



2000年9月22日

日本初のバイオインフォマティクス専攻プログラム開設 ～慶應大SFC大学院に2001年4月から～

要旨

慶應義塾大学湘南藤沢キャンパス(SFC)では、来年度より実施予定の新カリキュラムのひとつとして、バイオインフォマティクス専攻プログラムを開設します。バイオインフォマティクスとは、バイオとITの融合領域であり、ゲノム情報など最先端のバイオロジー(生物学)データを、IT(情報技術)を駆使して解析、理解することを目的とした新しい学問として注目されています(資料2参照)。本プログラムは、極端に人材が不足しているバイオインフォマティクス専門家を養成するために創設される日本初の本格的カリキュラムです。

日本初、世界でも稀少な本格的カリキュラム

日本の教育は、高等教育に進むほど、専門化・細分化が進んでおり、学際領域に必要となる知識を並行的に修めることは非常に困難な状況にあります。バイオインフォマティクスに関しても、専門家は極端に不足しており、21世紀のバイオ技術発展のためにはバイオインフォマティクス専門家を養成することが急務です。

本プログラムは、そうした要求に応える、日本初で世界でもまだあまり例を見ない、体系的カリキュラムです。最新生物学および情報科学の専門科目と、両者を横断するバイオインフォマティクスの専門科目について、充実した講義、実習を用意しています(資料1参照)。

最先端の学習・研究環境

本プログラムでは、SFCキャンパス内に留まることなく、慶應大学の複数のキャンパスで必要な知識と技術を身につけることができます。10年の実績を重ねた、先進的なSFCの情報科学教育に加え、来年度より山形県鶴岡市に新設される鶴岡タウンキャンパスにて本格的な実験実習を行うことが出来ます。

鶴岡キャンパスは学生寮を完備し、1学期間(半年)滞在することで、最新生物学の知識を集中的に修得できます。実際にひとつの微生物種の全ゲノムを決定するゲノムシークエンス実習など、世界でも類を見ない、最先端の実習・講義を提供します。このほかにも、矢上キャンパスの理工学部で開講されている関連科目が、選択履修可能となっています。

社会人入学者を支援する充実した補習科目

本プログラムでは、バイオインフォマティクスを志す社会人、大学院から新たにバイオインフォマティクスをめざす進学者を歓迎し、充実した学習・研究環境で支援します。社会人入学者、異分野学部出身者は、補習科目(資料1参照)を選択することで、バイオインフォマティクスに必要な各分野の基礎知識を補うことができます。

国内外オールスター級の教授陣

慶應大学SFCは、ゲノム情報解析や細胞代謝モデリングなど、バイオインフォマティクスの研究室としては世界最大規模です。特にE-CELLという細胞シミュレーションプロジェクトは、世界的にも先駆的な研究で、米サイエンス誌や英ネイチャー誌に紹介されました(常設展示:デザインスタジオ棟IIJハウス)。本プログラムを履修する学生

は、こうした最先端の研究に身近に触れ、携わっていくことができます。

教授陣も、国際情報生物学会 (SCB) 理事でバイオシミュレーション国際研究会 (SIGSIM) のチアマンを務める富田勝教授を中心に、スタンフォード大学教授や MIT 教授など、世界のオールスター級の顔ぶれを講師に招聘し、世界最先端のバイオインフォマティクス教育を実施する予定です。学生は海外のこれらのラボを訪問したり、国際学会にも積極的に参加して、世界の最先端の動向を把握するように努めます。

本リースに関するお問い合わせは：

環境情報学部 富田 勝

E-Mail: mt@sfc.keio.ac.jp

URL: <http://www.bioinfo.sfc.keio.ac.jp/program>

【別紙資料】

・資料 1 バイオインフォマティクス設置科目一覧

・資料 2 21世紀の生命科学の主人公 バイオインフォマティクス

バイオインフォマティクス設置科目一覧 (注)設置科目は変更になる場合があります。

コア講義科目

バイオインフォマティクス特論
ゲノムサイエンス
ポストゲノムサイエンス
遺伝子ネットワーク論
生命情報論
進化遺伝学
数理生物学

コンピュータ実習科目

ゲノム解析プログラミング実習1
ゲノム解析プログラミング実習2
バイオインフォマティクスツール実習
バイオインフォマティクスアルゴリズム実習
バイオシミュレーション実習

生物学実験科目

ゲノムシークエンシング実習1
ゲノムシークエンシング実習2
遺伝子工学実験実習1
遺伝子工学実験実習2

プロジェクト科目

バイオインフォマティクス研究プロジェクト
修士論文

生物系補習科目

生命システム
分子生物学講読
細胞生物学講読
生化学講読

情報系補習科目

データベース概論
C プログラミング入門
JAVA プログラミング入門
情報リテラシー技法

数学系補習科目

データ分析
統計解析

21世紀の生命科学の主人公：バイオインフォマティクス

ゲノムサイエンスが拓く新しい生命科学

2000年6月、米ホワイトハウスでの共同記者会見で、ヒトゲノムのラフドラフト（概要）読了が報告されました。ヒトゲノムとは、ヒトの設計図であり、30億塩基対のDNAの連なりです。会見を受けた報道では「解読」という言葉が散見されましたが、正確には「読了」とした方がふさわしいでしょう。現段階では、DNAの文字の並びが判明したところであり、そのテキストが持つ意味はほとんど読みとられてはいないからです。歴史学にたとえるなら、重要な古文書を苦労して入手して、これからその中身を検討していくこうという段階にあるといえます。私たちは、ようやく目に見える形で、ヒトの設計図一組を手にしたのです。生物学は、古典生物学、分子生物学を経て、ゲノムサイエンスという新たな領域を切り拓きつつあります。

バイオインフォマティクスがゲノムを解く

ゲノムサイエンスの目標は、ゲノム（設計図）を通じてヒトをはじめとした生命を理解することです。読了したヒトゲノムには、数万の未知の遺伝子が存在するとみられ、また、遺伝子以外にも、さまざまな情報がコードされていると考えられています。今後は、ゲノム情報から、有効な知識をいかに効率的に抽出するか、その方法論が求められます。

数万の遺伝子が相互作用しあうとき、生じる反応の数は億以上のオーダーとなり、それらのすべてを実験による検証で明らかにしたり、人間の頭の中だけで全体像を把握するのは、現実的ではありません。

こうした、情報量の爆発に対応するためには、コンピューターを利用した情報科学的な解析が不可欠であり、今後、その重要性はますます高じていくと考えられます。ポストゲノム（ゲノム読了後）時代には、生物学（バイオロジー）と情報科学（インフォマティクス）双方の知識を組み合わせて生命の理解をめざすバイオインフォマティクス（生命情報科学）と、バイオインフォマティクスを駆使できる人材が求められています。