体の約 1/3 を占める。次いで英国 12%、ドイツ 9%、日本 5% と続く。5 位はフランス 4%、6 位はカナダ 3% と続く。これら上位 6 カ国で全体の 2/3 を占める。

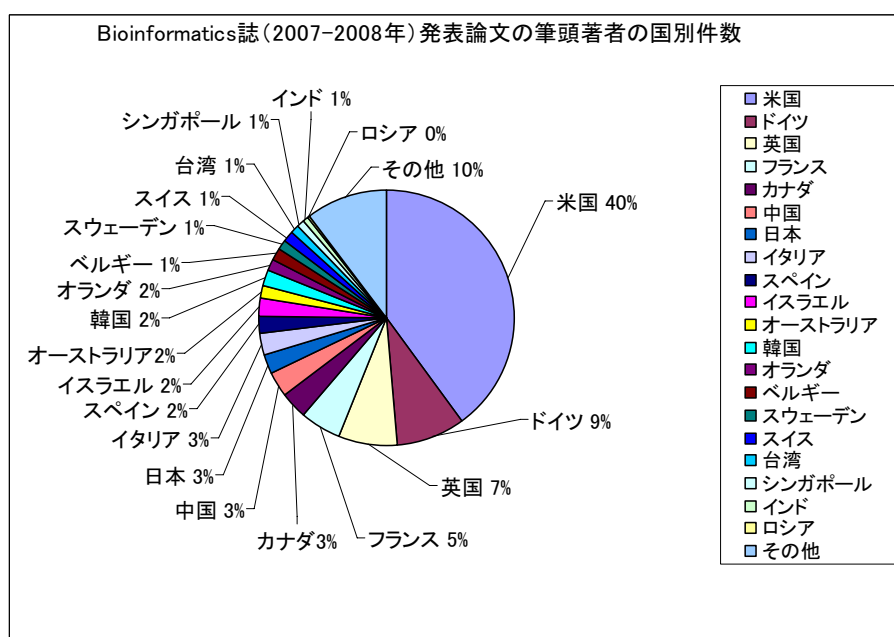
図表 2.3.3 2001 年－2002 年の Bioinformatics 誌に発表された論文の筆頭著者の所属研究機関の国別件数の割合



(3) 最近の Bioinformatics 誌に発表された論文の筆頭著者の国別割合

2007 年－2008 年の Bioinformatics 誌に発表された論文の筆頭著者の所属研究機関の国別件数の割合を図表 2.3.4 に示す。米国が全体の 40%を占める。次いでドイツ 9%、英国 7%、フランス 5%、カナダ 3%と続く。これら上位 5 カ国で全体の 2 / 3 を占める。6 位には中国、7 位に日本が全体の 3%程度で続く。

図表 2.3.4 2007 年－2008 年の Bioinformatics 誌に発表された論文の筆頭著者の所属研究機関の国別件数の割合



3. 世界におけるバイオインフォマティクスやシステムバイオロジーの流れ

世界では、バイオインフォマティクスからシステムバイオロジーへの流れがある。米国や欧州では、この展開が日本よりも顕著である。即ち、米国 NIH によるシステムバイオロジーセンターの設置、民間研究機関 ISB への多数のファンド、あるいは、DOE による GTL (Genomes to Life) プロジェクトが知られている。GTL は実質システムバイオロジー要素が大きい。このような米国のシステムバイオロジーへの傾斜は、欧州でも見られる。即ち、欧州全体としての EU-FP でのプロジェクト、また欧州個別各国でのシステムバイオロジー関連のプロジェクトの増加である。欧州個別各国として英国、ドイツ、スイスでは、それぞれのプロジェクトとして、6ヶ所の統合システムバイオロジーセンターの設置、HepatoSys プロジェクト、「システムス X.ch(SystemsX.ch)」を例として挙げることでできる。

参考までに、日本におけるバイオインフォマティクスやシステムバイオロジーの流れとして、日本生物物理学会のシンポジウム講演会開催テーマの年次推移における変遷を下記に掲げる。

構造ゲノミクス → データベースの高度化・標準化 → システムバイオロジー → マルチスケールシミュレーション の流れが見て取れる。

第4節 バイオインフォマティクス分野での人材の輩出

1. はじめに ー人材育成への取組についてー

平成12年11月に開催された「科学技術会議ライフサイエンス部会ゲノム科学委員会における「ゲノム情報科学におけるわが国の戦略について」（要約）によれば、「バイオインフォマティクス（バイオのための情報科学および情報論的解釈に基づく生命科学）の推進」の目標が設定された。その方策の第一には、人材養成が挙げられている。

人材の養成

・即戦力の養成

研修プログラム開発、研修機会・インセンティブ提供、外国人の登用、専門学校活用と国家資格設定

・研究交流、試行錯誤の「場」としての拠点形成

大型計算機の利用環境の提供、異分野の若手研究者の交流、習熟度に応じた体系的研修プログラムやセミナー

・大学等における中長期的視点に立った人材の育成

教育研究組織（学科や専攻、教育センター等）の整備

その後、「独立行政法人科学技術振興機構が達成すべき業務運営に関する目標」（中期目標）が、独立行政法人通則法（平成11年法律第103号）第29条の規定により、平成15年10月1日に文部科学省が定められた。その後、数度の改正を経て、現在の改正版（平成20年3月27日改正）に至っている。

近年のライフサイエンス分野の研究では、保有するバイオインフォマティクスツールの品質・性能や、それを使いこなすテクニックが、研究開発の進展に大きく関係する。そのため、ツールを使いこなせる人材や、より優れたアルゴリズムやソフトウェアを開発できる人材等の需要が急速に高まっている。しかし、この分野は新興分野であることから、十分な人材が確保できておらず、各国とも人材育成の対策が重要課題となっている。

「ゲノム情報科学における我が国の戦略について」（2000年11月、科学技術会議ライフサイエンス部会ゲノム科学委員会）では、当面の人材育成について必要とされる事項を以下のようにまとめている。

- 1 即戦力の養成：既存の人材を活用するための研修・訓練プログラムの開発、訓練の機会及びインセンティブの提供
- 2 中長期的な人材の育成：大学院の専攻や学部の学科の整備等、研究交流・試行錯誤の「場」としての拠点形成

1 に関しては、例えば、2001 年度より科学技術振興事業団のバイオインフォマティクス推進センターでは、東京大学医科学研究所と共同で、実践的な研修プログラムである「ゲノムリテラシー講座」に取り組み始めた。ここでは、研究者を対象に、データベースや解析ソフトウェアの利用法を習得するためのプログラムを開催している。

また 2 に関しては、2001 年度の科学技術振興調整費により、バイオインフォマティクスの人材育成事業が始められ、4 つのテーマが採択された。これにより、例えば慶應義塾大学では、理工学部生命情報学科を新設し「システム生物学者育成プログラム」を開始した。本プログラムでは、学部教育で、化学、物理・情報、数学を基礎におき、生物を理解する方法としての実験と計算機科学を修得させる。そして、製薬会社やコンピュータ会社、コンサルティング会社などの産業界へ、年間 40 名程度の学部卒業生、25 名程度の修士学位取得者を供給することなどを目標としている。

米国においても人材育成は重要課題として取り組まれている。NIH の研究機関において、人材育成への取組を行っている主な機関には、フォガティ国際研究所 (FII)、国立がん研究所 (NCI)、国立老化研究所 (NIA)、国立一般医学研究所 (NIGMI)、国立医学図書館 (NLM)、国立ヒトゲノム研究センター (NHGRI) などがある。その中で、例えば NLM では、エール大学やコロンビア大学など 12 の人材育成プログラムに助成金を出資している。

(出典：科学技術政策研究所科学技術動向 2003 年 1 月号 [特集 2] バイオインフォマティクスの技術動向)

JST では、具体的な新しい情報生物学の創造のための人材の育成方法としては、本施策で開発されるデータベースや解析ツールをはじめとした、種々のバイオインフォマティクス技術を活用できる人材を育成するための研修講座を開設している。また、コンピュータを通じて、バイオインフォマティクスに関する相談を行うことも可能である。

科学技術振興機構 バイオインフォマティクス推進センター (BIRD) では、生命情報データベースの構築、解析ツールの研究開発支援、データベースや解析ツールの提供などを行っている。

データベース、ソフトウェア、アルゴリズムなど研究を進めるにあたってのちょっとした疑問や各種ツールの使い方などについてご利用いただける「バイオインフォマティクス相談」を開設した。