

平成 13 年度日本生物工学会大会共催シンポジウム 「生物情報資源の現状とその利用」開催報告

平成 13 年 9 月 26 日～28 日の 3 日間、山梨大学キャンパスで開催された平成 13 年度日本生物工学会大会の中日、27 日午前に日本微生物資源学会との共催シンポジウムが開催された。今回のシンポジウムは山梨大学ワイン研究センターの篠原 隆先生と国立遺伝学研究所の菅原秀明先生と私の 3 人でお世話させていただいた。生物多様性条約の発効以来、生物資源保存、整備、利用は今まで以上に重要になってきている。そして、日本微生物資源学会機関会員が構築している微生物・細胞株の情報に加えて、最近のゲノム研究の大きな成果としての塩基配列データベースをはじめさまざまな生物関連データベースが構築されてきている。この流れのなかで、菌株データベースや塩基配列データベースなどの生物情報資源の重要性がバイオインフォマティクス分野の発展とともに再認識されている。そこで、保存生物のもつ情報あるいはその研究結果としての情報、ゲノムの配列情報解析から出てくる 2 次的情報のデータベースなども含めて「生物情報資源」ととらえて、その構築と利用にたざざわっている方々の話をうかがい、現状の理解とこれからの方向性を探る機会になればと考えた。銀杏の色が変わりはじめ、秋の気配を感じさせる山梨大学キャンパス会場で、6 名の演者の先生の講演に 60～80 名の聴衆が集まるシンポジウムとなった。以下、各講演について順を追って簡単に紹介する。

一番バッターの山崎由紀子先生（国立遺伝学研究所生物遺伝資源情報総合センター系統情報研究室）は「生物遺伝資源情報データバンク（SHIGEN）プロジェクトについて」と題して、イネ、コムギ、オオムギ、大腸菌、シロイヌナズナ、マウス、クローニングベクター、実験動物のデータベース構築に関する SHIGEN (Shared Information of Genetic resources) プロジェクトの紹介をされた。成果はバーチャルセンター <http://www.shigen.nig.ac.jp> という形の連携データベースとして結実しているが、生物種によりそれぞれ内容が違い、統一的形式の採用は非常に難しい点やメンテナンスが重要であり、各生物の研究者の協力による定期的更新が必須であることなどにも言及された。国立医薬品食品衛生研究所 JCRB 細胞バンク室長の水沢 博先生は「培養細胞研究資源データベースについて」というタイトルで、1984 年の JCRB 細胞バン

ク (<http://cellbank.nihs.go.jp>) の設立からの歴史をひもときながら、材料管理に必要な情報をデータベースにすることから開始し、情報と情報を生み出す材料の両方を管理する必要性と材料の品質確保が重要な問題であることを強調された。会場からメンテナンス事業の評価についての質問があり、水沢先生のご経験を交えて返答されていた。つづいて、「産業界からみた生物研究情報システムの構築」という演題で、大野美恵先生（社団法人バイオ産業情報化コンソーシアム）が、検索による関心情報を知られたくない、あるいはイントラネット構築・維持にかかる費用が莫大であるなどの産業界の抱える悩みを解消するため、共同利用センターとして利用できる高度なセキュリティをもつ生物研究情報システムの紹介をされた（JBIC ホームページ <http://www.jbic.or.jp>）。使いやすいエントリーシステムで、複数のデータベースを一括して検索するためのエージェントを用意し、データベースの違いを乗り越え、高度な機密保持アクセスシステムを構築していることや、発現プロファイル解析システムとして Stanford 大学システムと Affymetrix システムの両方に対応し、クラスタリングとカスタム検索が可能なることを説明された。また、インターネットを通して東京農大の菌株分譲と実験動物協会の分譲活動を支援する生物資材受発注システムについても紹介された。

4 番めの演者の浜本牧子先生（理化学研究所微生物系統保存施設）は「酵母の分類・同定における微生物株データベースの利用」と題して、18 S rRNA 解析では酵母の門、綱の分類が可能であること、分子生物学的手法の利点は系統を反映しており、データベース化が可能であることなどを *Tilletiopsis* 3 種の解析例や *Rhodospiridium* 9 種の ITS 1/2 を 1 つの配列として解析した例などをあげて紹介された。協和発酵工業（株）東京研究所の中川 智先生は実際にプロジェクトとして実施された *Corynebacterium glutamicum* のゲノム塩基配列決定とその解析に関するノウハウを中心に話され、1 Mb のドラフト塩基配列を決定するには 1 回の解読で 500 塩基を読むとして 40 日かかることや、遺伝子領域の推定では使用する解析ソフトウェアにより少し差が出てくるなどという具体的事例を含めて紹介された。また、51 微生物の解析結果を平均すると 1 kb あたり 0.96 遺伝子となるが、比較ゲノム解

報告

析にはデータの統一性が必要であるという点も指摘された。最後の演者、内山郁夫先生（岡崎国立共同研究機構計算機科学研究センター）は微生物ゲノムの塩基配列情報から次の有用情報を得るための試みとして比較ゲノム解析について話をされた。ゲノム間の遺伝子対応付け（オーソログ同定）により遺伝子構成の比較が可能であり、そうしたゲノム・遺伝子構造の比較を

行うことにより、未知遺伝子の機能推定やゲノムの進化、多様性の規則についての知見が得られることなどを説明され、そのために構築したMBGD (microbial genome database) システム (<http://mbgd.genome.ad.jp>) およびゲノム比較解析ツールCGTAについても紹介された。

(文責 金子嘉信)