

# システム生物学者育成プログラム

## 「システム生物学者育成プログラム」

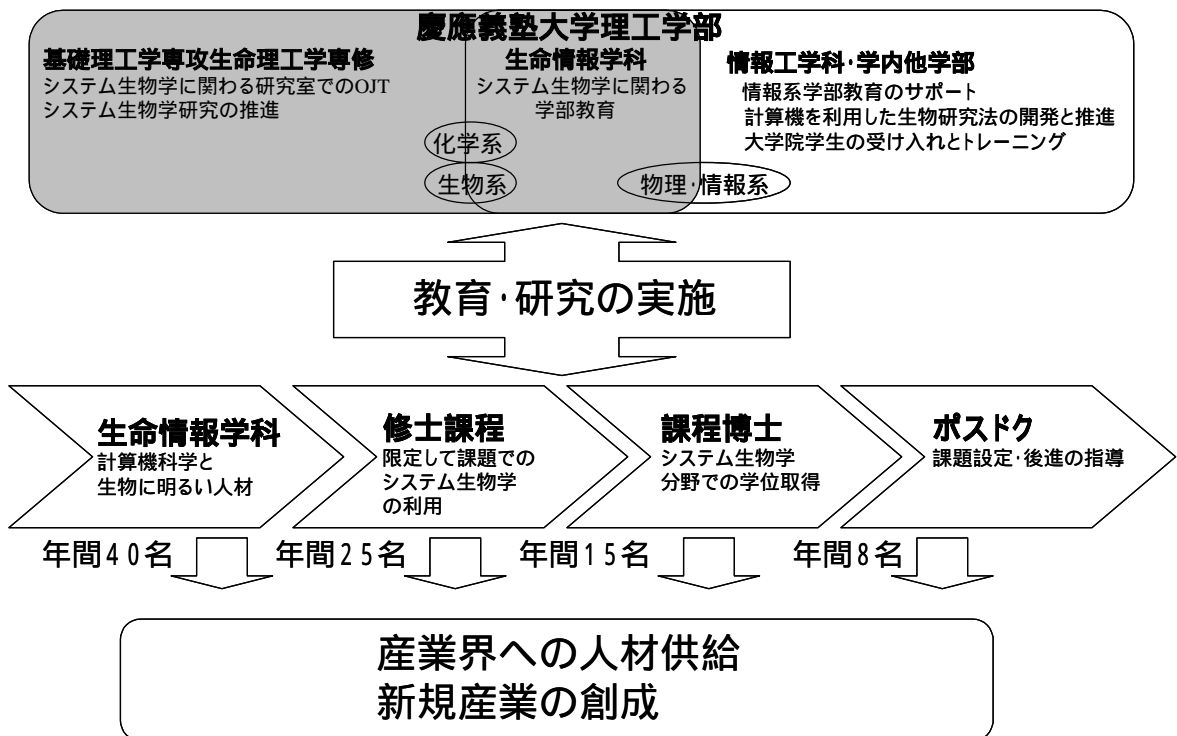
(H13年度～H17年度)

代表者：稲崎一郎(慶應義塾大学) 教育機関：慶應義塾大学

計画の目標・概要	諸外国等の現状	計画進展・成果がもたらす利点
<p><b>1 何をを目指しているのか</b></p> <p>ポストゲノムへのアプローチとして注目されるシステム生物学に関する基礎知識と技術(計算機科学と分子生物学を中心とした生物実験)の双方に通じた人材を短期間で養成する。</p> <p><b>学部レベル：</b> システム生物学に関わる知識と技術の実習、講義を通じての教育</p> <p><b>大学院レベル：</b> 個別研究テーマを通じてのシステム生物学に関する On the Job Training</p> <p><b>ポストドクレベル：</b> システム生物学に関わる課題を自ら設定し、後進の指導も可能である人材の養成</p> <p><b>2 何を教育するのか</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>学部教育では、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習得させる。</li> <li>大学院では個別テーマについて経験と知識を深めながら、システム生物学の他の分野の研究者と共同研究が行えるレベルを目指す。</li> <li>計算機科学または生物学で学位を取得したポストドクに専門以外のシステム生物学関連分野について知見を広める。</li> </ul> <p><b>3 何が新しいのか</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>生命現象をシステムレベルから解析することをめざしたアプローチは国内他になく、ポストゲノム研究の柱になるものと期待されているものの、国内の研究者人口は多くない。本計画では学部・大学院を通じたカリキュラムを提供し、この分野に貢献できる人材を短期間で養成できる。</li> </ul>	<p><b>1 現状及び我が国の水準</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>ゲノムの機能解明の分野では、全体として我が国は欧米に大きな遅れをとっている。</li> <li>ポストゲノム分野でのアプローチとしてはシステム生物学、バイオインフォマティクスなどに注目が集まっているものの、我が国の当該分野での人材育成は組織的に行われていない。欧米、特に米国に対して遅れをとっていることは否めない。早急に、速効的および長期的な人材育成プログラムの実施が必要である。</li> <li>システム生物学はまだ新しい研究分野ではあるものの、我が国で先導して研究が行われてきた分野でもあり、今後の展開が期待される。また計算機科学、分子生物学との学際研究として、新規産業の芽を多く生み出す可能性を有する。</li> </ul>	<p><b>1 世界の水準との関係</b></p> <p>ポストゲノムを見据えてのシステム生物学研究は我が国では例がなく、また欧米と比較しても革新的なプログラムである。本プログラムにより年間40名程度の学部卒業生、25名程度の修士学生、15名程度の博士学位取得者、8名程度のポストドクをシステム生物学分野で恒常的に育成することが可能である。またポストドクによるプログラム研究により速効的効果も期待できる。</p> <p><b>2 波及効果</b></p> <p>短期間に学部、大学院、ポストドクのレベルでシステム生物学を習得した学生、研究者を産官学の分野に送り出すことができ、当該研究分野の研究者人口を増やすことによる研究レベルの向上だけでなく、人々の健康、医療、創薬、食料、環境、化学プロセスなどの広い分野で新規産業の創成と国際競争力の強化が可能である。</p>

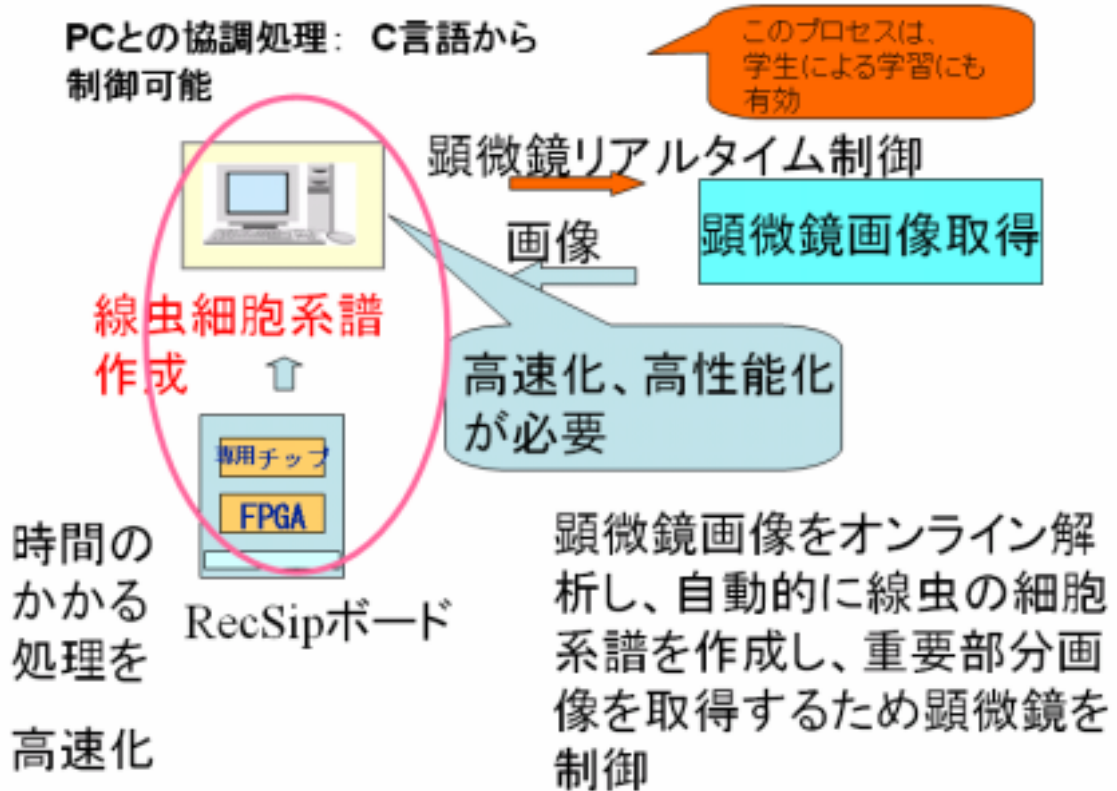
## システム生物学者育成プログラム

研究代表者 稲崎一郎(慶應義塾大学理工学部長)

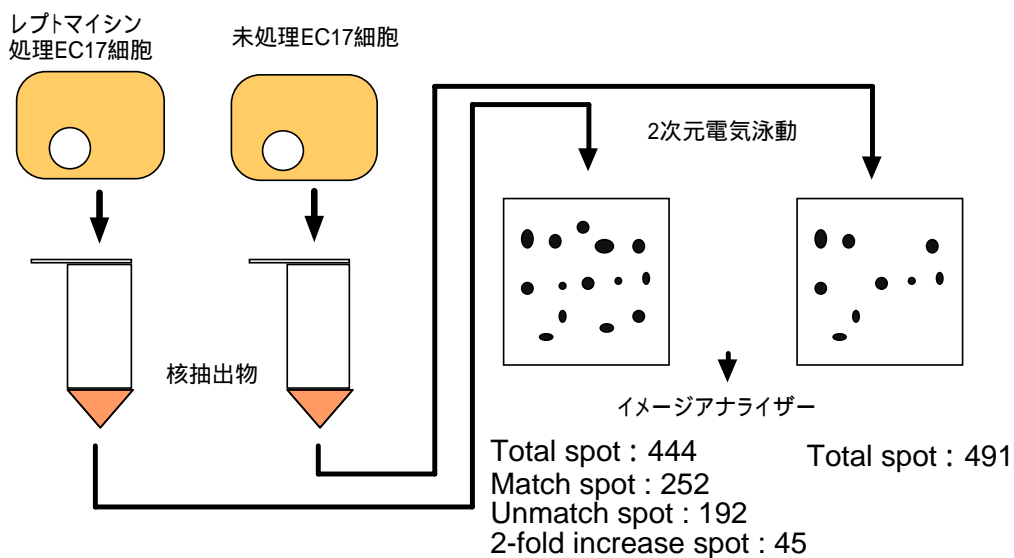


# システム生物学者育成プログラム

線虫の細胞系譜作成のためのアクセラレータの開発



細胞内情報伝達系を阻害する薬剤の探索と、細胞応答機構解析



# システム生物学者育成プログラム

反応機構的に共通点を有する異種酵素間の活性発現機構の類似点と相違点の構造との関連の研究および相互変換の試み

## 新規耐熱性加水分解酵素のスクリーニングと機能改変



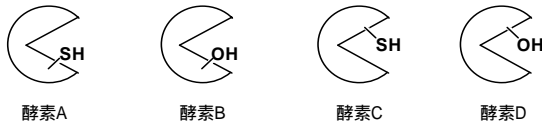
相同性検索

好熱菌の既知遺伝子配列中の機能未知遺伝子に対して、リパーゼ、ニトリルヒドラーゼ、プロテアーゼ等との相同性検索を行い、いくつかの酵素構造遺伝子を選択



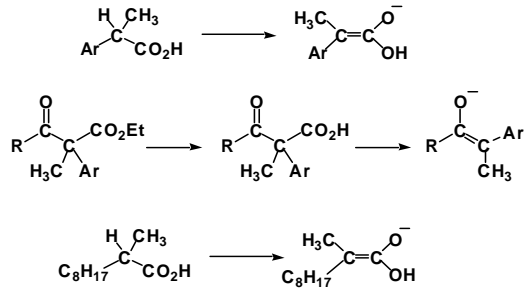
組換え大腸菌からの発現

各酵素の活性および構造の評価

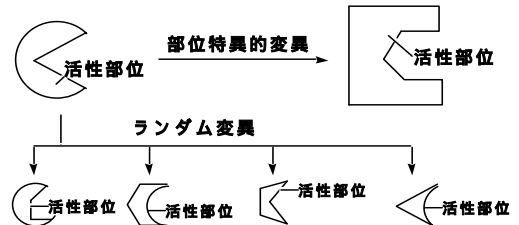


目標: 酵素の活性発現機構の共通点と相違点の構造との関連の把握と遺伝子工学的な相互変換

## 種々の方法によりエノラートを生成する

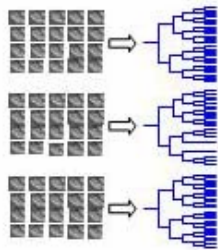


## 酵素の変異と反応性のコントロール

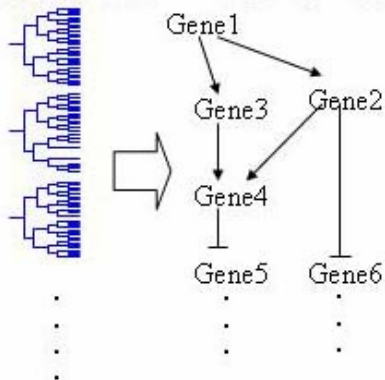


## 大規模細胞系譜データを用いた線虫初期発生システムの解明

### 1. ノックアウト個体の大規模細胞系譜自動計測

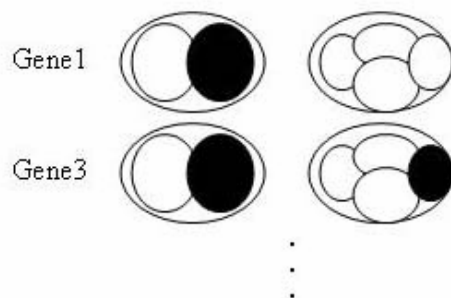


### 2. 大規模細胞系譜データからの遺伝子制御関係推定手法の開発および制御関係の推定

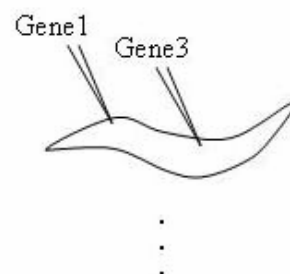


### 3. 推定された制御関係の実験生物学的検証

ア) 遺伝子発現解析 (in situ hybridization etc.)



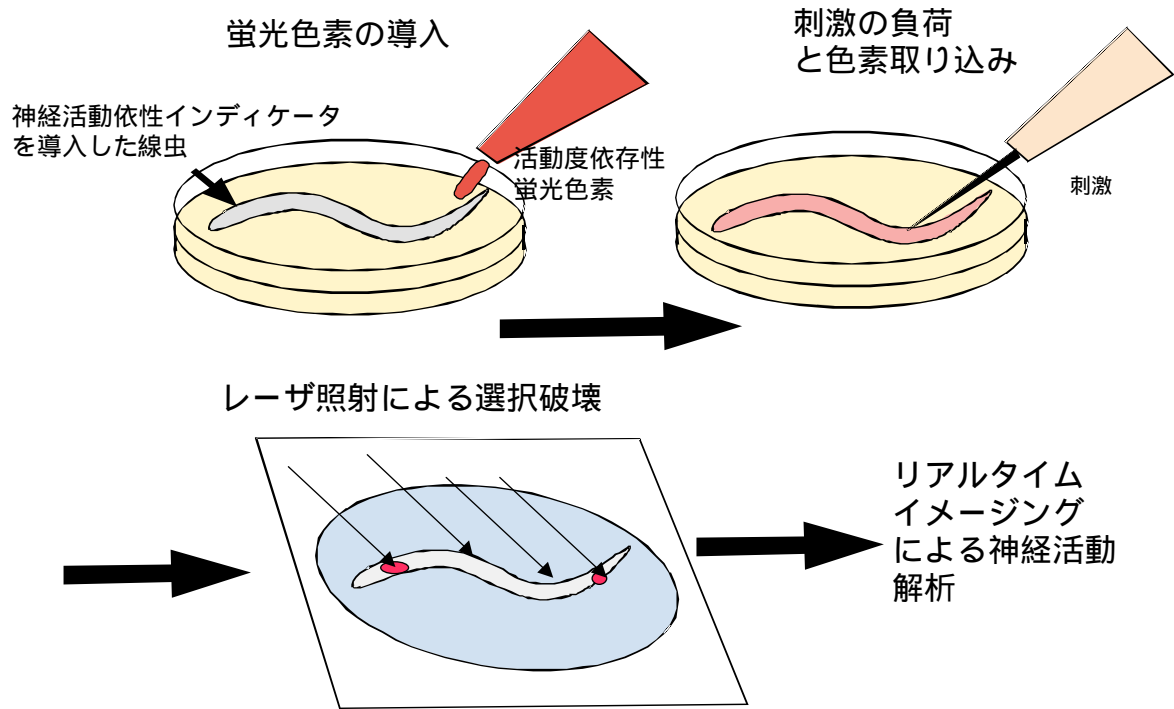
イ) 多重ノックアウト実験 (RNAi etc.)



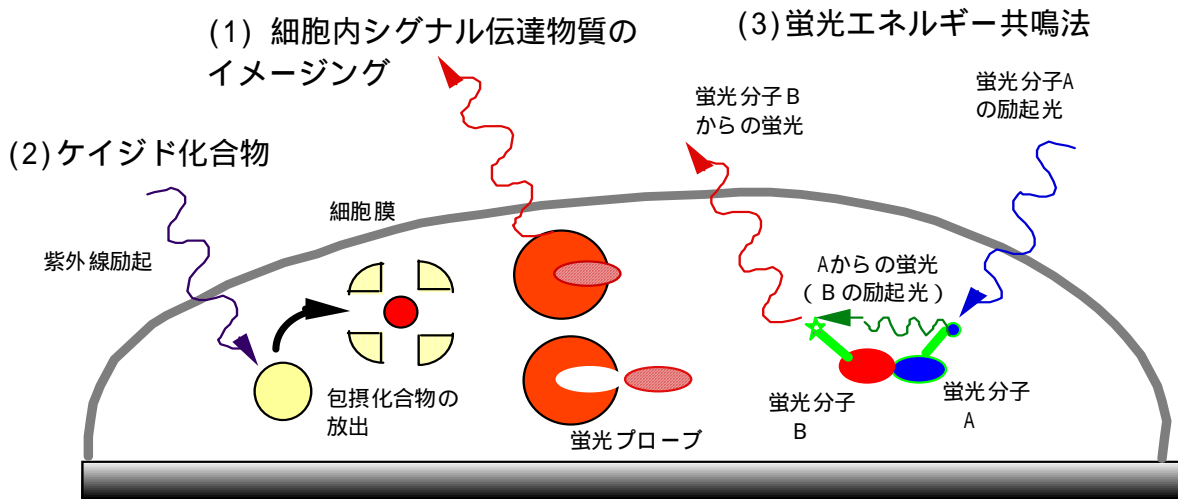
# システム生物学者育成プログラム

線虫神経回路の選択破壊と線虫集団行動の解析系の確立

## 線虫の特定神経細胞破壊実験の概要

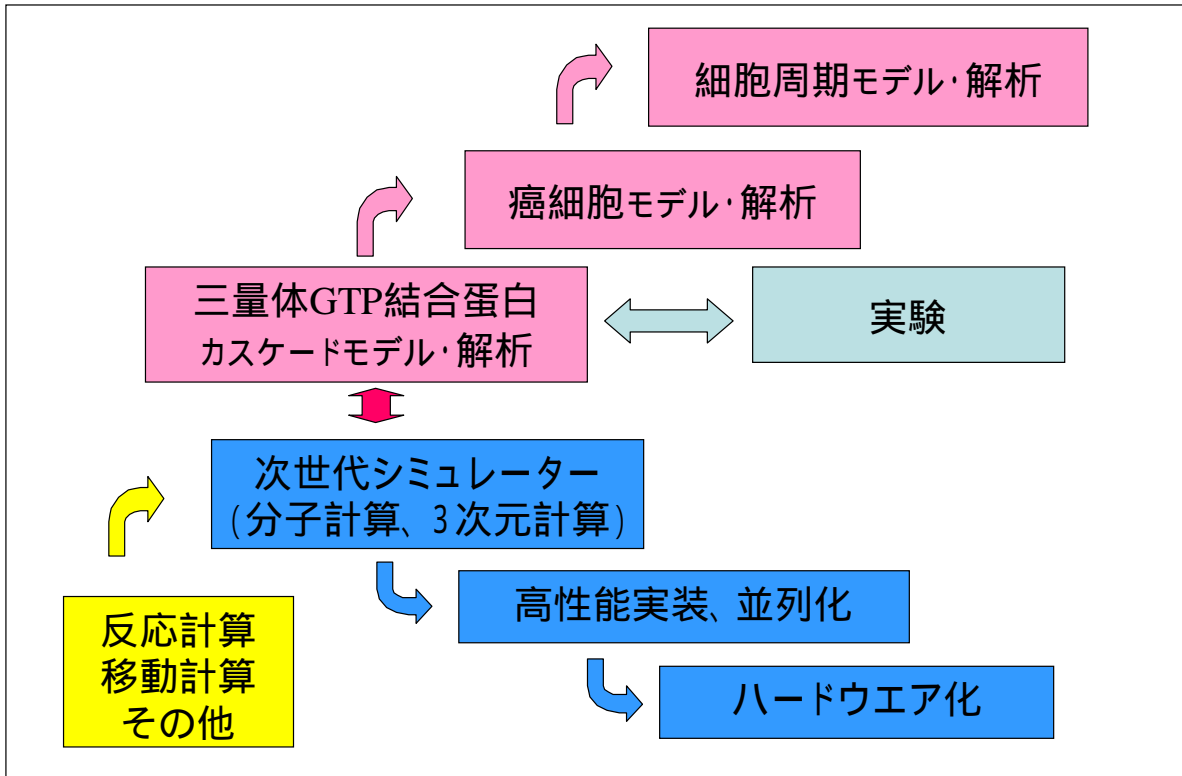


細胞内情報伝達過程の可視化

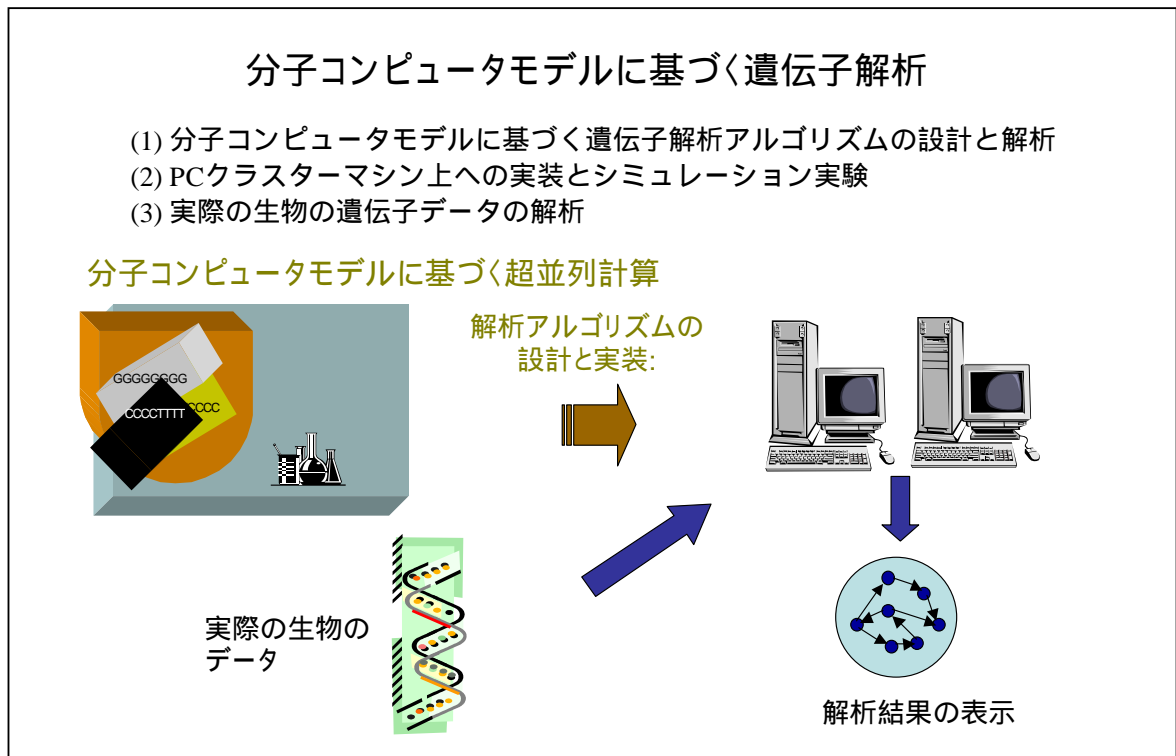


# システム生物学者育成プログラム

精密シミュレータの開発とモデル解析、および実験とのインターフェース



分子コンピュータ理論の構築と遺伝子解析への応用

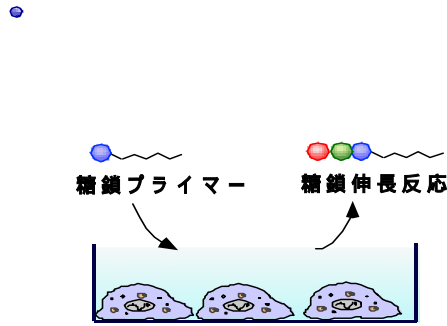


# システム生物学者育成プログラム

## 細胞内糖鎖合成と糖鎖機能の総合的解析

### グリコーム: 細胞内に発現する糖鎖の構造と機能の網羅的解析

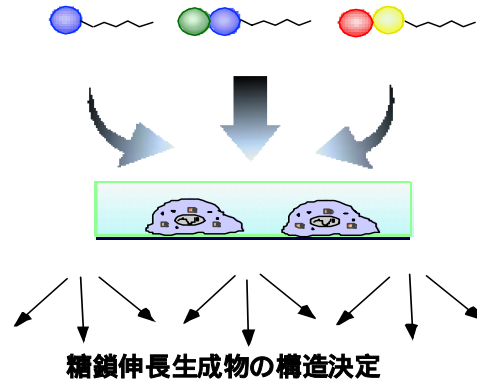
#### 糖鎖プライマー法



糖鎖伸長生成物は細胞外に分泌されるので、糖鎖の配列が迅速かつ簡便に決定できる。

細胞に存在する糖鎖構造を網羅的に解析できる糖鎖プライマーの設計が今後の課題。

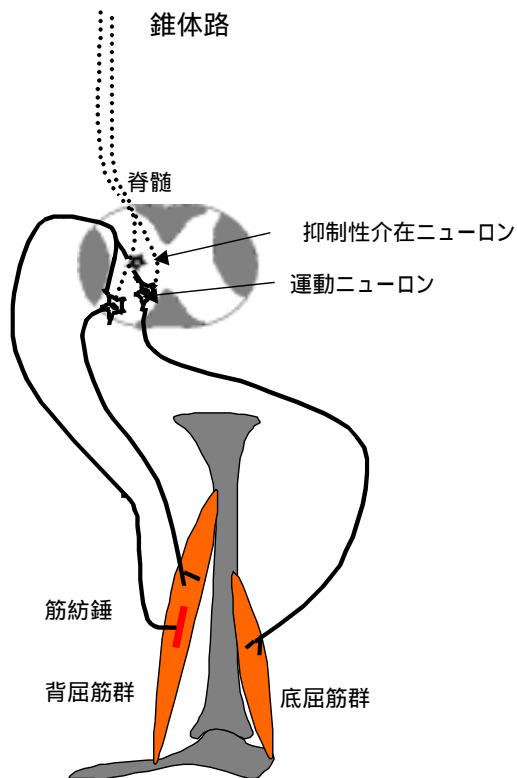
#### バイオコンビナトリアル法



種々のプライマーを用いることで、細胞の糖鎖合成経路や糖転移酵素の発現を網羅的にモニタリング

(糖鎖のシステム生物学)

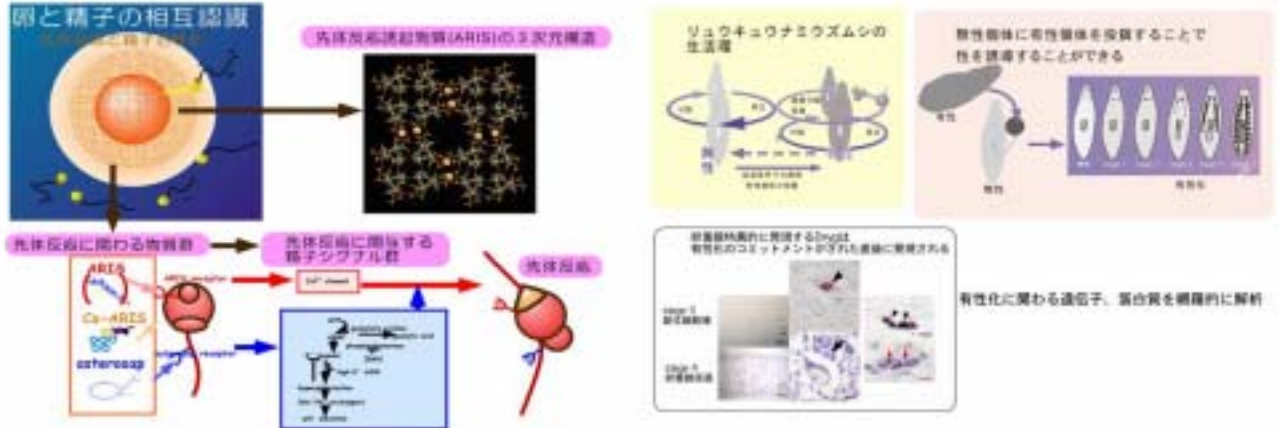
## 末梢神経可塑性の検討



- (1) ニューロンプールにおける促進の確認と促進刺激の検討
- (2) ニューロンプールにおける抑制の確認と抑制刺激の検討
- (3) Joint Peri-Stimulus Time Histogram (J-PSTH)の確立
- (4) J-PSTH による促進と抑制の分離

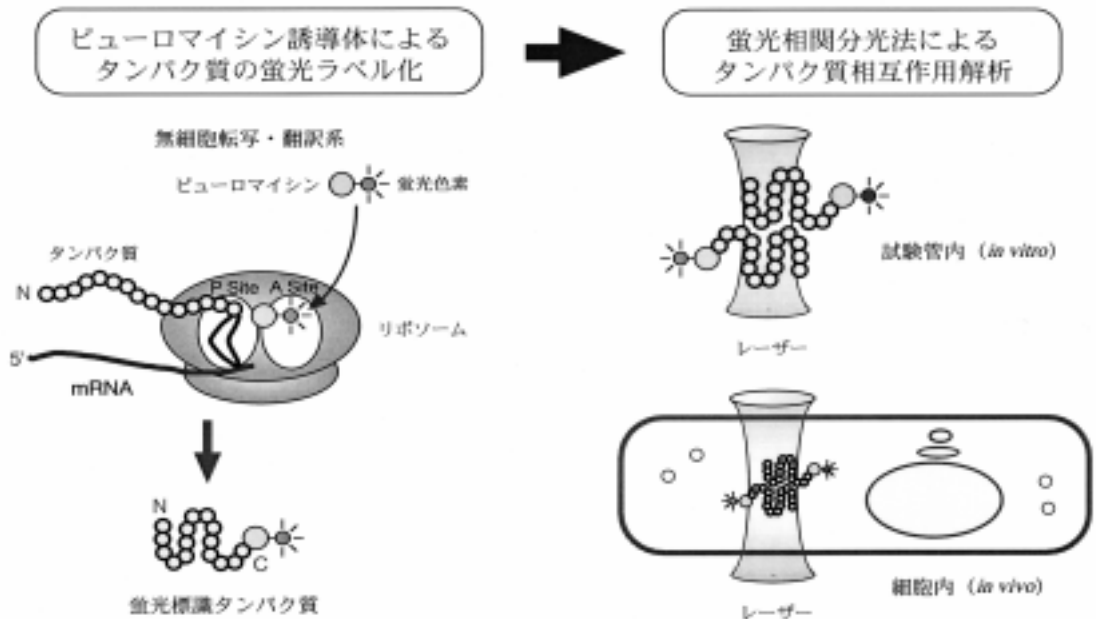
# システム生物学者育成プログラム

受精におけるシグナル伝達のシステム生物学的解析  
生殖機構転換システムのシステム生物学的解析



タンパク質相互作用ネットワークの *in vitro* および *in vivo* 解析法の確立

タンパク質相互作用ネットワークの *in vitro* および *in vivo* 解析法の確立



# 人材養成計画の趣旨

## 【人材養成計画の趣旨】

- ・ ポストゲノムのアプローチとしてシステム生物学が注目されているものの、当該分野での人材育成は組織的に行われていないため、欧米と比較して遅れをとっていることは否めない。そのため早急に、速効的かつ長期的な「計算機科学」と「細胞・分子生物学」の双方に習熟した人材を育成するための学部、大学院、ポスドクレベルの人材育成プログラムの実施が必要である。
- ・ システム生物学はまだ新しい研究分野ではあるが、我が国が先導して研究を行ってきた経緯もあり、計算機科学、分子・細胞生物学の学際領域として新規産業の芽を多く生み出す可能性があり、一定数の優秀な学生を定常的に輩出することは、当該分野への新たなアプローチの開発と産業界における新たなビジネスチャンスを作りだすものと期待される。

## 【人材養成計画の概要】

本育成プログラムの目的は、システム生物学に関わる教育を学部および大学院生に対して行い、これにより計算機科学と生物学の双方に通じた人材を短期間に養成することである。

### (3年目の目標)

- (1) 生命情報学科カリキュラムを運用・検討し、システム生物学を効果的に学部学生に習得させる。学科完成年度には120人/年程度(40名×3学年)の人材の育成を目標とする。
- (2) 修士および博士課程学生に対して各研究室において on the job training を実施し、日々の研究活動を通してシステム生物学的な考え方を身につけさせるとともに、短期的に他分野研究室へ学生を派遣することにより計算機科学と生物学の境界分野への理解を深めさせる。また大学院講義科目を再検討し、特にバイオインフォマティクス分野を充実させる。博士課程学生については年15名(5名×3学年)、修士課程学生は年50名(25名×2学年)を目標に育成する。
- (3) ポスドク学生を8名程度選抜し、学位を取得したのとは異なる分野でのシステム生物学研究に従事させ、将来システム生物学分野をリードするような人材を養成する。
- (4) システム生物学を展開するための要素技術についての開発を行う。また特定生物または細胞についてシステム生物学を適用するための協力体制を確立する。

### (5年目の目標)

第I期(3年間)の成果を受け、次の項目について人材育成プログラムを展開する。人材育成人数に関しては第I期目標と同様とする。

- (1) 生命情報学科カリキュラムについて、第I期中に開催されたシンポジウムでの有識者意見、また実際にカリキュラム運用時に問題となった科目間の重複と漏れについて再検討し、より効果的なカリキュラムに再編する。また学科卒業生に対しても広範なアンケートを行い、その結果を人材育成事業に反映させる。またこれらの成果を出版物等を通じて広く公開し、同様な人材育成プログラムにも資するようにする。
- (2) 大学院生に関しては生命情報学科での教育を前提に、引き続き on the job training を実施する。特に後述する(4)と対応させ、本プログラムで開発したシステム生物学の要素技術に関して習熟させるとともに、新たなシステム生物学の課題を自ら発見していけるようにする。



- (3) ポスドクに関しては、その育成の程度に応じて、自らの仕事を外部に情報発信することを励行し、また独立した研究者としてシステム生物学という学際領域を牽引できるように、人材を自ら育成することもできるように指導する。
- (4) システム生物学の要素技術開発を大学院生教育の一貫として、引き続き行う。また開発した技術の評価をいくつかの特定生物試料(線虫、酵母、細胞表面糖鎖等)などに絞り込んで適用し、システム生物学的手法の有効性を学会、産業界に広め、それを通じて育成された人材の受け皿を広げる。

【人材養成ユニットの実施体制】

項 目	担当機関	担当者
1. 養成業務従事予定者の招聘	慶應義塾大学理工学部	岡 浩太郎
2. 養成対象者の選考	慶應義塾大学理工学部	作業従事者全員
3. 講義・研究開発		
(1) 学部学生への講義と実習	慶應義塾大学理工学部	作業従事者全員
(2) システム生物学研究に関わる要素技術の整備と大学院生の教育	慶應義塾大学理工学部	作業従事者全員
(3) ポスドクの選考	慶應義塾大学理工学部	岡 浩太郎

(注: 全体計画の代表者には を付す)

平成 15 年度作業従事者一覧 (9月現在)

- |      |      |                     |
|------|------|---------------------|
| (1)  | 天野英晴 | (常勤・慶應義塾大学理工学部・教授)  |
| (2)  | 井本正哉 | (常勤・慶應義塾大学理工学部・教授)  |
| (3)  | 太田博道 | (常勤・慶應義塾大学理工学部・教授)  |
| (4)  | 大浪修一 | (常勤・慶應義塾大学理工学部・助教授) |
| (5)  | 岡浩太郎 | (常勤・慶應義塾大学理工学部・助教授) |
| (6)  | 北野宏明 | (非常勤・慶應義塾大学理工学部・教授) |
| (7)  | 榊原康文 | (常勤・慶應義塾大学理工学部・助教授) |
| (8)  | 佐藤智典 | (常勤・慶應義塾大学理工学部・教授)  |
| (9)  | 富田豊  | (常勤・慶應義塾大学理工学部・教授)  |
| (10) | 星元紀  | (常勤・慶應義塾大学理工学部・教授)  |
| (11) | 松本緑  | (常勤・慶應義塾大学理工学部・助教授) |
| (12) | 柳川弘志 | (常勤・慶應義塾大学理工学部・教授)  |

【所要経費一覧（平成13年度、14年度は決算額、平成15年度は予算額を記入）】

平成13年度	平成14年度	平成15年度
197百万円	199百万円	197百万円

【所要経費の内訳（平成13年度、14年度は決算額、15年度は予算額を記入）】

（単位：百万円）

	13年度	14年度	15年度
調整費充当計画			
1. 人件費	8	42	71
（1）主任研究員	3 （1名）	6 （1名）	6 （1名）
（2）研究員	2 （1名）	9 （1名）	10 （1名）
（3）研究補助員	0 （0名）	19 （5名）	47 （8名）
（4）アルバイト	3	8	8
			××
2. 試験研究費	170	135	100
（1）機械装置費	129	62	37
（2）試作品費	0	5	5
（3）消耗品費	41	68	58
			××
3. 旅費	1	2	4
（1）試験研究旅費	1	0	1
（2）外来研究員等旅費	0	0	1
（3）外国旅費	0	2	2
4. その他	18	20	22
（1）消費税相当額	0	2	4
（2）一般管理費	18	18	18
	197	199	197

## 成果の概要

### 【人材養成計画の進捗状況】

本人材養成計画はPD、大学院生（博士・修士課程）、学部学生（生命情報学科における教育）のそれぞれのレベルに応じて人数と養成レベルについて目標が設定されている。

PD レベル：7名のPDについて on the job training を通じての人材養成を行っている。7名のバックグラウンドはそれぞれ異なり、ウェットバイオロジーを中心とした分野で学位取得をしたものが多い。従来分野と異なる分野へチャレンジを試みているが新規分野でなかなか成果（論文）があがらないなどのあせりはあるものと思われるが、この分野をリードする人材の芽が育成されてきている。

大学院（博士課程）：当計画の当初から本プログラムに参加した学生と中途からの学生が混在している。特に学位論文としてシステム生物学を中心に、計算機科学の技術が利用できるような新規な大規模かつ網羅的な生物学研究に向けて順調に育成が進んでいる。特に計算機科学をバックグラウンドとして持つ学生のウェットバイオロジーへの新たな試みに顕著なものはいくつかあり、システムバイオロジー向けの新規な解析方法とそれを計算機にハードウェアとして実装する分野では特許申請を含め博士課程学生の活躍が目覚しい。

大学院（修士課程）：学部とは異なる分野にチャレンジする学生数が増えている一方、学部で行ってきた研究に深みを求めたいという学生もおり、理工学部にとどまらず研究室を越えてのウェット系とドライ系の研究室間の交流などを通じてシステム生物学に関する理解を深める努力を行っている。またウェット系の研究室でもPCクラスタマシン構築実習などを通じて、計算機科学の方法論についての理解を深める試みが行われている。

学部学生：生命情報学科（2年生：49名、3年生：35名）を従来の計算機科学系学科とも生命系学科とも異なる新規な教育プログラムを提供することによって行っている。単なるソフトウェアユーザではなく、例えばアライメントプログラムが自分で作成でき、また分子生物学実験を自ら行うことができるような学生が着実に養成されてきている。

### 【目標に対する達成度】

養成する人材のレベル	実績（目標）	15年度ユニット所属者数 （うち15年度修了見込み数）
・ポスドク	0（0）*	7（0）*
・博士課程学生	6（5）	24（7）
・修士課程学生	42（50）	46（20）
・学部学生	0（0）**	84（0）**

（実績は15年度までに当該課程を修了または修了見込みの者を記載）

\*：ポスドクは最短で概ね3年の期間を想定しており、多くのポスドクがH14年度以降に任用されたことによる。

\*\*：14年度より学科配属（2年生）されているため、学部4年生が初めて卒業するのはH16年度になるため。完成年度以降は学科で3年間教育を行った学生を年間40名程度輩出することになる。

：その他人材養成数以外について目標があれば、その結果について記載してください。

（A4半ページ程度）

当プログラムでは大学院学生とPDに関してはシステム生物学の要素技術の開発を通じた

人材育成を当初より計画している。そのため講義・実習を通じての受身的なもの以外に、研究室での on the job training について重きを置いてきた。その中で学生が中心となって行った研究の主要なものには以下のものがある。

- ・ 線虫細胞系譜自動生成および酵素反応解析用の高速 ReCSiP ボードによる実装
- ・ 電気生理実験で得られた時系列データを解析、検定するための新規アルゴリズム開発
- ・ 細胞系譜データから遺伝子制御関係を推定するアルゴリズム開発
- ・ 新規抗腫瘍剤のターゲットとなる GGCP 合成酵素阻害剤の網羅的探索による発見
- ・ 細胞内シミュレーションを実証することを目的とした新規な多重蛍光観察方法の開発
- ・ *In vitro* virus 法による遺伝子ネットワーク解析方法の確立

これらの研究を通じ、学生が筆頭著者または主たる貢献をした特許出願、国際会議発表、および国際誌への論文投稿が盛んに行われおり、次代を担う研究者として着実に力をつけてきている。

また学部カリキュラムについては現在 2 年間の専門教育を行ってきており、システム生物学に特化したユニークなカリキュラムが完成した。このカリキュラムの内容については現在でもよりよいものを構成するための作業が続けられており、特に科目間の講義内容の重複箇所、またプログラミング技能のさらなる向上を目指した試みを、学生からの講義に対するフィードバックを参考として行っている。またこれらの講義内容について、他大学でも利用できるような教科書シリーズの企画を検討している。

#### 【養成された人材の概要】

：どのような人材（養成された人材の質、将来性、今後の活躍分野等）を養成したかについて記載してください

（A4用紙2～3枚程度）

#### PD を対象とした人材育成：

ポスドクの役割は大きく2つあると考えている。1つは、今まで専攻してきた分野から新しい研究分野に進むことにより、その境界領域を専門とする研究者とし自ら育つこと。もう1つは学生の教育と指導を手助けすることにより、人材育成に貢献することである。このような意味で、自分の研究をまとめながら、システム生物学に関する理解を深め、将来独立した研究者として次の世代を育てるという重要な役割を担うものと考えている。

このようなポスドクの役割を考えたとき、人材育成のポスドクは短期に自分の得意な分野で業績を挙げ、次のポジションに移ってゆくというような従来のポスドクとはかなり異なるものとなる。このような特殊性はポスドク採用時にも、また採用後の課題設定の段階でも障害となる場合が往々にあった。

本プロジェクトで採用したポスドク2名についてここでは紹介する。

- ・ 生物学において学位を取得したポスドクで、博士課程在籍中に多少のバイオインフォマティクスの研究の心得はあるが、情報科学に関しては知識、技術ともに貧弱であった。そのためにこのポスドクに欠けているものは情報科学の理論と高度なプログラミング技術であったため、まずはバイオインフォマティクスにおいても比較的高度な研究課題を与えることと徹底したプログラム開発を行わせることにより、この弱点を克服させるように指導した。その結果、情報工学出身の大学院生と比べても遜色ないプログラム開発が行えるところまで技術は進歩した。ただし、新しい学問分野を勉強することは比較的容易であるが、真のバイオインフォマティクスやシステムバイオロジーの研究者として独立するためには、最終的には当該分野で学会発表なり論文発表ができるほどの力とセンスを身につけることが必要であり、これは単に学習なり知識習得することに比べてはるかに困難である。そのためには、ある程度長い期間にわたって持続的な勉学と研究活動を続けていくことが必要である。現在、コンピュータ上で仮想的にタンパク質を進化させる手法を考えることにより、機能的に最適なタンパク質をコンピュータ上で設計するという全く新しい研究課題に取り組んでいる。この研究に関しては近いうちに学会発表ができるところまで進展させていく計画である。
- ・ 酵母を用いた分子生物学で学位を取得した研究者をポスドクとして迎えた。彼は既に

分子生物学分野では優れた成果を挙げており、非常に優れた人材である。彼がポスドクに応募してきた理由は「計算機科学を最大限活用した分子細胞生物学をやりたい」という強い意志によるものであり、本「システム生物学者育成プログラム」の方針と合致するものであった。彼の研究課題「雄性前核の初期胚中での移動、位置決定の機構の解明」は、彼の着任前後約1ヶ月の議論の末、決定した。この課題は線虫初期胚において細胞構造のシミュレーション解析戦略が生かせる最良の研究課題と考えていた課題である。まず線虫の初期胚の研究に必要な知識や技術と、コンピュータやシミュレーションについて最初に簡単に指導した。約1ヶ月後には彼は最初のシミュレーションを動かしだし、その後は1,2週間に一度、不定期的に行っている議論と、毎月のプログレスレポートでの指導のみで研究は順調に進んでいる。この研究から、雄性前核の受精後の移動の駆動力は主に雄性前核から伸張する微小管が細胞質に引かれることにより生じる力であることが示された。このことは、分子細胞生物学的な研究では長い間明らかにすることができなかった問題である。本研究成果は本年度の International *C. elegans* Meeting で発表され、この分野の著名な研究者たちから多くの賛辞を得た。本研究によって示された結論に対する賛辞ももちろん多かったが、特にそのアプローチの独創性、妥当性に対して多くの賛辞を受けたことは特筆に値し、本人の大きな自信となったようであった。本研究の論文は現在作成中で年内には投稿が完了する予定である。

#### 博士課程学生の場合：

本プログラムに中途から参加した博士課程学生に関しては、大学院講義、または本プログラムで開催したシンポジウムなどに参加させ、システム生物学的な考え方を身に着けるように指導し、また研究手法などにも取り入れていけるように指導している。また新たに本プログラムに参加した学生に関しては、博士論文のテーマ設定時からシステム生物学を意識したテーマ設定を行っている。そのような2例を挙げる。

・「*In vitro* virus 法による遺伝子ネットワーク解析」に関する研究を行っている博士課程1年生の例。具体的には c-Jun タンパク質と相互作用する未知のタンパク質を cDNA ライブラリーから *in vitro* virus 法を用いて大量にスクリーニングする実験系を構築することに成功した。*In vitro* virus 法では最終的なアウトプットとして、目的のタンパク質 (c-Jun) と相互作用する大量の候補遺伝子の塩基配列データが得られるが、このデータをマニュアルで個別に処理・解析する作業が律速となっていた。そこで彼は得られた配列に対し、1) cDNA 配列部分の抽出、2) 読み枠の確認、3) 公共データベースへの相同性検索、4) 取得クローンのクラスタリング、などのルーチンワークとなる操作を自動的かつ一括に行うシステムを、Mac OSX 上に perl スクリプト、shell スクリプトなどを活用して構築し、解析時間の劇的な短縮を実現した。これは、必要に迫られれば、ウェットラボでも独学でプログラミングを勉強して活用できる好例と思われる。

・半導体導電性の光制御に関する修士論文の仕事了他大学で行っていた学生が、現在「創薬に利用可能な血管内ガス輸送過程のモデルの開発」をテーマに博士論文の研究を行っている。このテーマは赤血球細胞からの酸素放出と内皮細胞からの一酸化窒素による血管拡張などを考慮したシミュレータを作ろうという野心的な試みである。実際にテーマを確定するまでに、全く生物実験を行ったことがなかった当該学生に、電極法による一酸化窒素ガス計測方法、細胞内カルシウムイメージング法などの基礎的な実験技術について習熟させ、また医学部の協力を得て、モデルづくりに必要な *in vivo* 実験環境を整備した。現在血管の3次元ガス拡散モデルのプロトタイプを作り、このモデルの大規模・詳細化のために PC クラスタマシンを利用することを検討中である。

#### 修士課程学生の場合：

修士学生の場合、大学院講義科目による講義による知識の習得と、実際にラボワークを行うことにより身につける知識の双方がある。大学院での講義履修に関しては、生命系だけでなく、広く情報系の講義（例えばデータマイニングに関する数理科学系の講義など）や、1ヶ月程度集中して開講される慶應先端生命科学研究所にて開設されている講義科目

(分子生物学実験、バイオシステム、バイオシミュレーションなど)を履修させるべく指導をしている。しかしながら、学部時代からウェットまたは計算機の仕事をしている場合には、修士2年間での仕事として卒業研究で行ってきた仕事を引き続いて行いたいという場合もある。無理に本人の志向性と異なる仕事を振るのは難しい場合もあり、また人材育成の観点からも中途半端な人材となる危惧がある。

修士論文を作成する過程において、「その仕事に計算機を利用することができないか」、「いま行っている実験を大規模かつ網羅的に行うことは可能か」というようなシステム生物学での考え方を常に投げかけて、従来と違う観点から自らの仕事を見つめなおすように日々指導を行っている。具体的には、

- ・ ウェットバイオロジーの学生に生物学への計算機利用の話を理解させるために、設備として購入した32台のPCによりクラスタマシンを構築する作業を、有志を募り行ったところ、好評であった。PCクラスタを構成する作業の全体は、計算機科学出身の博士課程学生が音頭をとり、配線からLinuxのインストールまで10人弱の修士学生が行った。作業としては単調な配線作業が中心であったものの、作業を始める前まではLinuxについて全く知識のなかった学生が最後には居室のPCからPCクラスタマシンにアクセスし、計算を行うことができるくらいまでに理解が深まった。
- ・ 生物出身の学生に対しては、プログラミング技術の習得と計算機科学の基礎理論の学習を徹底して行っている。研究室においてプログラミングコンテストと題して遺伝子配列アライメントを行うプログラムの実行速度を競う演習を行ったりもした。一方、情報工学出身の学生に対しては、分子細胞生物学の代表的な教科書の学習を、細部にまでしっかりと理解ができるように、集中ゼミ形式で徹底的に行っている。それに付随して必要となる生化学や生物物理の勉強も適宜補足した。また学外の学会が主催するセミナーに積極的に参加させたり、学内の生物学や生化学の講義を聴講させて、幅広い知識と見識を身につけさせる。

などのラボワークを行っている。

#### 学部学生の場合：

学部の2、3年生は生命情報学科の新規なカリキュラムにより育成されている。この学生たちは慶應義塾大学理工学部に入學した1年生のなかから本人の志望を最優先に、成績による選別を受け3倍程度の競争を勝ち抜いて本学科に所属するようになった、本理工学部でも、もっとも優秀な学生集団である。全員が第1志望で生命情報学科に来たこともあり、勉学に対する意欲も高い。生命情報学科のカリキュラムは主に、生物系(基礎生物学、生化学、分子・細胞生物学等)、化学系(有機合成、物理化学等)、物理・情報系(プログラミング、生命系の数学、生命系の量子力学、バイオインフォマティクス第1、第2等)、実験(基礎生命情報実験)の4系統の教育が行われている。理工学部入學時には学門制を引いているために、これらの学生は主に化学が得意な学生と情報への志向性の強い学生が含まれていることになり、4系統のすべてが得意である学生は少ないものと考えていたが、現在のところ出身によるカリキュラム習熟の困難さは特に感じてはいないようである。むしろ化学系からの出身者でまったくプログラミングなど行ったことのない学生が、新たにプログラミング言語を教わることにより、自分のプログラマとしての才能に気がつくことなどがまま見受けられた。養成対象者全員がC言語によりアライメントプログラムの作成を自らできる程度の技術を得ることができている。

実験系科目ではX線回折、電子回路、分子生物学実験、有機合成実験、プログラミング、バイオインフォマティクスなど従来の学科縦割り教育では考えられなかった新規な取り組みが行われており、計算機科学と生物学の実務をこなすことが可能な人材の育成ができているものと考えている。また2年生で培った実験技術は3年次の生命情報実験第1と第2に引き継がれおり、4年次の卒業研究でいかに発揮されるものと思われる。また大学院への進学意欲が高いのも特徴であり、大学院での人材育成にさらに拍車がかかるものと期待できる。

**【想定外の成果、困難について】**

本プログラムを開始した時期から理工学部内の工学系または情報系の研究室で卒業研究を行った学生の当該プログラム所属研究室への大学院進学が盛んになった。また他大学の理論物理研究室から博士課程で本プログラム移り、細胞でのシグナル伝達実験とシミュレーションを博士学位取得のための研究に決めた学生など、当初想定していたよりもドライバイオロジーからウェット系に移行する学生が顕著である。

困難な点としては修士課程でウェットバイオロジーを行っている学生の計算機利用が、例えば配列検索程度に限られているケースが見られることである。しかしながらこのような傾向は生命情報学科 4 年生が学科完成年度以降に大学院に進学するようになることによって、自然と解消するものと考えている。