

平成18年9月21日
東京大学理学部

生物情報科学科の新設について

1. 設置の概要

生物学と情報学の学際融合領域に位置する生物情報科学（バイオインフォマティクスとシステム生物学からなる）は、生命科学におけるゲノム研究と情報科学が融合することにより創出された全く新しい生物学であり、今世紀の生物学における中心的な学問領域になりつつある。特に、これまでの生命科学は、主に少数の遺伝子を対象にしたものがほとんどであるが、生物情報科学においては、ゲノム研究などのDNA配列などに象徴されるように、膨大なデータを定量的に扱う点が従来の生命科学と大きく異なる。このように生物情報科学は、生命科学と情報科学が融合することにより新しく生まれた領域である。生物情報科学の進歩は、21世紀の科学の発展と生命の謎を解くものと期待されるため欧米では急速に教育研究体制が整えられつつあり、わが国の教育研究体制も遅れをとらないよう産官学界の期待があった。

一方、本学理学部には、生物化学科と情報科学科、さらに新領域創成科学研究科（情報生命科学専攻）などがあり、本学で教育研究を実施するうえで最適な教育環境が整っている。実際、理学部では、平成13年度から平成17年度まで文部科学省科学技術振興調整費の採択を受けて「生物情報科学学部教育特別プログラム」を推進し、3年間で約50名の修了者を輩出することに成功している。受講人数及びカリキュラムは、既存の学科とまったく遜色がないものであり、受講した多くの学生が大学院へ進学後、生物情報科学の知識を用いてこれまでとは異なる研究を進めていることなどの事実は、この分野の基礎教育を学部段階から系統的に行う必要があることを明確に示している。したがって、本学理学部に本プログラムを継承・発展するものとして、平成19年度に生物情報科学科を設置するものである。産官学界からもゲノム創薬・診断や網羅的解析技術などを使いこなせる人材教育として、生物情報科学教育を受けた人材の需要も急速に増大しており、新学科を設置することにより学内外の需要にも十分応えることが期待される。

2. 学位

学士（理学）

3. 入学定員

学士：10名（平成21年3年生進学予定）

4. 教育課程編成の考え方・特色

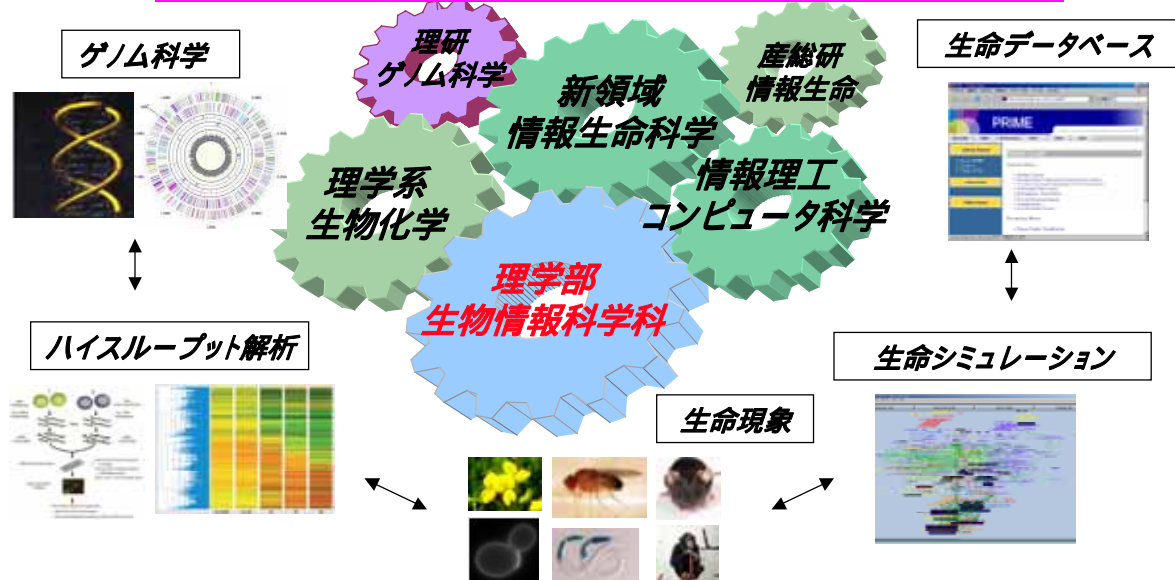
生物情報科学科では、生物情報科学学部教育特別プログラムの4年間及び平成18年度設立の新プログラムの経験を踏まえて、新しい体制でより充実した講義・実験カリキュラムを編成して学部教育を行う。特に、生物学、情報科学の基礎講義に加えて、新しい領域である生物情報科学（バイオイン

フォーマティクス・システム生物学関連)の講義を中心に行う。同様に実験についても、それぞれの基礎実験だけでなく、コンピュータプログラミングとゲノム実験を融合させた生物情報科学実験を行い、生物情報科学の実践力の養成も重視する。生物情報科学の分野は日進月歩であり、既存の講義で対応しきれないような領域については、生物情報科学特別講義を開講して十分な教育を行い、学内の関連部局のみならず、理化学研究所、産業技術総合研究所などの連携によっても幅広くかつ深い教育環境を提供する。



東京大学理学部 生物情報科学科設置
 生物情報科学 = バイオインフォマティクス + システム生物学
 生命科学のパラダイムシフト：21世紀の生命科学の中心

- 学部教育が急務：生命科学と情報科学の融合 -
 できるだけ早い段階からの教育が勝負の分かれ目！
 生命科学における日本の中長期的リーダーシップの確保



学科概要

生物学と情報学の学際融合領域に位置する生物情報科学は、生命科学におけるゲノム研究と情報科学が融合することにより創出された全く新しい生物学であり、今世紀の生物学における中心的な学問領域になりつつあります。

特に、これまでの生命科学は、主に少数の遺伝子を対象にしたものがほとんどですが、生物情報科学においては、ゲノム研究などの DNA 配列などに象徴されるように、膨大なデータを定量的に扱う点が従来の生命科学と大きく異なります。このように生物情報科学は、生命科学と情報科学が融合することにより新しく生まれた領域です。

生物情報科学の進歩は、21 世紀の科学の発展と生命の謎を解くものと期待されるため欧米では急速に教育研究体制を整えられつつあり、わが国の教育研究体制も遅れをとらないよう産官学界の期待がありました。

学部学生定員

10 名（平成 19 年 4 月入学者から対象 平成 21 年 4 月学部進学）

教員

新領域創成科学研究科
情報生命科学専攻
教授

浅井 潔
伊藤 隆司
高木 利久
服部 正平
森下 真一
助教
有田 正規
中谷 明弘

理学系研究科
生物化学専攻
教授

黒田 真也
助教
程 久美子

情報理工学系研究科
コンピュータ科学専攻
助手 1 名

東京大学 理学部 生物情報科学科

<http://www.bi.s.u-tokyo.ac.jp>

授業概要

生物情報科学科では、生物学、情報科学の基礎講義に加えて、新しい領域である生物情報科学の講義を中心にを行います。実験についても、それぞれの基礎実験だけでなく、コンピュータプログラミングとゲノム実験を融合させた生物情報科学実験を行い、生物情報科学の実践力の養成も重視します。

生物情報科学 実験演習

生物情報科学
情報基礎実験
生命科学基礎実験
生物化学実験
特別演習・実験 I
特別演習・実験 II

生物情報科学

生物情報学基礎論 I	生物ネットワーク論
生物情報学基礎論 II	ゲノム配列解析論
ゲノム生物学	生命情報表現論
オーミクス論	生物データマイニング論
生物情報ソフトウェア論	システム生物学
生物データベース論	環境ゲノム情報学

情報系科目

計算機システム
アルゴリズムとデータ構造
アルゴリズムとデータ構造演習
生物情報科学情報科学実験
など

生物系科目

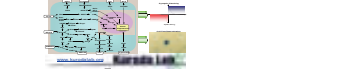
生物化学概論 I
生物化学概論 II
細胞生理学
生物統計学
遺伝学
など

理学系研究科 生物化学専攻

黒田 真也 研究室

シグナル伝達機構のシステム生物学

研究目的
さまざまな生命現象を制御する分子ネットワークの仕組みを定量的に記述し、統合的に理解すること。



現在までの研究の経緯
 ・解明されるシグナル伝達機構の全貌
 ⇒ 解明された情報は、再構成された際、経路全体の反映評価が困難
 ・シグナル伝達ネットワークにおける非線形性の存在
 ⇒ 実験手法のみでは全体の挙動の把握は困難
 ⇒ 全体を俯瞰して解析する手法の開発が必要
 ・分子の相互作用や酵素活性に基づいたネットワークであるシグナル伝達経路
 ⇒ 分子の置る難い生化学反応に代ると仮定される
 ⇒ 分子相互作用のプロトコル駆動上生化学反応を記述すれば、シミュレーションモデルの作成が可能と考えられる。

シグナル伝達経路の全体像の解明に向けて
 実験(ウェット)とコンピュータシミュレーション(ドライ)の両方を用いたアプローチ



- 1) 細胞増殖決定機構・増殖と分化のスイッチ、細胞の生死のスイッチ
- 2) 細胞の収束・発散の制御
- 3) スパイクタイミング依存性のシナプス可塑性機構
- 4) 細胞極性のメカニズムなどのシステム解析

人材育成
 ウェットとドライの融合
 どちらの分野も理解・解析できるような人材育成の体制作り

程 久美子 研究室

構造解析から機能解析へ

RNAi効果が大きく、標的遺伝子に特異的なsiRNA配列設計法を確立

塩基配列の解明だけでなく、生体における個々の遺伝子の働きが確認されて、初めて、その遺伝子は遺伝子であることと位置づけられる

RNA interference (RNAi, RNA干渉) 法 (図1)
 19塩基の塩基配列で、機能解析を行うことが可能
 RNAi法による哺乳類遺伝子機能解析法の基盤技術の確立
 siRNAの約80%程度はRNAiを起こすことが出来ない

RNAi効果の高いsiRNAの配列 (図2)

研究課題

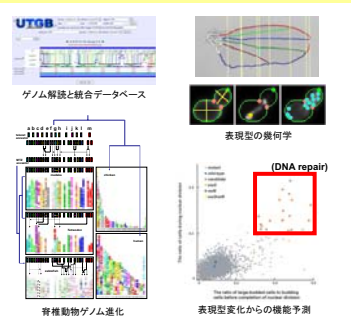
1. 2本鎖RNAによる遺伝子機能抑制機構解明
 ・ RNAiとは異なる体系的な遺伝子機能抑制法の確立へ
 2. RNAi法による網羅的スクリーニング
 ・ siRNA配列設計法を利用し、転写制御因子に対するものを中心としたsiRNA発現DNAライブラリを作成
- 様々な形態変化
 siRNA発現ライブラリをマウスES細胞に導入、発生・分化関連遺伝子のスクリーニングを行った例。
3. 分子間ネットワークの解析
 ・ siRNAライブラリでの実験結果を実験的・情報的に解析
 4. ncRNAの機能解析
 ・ non-coding RNAの重要性の解明

新領域創成科学研究科 情報生命科学専攻

森下 真一 研究室

バイオデータベース分野

コンピュータサイエンスの先端的手法(アルゴリズム・データマイニング・大規模データベース処理・超並列計算)を駆使して、基本的なバイオインフォマティクス・ソフトはできるだけ自分たちの手でつくり広め、新しい生物学的知見を得ることを目標としています。



- 主な研究テーマ**
- ゲノム解読アセンブラ
 メダカ、カイク等の大規模ゲノムを解読
 - 脊椎動物ゲノムの大規模な進化過程の推定
 - 短い配列の特異性を検証する技術
 siRNA、PCR、タイリングアレイ、マイクロアレイの設計
 - 表現型の幾何学
 - 酵母、ハエ変異体の微細な形の変化から機能予測
 - SNP、ゲノム変異と疾患の連鎖解析
 - 様々な生物データの統合データベース化技術
- <http://mlab.cb.k.u-tokyo.ac.jp/>

中谷 明弘 研究室

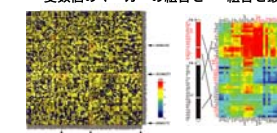
バイオデータベース分野

QTL解析

Quantitative Trait Locus
 ・ 量的な形質に関連した遺伝子座

分散分析 (ANOVA)

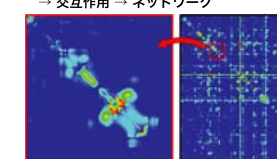
- ・ 複数の遺伝子座の組合せ (交互作用)
- ・ 形質値の分布に有意なマーカーのペアの評価
- ・ 変数個のマーカーの組合せ → 組合せ最適化



統合失調症モデルマウス
 ハエの突起のサイズに関連するマーカーペアの評価

多次元区間マッピング

- ・ 染色体×染色体でペアワイスにスキャン
- ・ 離散的に存在するマーカー間も補充しながら評価
- ・ 有意なマーカー区間ペアを抽出
 → 交互作用 → ネットワーク

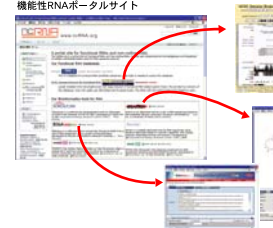


浅井 潔 研究室

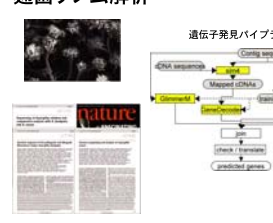
ゲノム情報解析分野

機能性RNAの情報解析

機能性RNAポータルサイト
 機能性RNAデータベース



麹菌ゲノム解析

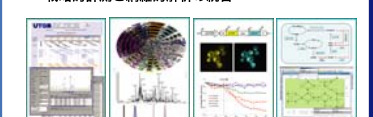


伊藤 隆司 研究室

ゲノムデバイス分野

酵母の機能ゲノミクス・システム生物学

- ◆ トランスクリプトーム
 全長cDNA解析、発現絶対定量解析、遺伝子ネットワーク解析
- ◆ プロテオーム
 インタクトームの動態・機能解析、翻訳後修飾の定量解析
- ◆ 栄養ストレス応答のモデル化
 戦略的計測と網羅的解析の統合



哺乳類のエピゲノミクス

- ◆ メチル化ポディマップの作成
 HM-PCRによるアレル別メチル化マップ
 ハイサルファイト・ショットガン・シーケンシング(BSS)による高分解能メチル化マップ
- ◆ メチル化DNA-タンパク質相互作用の解析
 メチル化依存性酵母1ハイブリッドシステム



有田 正規 研究室

生体高分子機能解析分野

メタボロミクス

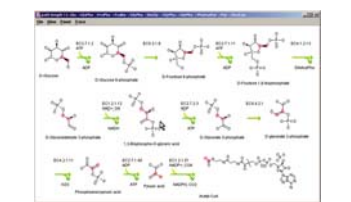
代謝ネットワーク

1. ゲノムに基づく生命に必要な物質の同定
 2. 脂質代謝の定量、定性モデル
- タンパク質ネットワーク
 大腸菌や酵母のタンパク質相互作用ネットワーク

DNA計算

DNA配列の設計や、計算モデルの提案

ARMプロジェクト



脂質のデータベース作成と代謝解析

脂質分子は生体活性を持つ！
 ・ 脂質情報を見て理解するバイオデータベースの作成
 ・ 質量分析結果から、細胞内における代謝の動きを予測
 ・ 脂質代謝機能におけるエネルギー代謝の動きを予測

植物二次代謝のDBと解析

植物の様々な機能成分を見つけよう！
 ・ フラボノイドのデータベース、生物種との対応解析
 ・ マススペクトルのデータベース

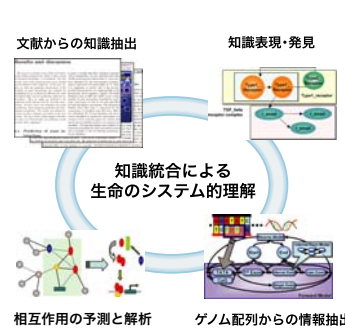
高木 利久 研究室

バイオシステムシミュレーション分野

生命をシステムとして理解するために

ゲノム配列やタンパク質立体構造だけでなく、発現、局在、相互作用、パスウェイ、ネットワーク、表現型、および、それらの間の関係や生物学的な制約や文脈などに関する知識などを統合し解析すること

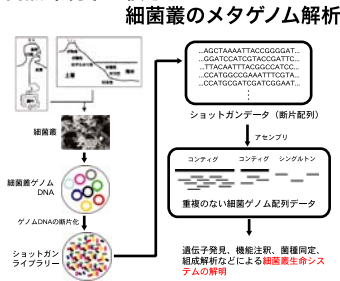
すなわち
 計算機上にシステムを再構築し、その性質、特徴、振る舞い、などを調べる事が不可欠



服部 正平 研究室

生命システム観測分野

自然環境中に棲息する細菌叢のメタゲノム解析



ヒトを取り巻く細菌ゲノムワールド (ヒトの健康と病気)



21世紀COE

言語で読み解くゲノムと生命システム

ゲノム言語、自然言語、計算機言語という3種の言語の側面から、バイオインフォマティクスの本質を捉えた融合研究の促進・教育体制の強化を目指します。

