

平成16年度バイオ人材育成事業  
(統合システムバイオリジスト)

報告書

平成17年1月

委託先 株式会社 ダイアリサーチマーテック  
委託元 三井情報開発株式会社

## [目次]

第1章 事業概要.....	1
1 - 1 事業内容.....	1
1 - 2 事業体制.....	2
第2章 育成対象とする人材像.....	3
2 - 1 当該人材が必要とされる背景.....	3
2 - 2 育成対象とする人材のイメージ.....	4
2 - 3 当該人材の必要分野.....	5
第3章 事業の経過.....	8
3 - 1 スキルスタンダードの作成.....	8
3 - 1 - 1 基本的な考え方.....	8
3 - 1 - 2 スキルスタンダード作成の手順.....	10
3 - 2 カリキュラムの作成.....	12
3 - 2 - 1 カリキュラム作成の手順.....	12
3 - 2 - 2 カリキュラム作成の方針.....	13
3 - 2 - 3 コース分けの考え方.....	13
3 - 3 人材ニーズ調査.....	15
3 - 3 - 1 アンケート調査の概要.....	15
3 - 3 - 2 アンケート調査結果の概要.....	16
3 - 3 - 3 ヒアリング調査.....	23
3 - 4 有識者委員会.....	24
3 - 5 中間報告会での評価結果.....	27
3 - 5 - 1 統合システムバイオリジスト育成事業に対して.....	27
3 - 5 - 2 事業者全体に対して.....	27
3 - 6 実証（研修）の実施.....	28
3 - 6 - 1 実証の概要.....	28
3 - 6 - 2 実証内容とスケジュール.....	29
3 - 6 - 3 実証結果.....	32
3 - 7 スキルスタンダード作成、カリキュラム作成への反映について.....	41
第4章 スキルスタンダード.....	44
4 - 1 スキル項目とスキルレベル.....	44
4 - 2 スキルスタンダード.....	46
4 - 2 - 1 ジェネラルスキルおよびヒューマンスキル.....	46
4 - 2 - 2 テクニカルスキル.....	48
第5章 カリキュラム.....	55
5 - 1 教育コース.....	55
5 - 1 - 1 初級レベルコースのカリキュラム.....	57

5 - 1 - 2	中級レベルコースのカリキュラム	58
5 - 1 - 3	上級レベルコースのカリキュラム	59
5 - 1 - 4	導入レベルコースのカリキュラム	60
5 - 2	カリキュラム全体像	61
5 - 3	カリキュラムとスキル項目との対応	62
5 - 4	シラバス	67
第6章	次年度以降の展開に向けた課題	105
6 - 1	スキルスタンダード・カリキュラムの活用方法	105
6 - 2	次年度以降の展開方法	105
6 - 2 - 1	大学における関連カリキュラムの導入	105
6 - 2 - 2	関連人材育成セミナー	106
6 - 2 - 3	本事業の普及に向けた活動	106

# 第1章 事業概要

## 1-1 事業内容

ヒトゲノム解明を契機に、バイオ産業は21世紀の産業として大いに注目を集め、期待されるようになったが、ヒトゲノムの解明だけでは実用化にはつながらず、ポストゲノム研究(ゲノム解析、トランスクリプトーム解析、プロテオーム解析、メタボローム解析)とともにこれらの所謂“ome”研究からもたらされる膨大なデータをIT技術で統合し、理解することが何よりも重要であると言われている。

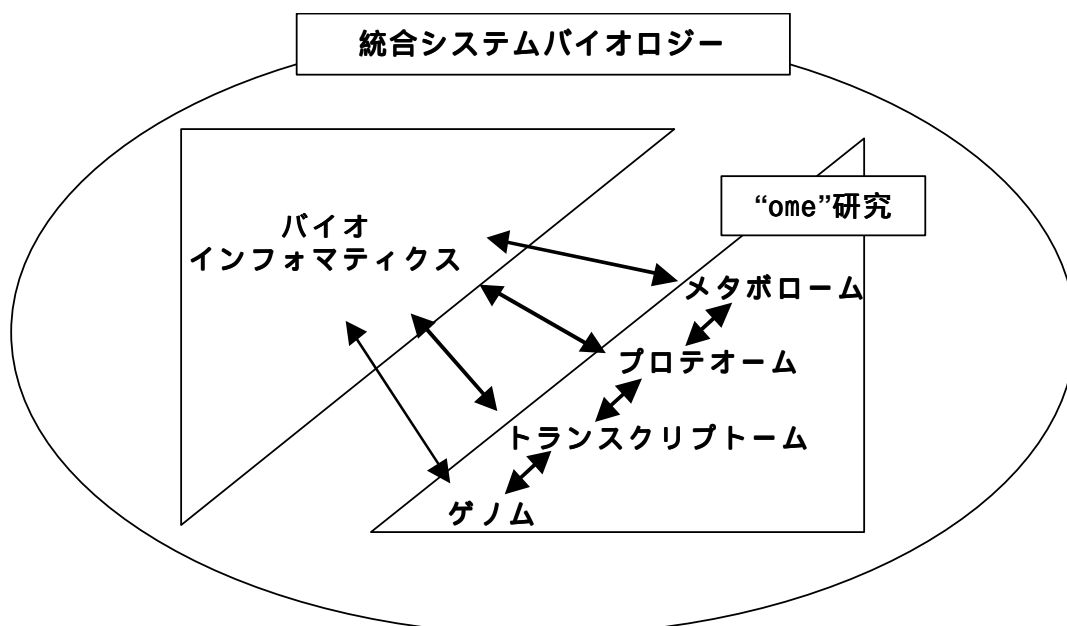
しかしながら現状では、こうしたゲノムおよびポストゲノム情報を幅広く取り入れた合理的な研究・開発アプローチができる人材(統合システムバイオロジスト)がほとんど存在しない状況にある。

このようななかで、慶應義塾大学先端生命科学研究所では統合システムバイオロジーとも呼ばれるIT主導型のバイオテクノロジーに関する先端的な研究開発が展開されている。

本事業は、経済産業省が三井情報開発(株)への委託事業として実施している「平成16年度バイオ人材育成事業」の再委託事業の1つであり、先に述べた背景を踏まえて、(株)ダイリサーチマーテックは慶應義塾大学先端生命科学研究所とそのベンチャー企業であるヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ株式会社と共同で統合システムバイオロジストの育成のためのシステムを開発する。本事業では個別の解析技術の習得とともに解析結果を統合的に理解できる人材育成を主眼として、バイオインフォマティクス技術の習得に重点を置き、人材ニーズ調査、スキルスタンダードの策定、カリキュラムの開発、実証(研修の実施及び検証)の4つを実施する。

統合システムバイオロジーの概念を以下に示す。

図表1-1 統合システムバイオロジーの概念

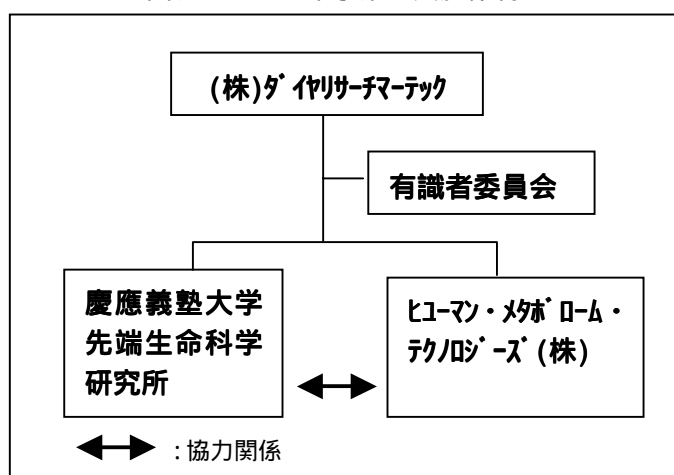


## 1 - 2 事業体制

実施体制を以下に示す。

### ( 1 ) 体制

図表 1 - 2 本事業の実施体制



### ( 2 ) 事業実施上の役割分担

スキルスタンダード策定、カリキュラム策定は(株)ダイリサーチマーテック、慶應義塾大学、ヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ(株)が協力して行う。実証(研修)は策定されたスキルスタンダード、カリキュラムに基づき慶應義塾大学先端生命科学研究所とヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ(株)が行い、実証の評価は3者協力して、その結果をスキルスタンダードにフィードバックする。

### ( 3 ) 有識者委員会

座長	西岡 孝明	京都大学農学部応用生命科学科 教授
委員	森 浩禎	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
委員	中川 幸光	株式会社三菱化学科学技術研究センター R & D事業部門ライフサイエンス研究所 所長
委員	具嶋 弘	株式会社バイオフロンティアパートナーズ 技術顧問 福岡県バイオ産業推進会議 副会長 久留米大学医学部 客員教授
委員	富田 勝	慶應義塾大学 先端生命科学研究所 所長 環境情報学部 教授
委員	曾我 朋義	慶應義塾大学 先端生命科学研究所 助教授
委員	馬場 知哉	慶應義塾大学 先端生命科学研究所 専任講師
委員	大岸 治行	ヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ株式会社 副社長

## 第2章 育成対象とする人材像

### 2 - 1 当該人材が必要とされる背景

ヒトゲノム解明を契機に、バイオ産業は21世紀の産業として大いに注目を集め、期待されるようになった。しかしながら、ヒトゲノムの解明だけでは実用化にはつながらず、遺伝子機能解析、蛋白質の構造・機能解析といったポストゲノム関連技術の開発と、遺伝子・蛋白質の機能の解明が行われて始めて、医薬・医療・食品・農業・環境などへの応用が可能になり、産業として成立することになる。こうしたポストゲノムの研究はゲノムレベルでの全遺伝子、その遺伝子が細胞内で発現する最初の姿である mRNA の総体（トランスクリプトーム）、mRNA によって生産される蛋白質の総体（プロテオーム）等を解明し、これらのデータに基づき、多くの生命現象を解明しようという段階に入っている。

一方、生命活動の維持に必要な物質やエネルギーは物質代謝により生産され、その代謝産物は遺伝子の発現と、それによって生産される酵素の作用により生産される。その遺伝子の発現は蛋白質や代謝産物によって制御されている。従って遺伝子や蛋白質の発現のみならず、蛋白質が関与する全代謝産物（メタボローム）を網羅的に測定し、遺伝子発現や酵素活性との関係を明らかにすることがポストゲノム研究にとって極めて重要な課題となってきた。

これまでこのように全ての代謝物質を網羅的に解析するという発想もなく、手法も開発されていなかった。最近になって慶應義塾大学先端生命科学研究所を中心に多数の代謝物質を短時間に分析する手法が開発され、そこから生み出される膨大なデータを IT を用いて解析することが可能になり、メタボローム解析の重要性が認識されるようになってきた。同研究所では既に、ここで開発された世界で唯一ともいえる生体内代謝物質を定量的かつ網羅的に解析できるメタボローム解析技術を創薬等幅広い事業に応用展開する目的で慶應義塾大学発のベンチャービジネスであるヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ株式会社を設立している。

こうした“ome”研究からもたらされる膨大なデータを IT 技術で統合し、理解する所謂統合システムバイオロジーが21世紀の生物科学の主流になるとされ、こうした研究により実験の効率が高まるだけでなく、10年以上の歳月と数百億円規模の投資を必要とする創薬開発の時間と費用を大幅に節約できると期待されている。

従来、このような広い分野にまたがる研究や技術の開発においては、それぞれの分野内での専門知識・技能を持ついわゆる‘専門家’が、専門知識・技能に立脚した視点から研究や技術開発を実施し、それをグループ内/グループ間で、議論しながら統合的に業務を進めて行くという方法が取られている。しかし、それぞれの分野で、手法、用語や概念の違うことから同じレベルで有効な議論や決定がなされる事は困難なことが多く、業務の進捗を阻むことが多かった。そこで、生物的な実験手法及びコンピューターによる解析手法を用いて、総合的に生命システムを解釈し、業務を取り進めることができる人材、即ち、本事業でいう統合システムバイオロジストが必要に

なった。

システムバイオロジーの世界の情勢については、参考資料 1 に示した。

## 2 - 2 育成対象とする人材のイメージ

### ( 1 ) 育成対象者

生物学と情報学を用いて、生命現象を統合的に解析していくことに、興味がある学生から、企業・研究所等でシステムバイオロジー関連の実務に従事するものを育成対象とする。

### ( 2 ) 育成後の人材像

生物学と生命情報科学（バイオインフォマティクス）の基礎を保有し、ゲノム、ポストゲノム（トランスクリプトーム、プロテオーム、メタボロームなど）およびバイオインフォマティクスの各分野でのコミュニケーション能力がある人材

ゲノム、ポストゲノム研究の網羅的なバイオテクノロジー情報からバイオインフォマティクスを駆使して生命現象のシステム情報を統合的に理解できる人材

例としては、製薬企業において創薬の各開発ステージおよび開発グループの構成に合わせて研究開発とコミュニケーションができる人材

### ( 3 ) 育成の基本的考え方

統合システムバイオリジストの育成には、その内容が広範であり長時間を要することから、大学等の教育機関で実施されることが望ましい。しかし、教育機関としては日本では 1999 年から慶應義塾大学先端生命科学研究所で先駆的な教育が開始され、米国では 2003 年 9 月ハーバード大学医学部にシステムバイオロジー学科が新設されているのみである。大学等の教育機関でのシステムバイオリジスト人材の育成を待っているのは日進月歩の技術革新の流れに間に合わない状況といえる。

また、統合システムバイオリジストの育成は大学生のみでなく、企業や研究機関の研究者や技術者を対象に行うことも極めて重要である。製薬企業や食品企業等は、従来より生物や化学のバックグラウンドを持つ人材を多く保有しているが、最近ではバイオインフォマティクスの必要性が認識され、情報システムの知識、技能を持つ人材が増加しつつある。

一方で、統合システムバイオリジストが貢献できると考えられる業務の現場に現在従事している人材のバックグラウンドは、生物や化学を専攻した、いわゆる実験系の人材や情報系の人材、さらには全く別の学問領域を修めた人材など、様々である。従って、本事業において育成コースを検討するに当たっては、いずれの学問領域を修めた人材にも対応し、統合システムバイオリジストへの入り口となるように十分留意している。

参考資料 1 で述べた世界の情勢からも、システムバイオリジストを育成することにより、ポストゲノム時代における優位な技術競争力を築くことが重要である。

## 2 - 3 当該人材の必要分野

このような統合システムバイオロジストを必要とする主な分野は次の分野である。

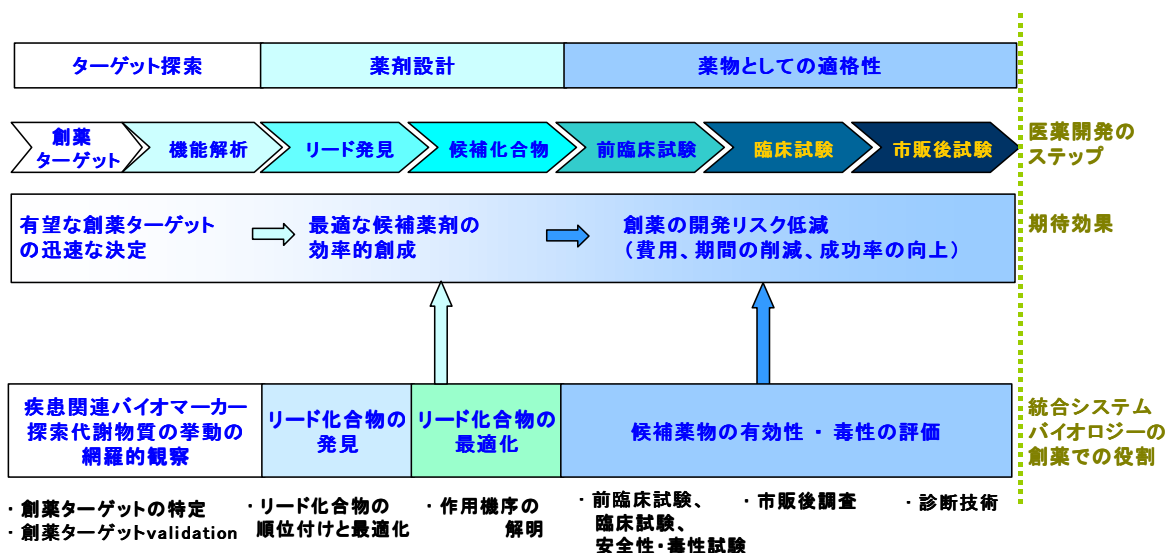
### (1) 新薬開発

新薬開発における統合システムバイオロジーの貢献のイメージ

製薬企業の生命線である新薬開発業務において、バイオマーカーの発見・同定、創薬ターゲットの発見、毒性予測等広範囲に合理的なアプローチができる。それにより開発成功率向上、上市までの期間短縮、開発費の削減等広範囲に貢献できる。

図表 2 - 1 に、最もニーズが大きいと考えられる医薬分野において、開発のステップと統合システムバイオロジストの関与する工程について示した。

図表 2 - 1 医薬分野における統合システムバイオロジストの係わり





創薬・診断における統合システムバイオロジーの有用性を要約すれば次の様になる。

- ・ 医薬上市までの期間短縮
- ・ 開発成功確率の向上
- ・ 創薬標的物質の推定（候補因子の限定）
- ・ 疾病早期発見のためのバイオマーカー提供
- ・ 安全性の高い候補化合物の選択

参考）日本製薬工業協会医薬産業政策研究所 リサーチペーパー（2001年10月）

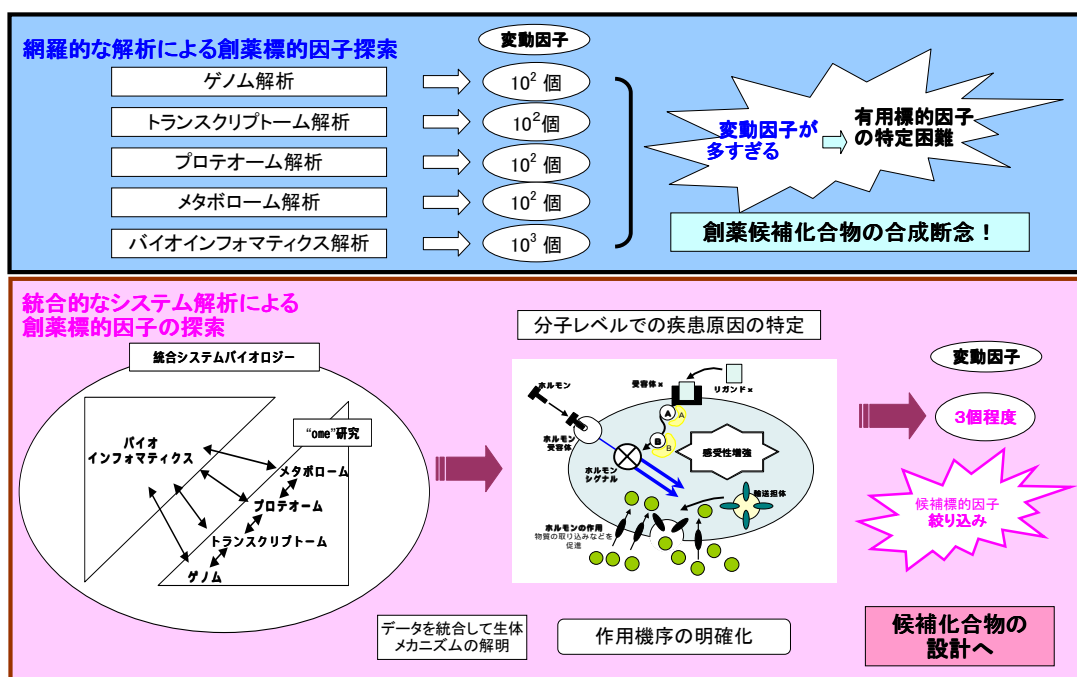
新有効成分開発成功確率；13% 1 医薬開発費用；350 億円

### 新薬開発における統合システムバイオロジーの貢献イメージ 創薬標的分子探索事例

統合システムバイオロジストは、新薬開発各フェーズで重要な役割を果たすが、新薬の成功確率を向上させる観点から、効率的な創薬標的分子探索事例についてその役割を示す。

ヒトゲノム配列決定以降、創薬に向けた各種網羅的な解析によるデータが蓄積され、また、各種網羅的解析手法自体も飛躍的な発展をとげた。その流れの中、例えば、患者検体と健常人の検体を比較して変動する因子を特定して、創薬標的を探索しようという研究が盛んになっている。その際、遺伝子において変動をみれば 1,000 ~ 10,000 の変動因子が、蛋白質において変動をみればゲノムと同程度の変動因子が存在し、その両者に相関が見られないケースも多く、有効な標的因子の特定が困難な状況になっている。そのため、各種網羅的な解析データを統合的に解析し、作用機序を明確化することが重要であると認識されるようになり、それによって分子レベルでの疾患原因の特定がなされ、候補標的因子の特定が可能となると期待されている。

図表 2 - 2 新薬開発における統合システムバイオロジーの効果のイメージ



## ( 2 ) 機能性食品開発

食品分野において、機能性食品開発は新しいターゲットであり、統合システムバイオロジストはバイオマーカーの発見や、作用機序の解明、機能評価等のキーとなる技術の開発に貢献できる。

## ( 3 ) その他の物質生産

大腸菌や酵母等の微生物プロセスを利用した物質生産を、バイオ技術により改良しようという研究開発は従来より行われている。しかし、ゲノムレベルの知見やメタボロームの手法を取り入れた新しいシステムバイオロジー手法により、より合理的で、効率的な研究開発方法が創成される。

## 第3章 事業の経過

### 3-1 スキルスタンダードの作成

#### 3-1-1 基本的な考え方

##### (1) 統合システムバイオロジスト育成事業

統合システムバイオロジスト育成事業（以下、本事業と略称）では、事業者である（株）ダイヤリサーチマーテックと共同事業者である慶應義塾大学先端生命科学研究所及びヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ(株)が互いに保有している知識・知見・実績等を提供しあい協力して、先ず、基本形となるスキルスタンダード素案を作成した。

##### (2) 育成後の人材像の設定

人材像の設定に当たり、当初統合システムバイオロジストを仮説として以下のように定義した。

###### 【統合システムバイオロジストの定義】

「統合システムバイオロジスト」とは、バイオロジーに関する実験的な手法（ゲノム解析、トランスクリプトーム解析、プロテオーム解析、メタボローム解析）およびこれらを統合するコンピューターによる解析手法（コンピューター生物情報解析；インフォマティクス、データマイニング、モデリング、シミュレーション技術）を用いて、総合的な生物学的解釈ができる人材をさす。例えば、ゲノム創薬の製品開発に係わる全ステップ（バイオマーカーの発見・同定、創薬ターゲット発掘、リード発見他）や、機能性食品開発における作用機序の解明に、ゲノムおよびポストゲノム情報を幅広く取り入れた合理的な研究・開発アプローチができる人材。

次にこの統合システムバイオロジストを育成するために具体的な育成対象者、育成後の人材像、人材の特徴を以下のように設定した。

###### 【育成対象者】

情報学の基礎を有する人材

（基礎的なプログラミング能力を有し、バイオに興味がある人材が望ましい）

###### 【育成後の人材像】

バイオ関連情報処理技術を有効に活用し、先端技術である各種ポストゲノムデータの統合的解釈ができること

例としては、製薬企業において、創薬における各開発ステージに合わせた研究開発ができる人材

###### 【人材の特徴】

統合的な物の見方、学際的なセンス、革新の早い技術分野

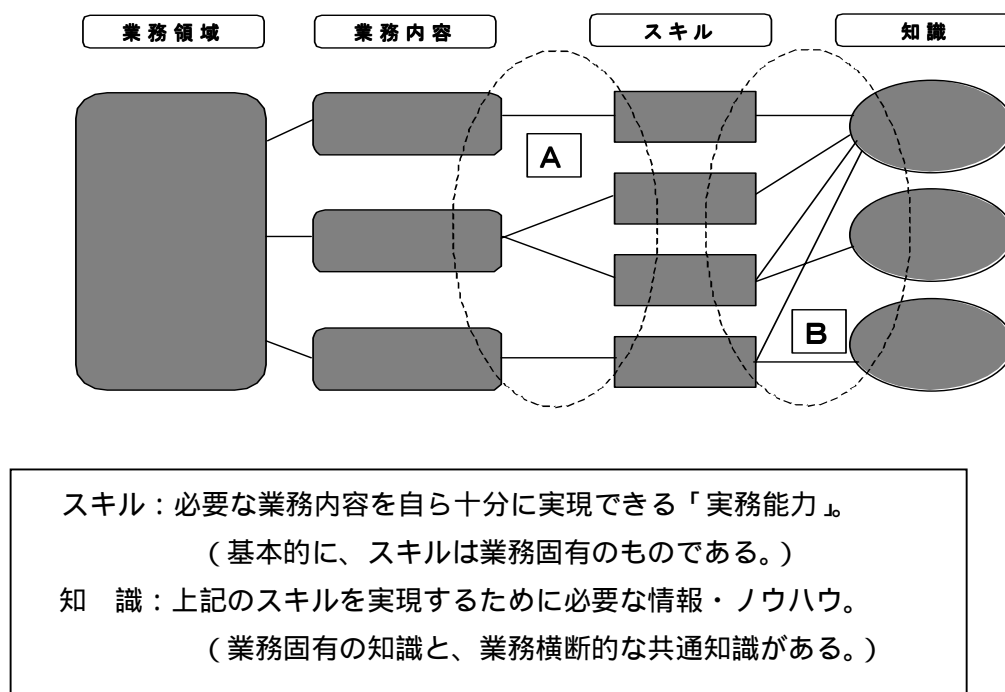
### (3) スキルスタンダード素案の作成

統合システムバイオリジストが実際に行うべき業務領域、業務内容を設定しこの内容に基づき求められるスキル・知識を抽出し、その上でスキル・知識を体系化した。本事業における業務領域・業務内容・スキル・知識の位置付けは、以下の通りである。

ここでいうスキルは業務内容に固有のものであり、図表3-1のAに示しているように、業務内容には1個あるいは複数の、他の業務内容とは重複しない固有のスキルが対応している。

他方、知識については、業務横断的な「共通知識」と「業務固有知識」が存在すると理解される。すなわち、ある知識が、複数の異なる業務内容（及びそれに対応するスキル）に必要とされるケースがあると考える。そのため、業務内容（及びそれに対応するスキル）と知識は、必ずしも1対1の対応関係をとらない（下図のB）。

図表3-1 スキル項目と知識項目の関連性



### (4) スキルの網羅性とスキル項目の絞込みについて

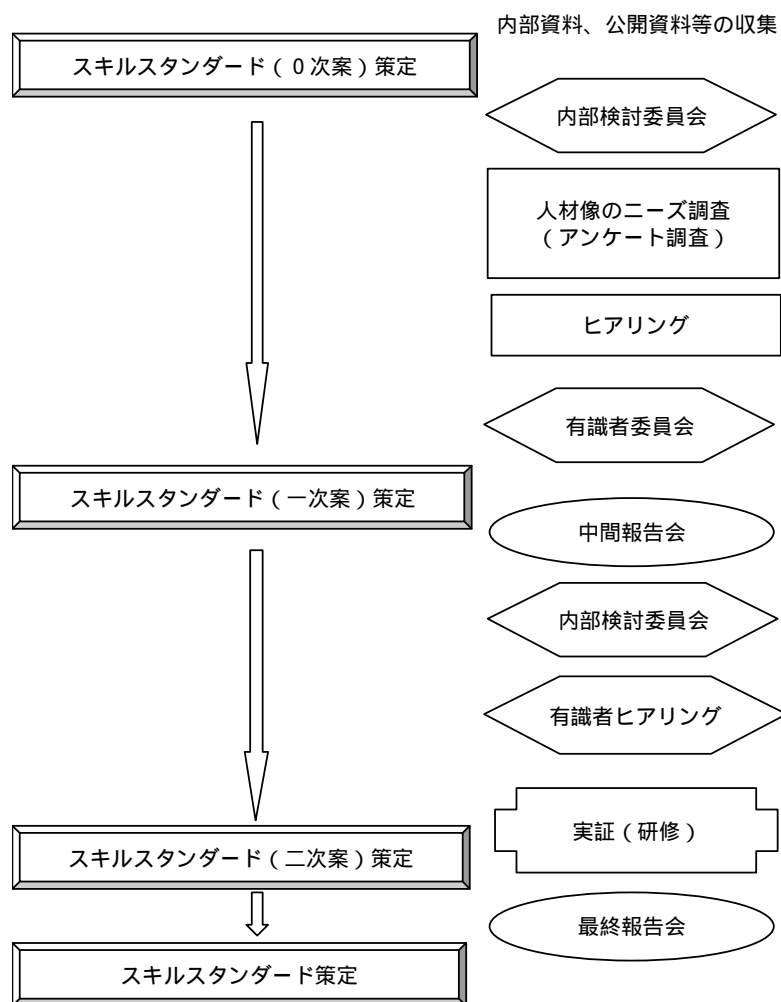
本事業においては、統合システムバイオリジストの人材像について(2)に示すように「バイオテクノロジーに関する実験的手法とこれらを統合するコンピューターによる解析手法を用いて、総合的な生物学的解釈ができる人材」と仮定的に設定しており、生命情報科学（バイオインフォマティクス）と生物学の両分野のスキル・知識が求められる。スキルの作成に当たっては、まず全体を網羅的に整理したが、スキルに網羅性を求めると広範で大量な内容になるので、例えば解析手法などに関する個々のスキル項目の抽出に当たっては、企業や研究機関の現場で頻繁に活用されている主要な解析手法に絞っている場合がある。

### 3 - 1 - 2 スキルスタンダード作成の手順

スキルスタンダード素案（下図の0次案）にもとづき人材調査、ヒアリング、有識者委員会を通じてスキルスタンダード（一次案）を作成、ついで中間報告会を経てスキルスタンダード（二次案）を作成、さらに実証（研修）と最終報告会を踏まえて最終的なスキルスタンダードを策定した。

図表3 - 2に、スキルスタンダード作成のフローを示した。

図表3 - 2 スキルスタンダード作成フロー



#### 【スキルスタンダード（0次案）策定】

過程：設定した人材像の吟味と人材像における業務領域や業務内容を検討（職務分析）

過程：人材像のキャリアパスから3段階のスキルレベルを設定

慶應義塾大学先端生命科学研究所、ヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ(株)および弊社（株）ダイヤリサーチマーテックが保有している知見、公開情報等をもとにして、内部検討会を数度開きスキルスタンダード0次案（仮説）を策定した。

#### 【スキルスタンダード（一次案）策定】

過程：スキル項目、知識項目の特定化

過程：レベルに対応したスキル項目を特定

この人材像の把握、特に重要スキルを特定するために、0次案をもとにアンケートにより調査し、次いで有力企業に対してヒアリングを行った。さらに、有識者委員会を開催し0次案に対する委員の意見を聴取した。これらを反映してスキルスタンダード一次案を策定した。

#### 【スキルスタンダード（二次案）策定】

過程：スキルスタンダードの改定

過程：モデル研修で検証

一次案を中間報告会で発表し評価委員より評価を受けた。また、一次案をもとにモデル研修を実施し、アンケート調査と効果測定テストにより検証を行った。中間報告会の評価結果および研修の検証結果を反映するために、一次案を改訂するとともに有識者からの意見も加えてスキルスタンダード二次案を策定した。

#### 【スキルスタンダード策定】

過程：スキルスタンダードの完成

二次案を最終報告会で発表し評価委員より評価を受け正式なスキルスタンダードとした。

## 3 - 2 カリキュラムの作成

### 3 - 2 - 1 カリキュラム作成の手順

カリキュラム作成は下記の ~ の手順に従って作成した。

#### 知識項目の整理

スキルスタンダードで整理した「スキル項目」「知識」項目に対応づけて作成する。

#### カリキュラム項目の作成

で整理したスキル項目、知識項目を学ぶためのカリキュラムを作成する。

#### カリキュラム体系の作成

カリキュラム項目を、レベルに対応した形でコース分けを行う。

コース毎に、講義内容、講義時間を整理する。

#### シラバスの作成

のカリキュラムをもとに、シラバスを作成する。シラバスには、各カリキュラムで学ぶ内容、達成目標、講義の方法、テキスト、講師等を記載する。

最初に作成したカリキュラム（案）に対しては、有識者委員会、中間報告会等を通じて次のような問題点が明らかになった。

スタンダードとなるカリキュラムを目指したことから広範な技術領域を網羅的にカバーすることとなったため、単一のコースとしては非常に容量の大きなカリキュラムとなった。その結果、特に中間報告会では大学等教育機関での教育プログラムとしては、活用できても、社会人を対象とするプログラムとしては、時間、費用、対象者のレベル等の点から活用の可能性に疑問が持たれた。

有識者委員会でも同様な理由から、受講するための前提となる知識、スキルを本来のカリキュラムから切り分けて例えば「導入コース」を設定するよう指導を受けた。

また、統合的視点を更に養うための「自由研究コース」の設定も提案された。

実習（研修）のアンケート結果からは、受講対象者のレベル分けの必要性と特にIT関連の基礎力育成の必要性について意見が寄せられた。

こうしたことを反映するために、カリキュラムの改訂を行ったが、その際に以下の点を留意した。

- \* カリキュラム公開後の実用性・汎用性や対象人材を考慮したカリキュラムであること。  
具体的には企業内での類似職種の育成プログラム、大学等教育機関での教育プログラム、行政主導の地域産業振興における人材育成プログラムとしての活用を前提として実用性や汎用性に考慮した。
- \* 対象人材を細分化した際に、最も必要とされている人材に焦点を置いたカリキュラムであるとともに対象レベル別に対応できるカリキュラムであること。

\* 以上のことを可能にするために、単一のコースではなく、コース分けを考慮した複数のコースを含むカリキュラムであること。

### 3 - 2 - 2 カリキュラム作成の方針

統合システムバイオロジストに必要なスキルをジェネラルスキル、ヒューマンスキル、テクニカルスキルに大別した。今回実施した人材ニーズ調査の結果でも、スペシャリストとしてのテクニカルスキルを持つ人材の育成を望む声が大きかったことから、カリキュラムの作成に当たってはテクニカルスキルを中心としたカリキュラムを作成した(人材ニーズ調査の結果は3-3、それぞれのスキルについては4章を参照のこと)。

ジェネラルスキルとヒューマンスキルは研究に携わる者にとって、研究分野、スキルレベルについて共通性の高いスキルであり、特に、上級レベル者にとってはその必要性が高まる傾向にある。

一方、テクニカルスキルは各事業毎に特有なスキルがあり、ジェネラルスキル、ヒューマンスキル以上に重要であり、中核となるスキルである。上記調査結果からもスペシャリストとしてのテクニカルスキルを持つ人材の育成を望む声が大きかった。

以上のことを踏まえて、スキルスタンダードの作成に反映させ、スキル項目を設定したが、スキル項目に対応するカリキュラムの作成は、以下の方針で行った。

テクニカルスキルに対応するカリキュラムを中心に作成する。

- ・ 本事業の目的は個別のスキルを教育することではなく、関連する技術分野を横断的に眺めて生命現象を統合的に理解できる人材を育成することを主眼とする。
- ・ 日本では本統合システムバイオロジストを育成する教育機関は慶應義塾大学以外にないことから、先ず、スタンダードとなりうるカリキュラムの作成を目指す。

ジェネラルスキル、ヒューマンスキルの専門的教育は、本事業では必要最小限とする。

- ・ 社会人を対象とするこの種の教育システムは、既に専門学校、大学等においても数多く実績があり、必要であればこうしたシステムを利用することが効率的であると考えられる。

### 3 - 2 - 3 コース分けの考え方

内部検討委員会、人材ニーズ調査、有識者委員会、中間報告会、実証を踏まえて、コース分けの考え方として以下の3点に留意した。

- 統合システムバイオロジーは、生物学と生命情報科学の両分野の理解が必要である。従ってその育成のためのカリキュラムも広範にならざるを得ない。
- しかし、全てを網羅することは現実的ではなく、実用性と汎用性を考慮した適切なボリュームのカリキュラムが望ましい。
- 実証結果からも明らかのように、受講者のレベルは様々であるので、予め受講者のレベル分



けは必要であるが、同時にレベルに応じたコース分けも求められる。

これらの考え方をもとに、以下のようにコースを設定した。

実験系のコース	IT系のコース
統合システムバイオロジー・リサーチ・コース	
システムバイオロジー網羅的解析技術コース	細胞シミュレーションコース
システムバイオロジー基盤技術コース	バイオインフォマティクス解析コース
バイオテクノロジー関連基礎技術コース	情報処理基礎コース

実際の運用に当たっては、これらコースを大括りし導入レベルコース、初級レベルコース、中級レベルコース、上級レベルコースとする。

レベルコース	レベルコースの構成	
上級レベルコース	統合システムバイオロジー・リサーチ・コース	
中級レベルコース	システムバイオロジー網羅的解析技術コース	細胞シミュレーションコース
初級レベルコース	システムバイオロジー基盤技術コース	バイオインフォマティクス解析コース
導入レベルコース	バイオテクノロジー関連基礎技術コース	情報処理基礎コース

- ・初級レベルコースは中級レベルコースを理解する上での基盤技術コースである。
- ・中級レベルコースは本育成事業の中核技術であり、実習に重きをおいたカリキュラムから構成される。
- ・上級レベルコースは与えられたテーマを統合的視点から自由研究し、指導をうけるコースである。
- ・導入レベルコースは初級レベルコースを理解するために必要な前提となるコースであり、座学主体のカリキュラムから構成される。

### 3 - 3 人材ニーズ調査

#### 3 - 3 - 1 アンケート調査の概要

本事業で考えているスキルスタンダード一次案をもとに、統合システムバイオロジストに関して、企業、大学および公的研究機関にアンケート調査を行った。

##### ( 1 ) アンケート内容

アンケート調査票を参考資料 2 に示したが、主たる調査項目は以下の通りである。

- ・統合システムバイオロジストの必要性
- ・現時点における研究開発に用いる解析技術
- ・統合システムバイオロジスト関連研究への取り組み
- ・統合システムバイオロジストの理想的な人材像
- ・統合システムバイオロジスト関連研究人材に望まれる能力
- ・統合システムバイオロジストのレベル分類の妥当性
- ・統合システムバイオロジストに必要なスキル

##### ( 2 ) アンケート送付先の選定

公開資料、弊社 / 慶應義塾大学先端生命科学研究所 / ヒューマン・メタボローム・テクノロジー(株)の保有する情報から合計 110 社・機関のアンケート送付先を選定した。

送付先を大別すると以下の通りである。

企業 :		51 件
( 内訳 )	医薬品製造業	16 件
	食料、飲料製造業	3 件
	ベンチャー企業	15 件
	その他	17 件
大学 :		43 件
公的研究機関 :		16 件
合計		110 件

##### ( 3 ) アンケート回収結果

回答総数は 25 であり、その内訳は以下の通りである。

企業 :		68%
( 内訳 )	医薬品製造業	24%
	食料、飲料製造業	8%
	ベンチャー企業	24%
	その他 :	12%
大学 :		16%
公的研究機関 :		16%
合計		100%

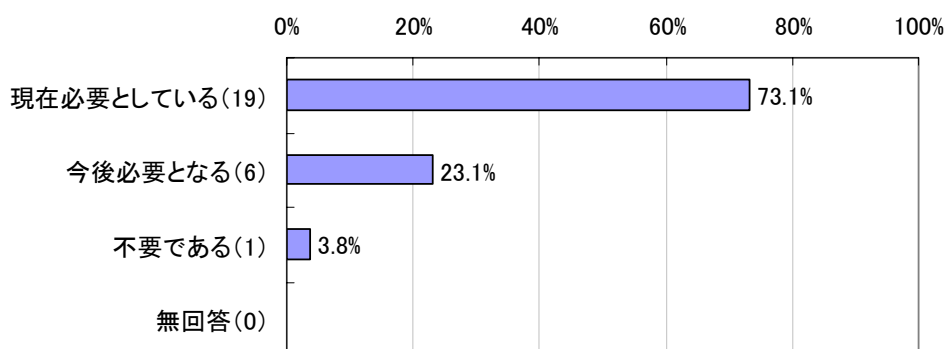
### 3 - 3 - 2 アンケート調査結果の概要

アンケート調査結果の詳細を参考資料3に示したが、ここではスキルスタンダードへの反映を主眼としてその概要を記述する。これらを踏まえてスキルスタンダード等への反映方法については3 - 7でまとめて触れる。

#### (1) 統合システムバイオロジストの必要性

現在必要としているが、全体の73.1%、今後必要とするが23.1%で、これらの合計は96.2%になり統合システムバイオロジストの育成が非常に求められていることが分かる。

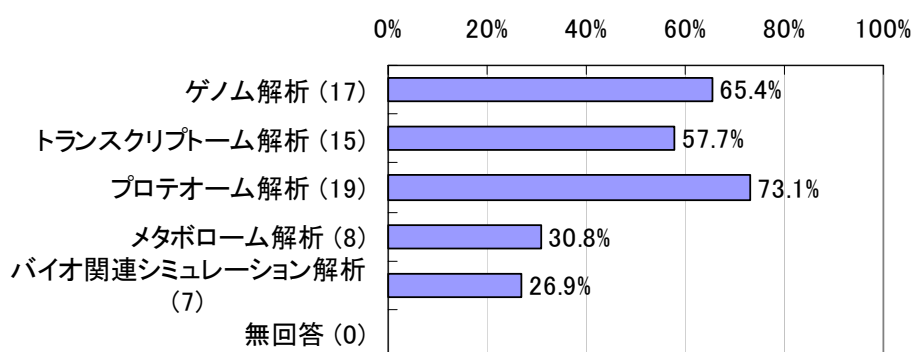
図表3 - 3 統合システムバイオロジストの必要性



#### (2) 現時点で研究開発に用いている解析技術

ゲノム解析技術、トランスクリプトーム解析技術、プロテオーム解析技術の使用は、それぞれ65.4%、57.7%、73.1%とかなり利用されている。しかしながら、メタボローム解析技術、シミュレーション解析技術の利用率は未だ低い。

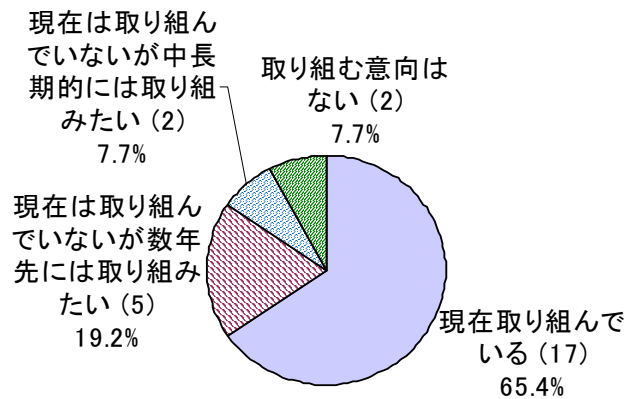
図表3 - 4 現時点で研究開発に用いている解析技術



#### (3) 統合システムバイオロジー関連研究への取り組み状況

現在取り組んでいるが65.4%、今後近い将来に取り組むたいが19.2%で、これらの合計は約85%と高い。

図表3 - 5 統合システムバイオロジー関連研究への取組み状況



(4) 統合システムバイオロジストの理想的な人材像

アンケート調査票問5の理想的な人材像・人材イメージに対して記述された内容を技術面と性格面についての主要な意見を抜粋した。

技術面： 生物学的な知識・技能を持ち、バイオインフォマティクスに精通しコンピューター技術に強い、いわゆるダブルメジャーである。

医薬開発等の関連する応用分野にも明るい。

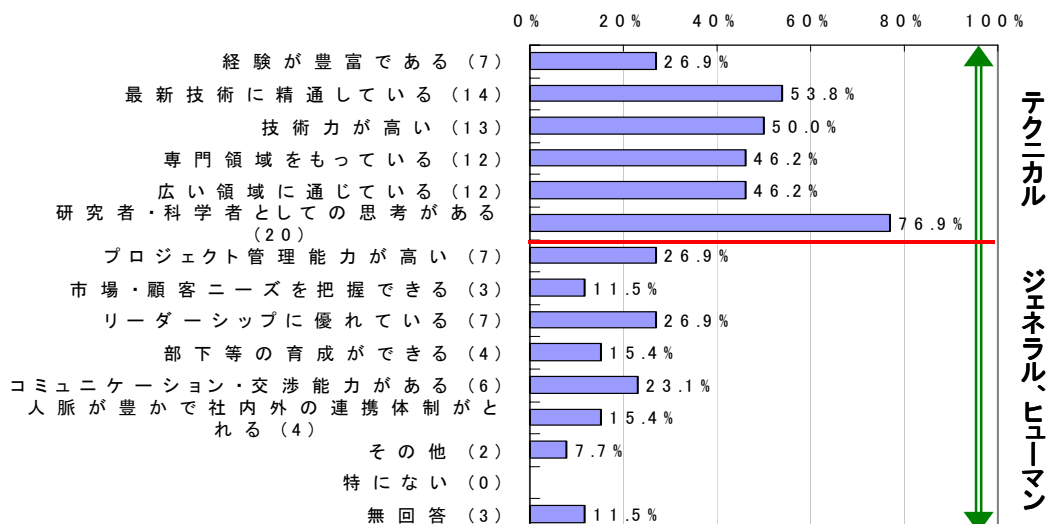
性格面： 視野が広く、方向性が正しく、指導力がある。

チャレンジ精神が旺盛で、考え方が柔軟で、協調性がある。

(5) 統合システムバイオロジー関連研究人材に望まれる能力

図表3 - 6 に示す様にテクニカルスキルの面での能力に対しては大半が45%以上であり、総じて期待が大きいと言える。ジェネラル・ヒューマンスキルについては望まれる能力として回答している割合をみると、20%台が3項目、10%台が4項目、7%台が1項目と総じて回答率はテクニカルスキルより低い。その中では、プロジェクト管理能力やリーダーシップなどの回答率は比較的高い。

図表3 - 6 統合システムバイオロジー関連研究人材に望まれる能力



(6) 統合システムバイオロジストのレベル分類の妥当性

スキルスタンダード一次案においては、以下に示す3つのレベル分類を設定し、調査の中でその妥当性を検証した。この結果、以下の「概ね妥当との回答」と言える。

図表3-7 一次案において示したレベル分類案

レベル・ レベル分類の軸	役割・能力・知識等 (仮説)
エントリー	<ul style="list-style-type: none"> <li>統合システムバイオロジストとして必要な<u>一般的知識</u>を有する。</li> <li>コンピューター生物情報解析**研究の<u>初歩的技術</u>を有する。</li> <li>関連領域*の<u>初歩的技術</u>を有する。</li> <li>上級者の指示により、仕事を適切に遂行できる。</li> </ul>
スペシャリスト	<ul style="list-style-type: none"> <li>統合システムバイオロジストとして<u>専門的知識</u>を有する。</li> <li>コンピューター生物情報解析**研究の<u>専門的技術</u>を有する。</li> <li>関連領域*の<u>基本的技術</u>を有する。</li> <li>業務計画を立案し、下級者に適切な指示を行うことができる。</li> </ul>
プロジェクト マネージャー	<ul style="list-style-type: none"> <li>統合システムバイオロジストとして<u>総合的知識</u>を有する。</li> <li>コンピューター生物情報解析**研究の<u>高度な専門的技術</u>を有する。</li> <li>関連領域*の<u>専門的知識</u>を有する。</li> <li>安全性・倫理の視点からも適切な判断ができ、総合的な視点からプロジェクトのPDCA (Plan - Do - Check - Action) 管理を行うことができる。</li> </ul>

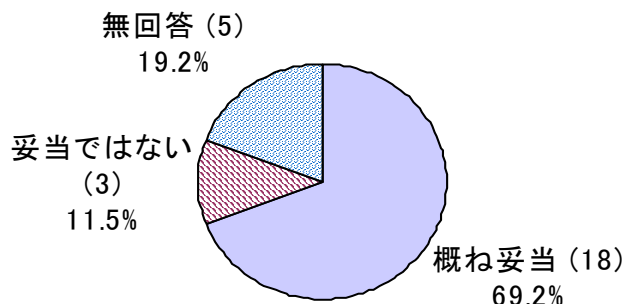
\* 関連領域：バイオロジーに関する実験的な手法  
(ゲノム解析、トランスクリプトーム解析、プロテオーム解析、メタボローム解析)  
\*\* コンピューター生物情報解析：コンピューターによる解析手法  
(バイオインフォマティクス、データマイニング、モデリング、シミュレーション)

・初級レベルのレベル内容に対して

「概ね妥当」が69.2%、「妥当ではない」が11.5%、無回答が19.2%であった。

「妥当ではない」と回答した人のこのレベルの人材像に対するイメージ・意見としては、基本的なウェットの経験が必要、バイオインフォマティクスに限らないコンピューター利用技術が必要、一般的知識・基本的技術ではなくどれか専門的知識を持つことが必要等の意見が寄せられている。

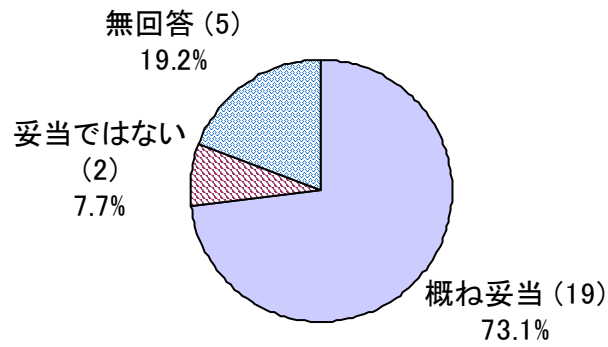
図表3-8 初級レベルの内容に関する妥当性



・中級レベルのレベル内容に対して

「概ね妥当」が約73.1%であり、「妥当ではない」が7.7%、無回答が19.2%であった。回答した人からは専門的なウェットの経験、コンピューター利用技術と生物や化学の知識が必要等の意見が寄せられている。

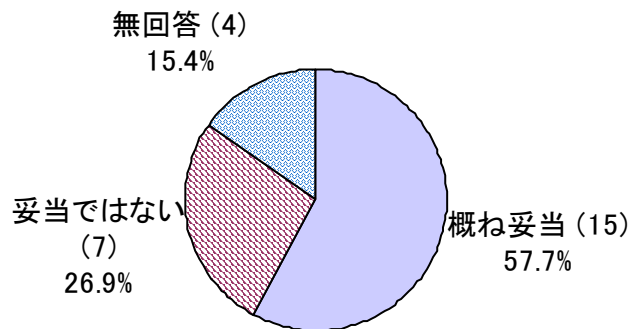
図表3 - 9 中級レベルの内容に関する妥当性



・ 上級レベルの内容に対して

「概ね妥当」が 57.7%、「妥当ではない」が 26.9%、無回答が 15.4%であった。「妥当ではない」と回答した人からはプロジェクトマネジャーに対するイメージとして、研究内容の把握、研究構想、ビジネスモデルの立案、コミュニケーションスキルが必要等の意見が寄せられている。

図表3 - 10 上級レベルの内容に関する妥当性



(7) 統合システムバイオロジストに必要なスキル

策定した統合システムバイオロジストのスキル項目に対する回答結果を以下に整理する。

研究管理、マネジメント、知的財産管理については総じて必要性が高いが、現状での不足感は少ない。育成状況は概ね 65%以上である。

【研究管理】

(単位：%)

業務内容	スキル項目	必要度*1	不足感*2	育成状況*3
A 研究進捗状況管理	1) 研究テーマの進捗状況を把握し管理できる	76.9	26.9	65.6
	2) 研究用資源の使用状況を把握し管理できる	65.4	15.4	65.4
B 労務管理	1) ラボ内の安全・衛生面での管理を実施できる	65.3	0	69.3
	2) 他の実験技術者の業務配分を立案し管理できる	61.5	11.5	69.5
	3) 生命倫理指針を理解し、遵守状況を管理できる	73.0	0	53.8
	4) ラボ内の産業廃棄物の処理を実施できる	53.9	3.8	69.3

【マネジメント】

(単位：%)

業務内容	スキル項目	必要度	不足感	育成状況
C 統合システムバイオロジーに関するヒューマンマネジメント	1) 実験計画に沿ったプロトコルを作成し、スタッフに作業を指示できる	80.8	15.4	65.4
	2) 研究者・スタッフとのコミュニケーションがとれ、進捗管理ができる	84.7	23.1	61.6

【知的財産】

(単位：%)

業務内容	スキル項目	必要度	不足感	育成状況
D 知的財産	1) 特許出願ができる	80.8	26.9	83.1
	2) 他社の特許出願状況調査ができる	77.0	34.6	73.1

\*1 必要度：アンケート調査結果（参考資料3）問8 - 1で「極めて必要」「必要」と回答した人の合計（%）を示す。

\*2 不足感：アンケート調査結果（参考資料3）問8 - 2で「極めて不足」「やや不足」と回答した人の合計（%）を示す。

\*3 育成状況：アンケート調査結果（参考資料3）問8 - 3で100%から「育成していない」「無回答」と回答した人の合計（%）を除いた割合を示す。

研究計画・立案については総じて必要性が高く、特にトランスクリプトーム解析、プロテオーム解析に関する回答率が特に高い。現状の不足感をみると、トランスクリプトーム解析、メタボローム解析、バイオシミュレーションが特に高い。育成の実施状況は約39%～62%であり、前項の研究管理の場合より低いと比較的実施されていることを示している。次に育成状況をみると、不足感の高い項目のうちトランスクリプトーム解析は育成が進んでいるのに対し、メタボローム解析、バイオシミュレーションに関しては企業・研究機関での育成が進んでいないことが窺える。バイオシミュレーションに関連するスキルの育成状況は他のスキルに比較して低いと言える。

【研究計画立案】

(単位：%)

業務内容	スキル項目	必要度	不足感	育成状況
E ゲノム解析実験計画・作業計画の立案	1) ゲノム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で、担当業務の方向性についてイメージできる。	73.1	19.2	50.0
	2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる	73.1	19.2	61.6
F トランスクリプトーム解析実験計画・作業計画の立案	1) トランスクリプトーム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる。	84.7	34.6	53.9
	2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる	80.8	38.4	57.7
G プロテオーム解析実験計画・作業計画の立案	1) プロテオーム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる。	80.8	26.9	61.5
	2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる	80.8	26.9	61.5
H メタボローム解析実験計画・作業計画の立案	1) メタボローム・メタボノーム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる。	77.0	38.5	46.2
	2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる	73.1	38.4	46.2
I バイオシミュレーション研究計画・作業計画の立案	1) バイオシミュレーションの世界的動向、技術の開発状況を理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる。	61.6	46.2	38.5
	2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる	61.5	46.2	38.5

\* 必要度、不足感、育成状況の意味は前表に同じである。

情報解析実務

- ・コンピューター生物情報解析実務に対する必要性は50~85%と高く、現状での不足感も約30~50%と比較的高い。育成の状況は約35~50%と研究計画立案のスキル項目より低い。

【情報解析実務】

(単位：%)

業務内容	スキル項目	必要度	不足感	育成状況
J コンピューター生物情報解析研究実務(基礎)	1) ゲノム情報に基づく生命のシステム的理解(代謝系の再構築、遺伝子の相互作用推定、細胞シミュレーション)に対する基礎概念をもつ	77.0	30.7	50.0
	2) 論文や無償ソースプログラミングを読み解き、新規アルゴリズムのプログラミングを行える能力の習得	69.3	34.6	46.1
	3) バイオインフォマティクスの分野において一般的に利用されているソフト(BLAST、FASTA、ClustalWなどゲノム解析における定番ツール、PubMedなどのデータベースの利用方法)を用いたゲノム解析技術の習得	84.6	38.4	46.2
K コンピューター生物情報解析研究実務(シミュレーション)	1) シミュレーションの基本概念を理解し、シミュレーションソフトの利用ができる	61.6	42.3	38.5
	2) 細胞シミュレーションモデルの構築ができる	50.0	46.1	34.6
	3) シミュレーションモデルを用いて細胞内相互作用ネットワークの予測ができる	57.7	50.1	42.3

\* 必要度、不足感、育成状況の意味は前表に同じである。

実験解析実務について

- ・実験解析実務に対する必要性は約54~73%と高い。不足感は11~31%と少なく個別毎の実験系実務に対する不足感は少ないと言える。育成の状況を見ると、46.1~69.3%であり個別毎の実験系実務に対する教育は比較的行われていることを示している。



## 【実験解析実務】

(単位：%)

業務内容	スキル項目	必要度	不足感	育成状況
L ゲノム解析実務	1) ゲノム物理地図構築ができる	46.2	11.5	50.0
	2) 特定生物のゲノムシーケンシングができる	42.3	11.5	46.1
	3) シーケンシングしたゲノムのフラグメント結合編集（アセンブル）ができる	53.9	19.2	50.0
	4) シーケンシングしたゲノムについてゲノム構造・機能アノテーションができる	61.6	23.0	46.1
M トランスクリプトーム解析実務	1) DNA マイクロアレイを使って特定遺伝子の発現の有無、発現量の解析、遺伝子ネットワーク解析ができる	69.3	23.1	61.5
	2) In situ ハイブリダイゼーション法を用いて遺伝子発現部位・mRNA の局在を分析できる	57.7	15.3	57.7
	3) cDNA ライブラリーの構築ができる	57.7	15.3	57.7
N プロテオーム解析実務	1) 2D-PAGE/MS 法を用いた発現プロファイル解析ができる	61.5	23.1	61.6
	2) LC-MS 法による発現プロファイル解析ができる	69.2	26.9	69.3
	3) リン酸化蛋白質や糖鎖修飾蛋白質等の翻訳後修飾の解析ができる	65.4	30.8	65.4
	4) 種々の解析法を用いて機能プロテオミクス解析ができる	72.5	30.7	57.7
O メタボローム解析実務	1) GC-MS（ガスクロマトグラフィー - 質量分析）、LC-MS（液体クロマトグラフィー - 質量分析）、CE-MS（キャピラリー電気泳動 - 質量分析）、CE-MS-MS（キャピラリー電気泳動 - 質量分析 - 質量分析）を利用して物質の検出ができ、既知物質の同定ができる	57.7	15.4	53.8
	2) GC-MS-MS、LC-MS-MS、CE-MS-MS、CE-MS-MSのうち、最適な機器を選択し、物質の検出ができ、未知物質の同定ができる	61.6	19.2	53.8
	3) CE-MS を用いて生体内サンプルのメタボローム解析ができる	57.7	30.7	46.1

\* 必要度、不足感、育成状況の意味は前表に同じである。

### 3 - 3 - 3 ヒアリング調査

創薬、機能性食品等の開発を行っている企業2社の研究所を訪問し、当該分野に対する取り組み状況や必要とされる人材についてヒアリング調査を行った。その要点を以下に示す。これらを踏まえてスキルスタンダード等への反映方法については3 - 7でまとめて触れる。

#### (1) 現状

- ・研究にはトランスクリプト - ム解析、プロテオーム解析、メタボローム解析を行っているが、網羅的に解析し大量なデータを扱うオーム研究が盛んである。
- ・現状では、バイオインフォマティクスのできる人材は少ない。網羅的解析のできる人材はほとんどいない。

#### (2) 必要とされる人材

- ・これからのバイオ研究はウェットとドライがペアになりいかにコラボレートできるかが重要である。
- ・軸足をウェットに置き、ドライも詳しい人材が必要である。
- ・オーム研究から得られる大量なデータから総合的判断をするためには、統合システムバイオリジストのような人材の活躍が必要となる。
- ・各研究の結果を統合していくにはITは必要不可欠である。
- ・しかし、各研究の結果を統合する研究を行う人間は全ての解析が実際にできる必要は無く、データに対する深い理解があればよい。現実に全ての解析を1人で行うことこのできるような人材はいないであろう。データの再現性、誤差など状況に応じてデータの裏に隠されている情報までを考えることのできる知識が必要である。

### 3 - 4 有識者委員会

10月29日に開催した有識者委員会の要点を、スキルスタンダード策定に反映する内容を中心に以下に整理する。これらを踏まえてスキルスタンダード等への反映方法については3 - 7でまとめて触れる。

#### (1) 統合システムバイオロジストの育成事業について

本育成事業の意義付けとして以下の内容が確認された。

研究者の多くは、ゲノムやプロテオームあるいはコンピューターを使ったツールやデータベース作成等の個々の技術のみに従事し、これ等の技術分野を横断的に眺めて研究の計画・立案できる人材は少なく、またこのような人材を育成する教育機関もない。これ等の技術は日進月歩であり、大学で技術を学んで全てを統合するには時間がかかり、間に合わない。少なくとも現状の技術を把握し、これ等の情報を統合すると何が分かるかを実感してもらい、この中から少数でも現場で活躍する人材を生み出すのがこの事業である。

#### (2) 育成対象者について

有識者委員会では、「育成対象者は必ずしも情報学を専攻した人である必要はなく、プログラムができたり、コンピューターを苦にしないことは必須であるが、バイオに関する興味を持っているということも必要である。データの解釈は基本的には生物学であり、生物学の基礎を持つといっても良い。」「一方で情報学を専攻した人材が統合システムバイオロジストになるキャリアルートも重要である。」などの意見が聞かれた。

このような議論の結果、「本事業では生物側の基礎と情報側の基礎を持った人を対象とすべきである」という結論となった。

#### (3) 人材像について

##### 【人材像】

究極的な目的は生命現象を解明することであり、そのためには、網羅的な解析が必要であり、かつ網羅的な解析からは大量のデータが発生する。この大量のデータから生命現象を解明していく道筋を考えられる人材が求められている。

今エキスパートは沢山できてきているが、ゲノム、プロテオーム等異分野の研究者と横断的なチームを作るコミュニケーション能力が求められている。エキスパートだけではお互いの言っていることがなかなか理解できない。新しい人材育成の過程で、このような垣根を取り除いていく、その中には、生物も情報もよく分かり、統括できる人を育成できる可能性がある。

医者に例えればホームドクターというイメージである。患者が来た時に、どこが悪そうで、どこの病院に行ったらよいか統合的に考えられる人である。企業でも、それぞれの部門の研究者で、ある対象を研究する場合、各部門の代表がミーティングする際に、発言できることが必要で、コ

コミュニケーション能力が極めて重要である。自分の分野を他分野の人に説明できることは当然であるが、他分野に対するコメントや提言ができる人材のことである。

#### 【レベル】

レベルとはどの程度統合的に把握しているかというレベルであると理解することが分かり易い。以下の3レベルが目安として確認された。

初級レベルとは

普段ゲノム解析をしている人が育成コースに参加して、プロテオーム、メタボローム、情報処理等の他の技術を勉強し一通りを学んだレベルである。

上級レベルとは

チーム全体を統括できる。

中級レベル

その中間を中級というようにレベルを設定できる。

また、「結果的に到達点が上級であり、レベル分けは困難かもしれないが、目的や人材に応じて、この程度を理解していれば、最低限のコミュニケーションには困らないとか、もう一段上のコミュニケーションができそうだという観点で分けられないか」との議論も行われた。

#### (4) スキルスタンダードについて

5つの解析手法はベースとなる解析手法として、教育やカリキュラムの段階では広い分野に適用可能な妥当なものであることが確認された。実際の具体的な場面では一部を入れ替えたり、補足したりする弾力的運用も必要であることが指摘された。

また、以下のことも指摘された。

スキル内容が、身につけておくべき技術とすれば、各項目のレベルが非常に高く、1つをマスターすることも大変であり、まして全てできるのはスーパーマンとも言える。受講者は厳し過ぎると感じてしまうおそれがあるので、「スキル」と言う言葉を何ができると言う意味に捉え、目標を示しているものと解釈することが適当である。

シミュレーションという言葉について：

統合的意味で使用するならバイオインフォマティクスの方が適当である。

#### (5) カリキュラムについて

カリキュラムの全時間数 460 時間に対して、30 コマ、2 年間のフルタイムのコースに相当し、これでは長すぎないかという議論がなされたが、統合システムバイオロジストは広い知識・技術を身につける必要があり、基礎から育てるにはこれだけの時間が必要であることが確認された。しかし、一方で受講しやすい形とするために、今後、いくつかのコースを設定する等の工夫も必要であることが確認された。

また、コース分けについては、前提、基礎、応用、総合の4つに分類し、前提は普通に勉強して

きた人には不要なコースとする。この分類に従って、カリキュラム構成を再考することとした。それぞれのコースに対する例示は以下の通りであった。

前提コースの科目：遺伝工学、有機化学、代謝学（生物学） 等

基礎コースの科目：システム生物学基礎、ゲノム科学概論、ポストゲノム科学概論  
バイオインフォマティクス基礎、シミュレーション基礎  
ゲノム塩基配列情報解析 等

応用コースの科目：ホールゲノムシーケンシング、細胞シミュレーション解析

総合研究コースの科目：システムバイオロジー特論、プロジェクト研究

#### （ 6 ）次年度以降の事業の展開について

さらに自立した上級者を目指す研究者には「自由研究」と称するコースを設定することが望ましいとの提案があった。このコースでは自分でテーマを設定させた上で、少なくとも6ヶ月間自由研究させ、その途中段階およびコース終了後に指導する方法である。

### 3 - 5 中間報告会での評価結果

11月1日に「バイオ人材育成事業」に係わる中間報告会が開催された。当該委員会で委員から寄せられた意見を以下にまとめる。これらを踏まえてスキルスタンダード等への反映方法については3 - 7でまとめて触れる。

#### 3 - 5 - 1 統合システムバイオリジスト育成事業に対して

- (1) 盛り沢山であり、情報系の人に、ポストゲノム技術を習得させると考えていたが、焦点がボケてきたように感ずる。どういう人材を育成するのか明確にする必要がある。
- (2) システムバイオロジーはこれからの分野で、現在は未だ入り口の段階であるが、生物現象を統合的に思考できる人材を育成するプロジェクトであると思う。さまざまな技術の間の会話が必要であり、スキルスタンダードでは将来を見通したシステムバイオリジストの育成を考えてほしい。
- (3) スキルスタンダードの作成方法とカリキュラムの作成方法は全く異なるので注意が必要である。今は両者が混同されている状態であるので、まずスキルとカリキュラムの違いを理解し、正しいアプローチを行ってもらいたい。スキルスタンダードとカリキュラムは、ターゲットを明確にし、レベル別にした方が良い。
- (4) スキルスタンダード等に使用する用語（例えば、スキル、知識、能力）を丁寧に使ってほしい。

#### 3 - 5 - 2 事業者全体に対して

##### (1) 事業の方向性を見直し

本事業で何ができるのか十分考え直す必要がある。事業の後、公開されたら皆が真似をしてやっていくような内容になっているか、資格制度になりうるのか等の観点から事業の波及効果を強く意識することが求められる。企業内での類似職種の育成プログラムとしての活用や、大学教育機関での教育プログラムとしての活用、行政指導の地域産業における人材プログラムとして活用が考えられるので、実用性や汎用性という視点でスキルスタンダード、カリキュラムを見直してほしい。

##### (2) 人材像の設定を見直し

- ・ バイオ研究をしていた人間が他に興味を持った時に、どう育成していくかを考えることが必要である。
- ・ 育成人材が文部科学省的であるが、次のようなことも考慮されるべきである。
  - 企業がほしい人材であるか
  - この職種が成り立つのか
  - 個人として identity を持ち得るか（個人の job として成り立つのか）
  - 経営上は、新しい職種・部門を作れるのか
- ・ 新分野の技術人材の場合、必要な人材像をしっかりと描くことが大事である。そこから、スキルがわかり、レベルが言えてくるので、どのくらいの数の人材が必要かがわかってくる。

### 3 - 6 実証（研修）の実施

ここでは、実証の概要とともに、研修生や講師に対するアンケート結果及び試験結果（参考資料4、5）から、スキルスタンダード等に反映すべき内容を中心として実証結果要点としてまとめる。これらを踏まえてスキルスタンダード等への反映方法については3 - 7でまとめて触れる。

#### 3 - 6 - 1 実証の概要

今回の実証の概要をその選択理由とともに、以下に示す。

##### 【統合システムバイオロジストの定義】

「統合システムバイオロジスト」とは、バイオロジーに関する実験的な手法（ゲノム解析、トランスクリプトーム解析、プロテオーム解析、メタボローム解析）およびこれらを統合するコンピューターによる解析手法（コンピューター生物情報解析；インフォマティクス、データマイニング、モデリング、シミュレーション技術）を用いて、総合的な生物学的解釈ができる人材をさす。



##### 【統合システムバイオロジストの主要スキル】

上記人材には、実験中核スキルと IT 中核スキルからなる統合システムバイオロジスト中核スキルが主要スキルとして求められる。



##### 【スキルを保有するための必要なカリキュラム・コース】

上記スキルを習得するために、システムバイオロジー網羅的解析技術コース、細胞シミュレーションコースからなる中級レベルコースが存在する。（前提としては、初級コースレベルの基礎力を保有していること）



##### 【今回の実証】

###### 目的

今回の実証では遺伝子・蛋白質・代謝産物を解析できる基礎技術、およびシミュレーションに必要なスキルについて検証を行うことに力点を置いた。理想的には、全解析技術を網羅的に経験し統合的な視点から解析結果を分析する実証とすることが望ましいが、受講生の予備知識の統一、また時間、費用などの制約から、個々の解析技術に関する実証とする方が、スキル・スタンダード案・カリキュラムに確実に成果をフィードバックできると判断した。

###### 実証科目選択理由

- ・システムバイオロジー網羅的解析技術コース科目

システムバイオロジー網羅的解析技術コースは、主に技術取得を目的として座学ではなく実習に重きを置いたコースであり、ゲノムシーケンス実習、トランスクリプトーム解析実習、プロテオーム解析実習、メタボローム解析実習、代謝システム工学実習が含まれる。その中で遺伝子の網羅的解析に関してはゲノムシーケンス実習を、蛋白質の網羅的解析に関してはプロテオーム実習、代謝産物の網羅的解析技術に関してはメタボローム実習を選択した。

- ・シミュレーション解析コース科目

シミュレーション解析コースは、実際にコンピュータを利用して生体内機能メカニズムの解析を行うバイオシミュレーション実習（E-CELL 実習）を選択した。

###### 評価

研修生のアンケートおよび到達度試験、講師へのアンケート調査で評価した。

\*実習に参加した人数は実習毎に異なるが、メタボローム実習で最も多く 27 名であった。また、実習実施場所の制約から、山形県とその近隣の社会人（企業・公的研究機関）および慶應義塾大学の学生に対して、受講者の募集を行った。この結果、山形県内企業および公的研究機関を中心とする社会人 6 名と慶應義塾大学の学生 21 名の受講者があった。

### 3 - 6 - 2 実証内容とスケジュール

実証内容は、各カリキュラムの妥当性を検討するために、統合システムバイオロジストの主要スキルである E-Cell 実習、プロテオーム解析実習、ゲノムシーケンス実習、メタボローム解析実習の4つを選択し、それぞれのカリキュラムの妥当性を検証するために実施した。尚、補足的に、2つの概論(バイオインフォマティクス概論、ポストゲノム科学概論)も実施した。

#### 【E-Cell実習】

E-Cell 実習においては、シュミレーションソフトである E-Cell を用いて主に代謝系を中心に、細胞シュミレーションモデルを構築し細胞の挙動解析を行うことを目標に実証を行った。E-Cell は、C++, Python といったオープンソースのプログラミング言語とライブラリを用いて作成されており、実習ではまずそれらのプラットフォームである Linux の操作について学んだ。次に、予め作成された教材として、小脳神経系のモデルである "LTD モデル" について、E-Cell 自体の操作法を学んだ。さらに、グラフィカルなモデルエディタと小回りの利くテキストエディタを使い分けて、単純な反応系である "Toy Pathway" を最初から入力し、動作させることでシミュレータとしての基本的な構築法を学んだ。続いて、自動パラメータ最適化など行うためのスクリプト作成法を学び、さらに、より複雑なシミュレータ構築のための Python アルゴリズムモジュールの作成法を学んだ。最後に、実用に近い応用例として、赤血球の解糖系モデルシミュレータの構築を行った。これは、数十のパスウェイを持つ反応系で、さまざまな反応様式と多数のパラメータが含まれており、既報のそれらを用いて、一からのシミュレータの構築を行った。

詳細は図表 3 - 1 1 に示したが、一コマ 90 分を標準に 13 回、合計 17 時間の研修である。

図表 3 - 1 1 E-Cell 実習

実習内容	回	日程	時間
E-Cell 概要 (講義)	第 1 回	2004/11/1	60 分
Linux システム基礎	第 2 回	2004/11/1	30 分
E-Cell インストールと LTD モデルを用いたデモ実験	第 3 回	2004/11/1	90 分
モデルエディターを用いた Toy Pathway 構築	第 4 回	2004/11/1	90 分
E-Cell モデリング基礎 (講義)	第 5 回	2004/11/2	90 分
テキストエディターを用いた Toy Pathway 基礎	第 6 回	2004/11/2	90 分
E-Cell スクリプト基礎	第 7 回	2004/11/2	90 分
E-Cell Simulation Environment 概要 (講義)	第 8 回	2004/11/2	60 分
Python を用いたアルゴリズムモジュール開発基礎	第 9 回	2004/11/2	60 分
プロジェクト 赤血球の解糖系モデルの構築(講義・実習)	第 10 回	2004/11/3	90 分
プロジェクト 赤血球の解糖系モデルの構築(実習)	第 11 回	2004/11/3	90 分
プロジェクト 赤血球の解糖系モデルの構築(実習)	第 12 回	2004/11/3	90 分
プロジェクト 赤血球の解糖系モデルの構築(解析・評価)	第 13 回	2004/11/3	90 分



### 【プロテオーム解析実習】

プロテオーム解析実習では、網羅的な蛋白質解析において、具体的な技術習得およびそれぞれの実験の生物学的な意味を正確に理解することを目標とし実証を行った。無細胞翻訳系を用いた蛋白質の生産から、蛋白質同定までを実習内容とした。同定技術としては、蛋白質機能による同定である酵素活性測定、抗体による同定技術である Western 解析、質量スペクトルを用いた蛋白質分子量による蛋白質推定などがあげられる。特にハイスループットな解析に必要である分子量による蛋白質推定技術においては、蛋白質の質量スペクトル解析実験、ペプチド質量スペクトルデータベースの概説、蛋白質の質量スペクトル解析の応用などに関する技術の習得を目標とした。プロテオーム解析技術に関する今後の研究動向に関する概説もあわせて実施した。

詳細は図表 3 - 1 2 に示したが、一コマ 90 分を標準に 10 回、合計 15 時間の研修である。

図表 3 - 1 2 プロテオーム解析実習

実習内容	回	月日	時間
プロテオーム解析実験の概説	第 1 回	2004/11/08 (月)	90 分
無細胞翻訳系を用いた蛋白質の合成	第 2 回	2004/11/08 (月)	90 分
酵素活性測定	第 3 回	2004/11/09 (火)	90 分
Western 解析	第 4 回	2004/11/09 (火)	90 分
蛋白質分子量推定	第 5 回	2004/11/10 (水)	90 分
質量スペクトル解析による蛋白質の同定の概説	第 6 回	2004/11/10 (水)	90 分
蛋白質の質量スペクトル解析実験	第 7 回	2004/11/11 (木)	90 分
ペプチド質量スペクトルデータベースの概説	第 8 回	2004/11/11 (木)	90 分
蛋白質の質量スペクトル解析の応用例と今後の動向に関する概説	第 9 回	2004/11/12 (金)	90 分
質問、まとめ、レポート作成	第 10 回	2004/11/12 (金)	90 分

### 【ゲノムシーケンス実習】

ゲノムシーケンス実習においては、最先端の技術であるホールゲノムショットガン法とパイオインフォマティクスを駆使した網羅的なゲノム解析手法の習得を目標に実証を行った。まずゲノム物理地図構築を行い、続いてゲノム塩基配列決定を実施した。ゲノム塩基配列決定においては、ゲノム DNA の断片化からベクターへのライゲーション、エレクトロポレーションによる大腸菌への遺伝子導入、PCR による遺伝子導入の成否の確認試験を経て、キャピラリーシーケンサーによるシーケンシングを実施し、コンピューターを用いて配列解析を行った。

詳細は図表 3 - 1 3 に示したが、一コマ 90 分を標準に 15 回、合計 22.5 時間の研修である。

図表3 - 13 ゲノムシーケンス実習

実習内容		回	月日	時間	
ゲノム物理地図構築	Genome DNA 抽出・精製	第1回	2004/11/15(月)	90分	
	Genome DNA の制限酵素処理	第2回	2004/11/15(月)	90分	
	パルスフィールドゲル電気泳動およびその解析	第3回	2004/11/16(火)	90分	
ゲノム塩基配列決定	Genome DNA ショット	Genome DNA の断片処理	第4回	2004/11/17(水)	90分
	ガンライブラリーの構築とその評価	アガロースゲル電気泳動による DNA Size 分画と DNA 抽出・精製	第5回	2004/11/17(水)	90分
		DNA 平滑末端化反応	第6回	2004/11/17(水)	90分
		ベクター-DNA へのライゲーション反応	第7回	2004/11/17(水)	90分
		大腸菌宿主へのエレクトロポレーション反応	第8回	2004/11/18(木)	90分
		コロニーピッキング装置によるライブラリーの構築	第9回	2004/11/19(金)	90分
		96 ウェルフォーマットでのライブラリーの培養	第10回	2004/11/19(金)	90分
		96 ウェルフォーマットでの自動 plasmid DNA 抽出・精製	第11回	2004/11/22(月)	90分
		96 ウェルフォーマットでの plasmid DNA のインサート確認 PCR 反応	第12回	2004/11/22(月)	90分
		96 ウェルフォーマットでの電気泳動およびその解析	第13回	2004/11/24(水)	90分
		ショットガンシーケンスとその評価	96 ウェルフォーマットでのシーケンス反応	第14回	2004/11/25(木)
	自動キャピラリーシーケンサーによる塩基配列決定とその解析		第15回	2004/11/26(金)	90分

【メタボローム解析実習】

メタボローム解析実習においては、網羅的な生体内代謝物質の測定およびその測定した代謝物質より細胞内の代謝全体像の推定を行う技術を習得することを目標に実証を行った。解析手法としては、当該分野で最新の技術であるキャピラリー電気泳動-質量分析計 (CE-MS) を選択した。まずキャピラリー電気泳動-質量分析計 (CE-MS) の装置および原理を学び、さらに実際にそれらの手法を用いたメタボローム測定への応用をおこなった。実際には、まず CE-MS による標準物質 (アミノ酸、陰イオン性代謝物質) の分析、続いて培養した大腸菌からの代謝物質の抽出および CE-MS による測定を行い、細胞内の代謝全体像の把握について検討した。

詳細は図表3 - 14 に示したが、13回、一コマ90分を標準に合計時間19.5時間の研修である。

図表3 - 14 メタボローム解析実習

実習内容	回	月日	時間
キャピラリー電気泳動法 (CE) の装置、原理、アプリケーション	第1回	2004/12/13(月)	90分
キャピラリー電気泳動-質量分析計 (CE-MS) の装置、原理	第2回	2004/12/13(月)	90分
CE-MS によるメタボローム測定への応用	第3回	2004/12/14(火)	90分
CE-MS 実習 (1) CE-MS によるアミノ酸の分析 1	第4回	2004/12/14(火)	90分
CE-MS 実習 (1) CE-MS によるアミノ酸の分析 2	第5回	2004/12/14(火)	90分
CE-MS 実習 (2) CE-MS による陰イオン性代謝物質の分析 1	第6回	2004/12/15(水)	90分
CE-MS 実習 (2) CE-MS による陰イオン性代謝物質の分析 2	第7回	2004/12/15(水)	90分
大腸菌細胞からの代謝物質抽出法、大腸菌の培養	第8回	2004/12/15(水)	90分
大腸菌細胞から代謝物質の抽出法の説明	第9回	2004/12/16(木)	90分

(続き)

実習内容	回	月日	時間
CE-MS による大腸菌代謝物質の測定 1	第 10 回	2004/12/16 (木)	90 分
CE-MS による大腸菌代謝物質の測定 2	第 11 回	2004/12/16 (木)	90 分
CE-MS による大腸菌代謝物質の定量	第 12 回	2004/12/17 (金)	90 分
質問、まとめ、レポート作成 1	第 13 回	2004/12/17 (金)	90 分

### 3 - 6 - 3 実証結果

#### (1) 実証結果の評価方法

モデル研修を実施したことによる結果について、以下の3つの方法で評価した。

- ・ 研修生へのアンケート調査： 研修後、研修生に対してアンケートを実施した。
- ・ 講師へのアンケート調査： 研修後、講師に対してアンケートを実施した。
- ・ 試験による評価： 研修前後に試験を実施し、レベル向上を判定した。

以下に、評価結果を整理した。なお、それぞれのアンケート調査票、試験用紙は参考資料4に示した。

#### (2) 研修生へのアンケート調査結果

##### 研修生の職種

社会人6名は6つの実習コースすべてを受講している。学生の多くはプロテオーム、メタボロームのコースに集中している。

図表 3 - 15 研修生の職種

実習コース名	研究(ポスドクを含む)	知財、 法務	学生 (博士課程を含む)	その他	合計
E-Cell 実習	6	1			7
ゲノムシーケンス実習	5		4	1	10
バイオインフォマティクス概論	5			1	6
プロテオーム解析実習	5		16	1	22
ポストゲノム科学概論	5			1	6
メタボローム解析実習	5		16	1	22
合計	31	1	36	5	73

##### 研修生の年齢

全体的に学生の割合が高いため20代が多かった。学生を除いた社会人でみても20代が約70%で20代が圧倒的に多かった。

図表 3 - 1 6 研修生の年齢

実習コース名	20代	30代	40代	合計
E-Cell 実習	4	1	2	7
ゲノムシーケンス実習	8	1	1	10
バイオインフォマティクス概論	4	1	1	6
プロテオーム解析実習	20	1	1	22
ポストゲノム科学概論	4	1	1	6
メタボローム解析実習	20	1	1	22
合計	60	6	7	73

受講した理由

全体的に「この分野に興味があるから」が多く、次いで「専門分野のレベルアップのため」の順となっている。

図表 3 - 1 7 受講した理由

実習コース名	専門外だが業務上必要だから	専門分野のレベルアップのため	この分野に興味があるから	その他	合計
E-Cell 実習	1	3	2	1	7
ゲノムシーケンス実習		7	4	2	13
バイオインフォマティクス			3	3	6
プロテオーム解析実習		6	15	2	23
ポストゲノム科学概論	2	2	4	2	10
メタボローム解析実習	2	7	15	2	26
合計	5	25	43	12	85

レベルの適切さ

バイオインフォマティクス実習を除いて、「希望レベルで適切だった」の回答が多く、レベルの設定は概ね適切であったと言える。コース別にみるとバイオインフォマティクス実習は受講者全員が「希望レベルより高かった」と回答している。また、E - Cell 実習では「希望レベルより高かった」が42%であった。両コースでこのように回答した多くは社会人の研修生であった。

図表 3 - 1 8 レベルの適切さ

実習コース名	希望レベルより高かった	希望レベルで適切だった	希望レベルより低かった	無回答	合計
E-Cell 実習	3	2	2		7
ゲノムシーケンス実習		8	1	1	10
バイオインフォマティクス	6				6
プロテオーム解析実習	3	19			22
ポストゲノム科学概論	1	5			6
メタボローム解析実習	1	20	1		22
合計	14	54	4	1	73

### 高レベルだと感じた理由

で「希望レベルより高かった」と回答した人を対象に、そう感じた理由を尋ねたところ、「専門外の分野なのでもっと基礎が知りたかった」、「実力より高いレベルを受講してしまった」との回答が多く、工夫の必要性を示した結果となった。

図表3 - 19 高レベルだと感じた理由

実習コース名	実力よりも高いレベルを受講してしまった	専門外の分野なのでもっと基礎が知りたかった	募集のレベルに比べて、内容が難しすぎた	その他	合計
E-Cell 実習		3			3
バイオインフォマティクス	2	4		2	8
プロテオーム解析実習	1	1	1	2	5
ポストゲノム科学概論	1				1
メタボローム解析実習		1			1
合計	4	9	1	4	18

### 実習時間について

ほとんどのコースについて「ちょうどよい」が多いが、コース別で見るとE-Cell 実習では「短い」と回答した者が43%であり、他のコースに比較して高いと言える。プロテオーム解析実習は27%、メタボローム解析実習は18%であった。

図表3 - 20 実習時間に対する評価

実習コース名	長い	ちょうどよい	短い	合計
E-Cell 実習		4	3	7
ゲノムシーケンス実習	1	8	1	10
バイオインフォマティクス		6		6
プロテオーム解析実習	2	14	6	22
ポストゲノム科学概論		5	1	6
メタボローム解析実習	4	14	4	22
合計	7	51	15	73

### 内容の理解について

バイオインフォマティクスを除いて「一部理解できないところはあったが概ね理解できた」、「十分理解できた」が多く、理解度はかなり高いと言える。バイオインフォマティクス実習は今回の研修生（研修生のほとんどは社会人）には難しかったと言える。

図表3 - 21 内容の理解

実習コース名	十分理解できた	一部理解できないところはあったが概ね理解できた	あまり理解できなかった	全然理解できなかった	合計
E-Cell 実習	1	5	1		7
ゲノムシーケンス実習	5	5			10
バイオインフォマティクス			4	2	6
プロテオーム解析実習	4	15	3		22
ポストゲノム科学概論	1	5			6
メタボローム解析実習	8	14			22
合計	19	44	8	2	73

### 講師について

全体でみると「分かりやすかった」、「普通」が多く、概ね適切であったと言える。

図表 3 - 2 2 講師に対する評価

実習コース名	解りやすかった	普通	解りにくかった	合計
E-Cell 実習	2	5		7
ゲノムシーケンス実習	10			10
バイオインフォマティクス		3	2	5
プロテオーム解析実習	3	15	4	22
ポストゲノム科学概論	6			6
メタボローム解析実習	14	7		21
合計	35	30	6	71

### 受講を勧めるか

ゲノムシーケンス実習、プロテオーム解析実習、ポストゲノム科学概論、メタボローム解析実習の各コースは「勧める」が多かった。一方、バイオインフォマティクス実習、E-Cell 実習が「勧めない」が多かったが、これは のレベルの適切さと関連していると考えられる。

図表 3 - 2 3 受講を勧めるか

実習コース名	勧める	別のレベルを勧める	勧めない	わからない	合計
E-Cell 実習	1	1	3	2	7
ゲノムシーケンス実習	7		1	1	9
バイオインフォマティクス		1	5		6
プロテオーム解析実習	14	2	3	3	22
ポストゲノム科学概論	5	1			6
メタボローム解析実習	16		1	5	22
合計	43	5	13	11	72

### テキストについて

全体でみると「普通」が最も多く、ついで「良くできている」の順となっているので概ね良好と言えるが、改善への希望もうかがわれる。

図表 3 - 2 4 テキストの評価

実習コース名	良くできている	普通	必ずしも良くできているとは限らない	合計
E-Cell 実習	2	4	1	7
ゲノムシーケンス実習	9	1		10
バイオインフォマティクス		4		4
プロテオーム解析実習	5	13	3	21
ポストゲノム科学概論	5	1		6
メタボローム解析実習	3	11	3	17
合計	24	34	7	65

### カリキュラムについて

各コースともに「普通」と「良くできている」の合計は80%以上であり、概ね良好と言える。

図表3 - 25 カリキュラムの評価

実習コース名	良くできている	普通	必ずしも良くできているとは思わない	合計
E-Cell 実習	2	4	1	7
ゲノムシーケンス実習	6	3		9
バイオインフォマティクス				0
プロテオーム解析実習	6	10	4	20
ポストゲノム科学概論				0
メタボローム解析実習	7	12	3	22
合計	21	29	8	58

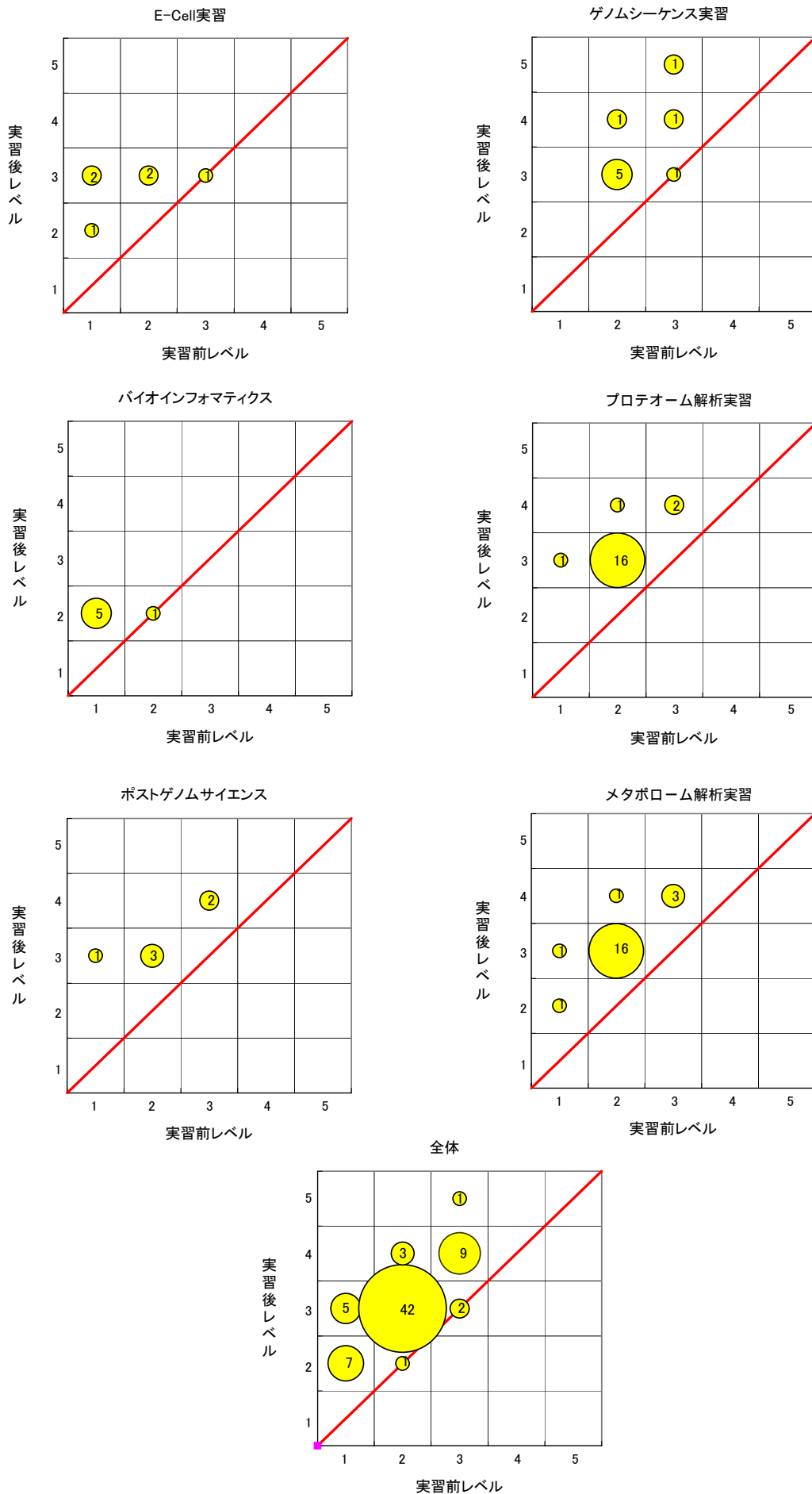
### レベルアップについて

研修生自身が、研修前と研修後のスキルレベルをそれぞれ5段階評価した結果をもとに、研修受講による受講生のレベルアップをみた結果を図表3-26に示した。

全体でみると実習前後のレベル向上は「レベル2 レベル3」が42名と最も多く、ついで「レベル2 レベル4」が9名、「レベル2 レベル4」が7名であった。

コース別にみるとバイオインフォマティクス実習および E-Cell 実習のレベルアップの程度が低い。他は総じて同じようにレベルアップに繋がったと言える。

図表3 - 26 研修生のレベルアップに関する自己評価結果





### (3) 講師へのアンケート調査結果

モデル研修を担当した講師に対して参考資料4に示したアンケート調査票にもとづき、研修生のレベル、理解度、受講態度、講義時間、問題点、今後の改良点、感想等の項目につき調査を実施した。

#### 受講生のレベルについて

受講生のレベルについて担当した講師は下表の結果から、かなり高いと評価している。

コース名	高い	かなり高い	普通	低い
E-Cell 実習				
プロテオーム解析実習				
ゲノムシーケンス実習				
メタボローム解析実習				
ポストゲノム科学概論				

#### 講義の理解度

受講生の理解度について担当した講師は下表の結果から、高いと評価している。

コース名	高い	かなり高い	普通	低い
E-Cell 実習				
プロテオーム解析実習				
ゲノムシーケンス実習				
メタボローム解析実習				
ポストゲノム科学概論				

#### 受講態度

受講生の受講態度について担当した講師は下表の結果から、かなり良いと評価している。

受講生の熱意、質問数、講師の質問に対する回答から判断した結果である。

コース名	良い	かなり良い	普通	悪い
E-Cell 実習				
プロテオーム解析実習				
ゲノムシーケンス実習				
メタボローム解析実習				
ポストゲノム科学概論				

### 講義時間の適切さ

講義時間について少し短いと感じた講師が半数以上いた。

各コースとも4～5日が適当と考えている。

コース名	長い	丁度良い	少し短い	短い
E-Cell 実習				
プロテオーム解析実習				
ゲノムシーケンス実習				
メタボローム解析実習				
ポストゲノム科学概論				

### 問題点と次回の改良

#### ・議論を活性化するための工夫

受講生の受講態度はかなり熱心であったが、議論を更に活性化するためには、講師 受講者間の双方向での会話ができるような工夫が必要であると指摘されている。

#### ・テキスト（資料）およびプレゼン資料の充実

選択したテキスト（資料）の一部に英語版があったが、理解度を高めるためには日本語化されたものが望ましいこと、また、プレゼン資料の充実化も必要であることが指摘されている。

#### ・実習方法の改善

実習効果を上げるために、実習内容、実験器具、実習時間の適切化を図ることが提案されている。

#### ・受講者レベルに差があるのでレベル分けが必要

学生、社会人とそれぞれバックグラウンドが異なることによる講義の難しさと受講生の理解度の差が指摘されている。

### 感想、評価

以下に、講師のコメントを記載する。

- ・少し時間的に窮屈ではあったが、受講者側の協力もあり、スムーズに進めることができた。大学などの教育関係者、学生でなくとも、十分効果的な E-Cell 実習を行える可能性を示したといえる。
- ・今回の実習では、学生と合わせて人数が大変多くなってしまい、各グループでの実験操作がかなり分業的になってしまいがちであった。実験設備の問題もあり、難しいとは思いますが、2～3人で1グループとする体制で行えば、より実習内容を習得しやすくなるはずである。
- ・ゲノムシーケンスに関して、実際の細胞からゲノム DNA 抽出・パルスフィールド電気泳動に始まり、ホールゲノムショットガン法によるゲノムシーケンス解析、そこからの DNA 塩基配列情報の編集に至るまでの一連の実験・解析操作を実習として実施している大学を含む高等教育機関は日本においては他に例が無い状況である。これは高額な設備の整備と試薬・消耗品も高額となる実施コストの問題と、これらを教育できる講師の人材不足の問題に起因しているからである。今後のポストゲノ

△時代の人材育成において、これらの基礎原理の理解の重要性が高まる。

- ・ポストゲノム研究に関して、その根幹となる基礎知識を最新の研究技術の原理の解説と、生命現象における既存の分子生物学との接点を整理しながら概説していく講義であり、受講者には分子生物学の基礎知識とポストゲノム研究における最新の研究技術に関する問題意識が求められる。こういった講義を実施している大学を含む高等教育機関は日本においては他に例が少ない状況である。それはゲノムおよびポストゲノム研究に携わり、これらを教育できる講師の人材不足の問題に起因しているからである。今後のポストゲノム時代の人材育成において、ポストゲノム研究の基礎原理の理解の重要性が高まるのは必至であり、日本における大学を含む高等教育機関のあり方と有用な人材育成に関して議論と認識を高めていく必要があると考えている。その意味で、バイオ人材の育成においても重要であり、社会現場のバイオ研究者にとっても有用かつ重要な講義であったことが確認できた。

#### (4) 試験による評価

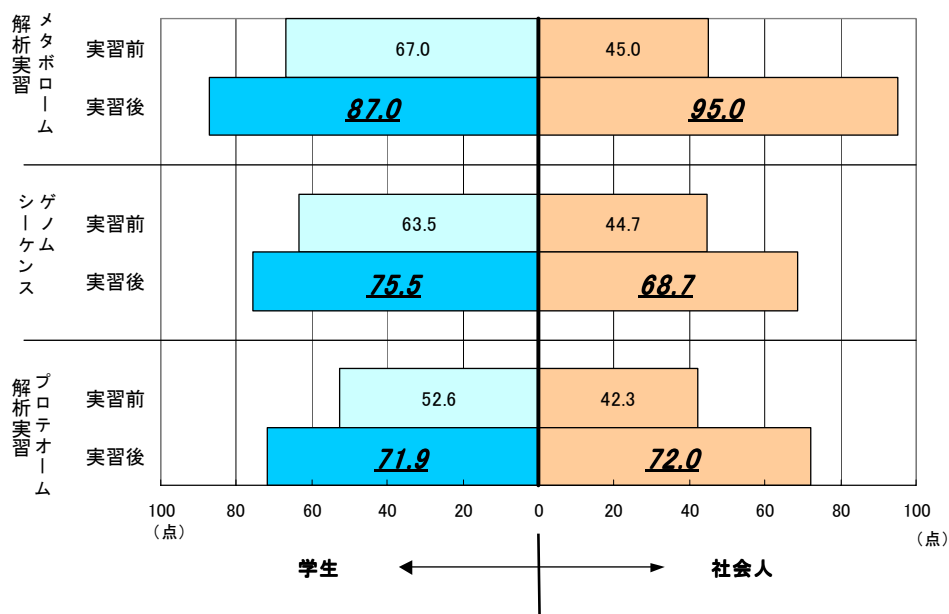
主要4科目の中で、効果が判定しづらいバイオの3つの実証については、到達度テストで効果を判定した。具体的には、研修生に対してモデル研修受講前および受講後に試験を実施し、研修の効果を評価した。参考資料4(3)に試験の内容を示した。

尚、主要科目のうちE-Cell実習においてはE-Cellプログラムを利用したモデル構築の完成が技術習得の基準となるとの判断でテストによる判定を行わなかった。ちなみに講師のアンケート結果(参考資料5(2))においては、受講生のほとんどが最終課題を達成したとの判定であった。

#### 到達度テスト結果

メタボローム解析実習、ゲノムシーケンス実習、プロテオーム解析実習の3科目については、実習前後にテストを実施した。その結果、テストを実施したいずれの実習でも社会人、学生に関係なく受講前に比較し受講後には得点がかかなり向上したと言える。また、社会人の方が向上率が高い傾向にある。

図表3 - 27 モデル研修到達度テスト結果



### 3 - 7 スキルスタンダード作成、カリキュラム作成への反映について

3 - 3 から 3 - 6 で記述した、人材ニーズ調査、有識者委員会、中間報告会、実証の結果を踏まえてスキルスタンダード作成、カリキュラム作成への反映について図表 3 - 28 に示した。

#### ( 1 ) 人材像の明確化について

人材ニーズ調査、有識者委員会の意見を反映して、育成対象者と育成後の人材像を当初策定した案 ( 3 - 1 - 1 ( 2 ) ) に修正を行った。具体的な修正内容は以下の通りである。

##### 育成対象者

生物学と情報学を用いて生命現象を統合的に解析していくことに興味がある大学生レベルの人材

##### 育成後の人材像

生物学と生命情報科学 ( バイオインフォマティクス ) の基礎を保有し、ゲノム、ポストゲノム ( トランスクリプト - ム、プロテオーム、メタボロームなど ) およびバイオインフォマティクスの各分野でのコミュニケーション能力がある人材

ゲノム、ポストゲノム研究の網羅的なバイオテクノロジー情報からバイオインフォマティクスを駆使して生命現象のシステム情報を統合的に理解できる人材

例としては、製薬企業において創薬の各開発ステージおよび開発グループの構成に合わせて研究開発とコミュニケーションができる人材

#### ( 2 ) スキルスタンダード、カリキュラムの構成について

実用性、汎用性の視点からの見直し

スキル、知識、能力の峻別

これらを反映して第 4 章、第 5 章に記載した内容に改訂した。

#### ( 3 ) スキルレベルの分け方

有識者委員会の意見をもとに、統合システムバイオリジストのレベル設定について、以下のよう  
に修正を行なった。

レベルとはどの程度、統合的に把握しているかを基準にする

したがって

初級レベル：例えば、1 分野の解析技術を保有しており、他の 4 分野の解析技術についても一通りのスキル・知識を保有しているレベル

中級レベル：例えば、2 分野以上の解析技術を保有し生命現象をある程度統合的に解析できるとともに、他の分野に関しても一通りのスキル・知識を保有しているレベル

上級レベル：全体を統括できるレベル

これらを反映して、第 4 章においてスキル項目とレベルの対応関係を整理した。

#### (4) カリキュラムの構成

人材ニーズ調査アンケート結果、企業ヒアリング結果、実証結果から以下の点について改善の必要があることが明らかになった。

テクニカルスキル能力の育成、特に実習に重点を置いたカリキュラムを作成する。

バイオインフォマティクスについては初級レベルの育成を考慮したカリキュラムが求められる。

統合的に理解できるようにするためには、テーマを与えて自由研究させるコースが必要である。

これらを3 - 2 カリキュラムの作成方針、コース分けの考え方、更に第5章のカリキュラムに反映させた。

#### (5) その他

有識者委員会、中間報告会で指摘を受けた以下のことを理解しそれぞれ改めた。

用語、言葉の正しい使い方

スキル、知識、能力の違いを十分に理解し使用する。

図表3 - 28 スキルスタンダード作成、カリキュラム作成への反映

調査方法	委員意見・アンケート調査結果等	スキルスタンダード、カリキュラムへの反映
人材ニーズのアンケート調査結果	<ul style="list-style-type: none"> <li>統合システムバイオリジストの必要性、約96%</li> <li>統合システムバイオリジストの理想的な人材像 - 生物学的な知識・技能を持ち、バイオインフォマティクスに精通しコンピューター技術に強い所謂ダブルメジャーである</li> <li>統合システムバイオリジストに望まれる能力 - ジェネラル・ヒューマンスキルよりテクニカルスキル</li> </ul>	<p><b>カリキュラムの構成</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>テクニカルスキル能力育成に重点</li> <li>バイオインフォマティクス初級レベルの見直し</li> <li>上級レベルとしての自由研究</li> </ul>
企業ヒアリング結果	<ul style="list-style-type: none"> <li>現状、バイオインフォマティクスのできる人材が少ない</li> <li>必要とされる人材 - 軸足をウェットにおき、ドライも詳しい人、統合システムバイオリジストのような人材</li> </ul>	<p><b>スキルレベルの分け方</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>レベルとはどの程度統合的に把握しているかが基準となる</li> <li>初級レベル：1分野の解析技術を保有しており、他の4分野の解析技術についても一通りのスキル・知識を保有している</li> <li>中級レベル：例えば、2分野以上の解析技術を保有し生命現象をある程度統合的に解析できるとともに、他の分野に関しても一通りのスキル・知識を保有している</li> <li>上級レベル：全体を統括することができる</li> </ul>
有識者委員会委員の意見	<ul style="list-style-type: none"> <li>人材育成対象者の見直し - 必ずしも「情報学を専攻した人」ではない</li> <li>人材像の明確化 - ゲノム、プロテオーム等異分野の研究者と横断的なチームを作るコミュニケーション能力をもつ。医者に例えればホームドクター、各部門の代表がミーティングする際に、発言でき他分野に対するコメントや提言ができる人材</li> <li>レベルとはどの程度、統合的に把握しているかという基準で分類</li> <li>普通ゲノムを解析している人が育成コースに参加して、プロテオーム、メタボローム、情報処理等の他の技術を一通り勉強して知った。これが初級レベルである。全体を統括するのが上級、その中間が中級レベル</li> <li>スキルスタンダードについて - 5つの解析手法はベースとなるものとして妥当</li> <li>コース分けについて - 前提、基礎、応用、総合の4つに分類し再考する</li> <li>次年度以降の事業展開について - プログラムとしては、理想を追求したいが、極めて高価で現実的に問題であれば、実施段階で一部削減もやむを得ない。自由研究は重要</li> <li>テクニカルチームの使い方 - バイオシミュレーションをバイオインフォマティクスにする</li> </ul>	<p><b>スキルスタンダード、カリキュラムの構成</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>実用性、汎用性の視点からの見直し</li> <li>スキル、知識、能力の峻別</li> </ul> <p><b>人材像の明確化</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>ウェット、ドライを理解できるダブルメジャー型</li> <li>異分野の研究者とのコミュニケーション能力を持つ</li> <li>医者にたとえればホームドクター</li> </ul>
中間報告会委員の意見	<ul style="list-style-type: none"> <li>実用性、汎用性の視点からスキルスタンダードカリキュラムの見直し</li> <li>実用性を考慮した人材像の見直し、バイオ関連業務での活かされ方</li> <li>スキルスタンダードにおいてスキルと知識の切り分けの明確化</li> <li>スキルスタンダードとカリキュラムの作成方法が混同されているので正しいアプローチを</li> <li>用語の正しい使い方、表現方法を</li> </ul>	<p><b>表現方法等</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>バイオシミュレーションをバイオインフォマティクスに改める</li> <li>スキルでの表現</li> <li>スキル、知識、能力の違いを理解し使用</li> </ul>
実証結果	<ul style="list-style-type: none"> <li>バイオインフォマティクス、E-Cellは、今回の研修生に難しく、レベル向上も他コースより低い</li> <li>テキスト、カリキュラムについても概ね良好であるが、改良が望まれる</li> </ul>	

## 第4章 スキルスタンダード

### 4 - 1 スキル項目とスキルレベル

統合システムバイオリジストに求められる人材像、レベル、業務領域・内容は以下の通りである。

#### (1) 統合システムバイオリジストに求められる人材像

生物学と生命情報科学(バイオインフォマティクス)の基礎を保有し、ゲノム、ポストゲノム(トランスクリプトーム、プロテオーム、メタボロームなど)およびバイオインフォマティクスの各分野でのコミュニケーション能力がある人材

ゲノム、ポストゲノム研究の網羅的なバイオテクノロジー情報からバイオインフォマティクスを駆使して生命現象のシステム情報を統合的に理解できる人材

例としては、製薬企業において創薬の各開発ステージおよび開発グループの構成に合わせて研究開発とコミュニケーションができる人材

#### (2) 人材レベルのイメージ

##### 【初級レベルの人材】

- ・統合システムバイオリジストとして必要な一般的知識を有する。
- ・コンピューター生物情報解析技術、および関連領域技術<sup>1)</sup>について上級者の指示により仕事を適切に遂行できる技術レベルにある。
- ・例えば創薬においては、上位者の指示に従って創薬ターゲットを特定するための研究を遂行できる創薬研究者をさす。

##### 【中級レベルの人材】

- ・統合システムバイオリジストとして専門的知識を有する。
- ・コンピューター生物情報解析技術、および関連領域技術<sup>1)</sup>について業務計画を立案し、判断を伴った研究を遂行し、初級レベルの人材に適切な指示を行うことができる技術レベルにある。
- ・例えば創薬においては、ある目的の疾患の創薬ターゲットの特定をできる創薬研究者をさす。

##### 【上級レベルの人材】

- ・統合システムバイオリジストとして総合的知識を有する。
- ・コンピューター生物情報解析技術、および関連領域技術<sup>1)</sup>について、統合的な視点での研究の方向性を判断することができ、プロジェクトのPDCA(PLAN-Do-Check-Action)管理を行うことができる技術レベルにある。
- ・例えば創薬においては、創薬ターゲット発見から医薬品化合物の設計から有効性評価まで、一連の流れを推進できる医薬品開発プロジェクトリーダーをさす。

<sup>1)</sup> 関連領域技術とは、バイオリジストに関する網羅的な実験的な手法であり、具体的にはゲノム解析、トランスクリプトーム解析、プロテオーム解析、メタボローム解析を意味する

(3) スキル項目とスキルレベルの関係

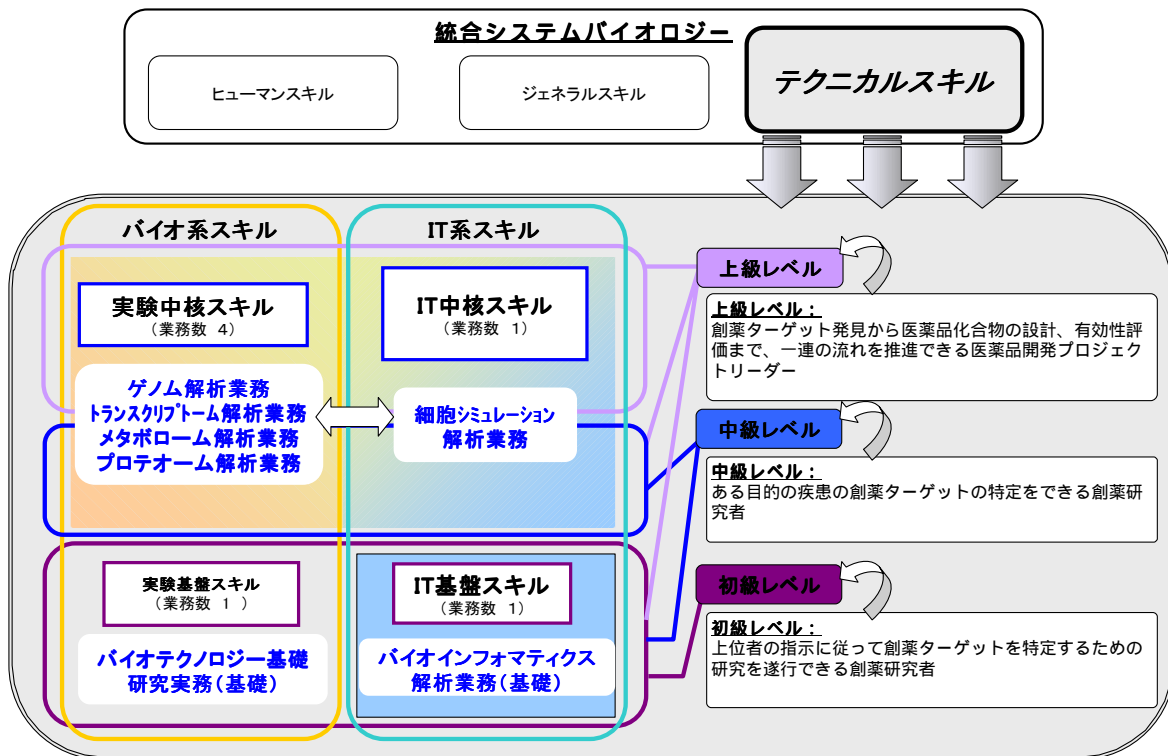
事業実施者の事前調査、アンケート調査、ヒアリング調査等から、本事業における必要なスキルは、ジェネラルスキル、ヒューマンスキル、テクニカルスキルに大別できる。

ジェネラルスキルとヒューマンスキルは研究に携わる者にとって、研究分野やスキルレベルについて共通性の高いスキルである。

一方、テクニカルスキルは各事業毎に特有なスキルがあり、中核となるスキルである。人材ニーズ調査の結果からもスペシャリストとしてのテクニカルスキルを持つ人材の育成を望む声が大きかった。

図表4-1に統合システムバイオロジストが関与する業務と、業務遂行に必要なスキルとスキルレベルとの関連を全体構成図として示した。なお、人材像は、製薬企業を例にとり記載した。

図表4-1 業務とスキル項目、スキルレベルの関連





## 4 - 2 スキルスタンダード

### 4 - 2 - 1 ジェネラルスキルおよびヒューマンスキル

ジェネラルスキルおよびヒューマンスキルは研究者、技術者にとって初級、中級、上級のレベルを問わずそれぞれのレベルに対応して必要であるが、特に、チームをリードする立場にある上級レベル者にとってはその必要性が高まると考えられる。

本事業では主として上級レベルを意識したスキルスタンダードとなっている。

#### 【ジェネラルスキル】

研究管理、知的財産管理、研究計画立案からなる。

研究管理：

「研究テーマの進捗状況」と「研究資源の使用状況」を管理できることを主眼とする。

知的財産管理：

「明細書の理解」とともに、専門家と協力して「周辺技術の調査」、「出願手続き」ができることを主眼とする。

研究計画立案：

「ゲノム解析実験」「トランスクリプト - ム解析実験」「プロテオーム解析実験」「メタボローム解析実験」「バイオシミュレーション研究」の5領域について専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコールを備えた実験計画、作業計画の立案ができることを主眼とする。

#### 【ヒューマンスキル】

コミュニケーション能力を主眼とする。

図表 4 - 2 にジェネラルスキルおよびヒューマンスキルとレベルの関係を示した。

図表4-2 スキルスタンダード(ジェネラルスキル、ヒューマンスキル)

【ジェネラルスキル】

業務内容		スキル項目	保有レベル		
			初級	中級	上級
研究管理	A 研究進捗状況管理	1) 研究テーマの進捗状況を把握し管理できる。			
		2) 研究用資源の使用状況を把握し管理できる。			
	B 労務管理	1) ラボ内の安全・衛生面での管理を実施できる。			
		2) 他の実験技術者の業務配分を立案し管理できる。			
知財管理	C 知的財産	3) 生命倫理指針を理解し、遵守状況を管理できる。			
		4) ラボ内の産業廃棄物の処理を実施できる。			
		1) 企業における特許価値の重要性を理解し、明細書を読むことにより、競合他社の技術内容を理解できる。			
研究計画・立案	D ゲノム解析実験計画・作業計画の立案	2) 周辺技術について検索の専門家と協力し、特許調査し動向を把握できる。			
		3) 自己の発明に対して出願明細書を作成し、知財の専門家と協力して出願できる。			
	E トランスクリプトーム解析実験計画・作業計画の立案	1) ゲノム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で、担当業務の方向性についてイメージできる。			
		2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる。			
	F プロテオーム解析実験計画・作業計画の立案	1) トランスクリプトーム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる。			
		2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる。			
G メタボローム解析実験計画・作業計画の立案	1) プロテオーム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる。				
	2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる。				
H バイオシミュレーション研究計画・作業計画の立案	1) メタボローム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる。				
	2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる。				
業界知識	I 業界の一般知識	1) バイオシミュレーションの世界的動向、技術の開発状況を理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる。			
		2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる。			
		1) 業界全般に関する知識を保有する。			
		2) 開発ステージに関する知識を保有する。			

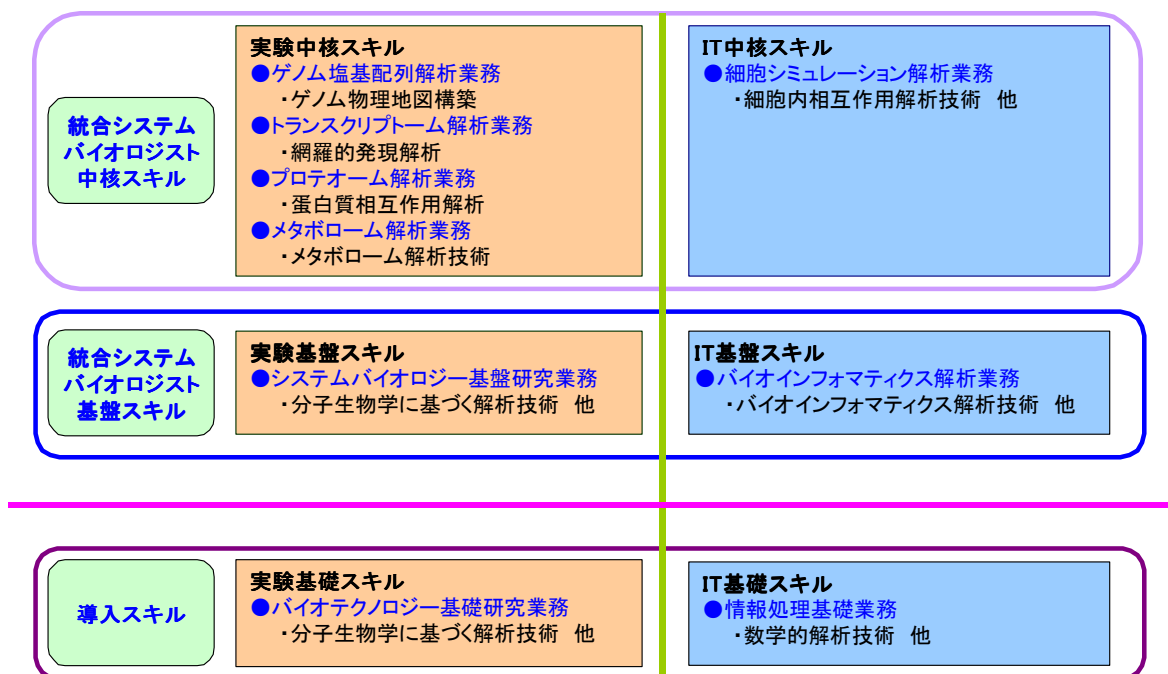
【ヒューマンスキル】

業務内容		スキル項目	保有レベル		
			初級	中級	上級
コミュニケーション能力	J 統合システムバイオリサーチに関するヒューマンマネジメント	1) 上位者の指示内容を理解し円滑に会話、伝達・報告ができる。			
		2) プロジェクトリーダーの指示内容を理解し円滑に会話、伝達ができる。			
		3) プロジェクト遂行のためにプロジェクトチームメンバーに指示内容を円滑に伝達・指示できる。			

#### 4 - 2 - 2 テクニカルスキル

総合システムバイオロジストのテクニカルスキルとして図表4 - 3のように策定した。即ち、次の3つのスキルに大別される。

図表4 - 3 スキル構成表 (テクニカルスキル)



#### 導入スキル

生物学や情報学のバックグラウンドがなく、初級レベルにも到達していない人材が統合システムバイオロジー関連の業務を遂行するに当たって身に付けておくべき、極めて初歩的なスキルであり、実験基礎スキル（バイオテクノロジー基礎研究業務）とIT基礎スキル（情報処理基礎業務）からなる。

#### 統合システムバイオロジスト基盤スキル

初級レベルの人材として与えられた業務を遂行する上で必要なスキルであり、実験基盤スキル（システムバイオロジー基盤）とIT基盤スキル（バイオインフォマティクス解析業務）からなる。

#### 統合システムバイオロジスト中核スキル

中級レベル、上級レベルの人材としての業務を遂行する上で必要なスキルであり、実験基盤スキル（ゲノム塩基配列解析業務、トランスクリプトーム解析業務、プロテオーム解析業務、メタボローム解析業務）とIT中核スキル（細胞シミュレーション解析業務）からなる。

本事業では、初級レベル（上級者の指示により仕事を適切に遂行できる技術レベル）を最低レベルとしたスキルスタンダードに主眼を置いた。しかしながら、現状では生物学を専攻した人材がバイオインフォマティクスの業務に従事することがあるように、統合システムバイオロジーに必要な学問領域を身に付けていない人材が実務に当たっているケースは少なくない。

こうした状況を踏まえて、統合システムバイオロジストを育成するための補足的スキルとして

導入スキルを加えることとした。

(1) テクニカルスキルの分類

業務領域、業務内容に対応して必要なスキル項目を図表4-4に整理した。

図表4-4 テクニカルスキル分類表

技術種別	技術分類	業務領域	業務内容	スキル項目	
中核	IT	細胞シミュレーション解析業務	生命システムに合わせたシミュレーションを構築する力を身につけ、創薬において重要な新規標的物質の探索や薬の代謝の予測ができる。	既存ソフト利用解析技術	
				モデル構築技術	
	実験	ゲノム塩基配列解析業務	ゲノム塩基配列解析の手法を習得し、新規創薬開発におけるそのテーマに合わせた最適なゲノム情報を習得することができる。シミュレーションに用いるためのゲノム塩基配列情報データを習得できる。	ゲノム物理地図構築	
				ゲノムライブラリーの構築	
				塩基配列決定	
				ゲノム塩基配列編集	
		トランスクリプトーム解析業務	トランスクリプトーム解析の各種手法を習得し、新規創薬開発におけるそのテーマに合わせたトランスクリプトーム情報を習得することにより、重要な標的物質の選択やその創薬の代謝のメカニズムを推定できる。シミュレーションに用いるトランスクリプトームデータを習得できる。	網羅的発現解析	
				特定遺伝子発現解析	
		プロテオーム解析業務	プロテオーム研究の各種手法を習得し、病態によるプロテオーム解析などを遂行し、疾患特有の蛋白質を特定することにより創薬標的蛋白質の選択を行うことができる。シミュレーションに用いるプロテオーム研究データを習得できる。	蛋白質発現解析	
				蛋白質相互作用解析	
メタボローム解析業務	メタボローム研究の各種手法と習得し、代謝物の変動を理解し、その病態の作用機序の解明や医薬品骨格の推定ができる。シミュレーションに用いるメタボローム研究データを習得できる。	蛋白質化可視化技術			
		統合的プロテオーム解析			
		メタボローム解析技術			
		サンプル調製技術			
基盤	IT	バイオインフォマティクス解析業務	バイオインフォマティクスに関する基礎技術を保有し、既存ツールなどを利用して、網羅的な解析結果より重要な情報をフィードバックし、創薬において重要な新規標的物質の探索や薬の代謝の予測ができる。	バイオインフォマティクス解析技術	
				シミュレーション解析技術	
	実験	システムバイオロジー基盤研究業務	バイオテクノロジーの基礎実験手法や基礎知識、ポストゲノム手法やオーム研究の特徴を理解し、創薬ステージの与えられたテーマに対して、研究を行うことができる。	ゲノム塩基配列情報解析技術	
				システム生物学的な解析	
				ゲノムサイエンスに基づく解析	
				ポストゲノムサイエンスに基づく解析	
	導入	IT	情報処理基礎業務	数学と情報処理に関する基礎知識と技術を理解・習得し、コンピューターを駆使した研究関連業務の基礎的背景を理解したうえで研究を遂行できる。	遺伝子工学解析技術
					数学的解析技術
		実験	バイオテクノロジー基礎業務	生物学、有機化学の基礎知識と実験手法の基礎技術を理解・習得し、バイオテクノロジーを駆使した研究関連業務の基礎的背景を理解した上で研究を遂行できる。	情報処理技術
					プログラミング技術
分子生物学に基づく解析技術					
細胞生物学に基づく解析技術					
蛋白質化学に基づく解析技術					
有機化学に基づく解析技術					
代謝学に基づく解析技術					
遺伝子工学に基づく解析技術					

(2) スキルスタンダード - スキル項目とレベルの関係

図表 4-4 に示したテクニカルスキルについて、それぞれを詳細化するとともに、関連する知識項目、人材のレベルとの関係性を図表 4-5 (1/5) ~ (5/5) に整理した。

図表 4 - 5 スキルスタンダード：テクニカルスキル (1/5)

業務領域	スキル項目	スキル詳細項目	知識項目	保有レベル*		
				初級	中級	上級
細胞シミュレーション解析業務	既存ソフト利用解析技術	シミュレーションソフトの利用ができる。	シミュレーションソフト(例えばE-Cell システム)の構成に関する知識(OS 環境、セッティング環境、エディター環境、スクリプト環境)			
	モデル構築技術	細胞における対象事象のシミュレーションモデルの構築ができる。	・細胞とその構成要素に関する知識 ・シミュレーションの対象事象に関する基本システムのモデル化に関する知識(アルゴリズム、対象事象の数式化、実験データからのパラメータ抽出方法)			
		構築したシミュレーションモデルの評価ができる。	・生化学、生理学、生物物理化学に関する知識 ・評価データと実験データとの統計数学的評価に関する知識			
		構築したシミュレーションモデルを用いた解析ができる。	・生化学、生理学、生物物理化学に関する知識 ・実験による確認が困難な環境条件における推定に関する知識(遺伝的アルゴリズム)			
	細胞内相互作用解析	シミュレーションモデルを用いて細胞内相互作用ネットワークの予測ができる。	・生化学、生理学、生物物理化学に関する知識 ・シミュレーション結果からの新規パラメータの必要性評価に関する知識			
	統合的細胞シミュレーション解析	ゲノム・トランスクリプトーム・プロテオーム・メタボロームの各データからシミュレーション解析ができる	・ゲノム・トランスクリプトーム・プロテオーム・メタボロームに関する知識 ・シミュレーションの対象事象に関する基本システムのモデル化に関する知識(アルゴリズム、対象事象の数式化、実験データからのパラメータ抽出方法)			
ゲノム塩基配列解析業務	ゲノム物理地図構築	Genome DNA 抽出・精製ができる。	・遺伝子地図と物理地図に関する知識 ・パルスフィールドゲル電気泳動に関する知識			
		Genome DNA を適切な制限酵素を選択し、酵素による断片化ができる				
		断片化された DNA をパルスフィールドゲル電気泳動することができる。				
	Genome DNA の遺伝子地図の妥当性についての判断に伴った、物理地図の構築および評価ができる					
ゲノムライブラリーの構築	インサート用の Genome DNA の準備(断片化処理、精製、末端処理)ができる。	ホールゲノム・ショットガン・シーケンシングに関する知識				
	インサート用ゲノム断片の適切なベクターDNA へのライゲーション反応ができる。					

\* スキル項目の保有が必要な人材レベルにマーキング

図表 4 - 5 スキルスタンダード：テクニカルスキル（2/5）

業務領域	スキル項目	スキル詳細項目	知識項目	保有レベル*
ゲノム塩基配列解析業務		ベクターDNA をエレクトロポレーションにより大腸菌宿主への導入ができる。		
		コロニーピッキング装置によるライブラリーの構築ができる。	コロニーピッキング装置に関する知識	
		検体多量同時処理での電気泳動およびその解析と構築したライブラリーの評価ができる	ホールゲノム・ショットガン・シーケンシングに関する知識	
	塩基配列決定	検体多量同時処理でのシーケンス反応ができる	・自動 DNA 抽出・検体多量同時処理（ロボットシステム）に関する知識 ・シーケンス反応に関する知識	
		自動キャピラリーシーケンサーによる塩基配列決定ができる	自動キャピラリーシーケンサーに関する知識	
	ゲノム塩基配列編集	塩基配列データよりゲノム塩基配列の編集ができる	ゲノム塩基配列情報データ用のアSEMBL（編集）解析ソフトに関する知識	
	ゲノム配列解析	ゲノム塩基配列中における遺伝子領域およびその機能を推定することができる	アノテーションに関する知識	
	統合的ゲノム塩基配列解析	ゲノム塩基配列決定する生物種の選定ができる	ゲノム生物学に関する知識	
		その生物種の特徴を理解した、ゲノムライブラリーの構築の方法を設定できる	ホールゲノム・ショットガン・シーケンシングに関する知識	
		生物種のゲノム塩基配列の特徴により転写領域と機能の推定方法を選択できる	ゲノム塩基配列情報や遺伝子発現データベース情報の解析に必要なニューラルネットワークなどの基礎理論に関する知識	
統合的な見地からゲノム塩基配列解析結果の利用ができる		ゲノム・トランスクリプトーム・プロテオーム・メタボロームに関する知識		
トランスクリプトーム解析業務	網羅的発現遺伝子解析	細胞内全遺伝子の網羅的な発現比較解析ができる。DNA マイクロアレイ解析ができる。	・細胞内遺伝子発現解析の研究手法に関する知識（DNA マイクロアレイ解析） ・有効実験データ抽出に関する統計数学的基礎知識（確率・確率分布、統計的推測、直線回帰、正規分布）	
		細胞内全遺伝子の発現遺伝子ネットワーク解析ができる。DNA マイクロアレイ解析データから統計的な多変量解析ができる。	・遺伝学に関する知識 ・多変量解析学的な基礎知識（分散分析、重回帰分析、判別分析、主成分分析、自己組織化分析）	
	特定遺伝子発現解析	組織上での特定遺伝子に関する発現を解析できる。	・細胞による mRNA 抽出法に関する知識 ・特定遺伝子発現の可視化に関する知識（蛍光プローブ法、抗体法、化学修飾法）	
		cDNA ライブラリーの構築とそれを用いた発現解析ができる。	・細胞による mRNA 抽出法に関する知識 ・逆転写酵素による抽出 mRNA の cDNA 化に関する知識 ・完全長 cDNA 作製に関する知識（オリゴキャップ法） ・cDNA ライブラリーのノーマライズに関する知識（ハイブリッド法） ・発現比較に関する知識（ディファレンシャルディスプレイ法）	
		特定遺伝子に関して定量 PCR 法を用いた細胞内での発現量解析ができる。	・細胞による mRNA 抽出法に関する知識 ・定量 PCR 法に関する知識（TaqMan プローブ法、インターカレーション法、Molecular Beacon 法）	
	統合的なトランスクリプトーム解析	統合的な見地からトランスクリプトーム解析結果の利用ができる	ゲノム・トランスクリプトーム・プロテオーム・メタボロームに関する知識	

\* スキル項目の保有が必要な人材レベルにマーキング

図表 4 - 5 スキルスタンダード：テクニカルスキル（3/5）

業務領域	スキル項目	スキル詳細項目	知識項目	保有レベル*		
プロテオーム解析業務	蛋白質発現解析	細胞内の発現蛋白質を検出することができる	・細胞内蛋白質の精製に関する知識（HPLC 法、FPLC 法、タギング法） ・ウエスタン・ブロッティングに関する知識 ・プロテイン Chip に関する知識			
		細胞内の発現蛋白質に関して、2D-PAGE 法を用いた発現プロファイル解析ができる。	2D-PAGE 法に関する知識			
		in vitro translation による蛋白質の合成ができる	in vitro translation に関する知識（小麦胚芽抽出物法、ウサギ網状赤血球溶解液法、大腸菌抽出物法）			
	蛋白質機能解析	蛋白質間相互作用解析ができる。	蛋白質間相互作用解析に関する知識（酵母ツーハイブリッド法、プルダウン法、インビトロヴァイラス法）			
		蛋白質・DNA 間相互作用解析ができる。	蛋白質・DNA 間相互作用解析に関する知識（ゲルシフト法、Chip on Chip 法）			
		細胞内での発現蛋白質の可視化技術を用いた蛋白質機能解析ができる。	蛋白質可視化技術に関する知識（GFP 法、DsRed 法、FLAG タグ法、抗体法、多重染色法）			
統合的なプロテオーム解析	統合的な見地からプロテオーム解析結果の利用ができる	ゲノム・トランスクリプトーム・プロテオーム・メタボロームに関する知識				
メタボローム解析業務	メタボローム解析技術	キャピラリー電気泳動法（CE）の原理を理解したうえで、操作ができる	・代謝に関する知識 ・分析技術に関する知識			
		キャピラリー電気泳動-質量分析装置（CE/MS）の原理を理解したうえで、操作ができる	「GC/MS（ガスクロマトグラフィー/質量分析）、LC/MS（液体クロマトグラフィー/質量分析）、CE/MS（キャピラリー電気泳動/質量分析）、CE/MS/MS（キャピラリー電気泳動/質量分析/質量分析）の基本原則」			
		キャピラリー電気泳動法（CE）、キャピラリー電気泳動-質量分析装置（CE/MS）に対して物質にあった測定条件を設定できる。				
		適切な内部標準部物質を選択することができる				
		検量線用の標準物質を作成することができる				
		CE/MS を用いてアミノ酸分析用の検量線を引くことができる				
		CE/MS を用いてアミノ酸の分析ができる				
		CE/MS を用いて測定に用いる解糖系、TCA 回路、ペントースリン酸回路等の陰イオン性代謝物質標準液を調製する。				
		CE/MS を用いて測定に用いる解糖系、TCA 回路、ペントースリン酸回路等の陰イオン性代謝物質の同定ができる。				
		CE/MS を用いて代謝中性物質の同定ができる				
メタボローム解析業務	サンプル調製技術	解析対象生物の培養ができる	解析対象生物に対する知識 解析対象生物の代謝に関する知識			
		細胞からの代謝物質抽出ができる。				
		細胞から測定対象物質の精製ができる				
		細胞の時間的、状況などを考慮した代謝物質抽出計画が立てられる。 代謝物質の化学的特性を考慮した代謝物質抽出計画が立てられる。				

\* スキル項目の保有が必要な人材レベルにマーキング



図表 4 - 5 スキルスタンダード：テクニカルスキル（4/5）

業務領域	スキル項目	スキル詳細項目	知識項目	保有レベル*		
メタボローム解析業務	代謝物質の同定・定量技術	CE/MS によるモデル生物の代謝物質の測定ができる。	<ul style="list-style-type: none"> <li>・代謝に関する知識</li> <li>・ケミカルに関する知識</li> </ul>			
		CE/MS によるモデル生物の代謝既知物質の同定ができる。				
		CE/MS によるモデル生物の代謝未知物質の同定ができる。				
		CE/MS によるモデル生物の網羅的な代謝物質の同定ができる。				
	代謝のシステム解析技術	代謝解析を行う生物種の選定ができる。	生物システムに関する知識			
		その生物種の特徴を理解した、代謝物測定方法を設定できる。				
	統合的な見地からメタボローム解析結果の利用ができる。					
	代謝システムの解析ができる。					
	統合的な見地からゲノム塩基配列解析結果の利用ができる。					
バイオインフォマティクス解析業務	バイオインフォマティクス解析技術	バイオインフォマティクスの分野で一般的に利用されている既存ソフトウェアツール（BLAST、FASTA、ClustalW など）が使用できる。	BLAST, FASTA, CLUSTALW 等の既存ソフトウェアツールに関する知識			
		バイオインフォマティクスの分野において一般的に利用されているデータ（PubMed などのデータベース）を用いたデータ解析ができる。	高度なアルゴリズムの基礎的な理論（核酸・アミノ酸のアラインメント、隠れマルコフモデル、遺伝子発現データのクラスタリング）に関する知識			
	シミュレーション解析技術	単純な生体システムの特質を捉えたモデル化ができる。	<ul style="list-style-type: none"> <li>・生命現象の数理モデル化手法</li> <li>・シミュレーションの基本概念の理解</li> </ul>			
		自然界での実体的な進化モデルを利用して数理モデル化を行うことができる。		<ul style="list-style-type: none"> <li>・進化学に関する知識</li> <li>・数理モデルに関する知識</li> </ul>		
ゲノム塩基配列情報解析技術	論文や無償ソースプログラミングを読み解き、公開ゲノム塩基配列情報データベースに対して新規アルゴリズムのプログラミングを行うことができる。	<ul style="list-style-type: none"> <li>・プログラミングに関する知識</li> <li>・Perl 言語に関する知識</li> </ul>				
システムバイオロジー基盤研究業務	システム生物学的な解析	バイオテクノロジー関連研究やシミュレーション研究を行うにあたり、システム科学の考え方を活用できる。	ゲノム情報に基づく生命のシステムの理解（代謝系の再構築、遺伝子の相互作用推定、細胞シミュレーション）に関する知識			
		バイオテクノロジー関連研究やシミュレーション研究を行うにあたり、生命情報科学の考え方を活用できる。	分子生物学、遺伝学、ゲノム科学、脳科学を特に「進化」に重点を置いた生命情報科学的な知識			
	ゲノムサイエンスに基づく解析	バイオテクノロジー関連研究やシミュレーション研究を行うにあたり、ゲノム科学の基礎の考え方を活用できる。	<ul style="list-style-type: none"> <li>・ゲノム情報に基づく生命の解析法（ゲノム構造、トランスクリプトーム、プロテオーム）に対する基礎知識</li> <li>・ゲノム塩基配列情報解析に関する基礎知識</li> </ul>			
	ポストゲノムサイエンスに基づく解析	バイオテクノロジー関連研究やシミュレーション研究を行うにあたり、ポストゲノム科学関連の基礎の考え方を活用できる。	<ul style="list-style-type: none"> <li>・ゲノムサイエンスを基盤としたポストゲノムサイエンスに関する基礎的な知識</li> <li>・プロテオーム解析に関する知識</li> <li>・トランスクリプトームに関する知識</li> </ul>			
遺伝子工学解析技術	部分遺伝子に関する SNPs 解析（DNA の抽出、PCR-RFLP 法、塩基配列決定と初歩的な実験解析）を行うことができる。	SNPs に関する知識				

\* スキル項目の保有が必要な人材レベルにマーキング



図表 4 - 5 スキルスタンダード：テクニカルスキル（5/5）

業務領域	スキル項目	スキル詳細項目	知識項目	保有レベル*		
情報処理基礎業務	数学的解析技術	コンピューター情報解析を行うにあたり、線形数学の基礎的な考え方を活用することができる。	線形数学における基礎（線形・非線形関数、線形近似、合成関数、ヤコビ行列）に関する知識			
		コンピューター情報解析を行うにあたり、統計数学の基礎的な考え方を活用することができる。	統計数学における基礎（記述統計、確率・確率分布、統計的推測、直線回帰、時系列解析、多変量解析）に関する知識			
	情報処理技術	コンピューター情報解析を行うにあたり、情報数学の基礎的な考え方を活用することができる。	情報数学における基礎（有限オートマトン、正規表現、文脈自由言語、文脈依存言語、チューリングマシン、停止性問題、再帰関数論、ラムダ計算）に関する知識			
		コンピューター情報解析を行うにあたり、多変量解析学の基礎的な考え方を活用することができる。	多変量解析学における基礎（分散分析、重回帰分析、判別分析、主成分分析）に関する知識			
プログラミング技術	コンピューター情報解析を行うにあたり、プログラミングと情報システム構築の基礎的な考え方を活用することができる。	C言語によるプログラミングの基礎（C言語文法、分割コンパイル、デバッガ、バージョン管理、システムコール、UNIX シェル作成）に関する知識				
バイオテクノロジー基礎業務	分子生物学に基づく解析技術	バイオテクノロジー関連研究を行うにあたり、分子生物学の基礎的な考え方を活用することができる。	分子生物学における基礎（細胞の化学成分、触媒作用、生合成、生体エネルギー学）に関する知識			
	細胞生物学に基づく解析技術	バイオテクノロジー関連研究を行うにあたり、細胞生物学の基礎的な考え方を活用することができる。	細胞生物学（遺伝的変動、膜の構造、膜輸送）に関する知識			
	蛋白質化学に基づく解析技術	バイオテクノロジー関連研究を行うにあたり、蛋白質化学の基礎的な考え方を活用することができる。	蛋白質の持つ特性と触媒機構に関する知識			
	有機化学に基づく解析技術	バイオテクノロジー関連研究を行うにあたり、有機化学の基礎的な考え方を活用することができる。	有機化学の基礎（化学構造、反応速度論、天然物化学）の知識			
	代謝学に基づく解析技術	バイオテクノロジー関連研究を行うにあたり、代謝学の基礎的な考え方を活用することができる。	生物の代謝に関する基礎（生体内における生合成、分解）と代謝システム（生体内反応の化学量論）に関する知識			
	遺伝子工学に基づく解析技術	微生物を用いた基本的な実験（実験器具の扱い方、大腸菌の培地作成と培養曲線、大腸菌からのプラスミド抽出と解析、大腸菌発現蛋白質の定量など）ができる。	・微生物に関する知識 ・微生物の取り扱いに関する知識			
		遺伝子工学の初歩的な実験手法（プラスミド DNA 抽出、プラスミド DNA の遺伝子組換え、コンピテント細胞の調製、大腸菌の形質転換、形質転換体の確認と解析など）ができる。	・大腸菌を用いた遺伝子工学の初歩的な実験手法に関する知識 ・遺伝子工学に関する知識			

\* スキル項目の保有が必要な人材レベルにマーキング

## 第5章 カリキュラム

### 5 - 1 教育コース

#### (1) 教育コース設定の方針

教育コースの設定に当たり以下の事柄に留意した。

##### 基本方針

- \* 統合システムバイオロジーは、生物学と生命情報科学の両分野の理解が必要である。従ってその人材育成においては両分野にわたる広範なカリキュラムを策定した。
- \* 各コースにおいては、そのコースに応じた最先端の技術を習得するだけでなく、その技術の原理、他、分野全般に対する深い知識を得られるよう配慮した。
- \* しかし、全てを網羅することは現実的ではなく、実用性と汎用性を考慮した適切なボリュームのカリキュラムになるよう工夫した。

##### コース分けの考え方

- \* 3 - 6 実証の結果より、受講者のレベル・バックグラウンドは様々であることが判明した。受講者レベル・バックグラウンドに応じて受講できるようにコースを実験系および IT 系、各 4 レベルに分離して以下のように詳細なコースを設定した。

実験系のコース	IT系のコース
統合システムバイオロジー・リサーチ・コース	
システムバイオロジー網羅的解析技術コース	細胞シミュレーションコース
システムバイオロジー基盤技術コース	バイオインフォマティクス解析コース
(バイオテクノロジー関連基礎技術コース)	(情報処理基礎コース)

- \* 実際の運用に当たっては、これらコースを大括りし、受講者レベルに対応したコースとして図表 5 - 1 . 1 ) 全体像に示すように、初級、中級、上級の 3 レベル、および導入レベルのコースを設定した。
  - ・初級レベルコースは中級レベルコースを理解する上での基盤技術コースである。
  - ・中級レベルコースは本統合システムバイオロジスト育成事業の中核技術であり、実習に重きをおいたカリキュラムから構成される。
  - ・上級レベルコースは与えられたテーマを統合的視点から自由研究し、その結果に対して指導を受けるコースである。
  - ・導入レベルコースは生物学や情報学のバックグラウンドを保有していない人材に基礎的なスキルを習得させるコースである。

#### (2) カリキュラムとスキルの関係

- \* コースとスキルの関係は図表 5 - 1 . 2 ) テクニカルスキルと習得コースの関係として整理した。

図表5-1 カリキュラム(コース)構成表(テクニカルスキル)

1) 全体像



2) テクニカルスキルと習得コースの関係

技術分類	技術種別	業務領域	スキル項目	コース名
IT	基礎	情報処理基礎業務	数学的解析技術 情報処理技術 プログラミング技術	情報処理基礎コース
	基盤	バイオインフォマティクス解析業務	バイオインフォマティクス解析技術 シミュレーション解析技術 ゲノム塩基配列情報解析技術	バイオインフォマティクス解析コース
	中核	細胞シミュレーション解析業務	既存ソフト利用解析技術 モデル構築技術 細胞内相互作用解析 統合的細胞シミュレーション解析	シミュレーション解析コース 統合システムバイオロジー・リサーチ・コース
実験	基礎	バイオテクノロジー基礎業務	分子生物学に基づく解析技術 細胞生物学に基づく解析技術 蛋白質化学に基づく解析技術 有機化学に基づく解析技術 代謝学に基づく解析技術 遺伝子工学に基づく解析技術	バイオテクノロジー関連基礎技術コース
	基盤	システムバイオロジー基盤研究業務	システム生物学的な解析 ゲノムサイエンスに基づく解析 ポストゲノムサイエンスに基づく解析 遺伝子工学解析技術	システムバイオロジー基盤技術コース
	中核	ゲノム塩基配列解析業務	ゲノム物理地図構築 ゲノムライブラリーの構築 塩基配列決定 ゲノム塩基配列編集 ゲノム配列解析 統合的ゲノム塩基配列解析	統合システムバイオロジスト育成コース 統合システムバイオロジー・リサーチ・コース
	トランスクリプトーム解析業務	網羅的発現解析 特定遺伝子発現解析 統合的トランスクリプトーム解析		

(続き)

技術分類	技術種別	業務領域	スキル項目	コース名
		プロテオーム解析業務	蛋白質発現解析 蛋白質相互作用解析 蛋白質可視化技術 統合的プロテオーム解析	
		メタボローム解析業務	メタボローム解析技術 サンプル調製技術 代謝物質の同定・定量技術 代謝のシステム解析技術	

### 5 - 1 - 1 初級レベルコースのカリキュラム

#### 初級レベルコース

対象レベル：導入レベルの技術・知識を習得している者

到達レベル：上位者の指導に従って、統合的なシステム理解のための各種実験やコンピュータを利用した解析を取り進めることができる人材

コース名：バイオインフォマティクス解析コース、システムバイオロジー基盤技術コース

【狙い】バイオテクノロジー関連 IT 技術の基礎技術・基礎知識を習得し、既存のツールや自分で作成したアルゴリズムを実際にいくつかの生物モデルに対して実装し、その技術の範囲内で生物情報に基づいた創薬研究を行える基礎技術を習得する。

図表 5 - 2 ( 1 ) 初級レベルコースのカリキュラム バイオインフォマティクス解析コース

科目名	科目概要	時間数 ( h )	
		講義	実習
ゲノム解析ソフトウェアツール実習	BLAST, FASTA, CLUSTALW などの定番ツールから、最新の統合パッケージまで、ゲノム解析に必要な最新の技術に対して、講義および実習を行う。	10	14
ゲノム解析アルゴリズム実習	生物ゲノムの膨大なデータから有益な情報を引き出すために必須な高度なアルゴリズムの基礎的な理論 ( 核酸・アミノ酸のアラインメント、隠れマルコフモデル、遺伝子発現データのクラスタリング ) について解説を行うとともに、実際に C 言語などを使ったプログラムを作成しその実装を行う。	8	10
生命システム数理解析概論	生命現象のモデル構築とその検証方法に関する基礎を学習する。前半は微分方程式の基礎と多彩な現象のモデル化の関連性、特に数理モデルという目的に即して生体システムの特質を捉えたモデル化理論について、後半は実際に生体システムのモデリングをする際に重要となる応用知識に関する講義を行う。	10	-
進化数理解析学	ラマルク、ダーウィン、ドーキンス、メイナード・スミスらの進化理論の概観、生物進化の実体の考察、自然界での実体的な数理モデル化に関する演習を行う。	10	-
バイオインフォマティクス実習 ( 遺伝子解析プログラミング )	実際に存在する生物学上のテーマに関し、DNA 配列を基に初歩的な Perl 言語により遺伝子情報処理に関するプログラミングを行うと共に、それを用いて配列解析を行う。	6	21

【狙い】バイオテクノロジーの基礎実験手法や基礎知識を習得し、バイオテクノロジー技術からゲノムおよびポストゲノム手法や網羅的な解析研究の特徴を理解し、それらを駆使した創薬研究をとり進められる知識・技術を習得する。

図表 5 - 2 ( 2 ) 初級レベルコースのカリキュラム システムバイオロジー基盤技術コース

科目名	科目概要	時間数 ( h )	
		講義	実習
システムバイオロジー概論	ゲノム情報に基づく生命のシステムの理解 (代謝系の再構築、遺伝子の相互作用推定、細胞シミュレーション) に対する基礎を講義する。	10	-
生物情報科学	分子生物学、遺伝学、ゲノム科学、脳科学の基本的な事柄を学びながら、特に「進化」に重点を置き生命科学と情報科学の境界領域である「生命情報科学」の最新動向を講義する。	10	-
ゲノム科学概論	ゲノム情報に基づく生命の理解に対する基礎的概念 (例えばゲノム構造、トランスクリプトーム、プロテオーム) に対して、実験技術に根ざしたを講義を行う。	10	-
ポストゲノム科学概論	ゲノムサイエンスを基盤としたポストゲノムサイエンスに関する基礎的な知識 (遺伝子制御機構、プロテオーム解析研究手法、ゲノムの変異、組み換え、系統・進化的な議論) に関する講義を行う。	10	-
遺伝子解析実験	受講者自身のアルコール分解酵素を抽出、PCR-RFLP 法、塩基配列決定法など初歩的な実験解析手法を利用して遺伝子型を明らかにする実習を行う。	10	30

### 5 - 1 - 2 中級レベルコースのカリキュラム

#### 中級レベルコース

<p>対象レベル：初級レベル</p> <p>到達レベル：生命システムを統合的に理解するために必要な網羅的な解析とシミュレーションなどのコンピューター技術を統合するという目的に向かって、必須な各技術において最適の手法を選択でき、そのデータの整合性に関する判断が可能となる人材</p> <p>コース名：シミュレーション解析コース、システムバイオロジー網羅的解析技術コース</p>
---

【狙い】創薬研究において重要な薬剤標的物質の選択やその薬剤の代謝の予測などに役立つ生命システムに合わせたシミュレーションモデルを構築する力を習得する。

図表 5 - 3 ( 1 ) 中級レベルコースのカリキュラム シミュレーション解析コース

科目名	科目概要	時間数 ( h )	
		講義	実習
代謝・遺伝子ネットワーク論	細胞を構成する基本システムを代謝システム、遺伝子発現システム、蛋白質-蛋白質間相互作用の3つに分類し、これら3つのシステムをモデル化する方法 (シミュレーションのアルゴリズム、現象の数式化、パラメータの求め方) の習得を目指した講義・実習を行う。さらにシミュレーションモデルを構築する上で重要な目的の設定とそれに見合ったモデル化範囲の設定や、構築したモデルの解析法についても理解できるように講義を行う。	10	-
バイオシミュレーション実習	細胞シミュレーションソフトの E-Cell システムを用いて細胞シミュレーションモデルの構築ができる。	6	6

【狙い】創薬研究において重要な網羅的解析を行う新規薬剤開発に合わせたゲノム、トランスクリプトーム、プロテオーム、メタボローム解析を行える各種技術を習得する。

図表5 - 3 ( 2 ) 中級レベルコースのカリキュラム システムバイオロジー網羅的解析技術コース

科目名	科目概要	時間数 ( h )	
		講義	実習
ゲノムシーケンス実習	特定生物を利用して、ゲノム物理地図構築、ホールゲノムシーケンシングおよびゲノム構造・機能アノテーションに関する実験を行う。	10	30
分子生物情報科学	ニューラルネットワークや動的計画法など情報科学の中でも近年特に分子生物学で使われる手法に関して、その基礎理論を学び、次にそれらを実際に応用するとどのようなことができるか、実際の生物上の諸課題 ( 塩基配列のパターン認識、RNA 二次構造予測、遺伝子発現データからの転写制御構造の抽出など ) を題材にして演習を行う。	5	8
トランスクリプトーム解析実習	DNA マイクロアレイや In situ ハイブリダイゼーションなど各種基本技術を用いて、発現蛋白質の比較、同定や定量に関する実験を行う。	5	8
プロテオーム解析実習	プロテオームに関する各種実験 ( 2D-PAGE 法を用いた発現プロファイル解析、酵母ツーハイブリッド法・インビトロヴァイラス法などを用いた蛋白質間相互作用解析、細胞内での発現蛋白質の可視化技術など ) の生物学的な意味を正確に理解することを目的に、プロテオーム解析に関する具体的な実験法に関して講義および実習を行う。	5	12
メタボローム解析実習	細胞内代謝物質を網羅的に測定するメタボローム解析に焦点をあて、細胞内代謝経路で最も重要な解糖系、TCA サイクル等の代謝の反応機構、メタボローム分析の原理を講義により習得する。次に世界の最先端に行くキャピラリー電気泳動-質量分析装置 ( CE/MS ) を用いて各代謝物質の一斉分析を実習する。	5	12
代謝工学解析実習	細胞の代謝に関する基礎を修得すると同時に、培養データをもとに、細胞の代謝システム解析を行なうための基本原理を解説する。また、培養実験実習およびシミュレーション実習を通じて、細胞の代謝を in vivo で解析する手法を具体的に習得させる。	5	15

### 5 - 1 - 3 上級レベルコースのカリキュラム

#### 上級レベルコース

対象レベル：中級レベル
到達レベル：網羅的な実験解析結果とシミュレーションなどのコンピューター解析の統合によりはじめて可能となる生命システムを理解し、研究の方向性を決定できる人材。
コース名：統合システムバイオロジー・リサーチ・コース

【狙い】ゲノム・ポストゲノムおよびバイオインフォマティクスの関連各分野に関して、学術論文や研究発表などを通して自立的に研究計画立案ができる各種技術・知識・判断力を習得する。

図表5 - 4 上級レベルコースのカリキュラム 統合システムバイオロジー・リサーチ・コース

科目名	科目概要	時間数 ( h )	
		講義	実習
統合システムバイオロジー特論	最新の学術論文として発表されたデータの考察をすることで、生命科学における実験系の論文を正確に理解するスキルを習得できるような講義やセミナーを行う。	10	-
プロジェクト研究	ゲノム・ポストゲノムおよびバイオインフォマティクスの関連各分野に関して、学術論文や研究発表などを通して自立的に研究計画立案ができる。	6M	



#### 5 - 1 - 4 導入レベルコースのカリキュラム

【狙い】 数学と情報処理に関する基礎知識と技術を理解・習得し、コンピューターを駆使した研究関連業務の基礎的な背景を理解した上で、研究を取り進めることができる技術・知識を習得する。

図表5 - 5 ( 1 ) 導入レベルコースのカリキュラム 情報処理基礎コース

科目名	科目概要	時間数 ( h )	
		講義	実習
線形数学	線形数学における基礎 ( 線形・非線形関数、線形近似、合成関数、ヤコビ行列 ) に関する知識・技術を習得する。	10	-
統計数学	統計数学における基礎 ( 記述統計、確率・確率分布、統計的推測、直線回帰、時系列解析、多変量解析 ) に関する知識・技術を習得する。	10	-
情報数学	情報数学における基礎に関する知識・技術を習得する。	10	-
多変量解析学	多変量解析学における基礎 ( 分散分析、重回帰分析、判別分析、主成分分析 ) に関する知識・技術を習得する。	10	-
プログラミング基礎	C言語によるプログラミングの基礎 ( C言語文法、分割コンパイル、デバッグ、バージョン管理、システムコール、UNIX シェル作成 ) に関する知識・技術を習得する。	10	-

【狙い】 バイオテクノロジーの基礎実験手法や基礎知識を理解・習得し、それらを基礎として網羅的な解析手法を駆使した創薬研究を実施できる知識・技術を習得する。

図表5 - 5 ( 2 ) 導入レベルコースのカリキュラム バイオテクノロジー関連基礎技術コース

科目名	科目概要	時間数 ( h )	
		講義	実習
基礎分子生物学	ライフサイエンスの基礎知識 ( 細胞の化学成分、触媒作用、生合成、生体エネルギー学、代謝 ) についての講義を行う。	10	-
基礎細胞生物学	細胞生物学の知識 ( 遺伝的な変動、DNA、膜の構造、膜を通じた輸送、ミトコンドリアや葉緑体などのオルガネラ ) に関する講義を行う。	10	-
酵素・蛋白質化学概論	基礎的な生化学の知識に関する講義、および酵素に関する基礎的な実験 ( 大腸菌より酵素抽出・組換え蛋白の精製、電気泳動、蛋白量の定量、酵素反応など ) を行う。	4	12
生化学	生命科学に必要な化学の基礎知識 ( 有機化合物の化学構造と命名法、ヌクレオチド、蛋白質、糖質、脂質の構造、性質、機能、酵素の特性、酵素の反応機構 ) に関する講義を行う。	7	-
代謝システム学	生物の代謝に関する基礎 ( 生物の代謝及び代謝経路など ) と代謝システム解析 ( 代謝流束分布解析、代謝調節制御、大腸菌細胞 ) の代謝制御機構に関する講義を行う。	10	-
基礎分子生物学実験	生物関連の実験手法の基礎 ( 実験器具の扱い方、大腸菌の培地作成と培養曲線、大腸菌からのプラスミド抽出と解析、大腸菌発現蛋白質の定量など ) の実験を行う。	10	30
基礎遺伝子組換え実験	大腸菌を用いた遺伝子工学の初歩的な実験手法 ( プラスミド DNA 抽出、プラスミド DNA の遺伝子組換え、コンピテント細胞の調製、大腸菌の形質転換、形質転換体の確認と解析など ) を取り入れた実習を行う。	10	30

## 5 - 2 カリキュラム全体像

5 - 1 で示した各科目およびコースを整理し、スキルスタンダードで整理した到達度レベルとあわせてカリキュラム全体像を図表 5 - 6 に提示した。

図表 5 - 6 カリキュラム全体像

コース名	科目名	時間数 ( h )		到達レベル
		講義	実習	
統合システムバイオロジー・リサーチ・コース	プロジェクト研究	6M		上級
	統合システムバイオロジー特論	10	-	
シミュレーション解析コース	代謝・遺伝子ネットワーク論	10	-	中級
	バイオシミュレーション実習	6	6	
統合システムバイオロジスト育成コース	ゲノムシーケンス実習	10	30	中級
	分子生物情報科学	5	8	
	トランスクリプトーム解析実習	5	8	
	プロテオーム解析実習	5	12	
	メタボローム解析実習	5	12	
	代謝工学解析実習	5	15	
バイオインフォマティクス解析コース	ゲノム解析ソフトウェアツール実習	10	14	初級
	ゲノム解析アルゴリズム実習	8	10	
	生命システム数理解析概論	10	-	
	進化数理解析学	10	-	
	バイオインフォマティクス実習 ( 遺伝子解析プログラミング )	6	21	
システムバイオロジー基盤技術コース	システムバイオロジー概論	10	-	初級
	生命情報科学	10	-	
	ゲノム科学概論	10	-	
	ポストゲノム科学概論	10	-	
	遺伝子解析実験	10	30	
情報処理基礎コース	線形数学	10	-	導入
	統計数学	10	-	
	情報数学	10	-	
	多変量解析学	10	-	
	プログラミング基礎	10	-	
バイオテクノロジー関連基礎技術コース	基礎分子生物学	10	-	導入
	基礎細胞生物学	10	-	
	酵素・蛋白質化学概論	4	12	
	生化学	7	-	
	代謝システム学	10	-	
	基礎分子生物学実験	10	30	
	基礎遺伝子組換え実験	10	30	



### 5 - 3 カリキュラムとスキル項目との対応

統合システムバイオロジスト人材育成のスキルスタンダード（第4章）で整理したスキル項目に対して、そのスキルを習得しうる科目との対応を一覧表（図表5 - 7）に示した。

図表5 - 7 スキルとカリキュラム（科目）の対応表(1/6)

業務領域	スキル項目	スキル詳細項目	知識項目	科目名
バイオインフォマティクス解析業務	バイオインフォマティクス解析技術	バイオインフォマティクスの分野で一般的に利用されている既存ソフトウェアツール（BLAST、FASTA、ClustalWなど）が使用できる。	BLAST、FASTA、CLUSTALW等の既存ソフトウェアツールに関する知識	ゲノム解析ソフトウェアツール実習
		バイオインフォマティクスの分野において一般的に利用されているデータ（PubMedなどのデータベース）を用いたデータ解析ができる。	高度なアルゴリズムの基礎的な理論（核酸・アミノ酸のアラインメント、隠れマルコフモデル、遺伝子発現データのクラスタリング）に関する知識	ゲノム解析アルゴリズム実習
	シミュレーション解析技術	単純な生体システムの特質を捉えたモデル化ができる。	・生命現象の数理モデル化手法 ・シミュレーションの基本概念の理解	生命システム数理解析概論
		自然界での実体的な進化モデルを利用して数理モデル化を行うことができる。	・進化学に関する知識 ・数理モデルに関する知識	進化数理解析学
ゲノム塩基配列情報解析技術	論文や無償ソースプログラミングを読み解き、公開ゲノム塩基配列情報データベースに対して新規アルゴリズムのプログラミングを行うことができる。	・プログラミングに関する知識 ・Perl言語に関する知識	バイオインフォマティクス実習（遺伝子解析プログラミング）	
システムバイオロジー基礎研究業務	システム生物学的な解析	バイオテクノロジー関連研究やシミュレーション研究を行うにあたり、システム科学の考え方を活用できる。	ゲノム情報に基づく生命のシステム的理解（代謝系の再構築、遺伝子の相互作用推定、細胞シミュレーション）に関する知識	システムバイオロジー概論
		バイオテクノロジー関連研究やシミュレーション研究を行うにあたり、生命情報科学の考え方を活用できる。	分子生物学、遺伝学、ゲノム科学、脳科学を特に「進化」に重点を置いた生命情報科学的な知識	生命情報科学
	ゲノムサイエンスに基づく解析	バイオテクノロジー関連研究やシミュレーション研究を行うにあたり、ゲノム科学の基礎の考え方を活用できる。	・ゲノム情報に基づく生命の解析法（ゲノム構造、トランスクリプトーム、プロテオーム）に対する基礎知識 ・ゲノム塩基配列情報解析に関する基礎知識	ゲノム科学概論
	ポストゲノムサイエンスに基づく解析	バイオテクノロジー関連研究やシミュレーション研究を行うにあたり、ポストゲノム科学関連の基礎の考え方を活用できる。	・ゲノムサイエンスを基盤としたポストゲノムサイエンスに関する基礎的な知識 ・プロテオーム解析に関する知識 ・トランスクリプトームに関する知識	ポストゲノム科学概論
	遺伝子工学解析技術	部分遺伝子に関する SNPs 解析（DNAの抽出、PCR-RFLP法、塩基配列決定と初歩的な実験解析）を行うことができる。	SNPsに関する知識	遺伝子解析実験

図表5 - 7 スキルとカリキュラム (科目) の対応表(2/6)

業務領域	スキル項目	スキル詳細項目	知識項目	科目名
シミュレーション 解析業務	既存ソフト利用解析技術	シミュレーションソフトの利用ができる。	シミュレーションソフト (例えば E-Cell システム) の構成に関する知識 (OS 環境、セッティング環境、エディター環境、スクリプト環境)	代謝・遺伝子ネットワーク論
	モデル構築技術	細胞における対象事象のシミュレーションモデルの構築ができる。	・細胞とその構成要素に関する知識 ・シミュレーションの対象事象に関する基本システムのモデル化に関する知識 (アルゴリズム、対象事象の数式化、実験データからのパラメータ抽出方法)	
		構築したシミュレーションモデルの評価ができる。	・生化学、生理学、生物物理化学に関する知識 ・評価データと実験データとの統計学的評価に関する知識	バイオシミュレーション実習
		構築したシミュレーションモデルを用いた解析ができる。	・生化学、生理学、生物物理化学に関する知識 ・実験による確認が困難な環境条件における推定に関する知識 (遺伝的アルゴリズム)	
	細胞内相互作用解析	シミュレーションモデルを用いて細胞内相互作用ネットワークの予測ができる。	・生化学、生理学、生物物理化学に関する知識 ・シミュレーション結果からの新規パラメータの必要性評価に関する知識	
	統合的細胞シミュレーション解析	ゲノム・トランスクリプトーム・プロテオーム・メタボロームの各データからシミュレーション解析ができる。	・ゲノム・トランスクリプトーム・プロテオーム・メタボロームに関する知識 ・シミュレーションの対象事象に関する基本システムのモデル化に関する知識 (アルゴリズム、対象事象の数式化、実験データからのパラメータ抽出方法)	
ゲノム塩基配列 解析業務	ゲノム物理地図構築	Genome DNA 抽出・精製ができる。	・遺伝子地図と物理地図に関する知識 ・パルスフィールドゲル電気泳動に関する知識	ゲノムシーケンス実習
		Genome DNA を適切な制限酵素を選択し、酵素による断片化ができる。		
		断片化された DNA をパルスフィールドゲル電気泳動することができる。		
		Genome DNA の遺伝子地図の妥当性についての判断に伴った、物理地図の構築および評価ができる。		
	ゲノムライブラリーの構築	インサート用の Genome DNA の準備 (断片化処理、精製、末端化処理) ができる。 インサート用ゲノム断片の適切なベクターDNA へのライゲーション反応ができる。 ベクターDNA をエレクトロポレーションにより大腸菌宿主への導入ができる。	ホールゲノム・ショットガン・シーケンシングに関する知識	

図表5 - 7 スキルとカリキュラム（科目）の対応表(3/6)

業務領域	スキル項目	スキル詳細項目	知識項目	科目名
解析業務 ゲノム塩基配列	ゲノムライブラリーの構築	コロニーピッキング装置によるライブラリーの構築ができる。	コロニーピッキング装置に関する知識	
		検体多量同時処理での電気泳動およびその解析と構築したライブラリーの評価ができる。	ホールゲノム・ショットガン・シーケンシングに関する知識	
	塩基配列決定	検体多量同時処理でのシーケンス反応ができる。	・自動 DNA 抽出・検体多量同時処理（ロボットシステム）に関する知識 ・シーケンス反応に関する知識	
		自動キャピラリーシーケンサーによる塩基配列決定ができる。	自動キャピラリーシーケンサーに関する知識	
	ゲノム塩基配列編集	塩基配列データよりゲノム塩基配列の編集ができる。	ゲノム塩基配列情報データ用のアセンブル（編集）解析ソフトに関する知識	
	ゲノム配列解析	ゲノム塩基配列中における遺伝子領域およびその機能を推定することができる。	アノテーションに関する知識	
	統合的ゲノム塩基配列解析	ゲノム塩基配列決定する生物種の選定ができる。	ゲノム生物学に関する知識	
その生物種の特徴を理解した、ゲノムライブラリーの構築の方法を設定できる。		ホールゲノム・ショットガン・シーケンシングに関する知識		
生物種のゲノム塩基配列の特徴により転写領域と機能の推定方法を選択できる。		ゲノム塩基配列情報や遺伝子発現データベース情報の解析に必要なニューラルネットワークなどの基礎理論に関する知識	分子生物情報科学	
	統合的な見地からゲノム塩基配列解析結果の利用ができる。	ゲノム・トランスクリプトーム・プロテオーム・メタボロームに関する知識	統合システムバイオロジー特論/プロジェクト研究	
トランスクリプトーム解析業務	網羅的発現遺伝子解析	細胞内全遺伝子の網羅的な発現比較解析ができる。DNA マイクロアレイ解析ができる。Gene-Chip 解析ができる。	・細胞内遺伝子発現解析の研究手法に関する知識（DNA マイクロアレイ解析、DNA マイクロアレイ解析、Gene-Chip 解析） ・有効実験データ抽出に関する統計数学的基礎知識（確率・確率分布、統計的推測、直線回帰、正規分布）	トランスクリプトーム解析実習
		細胞内全遺伝子の発現遺伝子ネットワーク解析ができる。DNA マイクロアレイ解析データや Gene-Chip 解析データから統計的な多変量解析ができる。	・遺伝学に関する知識 ・多変量解析学的な基礎知識（分散分析、重回帰分析、判別分析、主成分分析、自己組織化分析）	

図表5 - 7 スキルとカリキュラム（科目）の対応表(4/6)

業務領域	スキル項目	スキル詳細項目	知識項目	科目名
トランスクリプトーム解析業務	特定遺伝子発現解析	組織上での特定遺伝子に関する発現を解析できる。	・細胞による mRNA 抽出法に関する知識 ・特定遺伝子発現の可視化に関する知識（蛍光プローブ法、抗体法、化学修飾法）	トランスクリプトーム解析実習
		cDNA ライブラリーの構築とそれを用いた発現解析ができる。	・細胞による mRNA 抽出法に関する知識 ・逆転写酵素による抽出 mRNA の cDNA 化に関する知識 ・完全長 cDNA 作製に関する知識（オリゴキャップ法） ・cDNA ライブラリーのノーマライズに関する知識（ハイブリッド法） ・発現比較に関する知識（ディファレンシャルディスプレイ法）	
		特定遺伝子に関して定量 PCR 法を用いた細胞内での発現量解析ができる。	・細胞による mRNA 抽出法に関する知識 ・定量 PCR 法に関する知識（TaqMan プローブ法、インターカレーション法、Molecular Beacon 法）	
	統合的なトランスクリプトーム解析	統合的な見地からトランスクリプトーム解析結果の利用ができる。	ゲノム・トランスクリプトーム・プロテオーム・メタボロームに関する知識	統合システムバイオロジー特論 / プロジェクト研究
プロテオーム解析業務	蛋白質発現解析	細胞内の発現蛋白質を検出することができる。	・細胞内蛋白質の精製に関する知識（HPLC 法、FPLC 法、タギング法） ・ウエスタン・ブロッティングに関する知識 ・プロテイン Chip に関する知識	プロテオーム解析実習
		細胞内の発現蛋白質に関して、2D-PAGE 法を用いた発現プロファイル解析ができる。	2D-PAGE 法に関する知識	
		in vitro translation による蛋白質の合成ができる。	in vitro translation に関する知識（小麦胚芽抽出物法、ウサギ網状赤血球溶解液法、大腸菌抽出物法）	
	蛋白質機能解析	蛋白質間相互作用解析ができる。	蛋白質間相互作用解析に関する知識（酵母ツーハイブリッド法、プルダウン法、インビトロウイルス法）	統合システムバイオロジー特論 / プロジェクト研究
		蛋白質・DNA 間相互作用解析ができる。	蛋白質・DNA 間相互作用解析に関する知識（ゲルシフト法、Chip on Chip 法）	
		細胞内での発現蛋白質の可視化技術を用いた蛋白質機能解析ができる。	蛋白質可視化技術に関する知識（GFP 法、DsRed 法、FLAG タグ法、抗体法、多重染色法）	
統合的なプロテオーム解析	統合的な見地からプロテオーム解析結果の利用ができる。	ゲノム・トランスクリプトーム・プロテオーム・メタボロームに関する知識	統合システムバイオロジー特論 / プロジェクト研究	

図表5 - 7 スキルとカリキュラム（科目）の対応表(5/6)

業務領域	スキル項目	スキル詳細項目	知識項目	科目名
メタボローム解析業務	メタボローム解析技術	<p>キャピラリー電気泳動法(CE)の原理を理解したうえで、操作ができる。</p> <p>キャピラリー電気泳動-質量分析装置(CE-MS)の原理を理解した上で、操作ができる。</p> <p>キャピラリー電気泳動法(CE)、キャピラリー電気泳動-質量分析装置(CE-MS)に対して物質にあった測定条件を設定できる。</p> <p>適切な内部標準部物質を選択することができる。</p> <p>検量線用の標準物質を作成することができる。</p> <p>CE-MSを用いてアミノ酸分析用の検量線を引くことができる。</p> <p>CE-MSを用いてアミノ酸の分析ができる。</p> <p>CE-MSを用いて測定に用いる解糖系、TCA回路、ペントースリン酸回路等の陰イオン性代謝物質標準液を調製する。</p> <p>CE-MSを用いて測定に用いる解糖系、TCA回路、ペントースリン酸回路等の陰イオン性代謝物質の同定ができる。</p> <p>代謝中性物質の同定ができる。</p>	<p>・代謝に関する知識</p> <p>・分析技術に関する知識「GC-MS(ガスクロマトグラフィー-質量分析)、LC-MS(液体クロマトグラフィー-質量分析)、CE-MS(キャピラリー電気泳動-質量分析)、CE-MS-MS(キャピラリー電気泳動-質量分析-質量分析)の基本原則」</p>	メタボローム解析実習
	サンプル調製技術	<p>解析対象生物の培養ができる。</p> <p>細胞からの代謝物質抽出ができる。</p> <p>細胞から測定対象物質の精製ができる。</p> <p>細胞の時間的、状況などを考慮した代謝物質抽出計画が立てられる。</p> <p>代謝物質の化学的特性を考慮した代謝物質抽出計画が立てられる。</p>	<p>・解析対象生物に対する知識</p> <p>・解析対象生物の代謝に関する知識</p>	代謝工学解析実習
	代謝物質の同定・定量技術	<p>CE-MSによるモデル生物の代謝物質の測定ができる。</p> <p>CE-MSによるモデル生物の代謝既知物質の同定ができる。</p> <p>CE-MSによるモデル生物の代謝未知物質の同定ができる。</p> <p>CE-MSによるモデル生物の網羅的な代謝物質の同定ができる。</p>	<p>・代謝に関する知識</p> <p>・ケミカルに関する知識</p>	
メタボローム解析業務	代謝のシステム解析技術	<p>代謝解析を行う生物種の選定ができる。</p> <p>その生物種の特徴を理解した、代謝物測定方法を設定できる。</p> <p>統合的な見地からメタボローム解析結果の利用ができる。</p> <p>代謝システムの解析ができる。</p> <p>統合的な見地からゲノム塩基配列解析結果の利用ができる。</p>	生物システムに関する知識	統合システムバイオロジー特論/プロジェクト研究



図表5 - 7 スキルとカリキュラム（科目）の対応表(6/6)

業務領域	スキル項目	スキル詳細項目	知識項目	科目名
情報処理基礎業務	数学的解析技術	コンピューター情報解析を行うにあたり、線形数学の基礎的な考え方を活用することができる。	線形数学における基礎（線形・非線形関数、線形近似、合成関数、ヤコビ行列）に関する知識	線形数学
		コンピューター情報解析を行うにあたり、統計数学の基礎的な考え方を活用することができる。	統計数学における基礎（記述統計、確率・確率分布、統計的推測、直線回帰、時系列解析、多変量解析）に関する知識	統計数学
	情報処理技術	コンピューター情報解析を行うにあたり、情報数学の基礎的な考え方を活用することができる。	情報数学における基礎（有限オートマトン、正規表現、文脈自由言語、文脈依存言語、チューリングマシン、停止性問題、再帰関数論、ラムダ計算）に関する知識	情報数学
		コンピューター情報解析を行うにあたり、多変量解析学の基礎的な考え方を活用することができる。	多変量解析学における基礎(分散分析、重回帰分析、判別分析、主成分分析)に関する知識	多変量解析学
プログラミング技術	コンピューター情報解析を行うにあたり、プログラミングと情報システム構築の基礎的な考え方を活用することができる。	C言語によるプログラミングの基礎（C言語文法、分割コンパイル、デバッグ、バージョン管理、システムコール、UNIXシェル作成）に関する知識	プログラミング基礎	
バイオテクノロジー基礎業務	分子生物学に基づく解析技術	バイオテクノロジー関連研究を行うにあたり、分子生物学の基礎的な考え方を活用することができる。	・分子生物学における基礎（細胞の化学成分、触媒作用、生合成、生体エネルギー学）に関する知識	基礎分子生物学
	細胞生物学に基づく解析技術	バイオテクノロジー関連研究を行うにあたり、細胞生物学の基礎的な考え方を活用することができる。	・細胞生物学（遺伝的変動、膜の構造、膜輸送）に関する知識	基礎細胞生物学
	蛋白質化学に基づく解析技術	バイオテクノロジー関連研究を行うにあたり、蛋白質化学の基礎的な考え方を活用することができる。	・蛋白質の持つ特性と触媒機構に関する知識	酵素・蛋白質化学概論
	有機化学に基づく解析技術	バイオテクノロジー関連研究を行うにあたり、有機化学の基礎的な考え方を活用することができる。	・有機化学の基礎（化学構造、反応速度論、天然物化学）の知識	生化学
	代謝学に基づく解析技術	バイオテクノロジー関連研究を行うにあたり、代謝学の基礎的な考え方を活用することができる。	生物の代謝に関する基礎（生体内における生合成、分解）と代謝システム（生体内反応の化学量論）に関する知識	代謝システム学
	遺伝子工学に基づく解析技術	微生物を用いた基本的な実験（実験器具の扱い方、大腸菌の培地作成と培養曲線、大腸菌からのプラスミド抽出と解析、大腸菌発現蛋白質の定量など）ができる。	・微生物に関する知識 ・微生物の取り扱いに関する知識	基礎分子生物学実験
		遺伝子工学の初歩的な実験手法（プラスミドDNA抽出、プラスミドDNAの遺伝子組換え、コンピテント細胞の調製、大腸菌の形質転換、形質転換体の確認と解析など）ができる。	・大腸菌を用いた遺伝子工学の初歩的な実験手法に関する知識 ・遺伝子工学に関する知識	基礎遺伝子組換え実験

#### 5 - 4 シラバス

5 - 2 . で作成したカリキュラムをもとに、シラバスを作成した。

シラバスには、各カリキュラムで学ぶ内容、達成目標レベル、科目目的、科目概要等を記載している。

統合システムバイオロジストテクニカスキル

シラバス

科目名	ゲノム解析ソフトウェアツール実習	
区分	バイオインフォマティクス解析コース	(座学と実習)
スキル項目	バイオインフォマティクス解析技術	
対象者	統合システムバイオロジスト導入レベル保有者	
到達目標レベル	初級レベル	
時間	講義 10 時間 実習 2 時間 × 7 日	
科目目的	ゲノム解析に必要な最新技術として、定番ツール (BLAST, FASTA, Clustal W など) やデータベース (PubMed など) の利用方法を Linux 上で習得する。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b> BLAST, FASTA, Clustal W などの定番ツールから、最新の統合パッケージまで、ゲノム解析に必要な最新の技術を習得する。実際の研究を進めるにあたり、最新の研究成果を交えて行う。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. アセンブルと ORF 予測 断片的な塩基配列からの contig を作製 (アセンブル) さらにその配列から open reading frame の予測を行う。いくつかの標準的なツールを並行して利用し傾向の違いをみる。</li> <li>2. Homology と系統解析 塩基配列、アミノ酸配列の相同性解析と、そこに原理をおいた系統解析について、BLAST、FASTA、Clustal W などを用いて解析を行う。</li> <li>3. 蛋白モチーフと立体構造 様々な蛋白質のモチーフ解析を HMMProfam を用いて行う。また蛋白質や RNA の立体構造に関して Rasmol や RNAfold を用いた解析を行う。</li> <li>4. cDNA 解析、マッピングとプロモーター予測 cDNA とゲノムとの比較からイントロン領域の予測ならびに上流に存在するプロモーターの予測を行う。</li> <li>5. トランスクリプトーム、プロテオーム解析 マイクロアレイデータを用いた遺伝子ネットワーク解析をクラスタリングソフトを用いて行う。またプロテオーム解析に関するツールの紹介を行う。</li> <li>6. 代謝 様々な有機化合物の構造や機能を予測するツールを紹介する。また細胞内の代謝反応予測を ARM を用いて行う。</li> <li>7. 文献検索とデータベース PubMed を有効に効率よく用いて生物学文献情報の検索を行う方法を紹介する。またウェブ上にある様々なデータベースの利用方法について解説する。</li> </ol>	
参考文献・資料		
履修の前提条件	ゲノム科学概論、バイオインフォマティクス実習 (遺伝子解析プログラミング)	
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

統合システムバイオロジストテクニカルスキル

シラバス

科目名	ゲノム解析アルゴリズム実習	
区分	バイオインフォマティクス解析コース	(座学と実習)
スキル項目	バイオインフォマティクス解析技術	
対象者	統合システムバイオロジスト導入レベル保有者	
到達目標レベル	初級レベル	
時間	講義 8 時間 実習 2 時間 x 5日	
科目目的	ゲノム解析において、大量のデータから有益情報を引き出すためには、高度なアルゴリズムにより、生化学情報を効率良く処理することが不可欠である。そうしたアルゴリズムの中で、核酸・アミノ酸のアラインメント、隠れマルコフモデル、遺伝子発現データのクラスタリングといった基本的かつ重要なものについて理論的な説明を行い、併せて、実際にC言語などを用いてアルゴリズムの実装を行う。こうしたアルゴリズムの効果的利用により、ゲノムからの遺伝子探索、遺伝子の機能予測、遺伝子制御構造の推定等が可能となる。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b> 大腸菌のような下等生物からヒトのような高等生物まで様々な生物種のゲノム配列情報に加え、ゲノムワイドな遺伝子発現のデータなど、高次の生化学情報も蓄積されてきている。これらの膨大な量のデータから何らかの有益な情報を引き出すためには生化学情報を効率良く処理するための高度なアルゴリズムが必要不可欠である。そこで本科目ではその中でも特に基本的かつ重要な核酸・アミノ酸のアラインメント、隠れマルコフモデル、遺伝子発現データのクラスタリングについて理論的な説明を行うとともに、実際にC言語などを使ってアルゴリズムの実装を行う。これらのアルゴリズムを効果的に使えば、ゲノムから遺伝子の探索を行ったり、遺伝子の機能予測を行ったり、遺伝子の制御構造を推定したりすることが原理的には可能である。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. オリエンテーション / 初心者用C言語講座 最近、ヒトゲノムの読み取りが話題になったが、次の重要なステップはゲノム中の遺伝子領域を推定することと、その遺伝子の機能を探ることである。ここでアルゴリズムがどのように役立っているか紹介する。またC言語の復習を行う。</li> <li>2. 再帰アルゴリズム 自分自身を呼び出す手続きである再帰アルゴリズムの復習を行う。これは本科目で扱うアルゴリズムの基本となる。</li> <li>3. アラインメントアルゴリズム(1) アラインメントとは、核酸配列やアミノ酸配列で相同性の高い部分を揃えることである。まずアラインメント問題の定式化を行う。</li> <li>4. アラインメントアルゴリズム(2) 動的計画法を用いたより高速なアラインメントアルゴリズムについて解説する。</li> <li>5. アラインメントアルゴリズム(3) アラインメントにGAPを入れるときのペナルティ計算法について考える。</li> <li>6. 隠れマルコフモデル(1) 隠れマルコフモデルは塩基配列やアミノ酸配列を扱う上で有効な確率モデルであり、遺伝子領域の推定などに使われる。ここではその概要についてまず解説する。</li> <li>7. 隠れマルコフモデル(2) 与えられた配列から尤も通った可能性の高い経路を推定する Viterbi のアルゴリズムの実装を行う。</li> <li>8. 階層的クラスタリングアルゴリズム(1) 遺伝子発現データから共通な制御因子によって制御されている遺伝子群を推定することが可能なクラスタリングの基本を学ぶ。</li> </ol>	



科目概要	<p>9 . 階層的クラスタリングアルゴリズム(2) 階層的クラスタリングの実装を行う。</p> <p>10 . k 平均アルゴリズム(1)</p> <p>11 . k 平均アルゴリズム(2)</p> <p>12 . 自己組織化マップ(1)</p> <p>13 . 自己組織化マップ(2)</p>
参考文献・資料	<p>Durbin, R. 他著 阿久津達也他訳「バイオインフォマティクス」 医学出版</p> <p>中村春木、中井謙太 著「バイオテクノロジーのためのコンピュータ入門」 コロナ社</p>
履修の前提条件	<p>受講者はプログラミング言語（できればC言語）を習得していること。</p> <p>「バイオインフォマティクス実習（遺伝子解析プログラミング）」を履修済みであれば、なおよい。</p>
達成度評価方法	到達度テストによる評価
備考	

科目名	生命システム数理解析概論	
区分	バイオインフォマティクス解析コース	(座学)
スキル項目	シミュレーション解析技術	
対象者	統合システムバイオロジスト導入レベル保有者	
到達目標レベル	初級レベル	
時間	講義 10 時間	
科目目的	生物学においては、今世紀に入り、システムとして生命を把握しようという新たなアプローチが重要な位置を占めつつある。すなわち、生命現象解析において、システム解析技術とその基盤である数学が強力な武器となってくる。そこで本科目では、生命システム解析の手法として、生命現象のモデル化、その振舞いの解析、フィードバックによるモデル改築等を学ぶ。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b></p> <p>生命現象のモデルを構築し、検証する方法の基礎を学ぶ。前半は、微分方程式の基礎と、それによっていかに多彩な現象をモデル化できるかを学ぶ。また、数理モデル化という目的に即して生体システムの特質を捉え、そのモデル化を考える。後半は、実際にモデリングをする際に重要となる応用知識に話題を限定して説明する。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. イントロダクション、生物学・医学の知識体系 生物学・医学を支える諸分野について概説し、それぞれが立脚する理念、相互関係について俯瞰し、ある現象を理解するために、どういったアプローチの複合が有効かを探る。</li> <li>2. シミュレーションによってわかること シミュレーションすることによって明らかにされることは何なのかを考える。また、生命現象を数理モデル化し、理解を深めようとする試みは古くから行われてきた。生態学的なマクロなモデルから、ミクロな分子モデルまで、生命現象にまつわるさまざまなモデルを見渡す。</li> <li>3. 代謝反応のモデリング 生化学領域のモデリングについて学ぶ。中でも生命現象の主幹のひとつである代謝反応について考える。細胞内の代謝反応をモデル化するための考え方として化学量論、物質収支について学び、簡単なモデルを眺めてみる。酵素の動的な振る舞いを解析するための酵素反応速度論について概説する。</li> <li>4. 膜興奮のモデリング 生理学領域のモデリングについて学ぶ。生理学は、機能に注目して現象を解釈しようとする学問領域であるため、数理モデルの構築が数多く行われてきた。その中でも神経細胞の膜興奮をモデル化したホジキン・ハクスレイのモデルと、それを発展拡張したイオンチャンネルモデルについて概説する。</li> <li>5. 細胞モデリングの未来 細胞や生物個体をモデル化する上で、現在確立されている技術について俯瞰する。</li> <li>6. 時系列解析入門 システム工学という学問の成果を生命システムに適用することを解析する。ロバスト性、カオス、振動などの生命システム現象を具体例を使って体験する。</li> <li>7. 感受性解析 感受性解析は、薬剤の候補となる物質を見つけるのに役立つ手法として期待されている。</li> <li>8. システム制御 システム制御工学の細胞シミュレーションへの応用として、波形からシステムに潜む特徴を読み取る方法を紹介する。</li> <li>9. 数値最適化 人工知能の細胞シミュレーションへの適応として、各種パラメータ推定法(最急降下法、BFGS法、GAなど)の基本原則、使いどころ、問題点を説明する。</li> </ol>	

科目概要	<p>10. 代謝流束均衡解析 細胞シミュレーションに必要な情報で、少ない情報しかないときに、一つ上の概念を用いて解析する手法を示す。</p> <p>11. 数値積分 微分方程式で物質の変化量を表現し、それを Runge-Kutta 法という数値積分法で解く。</p>
参考文献・資料	<p>G.N. Stephanopoulos, J. Nielsen, A.A. Aristidou 著 清水浩, 塩谷捨明 訳 「代謝工学 原理と方法論」 東京電機大学出版局  清水和幸 著 「生命システム解析のための数学」 コロナ社  清水和幸 著 「バイオプロセス解析法 システム解析原理とその応用」 コロナ社  (参考書)  シーゲル 「生化学計算法」 廣川書店  伊庭齊志 著 「バイオインフォマティクスシリーズ 遺伝的アルゴリズム」 医学出版  北野宏明 著 「システムバイオロジー 生命をシステムとして理解する」 秀潤社  合原一幸 著 「カオス時系列解析の基礎と応用」 産業図書</p>
履修の前提条件	<p>基礎分子生物学、基礎細胞生物学を習得済み、またはそれと同等以上の生物学知識を持つこと。データ分析の数学力を持つこと。</p>
達成度評価方法	<p>到達度テストによる評価</p>
備考	

統合システムバイオロジストテクニカルスキル

シラバス

科目名	進化数理解析学	
区分	バイオインフォマティクス解析コース	(座学)
スキル項目	シミュレーション解析技術	
対象者	統合システムバイオロジスト導入レベル保有者	
到達目標レベル	初級レベル	
時間	講義 10 時間	
科目目的	<p>遺伝学は、個体間における遺伝を精密に定式化し、解析する必要性の為、生物学においては最も早く数学による厳密性が与えられてきた分野である。本科目である生命システム数理解析学は、数学に支えられた遺伝学の考え方を応用して進化の理解を深めることを目的とし、現在の生態系の特徴や、化石から得られる過去の情報を数理的に解析する学問である。言い換えれば、生命進化のモデル化とそれに基づく解明手法等を学ぶものである。</p>	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b></p> <p>進化という概念は、生物学という体系の中核を構成する重要な一部分であるが、実験科学的な方法で進化を検証することは非常に難しい。その理由は、実験科学における真実の認定は再現性にかかっている。地球上で進行中の我々が観察できる進化は、たった一例の進化系に過ぎない。</p> <p>そこで、科学の言葉で進化を語ろうとすると、それは、理論科学に多くを依ることとなる。ラマルク、ダーウィンを嚆矢に、今日ではドーキンス、メイナード・スミスら、数多くの明晰な理論生物学者たちが、進化について考察を進めてきた。</p> <p>本科目では、進化を巡る理論を概観しつつ、進化する実体としての生物について考察を深めるとともに、演習などを通して、数理モデルが自然の実体をいかに写し取ることができるかを理解することをめざす。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1．進化をめぐる諸理論</li> <li>2．自然淘汰による進化</li> <li>3．集団のモデル</li> <li>4．二倍体集団における進化</li> <li>5．自然集団における変異性</li> <li>6．二つ以上の遺伝子座での進化</li> <li>7．表現型の進化のモデル</li> <li>8．有限で構造のある集団</li> <li>9．遺伝コードの起源</li> <li>10．真核生物の起源</li> <li>11．複雑な生物の進化へのアプローチ</li> </ol>	
参考文献・資料	ジョン・メイナード＝スミス著 巖佐庸、原田祐子 訳「進化遺伝学」 産業図書 1995, 378 p.	
履修の前提条件	データ分析の数学力	
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

統合システムバイオロジストテクニカルスキル

シラバス

科目名	バイオインフォマティクス実習（遺伝子解析プログラミング）	
区分	バイオインフォマティクス解析コース	（座学と実習）
スキル項目	ゲノム塩基配列情報解析技術	
対象者	統合システムバイオロジスト導入レベル保有者	
到達目標レベル	初級レベル	
時間	講義 6 時間 実習 3 時間 × 7 日	
科目目的	遺伝子情報処理に有効なプログラミング言語 Perl の実習を行い、GC 含有量の計算など初歩的な遺伝子情報処理の課題に取り組む。その後、プロジェクトに分かれて実際の DNA 配列を用いて生物学的に興味深い事例に対して解析を行う。科目終了時には、プロジェクトの成果報告会を開催する。論文や無償ソースプログラミングを読み解き、新規アルゴリズムのプログラミングを行える能力の習得を目的とする。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b></p> <p>初歩的な遺伝子情報処理のためのプログラミングを習得し、実際に DNA 配列をコンピューターで解析して生物学的に面白い傾向を見つける。大腸菌をはじめ様々なバクテリアの全ゲノム配列、ヒトやマウスなど高等生物のゲノム配列のデータから何か生物学的な手がかりを得るためのコンピューターによる遺伝子情報処理に有効なプログラミング言語 Perl の実習を行い、GC 含有量の計算など初歩的な遺伝子情報処理の課題に取り組む。その後、プロジェクトに分かれて実際の DNA 配列を用いて生物学的に面白そうな解析を行う。学期の最後には、プロジェクトの成果報告会を開催する。これらの活動を通じてプログラミングを習得する。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. オリエンテーション / 初心者用プログラミング講座 遺伝子とは何か、DNA とは何か、など分子生物学の基本について説明する。その上で遺伝子情報処理がいかに重要となるかを説明する。ヒトゲノムプロジェクトなどの成果も紹介する予定。また遺伝子配列解析に有効なプログラミング言語 Perl の実習を行う。</li> <li>2. 初心者用プログラミング講座 Perl 実習 2 回目。ファイル操作や for 文、while 文などの構文について学ぶ。</li> <li>3. 初心者用プログラミング講座 Perl 実習 3 回目。ハッシュや関数について学ぶ。</li> <li>4. 初心者用プログラミング講座 Perl 実習 4 回目。リファレンスについて学ぶ。</li> <li>5. 遺伝子情報処理の基礎 塩基配列データ GenBank の初歩的な解析を Perl を使って行う。</li> <li>6. 遺伝子情報処理の基礎 GenBank の初歩的な解析。</li> <li>7. ~12. プロジェクト 各グループに分かれてプロジェクト開始。</li> <li>13. 成果発表会 PowerPoint などを使って成果の口頭発表を行う。</li> </ol>	
参考文献・資料	中村春木、中井謙太 著「バイオテクノロジーのためのコンピュータ入門」 コロナ社（1995） エリー・クリグリー 著「Perl 入門」 プレンティスホール（1997） 水島洋 著「バイオインフォマティクスのための Perl 入門」 オライリー・ジャパン	
履修の前提条件	情報処理に関する基礎知識	
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

統合システムバイオリジストテクニカルスキル

シラバス

科目名	代謝・遺伝子ネットワーク論	
区分	シミュレーション解析コース	(座学)
スキル項目	既存ソフト利用解析技術	
対象者	統合システムバイオリジスト初級レベル保有者	
到達目標レベル	中級レベル	
時間	講義 10 時間	
科目目的	<p>本科目の目的は、「遺伝子ネットワーク（遺伝子・RNA・蛋白質）とその解析手法の理解」、「遺伝子ネットワークシミュレーション構築・解析の知識・技術の習得」の二つである。また、取り扱う内容としては細胞内制御システムの解説、細胞内ネットワーク解析の実験技術とデータの解釈、シミュレーションモデルの手法と構築、シミュレーションモデルの解析手法などが挙げられる。</p>	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b> 細胞を構成する基本システムを代謝システム、遺伝子発現システム、蛋白質-蛋白質間相互作用 (PPI) の3つに分類し、シミュレーションするためのアルゴリズムや、現象の数式化と実験によるパラメータの求め方を通して、これら3つのシステムをモデル化する方法の習得を目指す。また、シミュレーションモデルを構築する上で重要な、目的の設定とそれに見合ったモデル化範囲の設定や、構築したモデルの解析法についても取り扱う。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. 代謝ネットワーク概論：基礎的な実験解析手法とシミュレーション技法 代謝シミュレーション構築のための実験がどのようなデータの習得を目的として行われているのかを簡単に解説する。</li> <li>2. 代謝ネットワーク(I)：代謝ネットワークの実験解析手法 代謝流束の測定法や物質量の定量法など、酵素反応速度論で必要とされる実験技術の原理について解説する。</li> <li>3. 代謝ネットワーク(II)：高度な反応速度論 King-Altman 法、MWC モデルなど高度な反応速度論を解説する。</li> <li>4. 代謝ネットワーク(III)：動的な代謝モデルの構築法 実験データをどのように反応速度式に当てはめていくのかについて解説する。また、S-System などの反応速度論とは異なる手法で構築される動的モデルについても解説する。</li> <li>5. 代謝ネットワーク(IV)：静的な代謝シミュレーション手法とモデル解析法 代謝流束モデルを中心とした静的なモデル化手法について解説する。また、動的・静的なモデルの解析法についても解説する。</li> <li>6. 遺伝子ネットワーク(I)：遺伝子ネットワークの表現法 遺伝子ネットワークをモデル化するための手法を紹介する。</li> <li>7. 遺伝子ネットワーク(II)：蛋白質間相互作用の表現法 蛋白質間相互作用をモデル化するための手法を紹介する。</li> <li>8. 遺伝子ネットワーク(III)：実験解析手法 遺伝子ネットワークのモデルを構築するための実験手法について解説する。</li> <li>9. 遺伝子ネットワーク(IV)：実験データ解析 実験によって得られたデータのシミュレーションモデルへの適用手法について解説する。</li> <li>10. 遺伝子ネットワーク(V)：遺伝子ネットワークの予測・解析 遺伝子ネットワークの予測手法と解析手法について解説する。</li> </ol>	
参考文献・資料	<p>ニールセン他著 「代謝工学 原理と方法」 ISBN: 4501619104 ; (2002/06) Computational Analysis of Biochemical Systems, Voit 著 ISBN: 0521785790 The Regulation of Cellular systems, Schuster 他著 ISBN: 0412032619 Computational Cell Biology, Tyson 他著 ISBN: 0387953698 Enzyme Kinetics, Segel 著 ISBN: 0471303097</p>	

履修の前提条件	「バイオシミュレーション実習」、「生命システム数理解析概論」、「基礎分子生物学」、「基礎細胞生物学」と同等以上の知識を必要とする。
達成度評価方法	到達度テストによる評価
備考	

統合システムバイオロジストテクニカルスキル

シラバス

科目名	バイオシミュレーション実習	
区分	シミュレーション解析コース	(座学と実習)
スキル項目	モデル構築技術、細胞内相互作用解析、統合的細胞シミュレーション解析	
対象者	統合システムバイオロジスト初級レベル保有者	
到達目標レベル	中級レベル	
時間	講義 6 時間 実習 3 時間 × 2日	
科目目的	細胞内の素過程のうち主に代謝系を中心に、実際の文献から得られたデータを元にした細胞シミュレーションモデルを構築してそのダイナミックな挙動の解析(細胞内相互作用ネットワークの予測など)を行う。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b> 細胞シミュレーションソフトの E-Cell システムの知識・技術を習得する。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1 . Installing E-Cell</li> <li>2 . In Silico Experiments in E-Cell (LTD Model)</li> <li>3 . Modeling a Toy Pathway</li> <li>4 . Modeling Erythrocyte Glycolysis</li> <li>5 . Scripting in E-Cell</li> <li>6 . C++ Algorithm Module</li> <li>7 . Python Algorithm Module</li> <li>8 . E-Cell Session Manager</li> <li>9 . Composite Model</li> </ol>	
参考文献・資料	松原謙一、榊佳之監修「ゲノム情報生物学」 中山書店(2000)	
履修の前提条件	生化学、数学、コンピューター基礎	
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		



統合システムバイオロジストテクニカルスキル

シラバス

科目名	システムバイオロジー概論	
区分	システムバイオロジー基盤技術コース	(座学)
スキル項目	システム生物学的な解析	
対象者	統合システムバイオロジスト導入レベル保有者	
到達目標レベル	初級レベル	
時間	講義 10 時間	
科目目的	21 世紀の人類に課せられた最も重要な使命のひとつには、生命のしくみを明らかにし理解することがあげられる。本科目においては、遺伝子レベルおよび分子レベルの生命のしくみを学びながら、ゲノム情報に基づく生命のシステムの理解（代謝系の再構築、遺伝子の相互作用推定、細胞シミュレーション）に対する基礎概念を習得することを目的とする。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b></p> <p>21 世紀は生命科学の時代として、クローン羊や遺伝子組換え野菜、遺伝子治療などの議論の前提として、遺伝子のしくみや働きを理解する。ヒトは 60 兆個の細胞からなる複雑なシステム、生命のしくみを遺伝子レベルの基本から学び、生命の不思議を考える。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. 遺伝子と DNA 遺伝子とは何か。DNA とは何か。ゲノムとは何か。ゲノムプロジェクトとは何か。</li> <li>2. 蛋白質の働き 蛋白質と遺伝子。蛋白質の立体構造。蛋白質の機能（構造体、酵素、モーター、輸送、貯蔵、シグナル、受容体、ポンプ、DNA 複製、蛋白質合成、遺伝子調節）。</li> <li>3. 遺伝子の発現と制御 遺伝子から蛋白質が合成されるしくみ（転写と翻訳）。DNA と RNA。</li> <li>4. 発生のメカニズム 遺伝子発現の鍵と鍵穴。マスターキー遺伝子。ホメオティック遺伝子。</li> <li>5. 癌のメカニズム DNA は変異する。癌とは細胞分裂の暴走である。RAS 遺伝子と P53 遺伝子。色素性乾皮症。細胞の自殺「アポトーシス」。遺伝子治療。</li> <li>6. 老化のメカニズム なぜヒトは老いるのか。情報劣化説（エラー蓄積説）とプログラム説。早期老化症。細胞分裂回数に上限があるという Hayflick 現象。</li> <li>7. バイオビジネス バイオ関連産業の市場。世界のバイオビジネス。</li> <li>8. 性のメカニズム なぜ雄と雌があるのか。性システムの起源と進化。クラミドモナスの DNA 組換え。クラゲの雄雌。ホヤの受精。珊瑚の受精。高等生物の受精。</li> </ol>	
参考文献・資料		
履修の前提条件	基礎分子生物学を履修していること。	
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

統合システムバイオロジストテクニカルスキル

シラバス

科目名	生命情報科学	
区分	システムバイオロジー基盤技術コース	(座学)
スキル項目	システム生物学的な解析	
対象者	統合システムバイオロジスト導入レベル保有者	
到達目標レベル	初級レベル	
時間	講義 10 時間	
科目目的	<p>本科目は分子生物学、遺伝学、ゲノム科学、脳科学の基本的なことがらを学びながら、生命科学と情報科学の境界領域である「生命情報科学」の最新の動向を学び、ゲノム情報に基づく生命のシステム的理解（代謝系の再構築、遺伝子の相互作用推定、細胞シミュレーション）に対する基礎概念を習得することを目的としている。</p>	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b></p> <p>21 世紀は遺伝子情報に基づく新しい生命科学の時代であり、現在世界中で進められているゲノムプロジェクトによって、すでに 100 種を超える生物種の DNA 配列（生命の設計図）が読み取られ、パブリックのデータベースに格納されている。20 世紀の生物学は実験・観察といった経験的な学問だったが、21 世紀は生命の設計図（ゲノム）をコンピューターで解読しながら生物のしくみや振る舞いを考える、極めて論理的な学問へと大きく変わると考えている。</p> <p>ヒトの DNA 配列も 2003 年には 99% が読み取られた。DNA 配列から個々の患者の体質を正確に把握し、コンピューターで分析・シミュレーションして、最適な薬を最適な量だけ投与する、といった「カスタムメイド医療」の時代がもう直ぐそこまで来ている。また遺伝子情報が社会に与えるインパクトも大きく、生命倫理やプライバシー、特許や法律に係わるさまざまな社会問題を解決しなければならない一方、年間 10 兆円の産業を生み出すとも言われている。</p> <p>一方で、生命の進化とはゲノム配列の進化のことであり、ゲノム情報には生命進化の歴史が刻み込まれている。40 億年の生命進化の謎を解明するためにもゲノム情報はきわめて重要な役割を持っている。</p> <p>本科目はゲノム科学と脳科学の最近のトピックを議論し、特に「進化」に重点を置きながら「生命情報科学」の最新の動向を学ぶ。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. 「ゲノムと生命の起源」</li> <li>2. 「ゲノムと生命進化」</li> <li>3. 「ゲノム情報科学」</li> <li>4. 「分子進化学」</li> <li>5. 「脳と進化」</li> <li>6. 「心と進化」</li> <li>7. 「性格と遺伝子 / 脳の機能障害」</li> </ol>	
参考文献・資料		
履修の前提条件	「システムバイオロジー概論」	
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

統合システムバイオロジストテクニカススキル

シラバス

科目名	ゲノム科学概論	
区分	システムバイオロジー基盤技術コース	(座学)
スキル項目	ゲノムサイエンスに基づく解析	
対象者	統合システムバイオロジスト導入レベル保有者	
到達目標レベル	初級レベル	
時間	講義 10 時間	
科目目的	ゲノム情報に基づく生命の理解、特にゲノムの構造から塩基配列の決定まで、一連の流れを実験技術と関連して習得することを目的とする。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b>                      ゲノムサイエンスは 21 世紀の生物学を担う学問の一つであり、統合システムバイオロジストにとって必須の学問分野である。ゲノムサイエンスの基本的な事象から、最先端の議論にまで解説を行う。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. ゲノムの構造                          生物種によるゲノム構造の相違点と共通点から生命におけるゲノムの概念を再構築していく。細胞小器官のゲノムの特性とその成り立ちについて概説し、ゲノム構成についての考察を行う。</li> <li>2. トランスクリプトームとプロテオーム                          ゲノム構造の理解からゲノム機能への展開をポストゲノム研究としてのトランスクリプトームとプロテオームについて概説を行う。</li> <li>3. DNA を知る                          DNA の切断、修飾、連結といった組み換え DNA 技術に用いられる酵素類についての性質と使用方法について解説する。PCR を用いた DNA 増幅技術と DNA クローニング技術について概説する。</li> <li>4. ゲノム地図の作成                          ゲノムの塩基配列を決定するためにどのような方法が採られているかを述べ、その中で基本となる遺伝地図作成について解説する。ゲノムの物理地図作製によって実際に塩基配列決定を行うまでに行われる操作について解説する。</li> <li>5. ゲノムの塩基配列を調べる                          DNA の塩基配列決定法に関し、ジデオキシ法、ショットガン法などに焦点をあて、具体的に解説する。様々な種の全ゲノム配列の決定及びヒトゲノム計画に関して概説すると同時に、これらの結果がもたらした生命科学上の意味について考察する。</li> <li>6. ゲノムの配列解析                          ゲノムの構造に関して塩基配列からのアプローチを学ぶ。特に遺伝子の見つけ方や機能推定の方法に関して概説する。ゲノムレベルの転写解析と機能推定に関して、DNA マイクロアレイ法や RNAi 法などの具体的な実験方法に言及しながら概説する。また比較ゲノム学がもたらす成果に関して述べる。</li> </ol>	
参考文献・資料	T.A.BROWN 著 村松正實監訳「ゲノム 2 新しい生命情報システムへのアプローチ 第2版」メディカル・サイエンス・インターナショナル	
履修の前提条件	基礎細胞生物学及び基礎分子生物学を習得していることが望まれる。	
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

科目名	ポストゲノム科学概論	
区分	システムバイオロジー基盤技術コース	(座学)
スキル項目	ポストゲノムサイエンスに基づく解析	
対象者	統合システムバイオロジスト導入レベル保有者	
到達目標レベル	初級レベル	
時間	講義 10 時間	
科目目的	本科目では、ゲノム構造やゲノム解析の実験手法を中心として、DNA 複製、転写、RNA プロセッシング等、様々な遺伝子制御機構の詳細やプロテオーム解析研究について解説する。また、ゲノム変異、組換え等の事象検討を経て、系統・進化学的な議論にまで及ぶ。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b>                  ゲノムサイエンスで学んだ、ゲノムの構造やそれを解析するための実験手法を基軸に据えながら、DNA 複製、転写、RNA プロセッシング等、様々な遺伝子制御機構の詳細やプロテオーム解析研究を解説する。また、ゲノムの変異、組換えなどの事象を検討し、最終的には系統・進化学的な議論を行う。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. 「ゲノムへの接近」                      真核生物のゲノムの活性化（遺伝子の転写活性化）に、クロマチンの構造変化を引き起こすヒストンの修飾や DNA のメチル化を中心に、遺伝子発現制御について概説する。</li> <li>2. 「転写開始複合体の構築」                      転写開始複合体が遺伝子のプロモーター領域に形成される重要な役割を果たす DNA 結合蛋白質を中心に、方法論を交えながら解説する。</li> <li>3. 「転写開始調節と mRNA の合成」                      遺伝子の発現パターンは、一般的にプロモーター等に存在する特異的 DNA 配列に転写活性化（抑制）因子が結合することによって誘導される。これら転写因子が転写開始にどのように働きかけるかを概説し、mRNA の合成が進行するまでを説明する。</li> <li>4. 「mRNA および非コード RNA のプロセッシング」                      mRNA および rRNA、tRNA などの非コード RNA は、転写されると同時に様々な修飾を受けて、蛋白質の翻訳工場に組み込まれる。細菌や真核生物で起こる RNA の種々のプロセッシングについて概説する。</li> <li>5. 「プロテオームの合成とプロセッシング」                      ゲノム発現による細胞内での蛋白質合成に関して、遺伝コードと tRNA の関係、アミノ酸のポリペプチドへの重合と、合成された蛋白質が機能を発揮するために重要な各種のプロセッシングと最終的な蛋白質分解について概説する。</li> <li>6. 「ゲノム機能の調節」                      分化と発生の違いと、その基礎となるゲノムの発現調節を概説する。細胞外シグナル化合物がゲノム機能を一過性に变化させる様式について、ゲノム機能の永続的变化と半永続的变化が起こる様式について概説する。</li> <li>7. 「ゲノムの複製」                      DNA の半保存的複製の機構について、DNA のトポロジー問題、複製開始・終結機構、複製フォークを中心に概説する。真核生物におけるテロメアの役割と細胞老化やがんとの関連性を概説する。またゲノム複製と細胞周期の協調性について概説する。</li> <li>8. 「変異、修復、組換え」                      ゲノムに変異が起こる要因と、それを修復する分子機構ならびに組換え機構に関して概説する。</li> <li>9. 「ゲノムの進化」                      ゲノムの進化に関する分子メカニズムは多くの場合は仮説の域を出ない。代表的な遺伝子進化のメカニズムに関して議論する。</li> </ol>	

科目概要	10.「分子系統学」 DNA やアミノ酸の変異率に基づいた系統樹作成法に関して述べるとともに、これらを用いた生物種の起源や古生物学的な問題に関して議論する。
参考文献・資料	T.A.BROWN 著 村松正實監訳「ゲノム2 新しい生命情報システムへのアプローチ 第2版」 メディカル・サイエンス・インターナショナル
履修の前提条件	基礎細胞生物学及び基礎分子生物学、ゲノム科学概論
達成度評価方法	到達度テストによる評価
備考	

統合システムバイオロジストテクニカルスキル

シラバス

科目名	遺伝子解析実験	
区分	システムバイオロジー・基盤技術コース	(座学と実習)
スキル項目	遺伝子工学解析技術	
対象者	統合システムバイオロジスト導入レベル保有者	
到達目標レベル	初級レベル	
時間	講義 10 時間 実習 3 時間 x 10 日	
科目目的	生物実験基礎で習得した実験手技を駆使して、自らの手で遺伝子解析を行うことにより、遺伝子工学的手法の長所・短所について理解することを目標とする。アルコール分解酵素の遺伝子解析を通して代表的な遺伝子工学手法を理解する。遺伝子工学を用いた遺伝子型の初歩的な実験解析手法を習得することを目的とする。	
科目概要	<p>【全体概要】</p> <p>受講生自身のアルコール分解酵素の遺伝子解析について、毛髪からゲノム DNA を抽出し、PCR-RFLP 法、塩基配列決定法などの代表的な遺伝子工学手法を用いて、各自のアルコール分解酵素の遺伝子型を明らかにする。</p> <p>【詳細概要】</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. 実習概要の説明・試薬準備</li> <li>2. パッチテスト：アルコール感受性の確認</li> <li>3. DNA の抽出：毛髪からのゲノム DNA 抽出</li> <li>4. ALDH 遺伝子の増幅：PCR 法による特定遺伝子の増幅</li> <li>5. RFLP 法による ALDH 遺伝子のタイピング</li> <li>6. ALDH 遺伝子断片のクローニング</li> <li>7. クローニングベクターの大腸菌内での増幅</li> <li>8. 増幅したベクターからの DNA 抽出</li> <li>9. DNA シーケンサーを用いた ALDH 遺伝子の塩基配列決定</li> </ol>	
参考文献・資料	<p>中山広樹 著「バイオ実験イラストレイテッド 3+ 本当にふえる PCR」 秀潤社</p> <p>Malacinski・Freifelder 著「分子生物学の基礎 第3版」 東京化学同人</p> <p>Kathy Barker 著 中村敏一 監訳「アット・ザ・ベンチ バイオ研究完全指南」 メディカル・サイエンス・インターナショナル</p>	
履修の前提条件	基礎分子生物学実験、基礎分子生物学、基礎細胞生物学	
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

統合システムバイオロジストテクニカルスキル

シラバス

科目名	ゲノムシーケンス実習	
区分	システムバイオロジー網羅的解析技術コース	(座学と実習)
スキル項目	ゲノム物理地図構築、ゲノムライブラリーの構築、塩基配列決定、ゲノム塩基配列編集、ゲノム配列解析、統合的ゲノム塩基配列解析	
対象者	統合システムバイオロジスト初級レベル保有者	
到達目標レベル	中級レベル	
時間	講義 10 時間 実習 3 時間 × 10 日	
科目目的	ゲノム中に書き込まれている遺伝情報の実験による抽出とそのデジタル・データへの変換を実際の微生物ゲノムでの研究を通して習得する。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b>                  特定微生物を選択し、ホールゲノムショットガン法を用いて塩基配列の決定を行う。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <p>1. ゲノム物理地図構築</p> <p>1 - 1. Genome DNA 抽出・精製</p> <p>1 - 2. Genome DNA の制限酵素処理</p> <p>1 - 3. パルスフィールドゲル電気泳動およびその解析</p> <p>2. ゲノム塩基配列決定</p> <p>2 - 1. Genome DNA ショットガンライブラリーの構築とその評価</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>・ Genome DNA の断片処理</li> <li>・ アガロースゲル電気泳動による DNA Size 分画と DNA 抽出・精製</li> <li>・ DNA 平滑末端化反応</li> <li>・ ベクターDNA へのライゲーション反応</li> <li>・ 大腸菌宿主へのエレクトロポレーション反応</li> <li>・ コロニーピッキング装置によるライブラリーの構築</li> <li>・ 96 ウェルフォーマットでのライブラリーの培養</li> <li>・ 96 ウェルフォーマットでの自動 plasmid DNA 抽出・精製</li> <li>・ 96 ウェルフォーマットでの plasmid DNA のインサート確認 PCR 反応</li> <li>・ 96 ウェルフォーマットでの電気泳動およびその解析</li> </ul> <p>2 - 2. ショットガンシーケンスとその評価</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>・ 96 ウェルフォーマットでのシーケンス反応</li> <li>・ 自動キャピラリーシーケンサーによる塩基配列決定とその解析</li> </ul>	
参考文献・資料	Molecular Cloning (CSHL press)	
履修の前提条件	基礎遺伝子組換え実験、遺伝子解析実習、基礎分子生物学実験、ポストゲノム科学概論、ゲノム科学概論、基礎細胞生物学、基礎分子生物学	
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

統合システムバイオロジストテクニカルスキル

シラバス

科目名	分子生物情報科学	
区分	システムバイオロジー網羅的解析技術コース	(座学と実習)
スキル項目	統合的ゲノム塩基配列解析	
対象者	統合システムバイオロジスト初級レベル保有者	
到達目標レベル	中級レベル	
時間	講義 5 時間 実習 2 時間 x 4日	
科目目的	近年様々な生物種のゲノム配列や遺伝子発現データが蓄積され、情報科学がこれら大量の生化学データを解析する上でますます重要になってきている。そこで本科目では、ニューラルネットワークや動的計画法など情報科学の中でも近年特に分子生物学で使われるものに関してその基礎理論を習得し、次にそれらを実際に応用するとどのようなことができるかに関して理解することを目的とする。	
科目概要	<p>【全体概要】</p> <p>ニューラルネットワークや動的計画法など情報科学の中でも近年特に分子生物学で使われるものに関してその基礎理論を学び、次にそれらを実際に応用するとどのようなことができるか、塩基配列のパターン認識、RNA 二次構造予測、遺伝子発現データからの転写制御構造の抽出などを題材にして演習を行う。</p> <p>【詳細概要】</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>熱力学の法則と自由エネルギー 物理化学の基本となる熱力学第一法則、第二法則について解説し、自由エネルギーが意味するものを考える。</li> <li>RNA の二次構造予測-Zuker 法 蛋白質に翻訳されずに機能する non-coding RNA が様々な生物に多量に存在し、その一部は重要な機能を持つのではないかとということで近年注目を集めている。一方で、多くの RNA は機能を持つ上でその二次構造は大変重要である。そこで動的計画法を用いて自由エネルギーを最小化するような RNA の二次構造を求めるアルゴリズム Zuker 法について学ぶ。</li> <li>期待値最大化アルゴリズム マイクロアレイデータなど遺伝子発現データから、遺伝子ネットワークを推定する手法としてクラスタリングが広く使われている。ここでは、まず不完全データからパラメータを推定するアルゴリズム「期待値最大化(EM)アルゴリズム」について解説し、そこからクラスタリングアルゴリズムの一種である K-平均アルゴリズムを導出する。</li> <li>情報の集約 コドンバイアスや発現データなどは多次元の情報であり、全体像をひと目で把握するのは難しい。そこで、これら多次元の情報を分かりやすく集約する手法である、主成分分析や自己組織化(SOM)について解説する。</li> <li>人工知能による生物学の研究 (1) 学習の基礎理論 互いに、よく研究された分野である、人工知能と生物学。これらは、独立に研究されてきた。しかし、人工知能とは、本来、問題非依存のものであり、その適用範囲は、研究者の問題設定のセンスで決まる。実際に、近年、遺伝子配列解析などにも応用が行われるようになってきている。この回では、その基礎理論を説明するとともに、まず生物学に固定せずに、色々な応用例を紹介することによって、生物学に適用する際のセンスを育てたい。</li> <li>人工知能による生物学の研究 (2) ゲノムインフォマティクスへの応用 この回では、具体的に行われている、人工知能によるゲノムインフォマティクスの研究を紹介する。最近の研究の動向を探ると共に、我々の最新の研究成果である「ニューラルネットワークを用いた SD 配列の解析とその規則発見」を題材として、その詳細を解説する。具体的な研究手法および結果を聞くことで、各自の研究への応用の可能性を探ってもらいたい。</li> </ol>	



科目概要	<p>7. 人工知能による生物学の研究-(3) 実習</p> <p>前2回の講義をふまえ、実際にニューラルネットワークのプログラムを用いて、自分で設定した簡単なバイオインフォマティクスの問題を解いてみる。この実習によって、実際に自分の研究に応用する際への問題意識をもち、その具体的な解決方法を習得していくことを期待する。</p>
参考文献・資料	<p>R. Durbin, S. Eddy, A. Krogh, G. Mitchison 著、阿久津達也 他訳「バイオインフォマティクス 確率モデルによる遺伝子配列解析」 医学出版(2001)</p> <p>岩田彰 編著「ソフトコンピューティング」 オーム社(2000)</p> <p>武藤佳恭、斎藤孝之 監修「応用事例ハンドブック ニューラルコンピューティング」 共立出版(2001)</p> <p>Marc M. Van Hulle 著 徳高平蔵、藤村喜久郎 監訳「自己組織化マップ - 理論・設計・応用」 海文堂出版(2001)</p>
履修の前提条件	ゲノム解析アルゴリズム実習
達成度評価方法	到達度テストによる評価
備考	

統合システムバイオロジストテクニカルスキル

シラバス

科目名	トランスクリプトーム解析実習	
区分	システムバイオロジー網羅的解析技術コース	(座学と実習)
スキル項目	網羅的発現遺伝子解析、特定遺伝子発現解析	
対象者	統合システムバイオロジスト初級レベル保有者	
到達目標レベル	中級レベル	
時間	講義 5 時間 実習 3 時間 x 4日	
科目目的	細胞内遺伝子発現解析の研究手法(細胞内全遺伝子の網羅的な発現比較解析、特定遺伝子に関する発現解析、cDNA の構築とそれを用いた発現解析)に関する知識・技術を習得する。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b></p> <p>細胞内遺伝子発現解析の研究手法(細胞内全遺伝子の網羅的な発現比較解析、特定遺伝子に関する発現解析、cDNA の構築とそれを用いた発現解析)に関する知識・技術を習得する。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. 細胞内遺伝子発現解析の研究手法(DNA マクロアレイ解析、DNA マイクロアレイ解析、Gene-Chip 解析)</li> <li>2. 細胞による mRNA 抽出法</li> <li>3. 特定遺伝子発現の可視化(蛍光プローブ法、抗体法、化学修飾法)</li> <li>4. 逆転写酵素による抽出 mRNA の cDNA 化の手法</li> <li>5. 完全長 cDNA 作製法(オリゴキャップ法)</li> <li>6. cDNA ライブラリーのノーマライズ法(ハイブリッド法)</li> <li>7. 発現比較解析法(ディファレンシャルディスプレイ法)</li> <li>8. 定量 PCR 法(TaqMan プローブ法、インターカレーション法、Molecular Beacon 法)</li> <li>9. 有効実験データ抽出に関する統計数学的手法(確率・確率分布、統計的推測、直線回帰、正規分布)</li> <li>10. 多変量解析手法(分散分析、重回帰分析、判別分析、主成分分析、自己組織化分析)</li> </ol>	
参考文献・資料		
履修の前提条件	基礎遺伝子組換え実験、遺伝子解析実習、基礎分子生物学実験、ポストゲノム科学概論、ゲノム科学概論、基礎細胞生物学、基礎分子生物学	
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

統合システムバイオリジストテクニカルスキル

シラバス

科目名	プロテオーム解析実習	
区分	システムバイオロジー網羅的解析技術コース	(座学と実習)
スキル項目	蛋白質発現解析、蛋白質機能解析	
対象者	統合システムバイオリジスト初級レベル保有者	
到達目標レベル	中級レベル	
時間	講義 5 時間 実習 3 時間 × 4 日	
科目目的	本科目では、プロテオーム解析に必要となる蛋白質の基本的な取り扱いについて学ぶことを目的とする。	
科目概要	<p>【全体概要】</p> <p>プロテオーム解析に関する具体的な実験法を解説し、それぞれの実験の生物学的な意味を正確に理解することを目指す。</p> <p>【詳細概要】</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. ガイダンス ゲノムからプロテオームへの研究の流れを概説</li> <li>2. 遺伝子工学の基礎 プラスミドと大腸菌の取り扱い、遺伝子の PCR 増幅法の原理など</li> <li>3. 蛋白質の産生法 大腸菌、酵母、昆虫細胞などを用いた大量発現法 小麦胚芽などの無細胞蛋白質合成系の最近の進展</li> <li>4. 蛋白質の同定・検出法 SDS-PAGE、質量分析法、蛍光標識法、放射性同位体標識法など</li> <li>5. 蛋白質の精製法 ゲル濾過、イオン交換、アフィニティークロマトグラフィーなど 封入体を形成した蛋白質の変性と巻き戻し(リフォールディング)</li> <li>6. 蛋白質の定量法 UV 法、Biuret 法、Lowry 法、Bradford 法など</li> <li>7. 蛋白質の発現解析法 二次元ゲル電気泳動と質量分析法など</li> <li>8. 蛋白質間相互作用解析法 免疫沈降法、酵母ツーハイブリッド法、複合体精製質量分析法など</li> <li>9. 蛋白質-核酸相互作用解析法 ゲルシフトアッセイ法、転写因子の制御ネットワークの解説</li> <li>10. プロテオーム解析の新しい手法(その1) プロテオームチップ、抗体チップによる蛋白質発現解析</li> <li>11. プロテオーム解析の新しい手法(その2) 蛋白質と遺伝子の対応づけ技術、IVV 法による蛋白質相互作用解析</li> <li>12. プロテオーム解析の新しい手法(その3) 細胞内可視化技術による生きた状態での蛋白質機能解析</li> <li>13. まとめ プロテオーム解析の創薬・診断、細胞シミュレーションなどへの応用</li> </ol>	
参考文献・資料		
履修の前提条件		
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

統合システムバイオロジストテクニカルスキル

シラバス

科目名	メタボローム解析実習	
区分	システムバイオロジー網羅的解析技術コース	(座学と実習)
スキル項目	メタボローム解析技術	
対象者	統合システムバイオロジスト初級レベル保有者	
到達目標レベル	中級レベル	
時間	講義 5 時間 実習 3 時間 × 4日	
科目目的	<p>本科目は、生命現象として遺伝子における DNA 塩基配列情報が発現する過程を、物理化学現象として理解するものである。ひとつには、化学構造、生体高分子、分析化学、酵素反応論などの講読、演習を通じ、代謝活動を、生命活動のなかで重点的に捉えていく。また、解析手法として、細胞内代謝物質を網羅的に測定できるメタボローム解析を採用し、細胞内代謝経路で最も重要な解糖系、TCA サイクル等の代謝の反応機構といったメタボローム分析の原理を習得する。更に、代謝物質の一斉分析を習得するため、最先端技術であるキャピラリー電気泳動-質量分析装置 (CE-MS) を用いた実習を行う。</p>	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b> 最新の分析法の理解およびメタボローム分析の実習を行う。 細胞内代謝物質を網羅的に測定するメタボローム解析に焦点をあて、細胞内代謝経路で最も重要な解糖系、TCA サイクル等の代謝の反応機構、メタボローム分析の原理を習得する。次に世界の最先端をいくキャピラリー電気泳動-質量分析装置 (CE-MS) を用いて各代謝物質の一斉分析を実習する。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. キャピラリー電気泳動法 (CE) の装置、原理 最新の分離分析手法であるキャピラリー電気泳動法 (CE) の装置、測定原理を学ぶ。</li> <li>2. CE の応用例 現在 CE は、広い分野で用いられている。その応用例を学ぶ。</li> <li>3. キャピラリー電気泳動-質量分析装置 (CE-MS) の原理 一昨年度ノーベル化学賞を受賞した質量分析法およびキャピラリー電気泳動-質量分析装置 (CE-MS) の原理を学ぶ。</li> <li>4. 細胞からの代謝物質抽出法および CE-MS によるメタボローム測定 細胞からの代謝物質の抽出法および CE-MS によるメタボローム測定法を学ぶ。</li> <li>5. CE-MS 実習 (1) CE-MS によるアミノ酸の分析-1 CE-MS の操作法を習得する。測定に用いるアミノ酸標準液を調製する。</li> <li>6. CE-MS 実習 (2) CE-MS によるアミノ酸の分析-2 CE-MS を用いてアミノ酸標準液を測定する。定量のための検量線を作成する。</li> <li>7. CE-MS 実習 (3) CE-MS による陰イオン性代謝物質の分析-1 測定に用いる解糖系、TCA 回路、ペントースリン酸回路等の陰イオン性代謝物質標準液を調製する。</li> <li>8. CE-MS 実習 (4) CE-MS による陰イオン性代謝物質の分析-2 CE-MS を用いて陰イオン性代謝物質を測定する。定量のための検量線を作成する。</li> <li>9. CE-MS 実習 (4) CE-MS による大腸菌代謝物質の測定-1 大腸菌の培養および代謝物質を抽出する。</li> <li>10. CE-MS 実習 (5) CE-MS による大腸菌代謝物質の測定-2 CE-MS による大腸菌代謝物質を測定する。</li> <li>11. CE-MS 実習 (6) CE-MS による大腸菌代謝物質の測定-3 CE-MS による大腸菌代謝物質を定量する。</li> </ol>	
参考文献・資料	<p>富田勝、西岡孝明 編「メタボローム研究の最前線」 シュプリンガー・フェアラーク東京 「キャピラリー電気泳動入門」 by David N. Heiger 横河アナリティカルシステムズ “Capillary Electrophoresis” by S.F.Y. Li, Elsevier (ISBN0-444-89433-0)</p>	
履修の前提条件	生化学	
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

統合システムバイオロジストテクニカルスキル

シラバス

科目名	代謝工学解析実習	
区分	システムバイオロジー網羅的解析技術コース	(座学と実習)
スキル項目	サンプル調製技術、代謝物質の同定・定量技術	
対象者	統合システムバイオロジスト初級レベル保有者	
到達目標レベル	中級レベル	
時間	講義 5 時間 実習 3 時間 x 5日	
科目目的	<p>本科目では、細胞の代謝に関する基礎を習得するため、代謝の数理解析法および培養の実習を行う。また、細胞の代謝システム解析を行うための基本原理を、実習成果である培養データをもとに解説を行う。更に、in vivo での細胞代謝解析手法の習得を目的に、培養実験実習およびシミュレーション実習を行う。</p>	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b> 細胞の代謝に関する基礎を習得すると同時に、培養データをもとに、細胞の代謝システム解析を行うための基本原理を解説する。また、培養実験実習およびシミュレーション実習を通じて、細胞の代謝を in vivo で解析する手法を具体的に習得させる。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. 代謝の基礎、代謝とは</li> <li>2. 解糖系</li> <li>3. ペント - スリン酸経路、TCA (トリカルボン酸) 回路、その他の経路</li> <li>4. 代謝調節制御機構</li> <li>5. 細胞の培養特性、細胞増殖と代謝物生成パターン、増殖パラメータ</li> <li>6. 回分、流加培養、連続培養 (ケモスタット)</li> <li>7. 細胞のモデリング</li> <li>8. 代謝量論収支</li> <li>9. 酵素反応モデル</li> <li>10. 代謝反応の数式表現とシミュレーション</li> <li>11. 代謝システム解析、代謝流束分布解析の基礎</li> <li>12. 原子写像行列、同位体写像行列</li> <li>13. 代謝流束分布と遺伝子および蛋白質発現</li> <li>14. 大腸菌の培養実験および代謝物の分析</li> </ol>	
参考文献・資料	<p>清水和幸 著「細胞の代謝解析 システム生命科学の基礎と応用」 コロナ社 (2004)</p> <p>清水和幸 著「生命システム解析のための数学」 コロナ社 (1999)</p> <p>清水和幸 著「バイオプロセスの解析」 コロナ社 (1997)</p>	
履修の前提条件		
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

統合システムバイオロジストテクニカルスキル

シラバス

科目名	統合システムバイオロジー特論	
区分	統合システムバイオロジー・リサーチ・コース	(座学)
スキル項目	統合的ゲノム塩基配列解析、統合的なトランスクリプトーム解析、統合的なプロテオーム解析、代謝のシステム解析技術	
対象者	統合システムバイオロジスト中級レベル保有者	
到達目標レベル	上級レベル	
時間	講義 10 時間	
科目目的	<p>学術論文を題材として具体的な実験法を理解しつつ発表されたデータの考察をする。遺伝子のクローニング法、組換え体蛋白質の調製法から、DNA 複製や転写に係わる因子の研究、RNA 学や発生工学に関する論文をとり上げる。すなわち講義毎に Cell や Genes &amp; Development 誌などに発表された関連論文を読み、議論する。これらの過程を通して生命科学における実験系の論文を正確に理解することをめざす。</p>	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b>                  学術論文を題材として具体的な実験法を理解しつつ発表されたデータの考察をする。具体的には、遺伝子のクローニング法、組換え体蛋白質の調製法から、DNA 複製や転写に係わる因子の研究、RNA 学や発生工学に関する論文をとり上げる。すなわち講義毎に Cell、Nature あるいは Genes &amp; Development 誌などに発表された関連論文を読み、議論する。また、大学や研究所で実際に遺伝子研究の最前線にたつ研究者によるセミナーを開催し、議論する。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1 . Gene regulations (1) Transcription                      Northern-blotting, DNA microarray and primer extension assay                      Reporter-gene assays and transcription factors</li> <li>2 . Preparation of recombinant proteins                      Preparation of recombinant proteins in E. coli</li> <li>3 . Gene regulations (2) DNA Replication                      Regulations of DNA replication. Especially focusing on the analysis of replication origin recognition proteins.</li> <li>4 . Gene regulations (3) RNA Splicing                      Splicing and its regulatory proteins</li> <li>5 . Gene regulations (4) RNA                      Non-coding RNAs and RNA-interference (RNAi)</li> <li>6 . Applications of genetic engineering (1)                      Cell differentiation and development                      Developmental biology and cancer</li> <li>7 . Applications of genetic engineering (2)                      Cell differentiation and development                      Regulation of cell cycle</li> <li>8 . Applications of genetic engineering (3)                      Molecular biology for transgenic animals, virus and gene therapy</li> </ol>	
参考文献・資料	T.A. Brown 2002. GENOMES 2nd Edition. BIOS Scientific Publishers Ltd	
履修の前提条件		
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

統合システムバイオロジストテクニカルスキル

シラバス

科目名	プロジェクト研究	
区分	統合システムバイオロジー・リサーチ・コース	(座学と実習)
スキル項目	統合的ゲノム塩基配列解析、統合的なトランスクリプトーム解析、統合的なプロテオーム解析、代謝のシステム解析技術	
対象者	統合システムバイオロジスト中級レベル保有者	
到達目標レベル	上級レベル	
時間	講義 10 時間	実習 約 6 ヶ月
科目目的	ゲノム・ポストゲノムおよびバイオインフォマティクスの関連各分野に関して、学術論文や研究発表などを通して自立的に研究計画立案ができる。	
科目概要	<p>【全体概要】</p> <p>各自研究テーマを設定し、各種技術を使ったバイオロジーのデータ収集とその収集したデータを利用したシミュレーションを組み合わせることにより、生物のメカニズムを解析する。</p> <p>【詳細概要】</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1．研究テーマ設定</li> <li>2．研究スケジュール立案</li> <li>3．実験によるデータ収集</li> <li>4．シミュレーションによる解析</li> <li>5．論文作成</li> </ol>	
参考文献・資料	T.A. Brown 2002. GENOMES 2nd Edition. BIOS Scientific Publishers Ltd Cell 誌 Genes & Development 誌	
履修の前提条件		
達成度評価方法	作成した論文による評価	
備考		

統合システムバイオリジストテクニカルスキル（導入レベル） シラバス

科目名	線形数学	
区分	情報処理基礎コース	(座学)
スキル項目	数学的解析技術	
対象者	IT基礎未修得者	
到達目標レベル	導入レベル	
時間	講義 10 時間	
科目目的	コンピューター情報解析を行うにあたり必須である、線形数学における基礎（線形・非線形関数、線形近似、合成関数、ヤコビ行列）に関する知識・技術を習得する。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b> 線形数学における基礎（線形・非線形関数、線形近似、合成関数、ヤコビ行列）に関する知識・技術を習得する。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1．行列の定義。加法、スカラー倍の定義</li> <li>2．行列の積の定義。結合法則、逆行列</li> <li>3．連立方程式の解法Ⅰ（「掃き出し法」）</li> <li>4．連立方程式の解法（不定、不能）</li> <li>5．基本変形と基本行列</li> <li>6．逆行列の「掃き出し法」による計算</li> <li>7．演習</li> </ol>	
参考文献・資料		
履修の前提条件	高校レベルの数学基礎学力を有することが望ましい。	
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		



**統合システムバイオリジストテクニカルスキル（導入レベル） シラバス**

科目名	統計数学	
区分	情報処理基礎コース	(座学)
スキル項目	数学的解析技術	
対象者	IT 基礎未修得者	
到達目標レベル	導入レベル	
時間	講義 10 時間	
科目目的	コンピューター情報解析を行うにあたり必須である、統計数学における基礎（記述統計、確率・確率分布、統計的推測、直線回帰、時系列解析、多変量解析）に関する知識・技術を習得する。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b>  統計数学における基礎（記述統計、確率・確率分布、統計的推測、直線回帰、時系列解析、多変量解析）に関する知識・技術を習得する。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1．度数分布表、ヒストグラム作成</li> <li>2．平均値、標準偏差の計算法、分布の中心と変動を表す統計量</li> <li>3．分割表を用いた質的データ、量的データのまとめ方</li> <li>4．散布図と相関係数の関係</li> <li>5．条件付き確率、事象の独立性、順列、組合せの整理</li> <li>6．確率変数と確率分布</li> <li>7．正規分布</li> <li>8．標本分布と統計的推測</li> <li>9．大数の法則、中心極限定理</li> <li>10．平均、分散、標準偏差の推定法</li> <li>11．区間推定、信頼区間</li> <li>12．仮説検定</li> <li>13．2次元データ、独立性検定</li> <li>14．最小2乗法</li> <li>15．回帰分析</li> <li>16．演習</li> </ol>	
参考文献・資料		
履修の前提条件	高校レベルの数学基礎学力を有することが望ましい。	
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

統合システムバイオリジストテクニカルスキル（導入レベル） シラバス

科目名	情報数学	
区分	情報処理基礎コース	（座学）
スキル項目	情報処理技術	
対象者	IT 基礎未修得者	
到達目標レベル	導入レベル	
時間	講義 10 時間	
科目目的	コンピューター情報解析を行うにあたり必須である、情報数学における基礎に関する知識・技術を習得する。	
科目概要	<p>【全体概要】 情報数学における基礎に関する知識・技術を習得する。</p> <p>【詳細概要】</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1．有限オートマトン</li> <li>2．正規表現</li> <li>3．文脈自由言語</li> <li>4．文脈依存言語</li> <li>5．チューリングマシン</li> <li>6．停止性問題</li> <li>7．再帰関数論</li> <li>8．標本分布と統計的推測</li> <li>9．ラムダ計算</li> <li>10．偏相関係数</li> <li>11．回帰調整</li> <li>12．多重共線性</li> <li>13．変数選択問題</li> <li>14．演習</li> </ol>	
参考文献・資料		
履修の前提条件	高校レベルの数学基礎学力を有することが望ましい。	
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

**統合システムバイオリジストテクニカルスキル（導入レベル） シラバス**

科目名	多変量解析学	
区分	情報処理基礎コース	（座学）
スキル項目	情報処理技術	
対象者	IT 基礎未修得者	
到達目標レベル	導入レベル	
時間	講義 10 時間	
科目目的	コンピューター情報解析を行うにあたり必須である、多変量解析学における基礎（分散分析、重回帰分析、判別分析、主成分分析）に関する知識・技術を習得する。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b>                  多変量解析学における基礎（分散分析、重回帰分析、判別分析、主成分分析）に関する知識・技術を習得する。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1．データのモニタリング</li> <li>2．相関関係と回帰関係，質的データの関連性と独立性の検定</li> <li>3．一方が量的データ，他方が質的データについての関連性</li> <li>4．ロジスティック回帰分析</li> <li>5．主成分分析</li> <li>6．因子分析</li> <li>7．対応分析</li> <li>8．多重対応分析</li> <li>9．クラスター分析（階層的方法と非階層的方法）</li> <li>10．決定木，CART</li> <li>11．グラフィカルモデル（無向グラフの考え方，偏相関や条件付独立性の概念）</li> <li>12．統計的因果関係</li> <li>13．分散分析</li> <li>14．重回帰分析</li> <li>15．判別分析</li> <li>16．演習</li> </ol>	
参考文献・資料		
履修の前提条件	高校レベルの数学基礎学力を有することが望ましい。	
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

**統合システムバイオリジストテクニカルスキル（導入レベル） シラバス**

科目名	プログラミング基礎	
区分	情報処理基礎コース	(座学)
スキル項目	プログラミング技術	
対象者	IT 基礎未修得者	
到達目標レベル	導入レベル	
時間	講義 10 時間	
科目目的	コンピューター情報解析を行うにあたり必須である、C 言語によるプログラミングの基礎（C 言語文法、分割コンパイル、デバッグ、バージョン管理、システムコール、UNIX シェル作成）に関する知識・技術を習得する。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b> C 言語によるプログラミングの基礎（C 言語文法、分割コンパイル、デバッグ、バージョン管理、システムコール、UNIX シェル作成）に関する知識・技術を習得する。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. C 言語概要</li> <li>2. 制御構造、データ型（整数、浮動小数点数、文字、文字列、構造体）</li> <li>3. 構造体とポインタ（入出力）</li> <li>4. ポインタ、スコープ（通用範囲、外部宣言、分割コンパイル）、再帰</li> <li>5. C 言語開発環境</li> <li>6. シェル作成</li> <li>7. データ構造（文字処理、構文解析）</li> <li>8. プロセス間通信（シェルのパイプ機能）</li> <li>9. プロセス制御（シェルのジョブ制御）</li> <li>10. C 言語文法補足（記憶クラス、条件コンパイル、演算子、マクロ）</li> <li>11. グラフィックユーザインタフェース</li> <li>12. 演習</li> </ol>	
参考文献・資料		
履修の前提条件	高校レベルの数学基礎学力を有することが望ましい。	
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

**統合システムバイオリジストテクニカルスキル（導入レベル） シラバス**

科目名	基礎分子生物学	
区分	バイオテクノロジー関連基礎技術コース	(座学)
スキル項目	分子生物学に基づく解析技術	
対象者	バイオ実験系基礎未修得者	
到達目標レベル	導入レベル	
時間	講義 10 時間	
科目目的	すべての生命がもつ遺伝情報の構成単位である「遺伝子」やその構成成分である「DNA」がどのように機能しているか、分子生物学の基礎的な知識・技術を習得する。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b>            生物の遺伝情報は、細胞が生きていくための活動のもととなり、親から子へと世代を越えて伝達される。近年、遺伝情報の構成単位である「遺伝子」や、またその構成成分である「DNA」がどのように機能しているかが、分子レベルで盛んに研究されるようになった。これらの成果は、医療や食糧など様々な分野で応用されつつあり、近年最も成長が期待される産業を形成している。そのような背景から、分子生物学は現代のキーワードの一つとしてライフサイエンスの基礎知識をマスターする。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1．細胞とは</li> <li>2．細胞の化学成分</li> <li>3．エネルギー、触媒作用、生合成</li> <li>4．細胞が食物からエネルギーを得るしくみ</li> </ol>	
参考文献・資料	Bruce Alberts ほか著、中村桂子ほか監訳「Essential 細胞生物学」 南江堂	
履修の前提条件		
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

**統合システムバイオリジストテクニカルスキル（導入レベル） シラバス**

科目名	基礎細胞生物学	
区分	バイオテクノロジー関連基礎技術コース	(座学)
スキル項目	細胞生物学に基づく解析技術	
対象者	バイオ実験系基礎未修得者	
到達目標レベル	導入レベル	
時間	講義 10 時間	
科目目的	全ての生物の基本単位である細胞の構造やメカニズムを習得する。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b>          生命あるものは全て、『細胞 cell』でできている。細胞は生命あるものの要素であり、これ以下のものを生命と呼ぶことはできない。例えばウイルスは細胞と同様の分子を持っているが、自力では分子を作れず、細胞に侵入し、その複製装置を借りてようやく、自分と同じものを作り出すことができる。つまり、細胞こそが生命の構成単位であり、生命とは何か、生命のしくみは何か、この疑問に答えるには『細胞生物学 cell biology』に行き着かざるを得ない。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1．遺伝的な変動</li> <li>2．DNA 技術</li> <li>3．膜の構造</li> <li>4．膜を通じた輸送</li> <li>5．ミトコンドリアと葉緑体</li> </ol>	
参考文献・資料	Bruce Alberts ほか著、中村桂子ほか監訳「Essential 細胞生物学」 南江堂	
履修の前提条件	基礎分子生物学を履修済み、または同程度の知識を持つこと。	
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

**統合システムバイオリジストテクニカルスキル（導入レベル） シラバス**

科目名	酵素・蛋白質化学概論	
区分	バイオテクノロジー関連基礎技術コース	(座学と実習)
スキル項目	蛋白質化学に基づく解析技術	
対象者	バイオ実験系基礎未修得者	
到達目標レベル	導入レベル	
時間	講義 4 時間 実習 3 時間 × 4日	
科目目的	生命の維持増殖における生化学反応を担うのが、生体触媒である“酵素蛋白質”である。本科目では、これらの蛋白質の持つ特性と触媒機構に関する基礎知識を得ることで、生命現象を解析し理解することを目指す。蛋白質の性質に関わる実験を中心とし、特に大腸菌より酵素の抽出、活性測定及び基質特異性の検討を行う。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b> 基礎的な生化学の知識、ならび酵素実験法獲得を目指す。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. 酵素実験概要の講義。実験準備 大腸菌より酵素を抽出し、SDS-電気泳動を行う。</li> <li>2. 大腸菌から組み換え蛋白質酵素を精製し SDS-ポリアクリルアミド電気泳動を行う。 蛋白量を定量し、活性を測定後実際に <math>K_m</math>、<math>V_{max}</math> を求める。</li> <li>3. 蛋白質の定量を行い、酵素活性を測定する。反応速度定数 (<math>K_m</math>、<math>V_{max}</math>) を求める。 使用する緩衝液の種類、pH、阻害剤等が活性に与える影響を見る。</li> </ol>	
参考文献・資料	「ホートン生化学」 東京化学同人 「ヴォート基礎生化学」 東京化学同人	
履修の前提条件		
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

**統合システムバイオリジストテクニカルスキル（導入レベル） シラバス**

科目名	生化学	
区分	バイオテクノロジー関連基礎技術コース	(座学)
スキル項目	有機化学に基づく解析技術	
対象者	バイオ実験系基礎未修得者	
到達目標レベル	導入レベル	
時間	講義 7 時間	
科目目的	生命科学の基本となる、化合物の命名法、化合物の構造、物理的、化学的性質、機能を理解することを第一の目的とし、生化学反応の主役である酵素の特性、酵素の反応機構、細胞内の解糖系、TCA サイクル等の代謝の反応機構に関する知識を習得する。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b></p> <p>生命科学の言葉を、鍵となる多くの分子の化学構造を含めて習う。生命科学の主要化合物であるヌクレオチド、蛋白質、糖質、脂質の構造、性質、機能を理解することを目的とする。また、生化学反応の主役である酵素の特性、酵素の反応機構についても触れる。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. 有機化合物命名法 IUPAC の有機化合物の命名法、構造式、官能基、異性体</li> <li>2. 生化学入門 原核細胞、真核細胞、 水の性質、pH、解離定数</li> <li>3. 蛋白質の構造と機能 アミノ酸と蛋白質の一次構造 三次構造と機能</li> <li>4. 酵素反応論 酵素の特性、酵素の反応機構 補酵素</li> <li>5. 糖質 単糖、立体配座、オリゴ糖 複合糖質</li> <li>6. ヌクレオチド ピリミジン、プリン ヌクレオシド、ヌクレオチド</li> <li>7. 脂質と生体膜 脂質の構造と機能、脂質二重層膜輸送</li> </ol>	
参考文献・資料	Horton, Moran, Ochs, Rawn, Scrimgeour 著、鈴木絃一 他監訳「ホートン生化学」 東京化学同人	
履修の前提条件		
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		



**統合システムバイオリジストテクニカルスキル（導入レベル） シラバス**

科目名	代謝システム学	
区分	バイオテクノロジー関連基礎技術コース	(座学)
スキル項目	代謝学に基づく解析技術	
対象者	バイオ実験系基礎未修得者	
到達目標レベル	導入レベル	
時間	講義 10 時間	
科目目的	生物の代謝に関する基礎と代謝システム解析に関する知識を習得することを目的とする。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b>            生物の代謝に関する基礎と代謝システム解析に関する講義を行う。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. 生物の代謝</li> <li>2. 主要代謝経路とメタボリズム</li> <li>3. モデリング</li> <li>4. 細胞内代謝流束分布解析</li> <li>5. 炭素同位体を利用した代謝流束分布解析</li> <li>6. 代謝制御解析</li> <li>7. 代謝調節機構の最適化</li> <li>8. 代謝経路の制御</li> <li>9. 遺伝子発現と代謝調節制御</li> <li>10. 蛋白質の発現と代謝調節制御</li> <li>11. 大腸菌細胞の代謝調節機構</li> </ol>	
参考文献・資料	清水和幸 著「細胞の代謝解析 システム生命科学の基礎と応用」 コロナ社	
履修の前提条件		
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

**統合システムバイオリジストテクニカルスキル（導入レベル） シラバス**

科目名	基礎分子生物学実験	
区分	バイオテクノロジー関連基礎技術コース	（座学と実習）
スキル項目	遺伝子工学に基づく解析技術	
対象者	バイオ実験系基礎未修得者	
到達目標レベル	導入レベル	
時間	講義 10 時間 実習 3 時間 x 10 日	
科目目的	試薬の物理化学的性質、調製法、実験器具や測定機器の使用法等の実習、遺伝子工学実験の原理についての解説を行う。	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b>            実験器具の扱い方、大腸菌の培地作成と培養曲線、大腸菌からのプラスミド抽出と解析、蛋白質の定量と電気泳動を行う。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. ガイダンス                実験を始めるにあたっての諸注意、実験の危険性、実験で使用する器具について</li> <li>2. 実験の基礎について                実験で使用する試薬について、試薬の取り扱い、緩衝液とモル濃度の計算、実験器具の扱い方について</li> <li>3. 大腸菌の培養 1                大腸菌について（モデル生物について）、菌の増殖とコンタミネーションについて、培地の作成</li> <li>4. 大腸菌の成長曲線                大腸菌の培養、成長曲線について</li> <li>5. プラスミド DNA の抽出                プラスミドと薬剤耐性について、プラスミド DNA の抽出</li> <li>6. DNA の定量と電気泳動                分光光度計の原理と使い方、DNA の電気泳動、サイズマーカーを利用した分子量と量の測定</li> <li>7. 制限酵素地図の作成                制限酵素処理、制限酵素地図の作成</li> <li>8. 蛋白質                蛋白質の化学的性質について、SDS-PAGE ゲルの作成、蛋白定量、SDS 電気泳動</li> </ol>	
参考文献・資料	Kathy Barker 著 中村敏一 監訳「アット・ザ・ベンチ バイオ研究完全指南」 メディカル・サイエンス・インターナショナル	
履修の前提条件	基礎分子生物学、基礎細胞生物学	
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

**統合システムバイオロジストテクニカルスキル（導入レベル） シラバス**

科目名	基礎遺伝子組換え実験	
区分	バイオテクノロジー関連基礎技術コース	（座学と実習）
スキル項目	遺伝子工学に基づく解析技術	
対象者	バイオ実験系基礎未修得者	
到達目標レベル	導入レベル	
時間	講義 10 時間 実習 3 時間 × 10 日	
科目目的	<p>精確な情報解析を行うためには、扱うデータが、取得の実験手法や信憑性といった扱うデータの性質の理解が不可欠である。基礎遺伝子組換え実験では、微生物（大腸菌）を対象に、遺伝子工学の初歩的な実験手法を学ぶ。遺伝子工学の初期からのモデル生物として理解の深い大腸菌を用いて実験を行うことで、遺伝子工学実験の大まかな流れを把握し、また生物の不思議さ等を感じ得る。</p>	
科目概要	<p><b>【全体概要】</b>          遺伝子解析を行うことにより、遺伝子工学的手法の長所・短所について理解することを目標とする。生物学実験を体験することにより、論文等から得られるデータの正当性、信頼性についても、より正確な評価を下せるようになる。</p> <p>実習で行う実験は、大腸菌の遺伝子組み換え実験で、大腸菌の染色体外の遺伝単位であるプラスミドに、耐熱菌由来の DNA ポリメラーゼ遺伝子を導入し、大腸菌内で発現させた蛋白質の活性を確認する事を最終目標とする。</p> <p><b>【詳細概要】</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1．プラスミドDNAの抽出</li> <li>2．プラスミドDNAの遺伝子組換え</li> <li>3．プラスミドDNAの遺伝子組換え</li> <li>4．コンピテント細胞の調製</li> <li>5．大腸菌の形質転換</li> <li>6．形質転換体の確認と解析</li> </ol>	
参考文献・資料	中山広樹、西方敬人 著「バイオ実験イラストレイテッド 1 分子生物学実験の基礎」 秀潤社 中山広樹、西方敬人 著「バイオ実験イラストレイテッド 2 遺伝子解析の基礎」 秀潤社	
履修の前提条件		
達成度評価方法	到達度テストによる評価	
備考		

## 第6章 次年度以降の展開に向けた課題

### 6-1 スキルスタンダード・カリキュラムの活用方法

#### (1) 製薬会社で実験手法を利用した新薬の研究者育成に活用

今後新薬開発に重要となる統合的な視野を持つ研究者の育成に当たり、本人のバックグラウンドに合わせた IT、実験系の各コースを組み合わせ活用することが考えられる。また、初級の受講レベルに達しない対象者に対しては導入コースの選択も有効である。

#### (2) 大学での研究者育成

企業・アカデミアどちらのフィールドでも役立つ研究者の育成のために、大学のカリキュラムに導入するには、学生等のバックグラウンドにあわせたコース習得を可能とする弾力的運用が有効である。また、より上級者の育成のためには、実際に研究テーマを設定し、各種データを相互関係を理解した上で生命システムを解析する統合的な視点を得るために統合システムバイオロジー・リサーチ・コースの設定も必要である。

#### (3) 地域産業振興（中小企業での活用）

地域産業関連研究者・中小企業研究者が、システムバイオロジー網羅的解析技術コースを受講することにより先端バイオテクノロジースキルの習得ができる。また、バイオインフォマティクス解析コース受講によりバイオ関連情報スキルの習得が可能となる。

#### (4) バイオテクノロジー関連企業における研究者の保有スキルの明確化

バイオテクノロジー関連各種技術を保有している研究者に対して本スキルスタンダードを指標にしキャリア解析を行うことができる。

### 6-2 次年度以降の展開方法

3-6でまとめたモデル研修についての結果を、章末の補足に要約した。これによると、研修生および講師のコメントからも、実習が特に有意義な事業であったことが窺われる一方、今年度と同等の内容の研修を行うことは、設備整備、コストの制約からかなり難しいことが予想される。こうした中で次年度は以下の3つの展開方法を考えている。

#### 6-2-1 大学における関連カリキュラムの導入

実証研修を行った慶應義塾大学において、政策メディア研究科の教育科目に本事業で策定した研修結果をフィードバックさせカリキュラムの改定を行う。学生、修士課程のカリキュラムに対してより統合的な視点での教育が可能となるような改定を行う予定である。

## 6 - 2 - 2 関連人材育成セミナー

現在、想定している内容は以下の通りである。

統合システムバイオロジーの分野の専門家を招いて当該分野における進展についてセミナーを開催する。

### < 講演題目の例 >

- \* 最新の蛋白質相互作用解析技術
- \* システムバイオロジー技術の開発動向
- \* 細胞シミュレーション解析技術

主催者	(株)ダイヤリサーチマーテック
協力者	慶應義塾大学、ヒューマン・メタボローム・テクノロジー(株)に協力願う
開催予定日	平成17年10月頃
講師	慶應義塾大学をはじめ大学、企業、公的研究機関から4名ほどの専門家に講師を委嘱する
開催方法	本事業の他事業者との共同開催、あるいは単独開催
開催場所	関東地区、あるいは鶴岡の慶應義塾大学先端生命科学研究所
受講者	社会人を中心に30～50名程度
参加費	有料(具体的には今後の検討事項)

## 6 - 2 - 3 本事業の普及に向けた活動

本人材育成事業を普及させるために、他者に本スキルスタンダード・カリキュラムの存在を知ってもらうための宣伝活動を行う。

- \* (株)ダイヤリサーチマーテックのHPに掲載する。
- \* 上記の関連人材セミナーで、今年度の成果を紹介する。
- \* その他、有力企業、大学への宣伝活動を行う。

## 補足

3 - 6 - 3 実証結果で詳細に記述したが、今回のモデル研修に対する研修生、講師の意見を要約すると以下の通りである。

### 【研修生から】

- (ア) カリキュラムに実習と講義がバランスよく組まれていて良かった。
- (イ) 実習は非常に良かった。
  - ・大腸菌の代謝物質測定のプロセスを実習できた。
  - ・人工的な細菌のゲノム配列を決定して既知のものと比較するという画期的カリキュラムを実習できた。
  - ・基本的な実験から最新の機器、さらにD B検索法まで充実した内容であった。
- (ウ) 問題点
  - ・実習には人数多く、その割りに器具等が不足。
  - ・研修日数が短かった。
  - ・テキストは日本語で統一して欲しい。
  - ・研修生のレベル合わせ

### 【講師から】

- (エ) ポストゲノム研究の重要性が益々、高まるであろうが、そうした中で人材育成に関して議論を認識を高めていく必要がある。しかし、日本の現状は大学を含む高等教育機関がほとんどない状況にある。その阻害要因としては以下のことが考えられる。
  - ・教育実施コストの問題
    - 高額な設備の整備、高額な消耗品
  - ・講師の人材不足

## 参考資料 1

### システムバイオロジーの世界の情勢

#### 統合システムバイオリジストが必要とされる背景

図 1 にシステムバイオロジーの流れを、国家的プロジェクト、研究組織の設立及びベンチャー企業の設立の視点を中心として示した。

2 - 2 で述べたようにシステムバイオロジーは非常に若い学問分野ではあるが、学術的研究のみではなく、既にその技術を使ったベンチャー企業等が設立されている。

先ずシステムバイオロジーのプロジェクトを概観してみると、米国では、NIH による大型プロジェクトへのグラント、またエネルギー省の ' Genomes to Life Program ' の中で、「バクテリア細胞モデル」及び「細胞情報伝達系」プロジェクト等、予算規模 数 10M\$ のプロジェクトがスタートしている。また欧州では、5<sup>th</sup> Framework Program 中の ' Cell Factory ' において、酵母や高度好熱菌等の微生物を対象とするシステムバイオロジーのアプローチが行われ、また 6<sup>th</sup> Framework Program の中では ' Interaction Proteome project ' ( 予算規模 12MEU、5 年間) が 2004 年から実施されている。またドイツでは ' Systems of Life ' という肝臓細胞に特化したシステムバイオロジーのプロジェクト( 予算規模: 50MEU ) が 2002 年にスタートした。

一方日本においては富田により自主的なプロジェクトである細胞のシミュレーション E-cell Project が 1996 年に設立され、また国のプロジェクトとしては、2002 年から「蛋白 3000」、2003 年から「プロテオームファクトリー」更に 2004 年からは「ゲノムネットワーク」がスタートしているが、これらはシステムバイオロジーの先駆的なプロジェクトである。

次に、システムバイオロジー関係の研究機関についても、米国では、Institute for System Biology(2000 年)の設立、MIT(2003 年)、プリンストン大(2003 年)等を始めとして新しい研究機関の設立や従来の研究機関の統合によるシステムバイオロジーへの傾斜を強めている状況が伺える( 注 1 )。また欧州でも、イギリスにゲノミクス、トランスクリプトーム、プロテオームを一貫研究する Biomix Center が 2003 年設立され、スイスにおいても Basel 大、Zuerich 大及び ETH が共同で、システムバイオロジー研究ネットワークを 2004 年に結成した。また EMBL も Center for Modeling and Simulation in Life Sciences の設立を計画している。

日本においても 2001 年慶應大学先端生命科学研究所が設立され、この分野の先駆的役割を果たしている。

次にシステムバイオロジー関係の主なベンチャー企業について表 2 に示した。これらは殆ど米国が中心であり、微生物による物質生産の最適化やヒトの疾患のモデル解析を通じて新薬の開発や、バイオマーカーの発見やその利用、医薬開発の効率化等をその業務と

しており、製薬企業と密に連携している。

日本においては、慶應大学先端生命科学研究所のメタボローム解析技術を利用したヒューマン・メタボロームテクノロジー社が2003年7月設立されている。

この様にシステムバイオロジー及びその利用は世界的な潮流であり、この分野を担う人材の育成が急務である。

これら世界のシステムバイオロジー関係の代表的な研究機関及びベンチャー企業の概要について、表 1 及び表 2 に示した。

(注1) 八尾徹、システム生物学の欧米動向、BIO INDUSTRY, 21(9)61-67(2004)



図1 システムバイオロジーの流れ

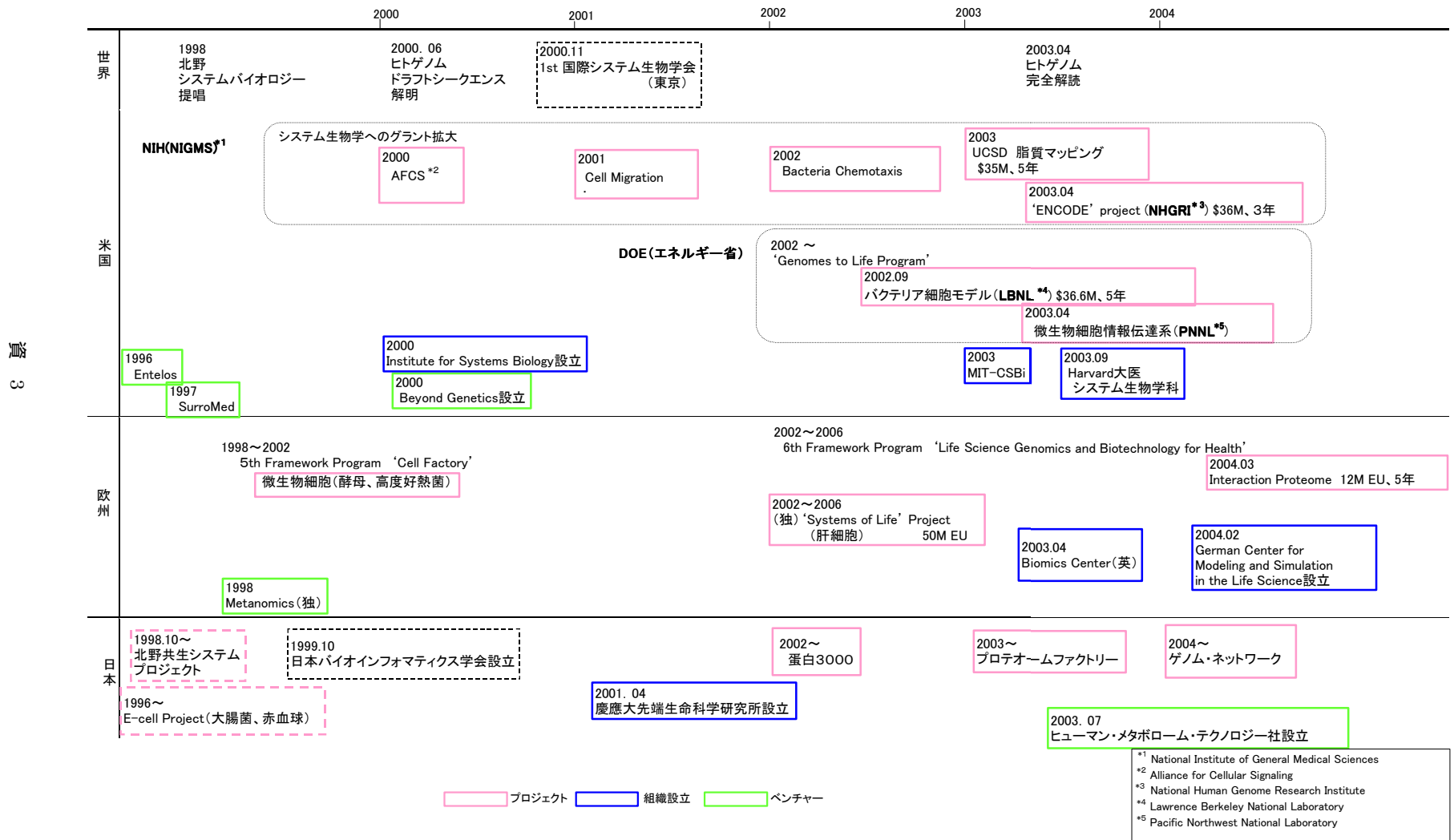


表 1 System Biology に関連する研究機関 (主にベンチャー)

機関名	所在地	業務、その他	対象	創立	提携関係
Genomica	San Diego USA	コンピュータによる代謝のモデル化とシミュレーション (UCSD の技術) に基づく医薬や化学品の開発受託	大腸菌や酵母、バイオプロセスや抗生物質耐性克服するための最適株の予測	2000 年 7 月	Dow Chemical(蛋白質生産)
Target Discovery	Palo Alto, CA, USA	最適疾患ターゲット、バイオマーカー及び医薬候補化合物の単離、選抜及び開発のための技術開発	医薬開発の現行技術のボトルネックを解決する実験技術や機器 (例えば、プロテオーム解析用多次元キャピラリー電気泳動装置)	1999 年 4 月	PrecisionMed(自閉症のトリガー)
Gene Network Science	Ithaca, NY, USA	ゲノミクス、プロテオミクスや分子生物学データを使ってヒト及び微生物細胞の世界で最も完全な、精巧な、正確なコンピュータシミュレーションを目指す。(これにより臨床試験 P2 及び P3 の成功率の向上する)、 人員: 25 名	ガン及び感染症に特化。大腸ガンと大腸菌のモデル化。Minimal cell の構築		Cornell Univ. 及び UCSD と in silico heart modeling に対し NIH よりグラント、
Institute for Systems Biology	Seattle, W, USA	システムバイオロジーを用いて、ガン、リウマチやエイズのようなヒトの病気の予防や治療法を開発する国際的非営利研究機関。 人員: 170 名以上	感染症、ガン、糖尿病、自己免疫疾患及びアテローム硬化症に対する予防、治療や個人薬の創製を目指す 10~20 年のシステムアプローチ、	2000 年 1 月	企業 (ABS, Merck, Lynx Therapeutics etc.) Caltech, UCLA, 阪大, Institut Pasteur etc.)
Entelos	Foster City, CA, USA	ヒト疾病の独自の大規模コンピュータモデルを持ち、ゲノム、プロテオーム、生理、環境を含む統合データにより疾病を統合システムとして理解し、精巧な病気のモデル作成する。In silico のシミュレーションにより創薬や開発の効率を高める。	喘息、肥満及び糖尿病モデルの作成を持ち、現在骨代謝、心血管系、中枢神経系、腫瘍等の領域に拡張中	1996 年	Roche Diagnostics(糖尿病患者のインシュリン感受性のバイオマーカー決定法)
Ingenuity Systems	Mountain View, CA, USA	生物学及び生物情報学研究者による代謝解析ソフト、ゲノム規模のネットワークデータベースを利用してシステムバイオロジー技術 (知識) を供与し、医薬上市まで研究効率の向上を目指す 人員: 70 名	Pathways Analysis Pathways Knowledge Database(遺伝子、蛋白、細胞、組織、医薬、疾患の間の関係のネットワーク化したデータベース)	1998 年	脳腫瘍、前立腺腫瘍、GSK(Pathway knowledge base)、Novartis(Pathway analysis for genome data analysis)、Aventis (DrugDiscovery)、Wyeth(Pathway analysis)、
Beyond Genomics	Waltham, Mass, USA	ゲノムを越えて、測定可能な成分 (転写物、蛋白代謝物等) の相互関係や代謝経路やつながりを調べ、疾病マーカーや医薬ターゲットを明らかにする 前臨床から第 2 相臨床試験が重要。効果や毒性の代用バイオマーカーを発見するためプロテオミクスとメタボロミクスを統合	アテローム硬化症に対するコレステロールのような代用マーカーのない疾病に対するバイオマーカーの発見。 BioSystematics 技術、BioSystem Marker	2000 年 11 月	Eran Pharm.(アルツハイマー)、GSK(代謝疾患)、AstraZeneca(毒性)
Icoria (旧 Paradigm Genetics)	Research Triangle, N.C., USA	遺伝子発現、生化学、表現型の profiling 及び代謝解析の技術を持ち、これを使って正常及び病気の代謝フラックスを解析、予測ツールとなる数式モデルの確立。(SB のより安全で有効な医薬、農薬品の発見につなげる) NIH とのつながりが深い。人員: 215 名	アルコール性肝及び脳疾患のバイオマーカー研究 (NIH)、	1997 年 9 月	NIH(アルコール性肝及び脳症のバイオマーカー) Bayer CropScience(除草剤発見、代謝系に関連する殺菌剤開発法) Monsanto
BioSeek	Burlingame, CA, USA	ヒト初代培養細胞からスタート、疾病のモデル化、ターゲット決定、医薬候補の作用機作という方法での医薬開発。前臨床、臨床試験の効率化	炎症、免疫、心血管系、腫瘍関係		Dynavax Technologies(新 TNF- $\alpha$ ファミリー阻害剤の作用)
Odyssey Thera	San Ramon, CA, USA	PCA (protein fragment complementation assay, 蛋白質間の相互作用を測定) 法による細胞レベルでの物質の機能や創薬ターゲットの発見	サイトカインやホルモンの細胞シグナル伝達系の可視化、real time 解析、腫瘍細胞の成長や増殖をブロックするリード分子同定		Hoffmann-La Roch(候補化合物の作用メカニズムや代謝活性の細胞パネルに基づく評価)

出典 : Cem. & Eng. News, 81(20) 45-55(2003), その他 Signals Magazine, 2006,06.21

表 2 メタボローム関係ベンチャー企業

機関名	所在地	業務,その他	対象	創立	提携関係
SurroMed Inc.	Mountain View, CA, USA	GC-MS と LC-MS を組み合わせて、メタボロームプロファイリングを行うことにより、バイオマーカーの発見と包括的発現頻度解析を行う。血漿、血清、尿、CSF、滑液、肝臓、培養細胞及び組織等を使用	血漿、血清、尿、CSF、滑液、肝臓、培養細胞及び組織等を使用	1997 年	Merk (biomarker, 2004)、NIH(自己免疫疾患)、Intermune (biomarker)、UC Davis (biomarker for Autism)
Lipomics Technologies Inc.	West Sacramento, CA, USA	脂質代謝分析及びデータ解析技術に基づく医薬発見と personalized medicine の開発	薬物発見のスピードアップ、臨床試験の合理化	2000 年 6 月	GSK(創薬、診断薬、脂質代謝に関する効果判定)
Metabometrics	(Imperial College) London, UK	製薬企業を対象とする医薬候補化合物の動物モデルでの安全性と効果のスクリーニング。 metabonomics (病理的刺激や遺伝的変化に対する動的かつ複数のパラメーターで表される代謝応答) 技術による薬物の毒性や効果の評価	metabonomics 技術による動脈や骨髄疾患の検出法開発 (2004 年)	1989 年	
Metanomics	Berlin, Germany	GC-MS と LC-MS による metabolic profiling により植物の有用遺伝子の発見。成長促進、耐冷性、耐旱性、栄養成分や生理活性成分の向上等、	BASF 植物科学グループとマックスプランク分子植物生理グループの JV	1998 年 7 月	Max Planck 研究所とシロイヌナズナの網羅的遺伝子破壊株 metebolome profiling に関する共同研究
METabolic Explorer	Saint Beauzire France	①バイオインフォマティクス、②組換え DNA 及び進化分子工学技術による菌株育種、③NMR、質量分析及び代謝フラックス解析技術の基づく有用化学品生産のための効率的、経済的バイオプロセスのデザイン及びその宿主開発	( in silico での) 最適代謝経路の設計 最適宿主の開発 最高理論収量の評価とそれを達成するための代謝フラックス分布の予測		フランスバイオ企業と製品の収量向上に関する共同研究 (2004 年)
Human Metabolome Technologies	日本	キャピラリー電気泳動装置と質量分析装置を組み合わせて細胞内代謝物の網羅的な測定技術を開発し、これを利用して微生物や植物の代謝物解析、更にはヒト細胞に応用し、創薬や診断、オーダーメイド医療への幅広いビジネス展開を図る。	微生物、植物細胞、ヒト細胞	2003 年 7 月	ミツカン(微生物の新規代謝物の探索と同等) 味の素(微生物のメタボローム解析)

## バイオ産業を支える人材の育成に関する調査

### < 統合システムバイオリジスト >

#### 【ご記入にあたって】

1. 本調査は、経済産業省が(株)ダイヤリサーチマーテックおよび三井情報開発(株)総合研究所に委託して実施しております。
2. 調査のとりまとめは三井情報開発(株)が担当しておりますので、調査に関するお問い合わせは三井情報開発(株)までお願いいたします。三井情報開発(株)は、(財)日本情報処理開発協会のプライバシーマーク取得企業です。アンケート結果はすべて統計的に処理しますので( )という回答が %という具合に) ご回答いただいた企業・研究機関のお名前や回答者の個人名、ご回答内容が公表されることは一切ございません。
3. 本調査は、企業や研究機関がバイオ事業・研究を展開していく際に必要となる人材の能力・資質を整理することを目的として、企業及び大学の研究機関の皆様方を対象にバイオ事業・研究の状況及びその際に必要となる人材の能力・資質等に対するお考え等を把握するために行うものです。
4. このアンケート票は統合システムバイオリジストに関連する業務を担当もしくはバイオテクノロジー研究を統括されている方にご記入いただきますようお願い申し上げます。
5. ご回答は個人的な見解で結構です。可能な範囲でご回答いただければ幸いです。
6. お答えは、特に説明のないかぎり、あてはまる項目をお選びになり、該当する番号にお付けください。また、お答えが「その他( )」もあてはまる場合は、お手数ですが( )の中にその内容を具体的にご記入ください。

ご記入いただきましたアンケート票は  月 日(金) までに同封の返信用封筒(切手不要)に納め、ご返送ください。

調査委託 経済産業省 製造産業局 生物化学産業課

調査実施



(株)ダイヤリサーチマーテック  
DIA RESEARCH MARTECH INC.



三井情報開発株式会社  
Mitsui Knowledge Industry

総合研究所

TEL: 03-5304-7202

担当者: 濱田(内線:2491) 坂上(内線:3074)



B820066(01)

お問い合わせ時間: 10:00 ~ 17:00 (月~金)





問 7 一般に、問4の人材像に達するまでのレベルを仮に3段階に分類するとして、私どもでは以下のよ  
うな分類仮説を立てました。

問 7-1 「統合システムバイオロジスト」に想定される業務に照らして、この分類は妥当でしょうか。

問 7-2 「2. 妥当ではない」と回答された場合は、レベル分類の軸、及び人材像の役割・能力・知  
識等 についてイメージをご記入ください。

【レベル分類仮説】		【貴社／貴研究所の実態に照らしたレベル分類】	
レベル・ レベル分類の軸	役割・能力・知識等 (仮説)	(問7-1) 妥当性 (いずれかに○)	(問7-2) 役割・能力・知識等
エントリー	<ul style="list-style-type: none"> <li>・統合システムバイオロジストとして必要な<u>一般的知識</u>を有する。</li> <li>・コンピューター生物情報解析**研究の<u>初歩的技術</u>を有する。</li> <li>・関連領域*の<u>初歩的技術</u>を有する。</li> <li>・上級者の指示により、仕事を適切に遂行できる。</li> </ul>	1. 概ね妥当 2. 妥当ではない →	
スペシャリスト	<ul style="list-style-type: none"> <li>・統合システムバイオロジストとして<u>専門的知識</u>を有する。</li> <li>・コンピューター生物情報解析**研究の<u>専門的技術</u>を有する。</li> <li>・関連領域*の<u>基本的技術</u>を有する。</li> <li>・業務計画を立案し、下級者に適切な指示を行うことができる。</li> </ul>	1. 概ね妥当 2. 妥当ではない →	
プロジェクト マネージャー	<ul style="list-style-type: none"> <li>・統合システムバイオロジストとして<u>総合的知識</u>を有する。</li> <li>・コンピューター生物情報解析**研究の<u>高度な専門的技術</u>を有する。</li> <li>・関連領域*の<u>専門的知識</u>を有する。</li> <li>・安全性・倫理の視点からも適切な判断ができ、総合的な視点からプロジェクトのPDCA (PLAN-Do-Check-Action) 管理を行うことができる。</li> </ul>	1. 概ね妥当 2. 妥当ではない →	

\*関連領域：バイオロジーに関する実験的な手法

(ゲノム解析、トランスクリプトーム解析、プロテオーム解析、メタボローム解析)

\*\*コンピューター生物情報解析：コンピューターによる解析手法

(バイオインフォマティクス、データマイニング、モデリング、シミュレーション)

II. 「統合システムバイオロジスト」に必要なスキル等についてお伺いします。

問8 統合システムバイオロジスト関連業務・研究を担う人材に必要なスキル等に関し、下表に挙げたスキル項目のそれぞれについて、以下の設問にご回答ください。ご回答は、以下のスキル項目表から、該当する選択肢をお選びください。

問8-1 それぞれのスキルの【必要度】として最も近い選択肢をお選びください（○は1つだけ）。  
 下表には挙げられていないが重要と考えるスキル項目については、問9にご記入ください。

問8-1 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください（○は1つだけ）。

問8-1 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください（○はいくつでも）。

【スキル項目表】

業務内容		スキル項目
回答例		
研究管理	A 研究進捗状況管理	1) 研究テーマの進捗状況を把握し管理できる
		2) 研究用資源の使用状況を把握し管理できる
	B 労務管理	1) ラボ内の安全・衛生面での管理を実施できる
		2) 他の実験技術者の業務配分を立案し管理できる
		3) 生命倫理指針を理解し、遵守状況を管理できる
		4) ラボ内の産業廃棄物の処理を実施できる

(問8-1)				(問8-2)				(問8-3)			
必要度				不足感				現状でのスキル獲得方法			
1. 極めて必要	2. 必要	3. あまり必要ではない	4. 不要	1. 極めて不足している	2. やや不足している	3. あまり不足していない	4. 不足していない	1. 社内研修	2. 社外研修	3. OJT	4. 育成していない
①	2	3	4	1	②	3	4	①	2	③	4
1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4



マネジメント	C 統合システムバイオロジーに関するヒューマンマネジメント	1) 実験計画に沿ったプロトコルを作成し、スタッフに作業を指示できる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
		2) 研究者・スタッフとのコミュニケーションがとれ、進捗管理ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
知財管理	D 知的財産	1) 特許出願ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
		2) 他社の特許出願状況調査ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
研究計画・立案	E ゲノム解析実験計画・作業計画の立案	1) ゲノム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で、担当業務の方向性についてイメージできる。	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
		2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
	F トランスクリプトーム解析実験計画・作業計画の立案	1) トランスクリプトーム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる。	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
		2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
	G プロテオーム解析実験計画・作業計画の立案	1) プロテオーム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる。	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
		2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
H メタボローム解析実験計画・作業計画の立案	1) メタボローム・メタボノーム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上担当業務の方向性についてイメージできる。	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4	
	2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4	
I バイオシミュレーション研究計画・作業計画の立案	1) バイオシミュレーションの世界的動向、技術の開発状況を理解理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる。	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4	
	2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4	
情報解析実務	J コンピュータ生物情報解析研究実務 (基礎)	1) ゲノム情報に基づく生命のシステムの理解(代謝系の再構築、遺伝子の相互作用推定、細胞シミュレーション) に対する基礎概念をもつ	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
		2) 論文や無償ソースプログラミングを読み解き、新規アルゴリズムのプログラミングを行える能力の会得	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
		3) バイオインフォマティクスの分野において一般的に利用されているソフト (BLAST, FASTA, ClustaW などゲノム解析における定番ツール、PubMed などのデータベースの利用方法) を用いたゲノム解析技術の会得	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
	K コンピュータ生物情報解析研究実務 (シミュレーション)	1) シミュレーションの基本概念を理解し、シミュレーションソフトの利用ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
		2) 細胞シミュレーションモデルの構築ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
		3) シミュレーションモデルを用いて細胞内相互作用ネットワークの予測ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4

実験解析実務	L ゲノム解析実務	1) ゲノム物理地図構築ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
		2) 特定生物のゲノムシーケンシングができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
		3) シーケンシングしたゲノムのフラグメント結合編集（アセンブル）ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
		4) シーケンシングしたゲノムについてゲノム構造・機能アノテーションができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
	M トランスクリプトーム解析実務	1) DNA チップを使って特定遺伝子の発現の有無、発現量の解析、遺伝子ネットワーク解析ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
		2) In situ ハイブリダイゼーション法を用いて遺伝子発現部位・mRNA の局在を分析できる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
		3) cDNA ライブラリーの構築ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
	N プロテオーム解析実務	1) 2D-PAGE/MS 法を用いた発現プロファイル解析ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
		2) LC-MS 法による発現プロファイル解析ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
		3) リン酸化タンパク質や糖鎖修飾タンパク質等の翻訳後修飾の解析ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
		4) 種々の解析法を用いて機能プロテオミクス解析ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
	O メタボローム解析実務	1) GC-MS（ガスクロマトグラフィーー質量分析）、LC-MS（液体クロマトグラフィーー質量分析）、CE-MS（キャピラリー電気泳動ー質量分析）、CE-MS-MS（キャピラリー電気泳動ー質量分析ー質量分析）を利用して物質の検出ができ、既知物質の同定ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
		2) GC-MS-MS、LC-MS-MS、CE-MS-MS、CE-MS-MS のうち、最適な機器を選択し、物質の検出ができ、未知物質の同定ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
		3) CE-MS を用いて生体内サンプルのメタボローム解析ができる	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4

問9 問8のスキル項目表に挙げられているスキル項目以外にも重要と考えられるスキル項目があれば、該当する業務内容の記号を選択した上で、簡単に内容をご記入ください。

業務内容		内容
回答例	A	研究テーマの進捗状況を把握し管理できる (上はあくまで回答例ですが「～できる」という形式の文章でご記入ください。)
記入欄		

問10 上で挙げられたような人材を育成するための外部研修（有料）があった場合、貴社もしくは貴研究所では、従業員、所員を外部研修に参加させたいと思いますか（○は1つだけ。1. に○をつけた方は具体的な金額も併せてご記入ください）。

1. 参加させたい	→	(但し、1人あたり_____万円程度)
2. 無料なら参加させてもよい		
3. 参加させたいとは思わない	←→	「問11」へ削除してよいのではないのでしょうか

(問10で1または2に○をつけた方だけにお尋ねします。)

問10-1 その外部研修の期間は、最長どれくらいの日数であれば、従業員を無理なく参加させることが可能ですか。

1人あたり延べ\_\_\_\_\_日程度

Ⅲ. 「広くバイオ産業を支える人材」全般の育成についてお伺いします。

問11 現在経済産業省では、バイオ人材育成事業を実施中です。特に本年度は「バイオ研究開発の実験現場を取り仕切ることのできる高度な研究者・技術者」という人材に注目し、このような技術者が持つべきスキルの体系化（スキルスタンダードの策定）、スキルを取得するために必要な研修カリキュラムの設計、研修の実施を行っております（本アンケートもこの一環として実施しているものです）。

問11-1 業界標準のスキルスタンダードが作成された場合、貴社もしくは貴研究所では、どのような観点から利用できると思いますか（○はいくつでも）。

1. 採用活動時における能力評価基準	4. 社員に必要な能力開発の明確化
2. 人事考課時の判断基準	5. 社内人材ニーズの把握
3. 人材配置の判断基準	6. その他（_____）

※スキルスタンダードとは

バイオ事業・研究の遂行に必要なスキル・能力等を体系化した指標。バイオ事業・研究を手掛ける人材が担当する専門分野や業務領域ごとに、職務遂行に必要なスキルや知識を明確化・構造化したもの。個人の能力や実績に基づくレベルを規定し、人材の「スキル・パス」を明らかにする。5ページの「スキル項目表」はその一部。

問 1 1 - 2 本事業や、広くバイオテクノロジーを支える人材の育成に対するご意見・ご要望等がございましたら、ご記入ください。

--

IV 貴社及びご回答者様についてお伺いします。

貴社名、ご回答者様等についてご記入ください。

(※貴社名やご回答者様のお名前などは、本アンケートのご回答内容について弊社から確認させていただく場合に備えお伺いするものです。公表は一切いたしません。)

貴社名	
部課名	
お名前	
所在地	(〒      —      )
電話番号	

貴社バイオ事業の概要	
貴社全体の従業員数	人

ご協力ありがとうございました

※ご記入いただきましたアンケート票は同封の返信用封筒（切手不要）に納め、**●月●●日（●）**までにご返送ください。

バイオ産業を支える人材の育成に関する調査

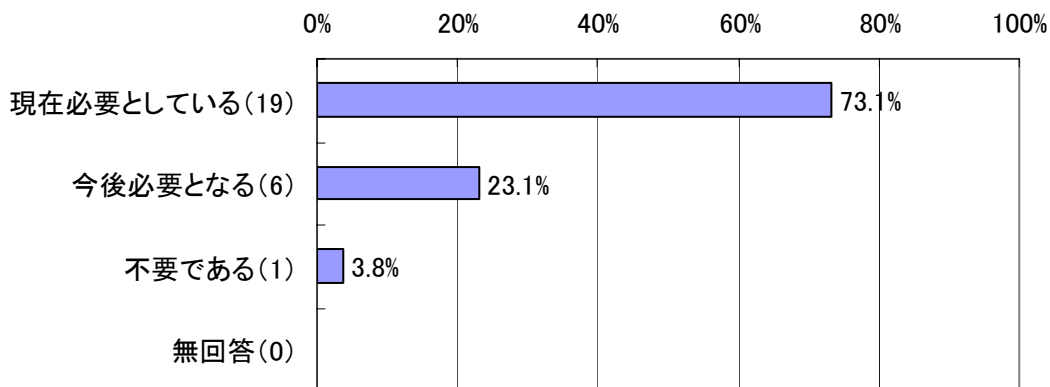
＜統合システムバイオリジスト＞

集計結果

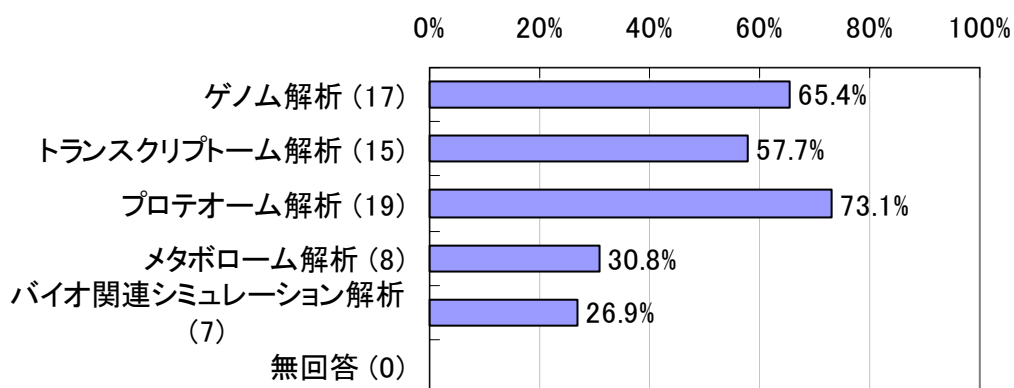
2004年9月24日

三井情報開発(株)総合研究所  
(株)ダイヤリサーチマーテック

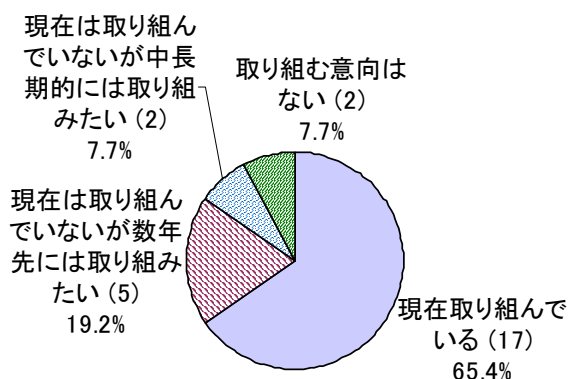
問1 アンケート票で定義した統合システムバイオロジーの必要性について御意見を選択ください。



問2 貴社もしくは貴研究所では、以下に挙げたような解析技術を用いた業務・研究開発を行っていますか（はいいくつでも可）



問3 貴社もしくは貴研究所では、統合システムバイオロジー関連研究に取り組んでいますか。あるいは取り組むことに関心がありますか。取り組んでいる場合には、その概要をご記入ください。



【事業・研究概要】

医薬、疾病および診断が9機関、微生物育種が3機関、蛋白質相互作用が2機関であった。

問4 貴社もしくは貴研究所の統合システムバイオロジー関連研究を担当されている、あるいは今後担当されるであろう部署・組織名をご記入ください。複数ある場合には、主要なもの1つをご記入ください。部署・組織名をそのまま記載することを避けて回答機関の整理に留めた。

大学	4
国公立研究所	5
医薬企業	5
食品企業	1
化学企業	1
臨床検査企業	1
ベンチャー企業	4

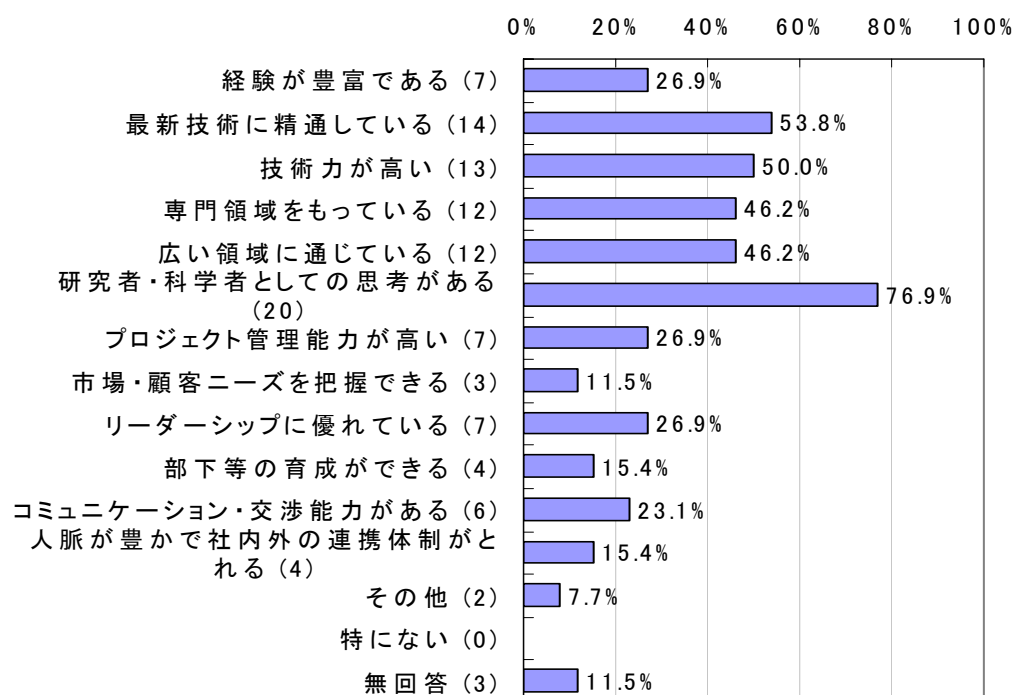
生物系の探索研究的な部門で、実施または実施予定している機関がほとんどであった。

問5 問3にご回答いただいた「統合システムバイオロジー」関連研究において、中核的な役割を担う人材を想定した場合、貴社もしくは貴研究所にとっての理想的な人材像・人材イメージをご自由にご記入ください。今後取り組む意向のある企業の方も、想定される人材像のイメージがございましたら、ご自由にお書きください。

アンケート調査票問5の理想的な人材像・人材イメージに対して記述された内容を技術面と性格面から整理した結果を下記に示した。

- 技術面： 生物学的な知識・技能を持ち、バイオインフォマティクスに精通しコンピュータ技術に強い、いわゆるダブルメジャーであることが共通した条件。  
 医薬開発等の関連する応用分野にも明るい。
- 性格面： 視野が広く、方向性が正しく、指導力のある人  
 チャレンジ精神が旺盛で、考え方が柔軟で、協調性のある人。

問6 問3の人材に望まれる能力を、以下の選択肢から5つまでお選びください（は5つまで）。

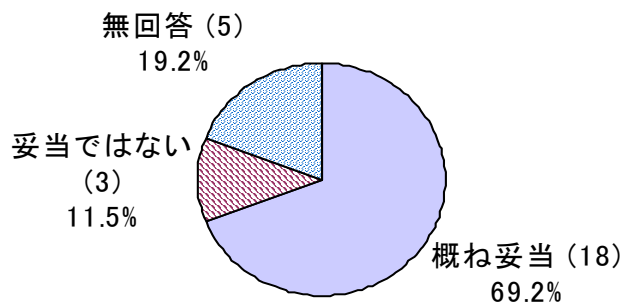


問 7-1 一般に、問 4 の人材像に達するまでのレベルを仮に 3 段階に分類するとして、私どもでは以下のような分類仮説を立てました。

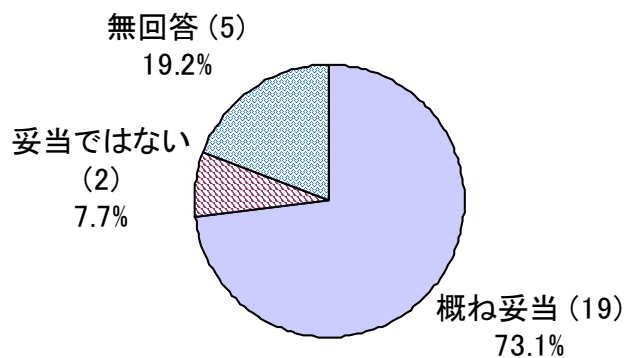
「統合システムバイオロジスト」に想定される業務に照らした、この分類は妥当でしょうか。

エントリー、スペシャリスト、プロジェクトマネージャーそれぞれに対する妥当性は以下の通りである。

( 1 ) エントリーレベルに対して

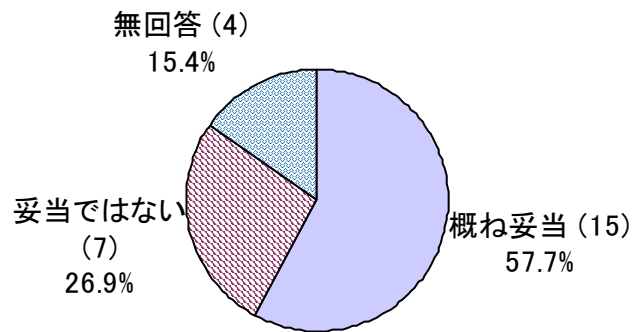


( 2 ) スペシャリストレベルに対して





(3) プロジェクトマネージャーレベルに対して



問7 - 2 一般に、問4の人材像に達するまでのレベルを仮に3段階に分類するとして、私どもでは(アンケート調査票参照)のような分類仮説を立てました。

「統合システムバイオロジスト」に想定される業務に照らした、この分類は妥当でしょうか。「妥当ではない」と回答された場合に、その人材像の役割・能力・知識等についてのイメージをご記入下さい。

回答数が少なかったが以下のような意見が寄せられた。

(1) エントリーレベルに対して

- ・ 基本的なW e t の経験は必要
- ・ 一般的知識・基本技能以外一つの専門的知識
- ・ コンピュータ利用技術が必要

(2) スペシャリストレベルに対した

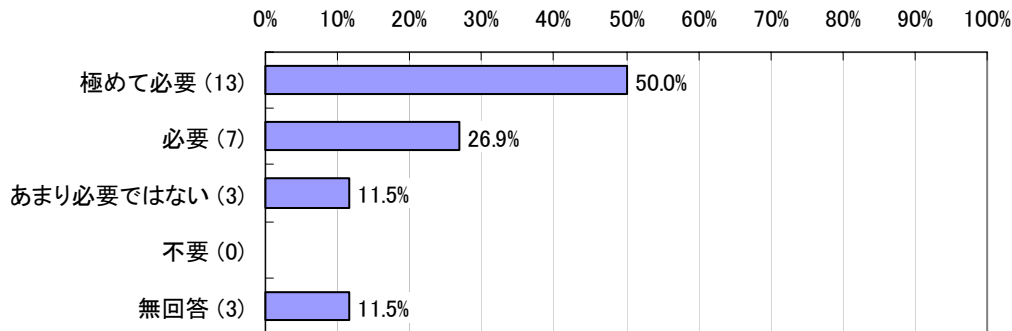
- ・ 専門的なW e t の経験は必須
- ・ コンピュータ技術プラス生物あるいは化学の知識

(3) プロジェクトマネージャーレベルに対して

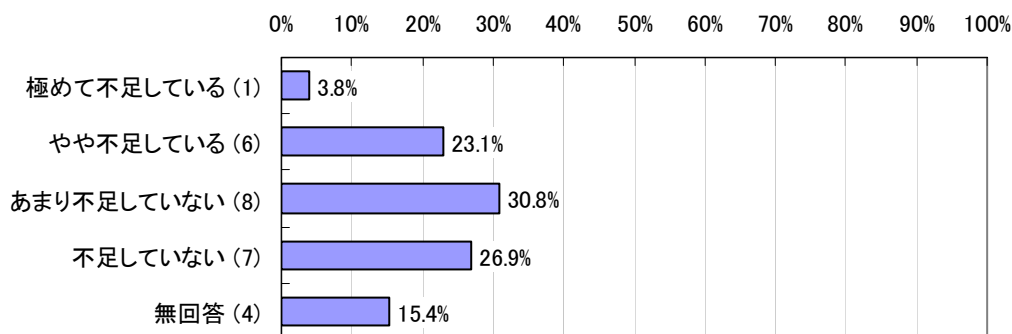
- ・ 本人が高度な専門性を持つ必要はない
- ・ 基本技術を持ち、研究内容の的確な把握や、ビジネスモデルや研究構想を立案する力が必要
- ・ コミュニケーションスキル

問 8 統合システムバイオロジスト関連業務・研究を担う人材に必要なスキル等に関し、下表に挙げたスキル項目のそれぞれについて、以下の設問にご回答ください。ご回答は、以下のスキル項目表から、該当する選択肢をお選びください。

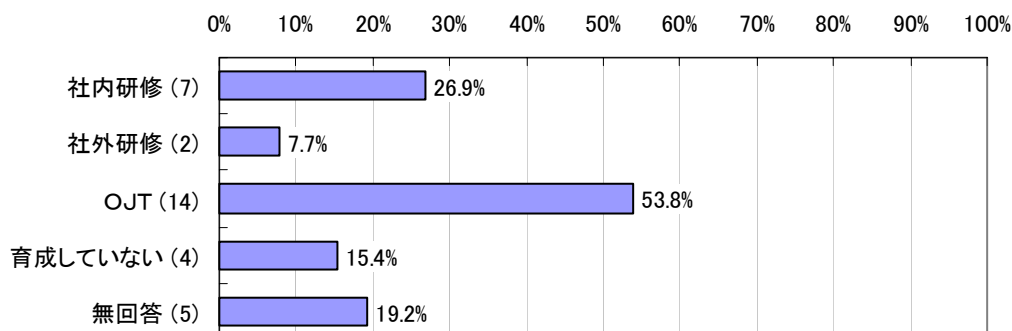
問 8-1A 1)スキル項目 研究進捗状況管理 1)研究テーマの進捗状況を管理できる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



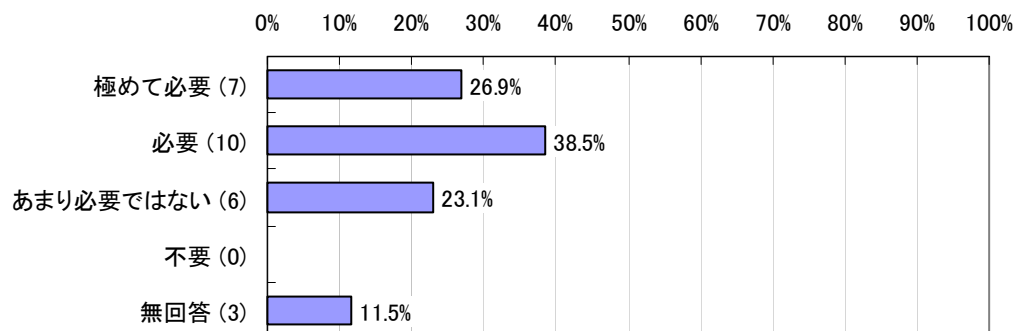
問 8-2A 1)スキル項目 研究進捗状況管理 1)研究テーマの進捗状況を管理できる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



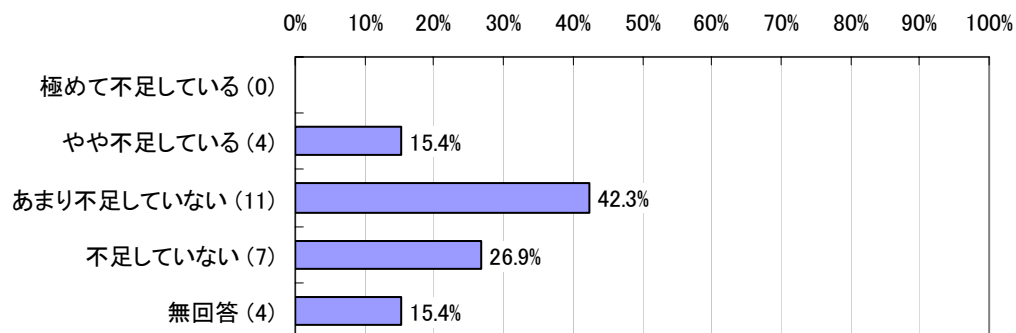
問 8-3A 1)スキル項目 研究進捗状況管理 1)研究テーマの進捗状況を管理できる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)。



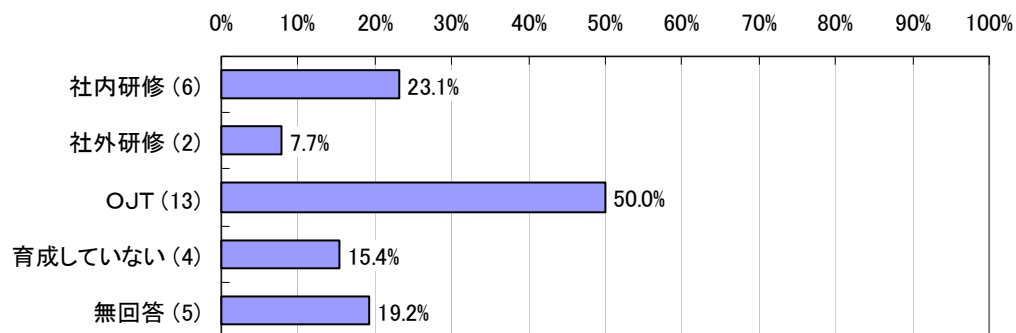
問 8-1A 2) スキル項目 研究進捗状況管理 2) 研究用資源の使用状況を把握し管理できる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



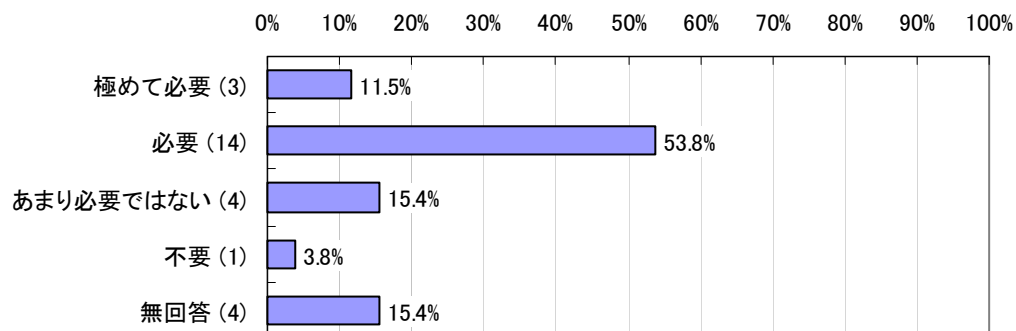
問 8-2A 2) スキル項目 研究進捗状況管理 2) 研究用資源の使用状況を把握し管理できる に対して貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



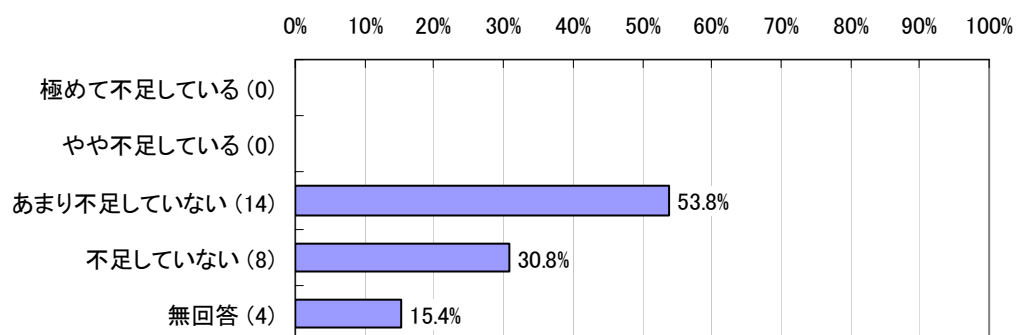
問 8-3A 2) スキル項目 研究進捗状況管理 2) 研究用資源の使用状況を把握し管理できる に対して貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)。



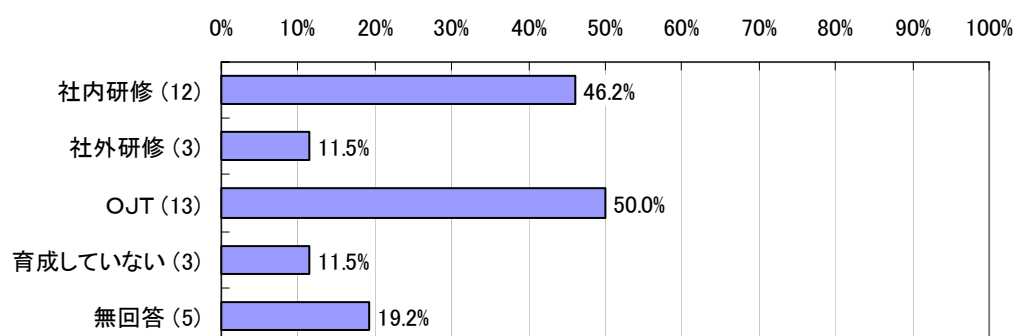
問 8-1B 1 ) スキル項目 労務管理 1)ラボ内の安全・衛生面での管理を実施できる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )。



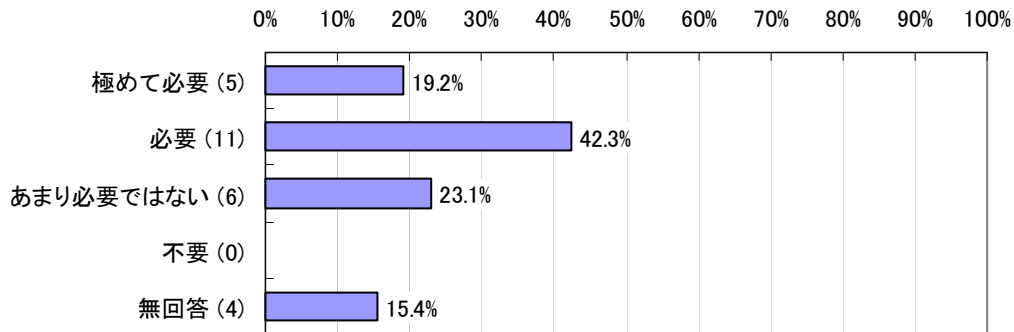
問 8-2B 1 ) スキル項目 労務管理 1)ラボ内の安全・衛生面での管理を実施できる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )。



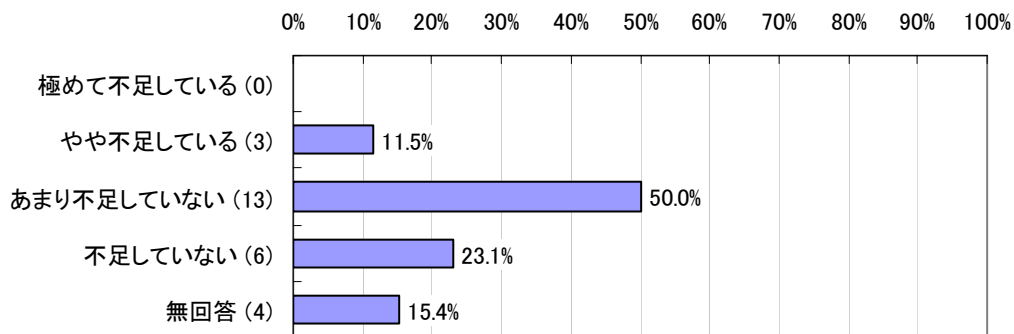
問 8-3B 1 ) スキル項目 労務管理 1)ラボ内の安全・衛生面での管理を実施できる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも )。



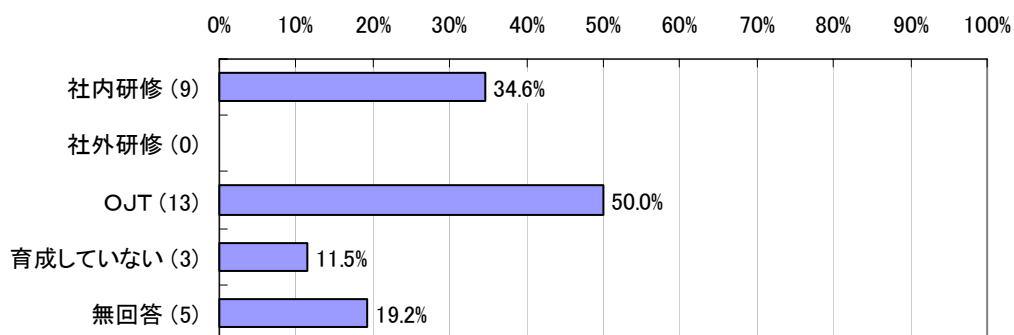
問 8-1 B 2 )スキル項目 労務管理 2)他の実験技術者の業務配分を立案し管理できる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )



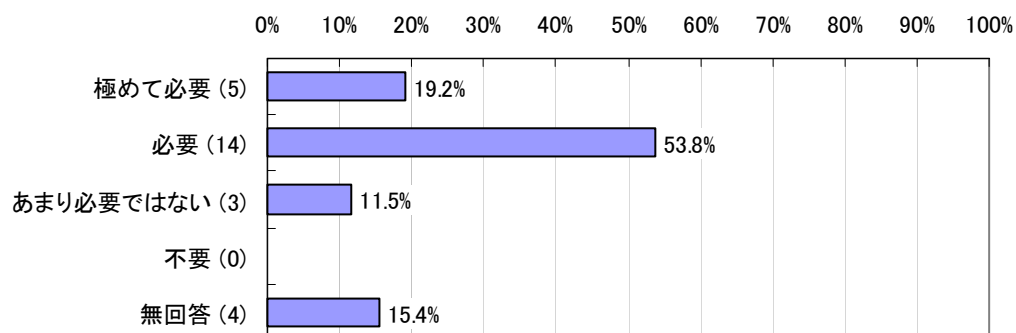
問 8-2 B 2 )スキル項目 労務管理 2)他の実験技術者の業務配分を立案し管理できる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )



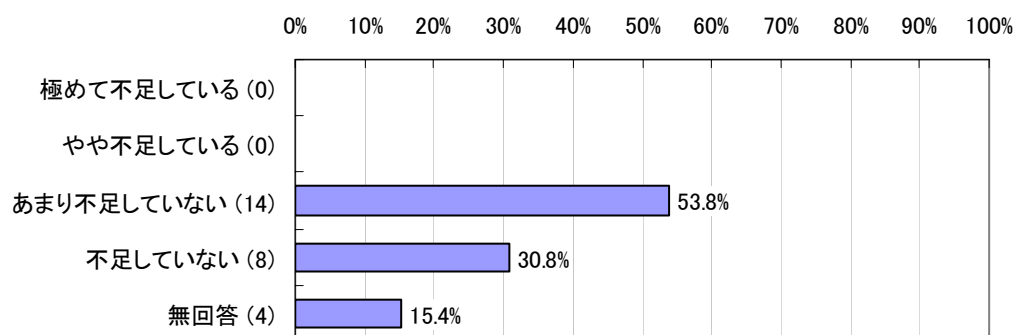
問 8-3 B 2 ) スキル項目 労務管理 2)他の実験技術者の業務配分を立案し管理できる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも )



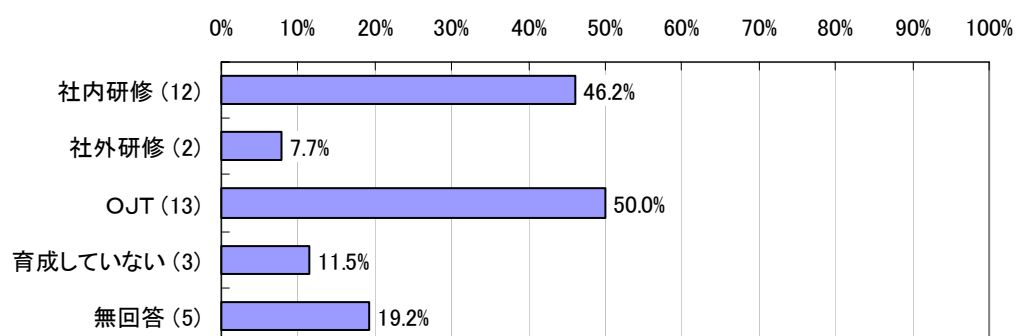
問 8-1 B 3 ) スキル項目 労務管理 3)生命倫理指針を理解し、遵守状況を管理できる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )。



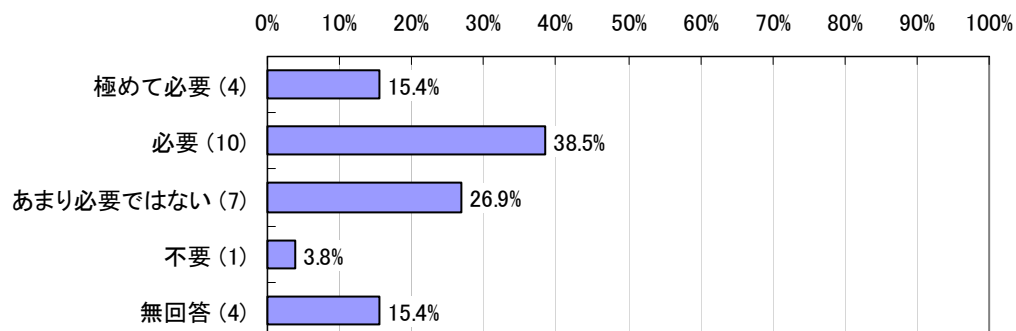
問 8-2 B 3 ) スキル項目 労務管理 3)生命倫理指針を理解し、遵守状況を管理できる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )。



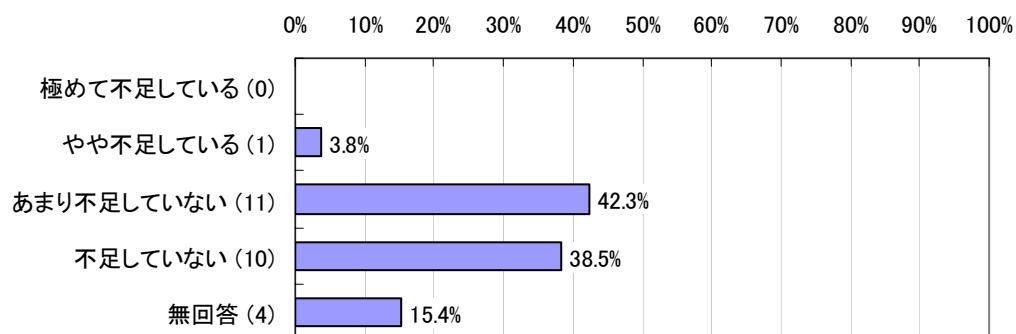
問 8-3 B 3 ) スキル項目 労務管理 3)生命倫理指針を理解し、遵守状況を管理できる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも )。



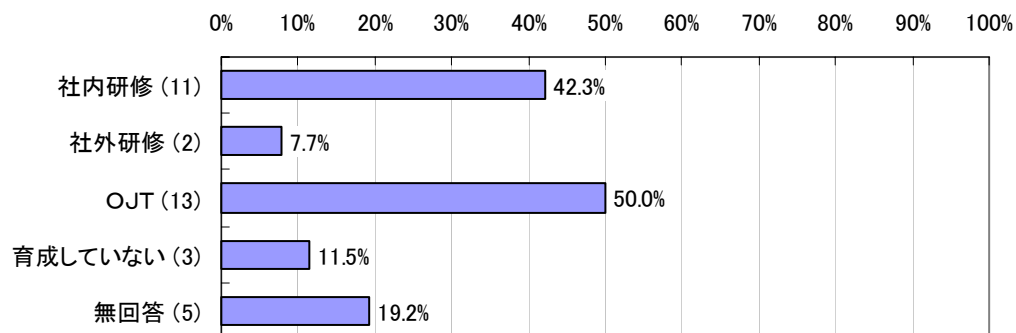
問 8-1 B 4 ) スキル項目 労務管理 4)ラボ内の産業廃棄物の処理を実施できる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



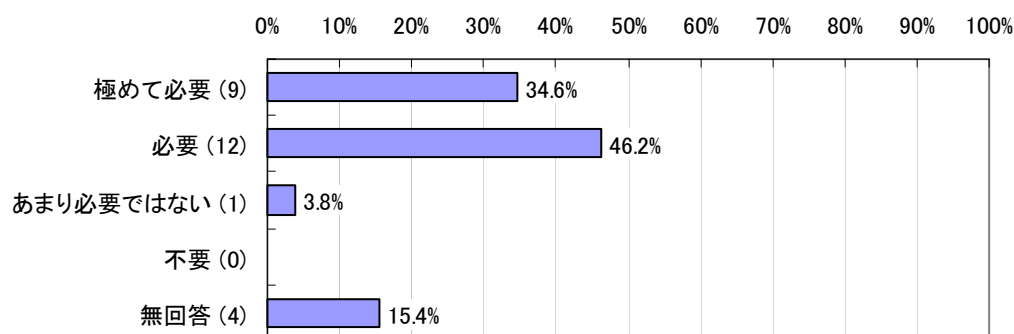
問 8-2 B 4 ) スキル項目 労務管理 4)ラボ内の産業廃棄物の処理を実施できる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



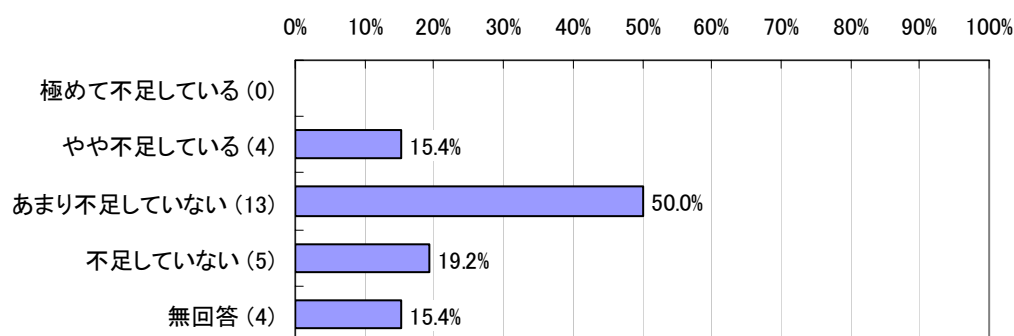
問 8-3 B 4 ) スキル項目 労務管理 4)ラボ内の産業廃棄物の処理を実施できる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)。



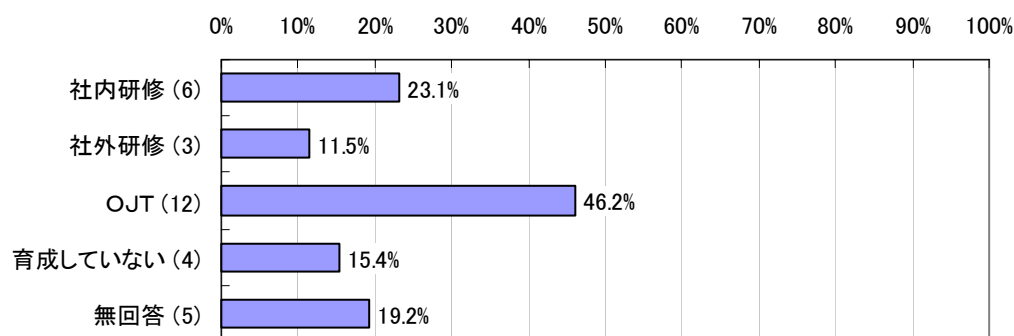
問 8-1C 1) スキル項目 統合システムバイオロジー研究に関するヒューマンマネジメント 1) 実験計画に沿ったプロトコルを作成し、スタッフに作業を指示できる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



問 8-2C 1) スキル項目 統合システムバイオロジー研究に関するヒューマンマネジメント 1) 実験計画に沿ったプロトコルを作成し、スタッフに作業を指示できる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。

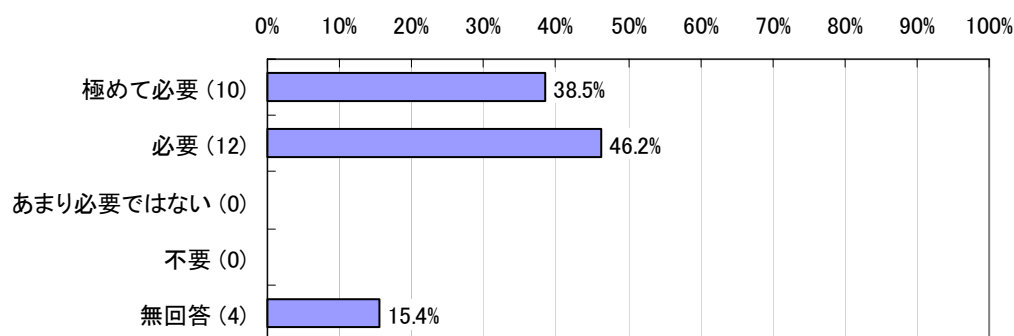


問 8-3C 1) スキル項目 統合システムバイオロジー研究に関するヒューマンマネジメント 1) 実験計画に沿ったプロトコルを作成し、スタッフに作業を指示できる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)。

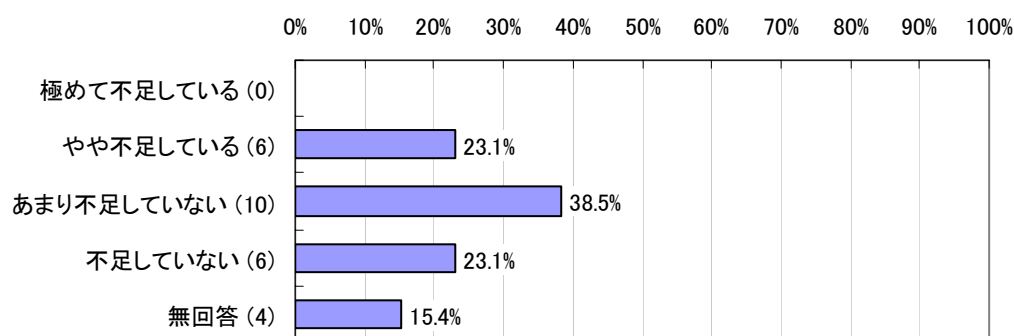




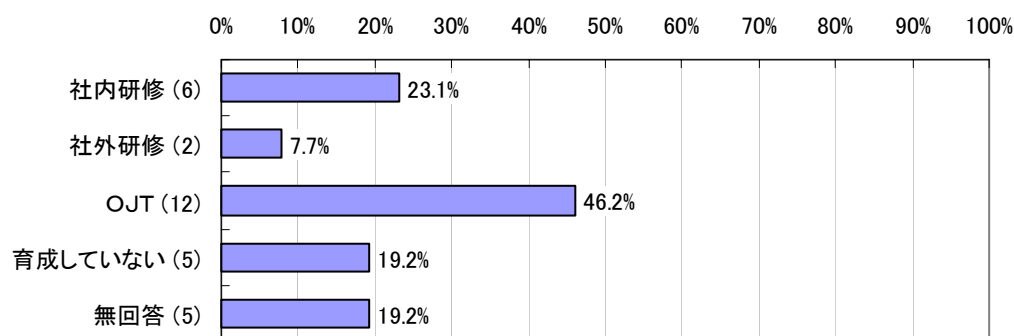
問 8-1C 2) スキル項目 統合システムバイオロジー研究に関するヒューマンマネジメント 2) 研究者・スタッフとのコミュニケーションがとれ、進捗管理ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



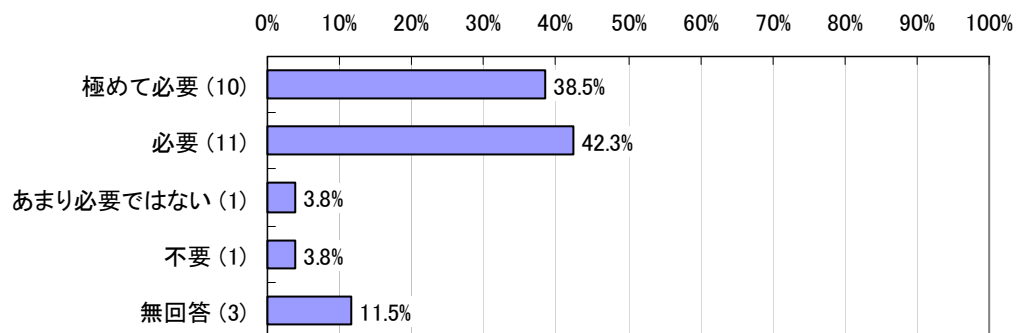
問 8-2C 2) スキル項目 統合システムバイオロジー研究に関するヒューマンマネジメント 2) 研究者・スタッフとのコミュニケーションがとれ、進捗管理ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



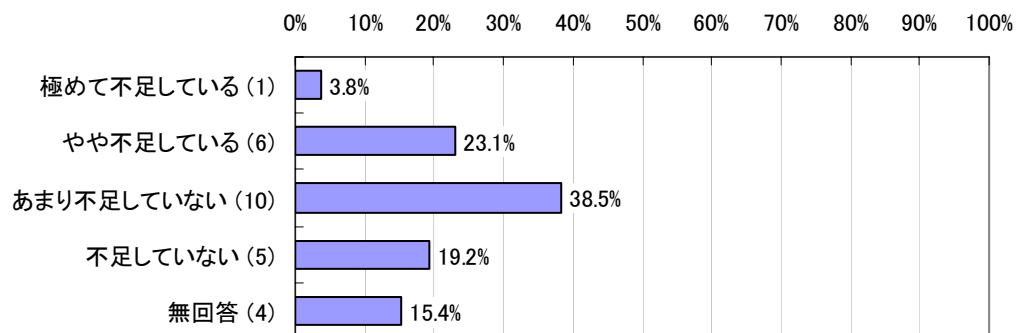
問 8-3C 2) スキル項目 統合システムバイオロジー研究に関するヒューマンマネジメント 2) 研究者・スタッフとのコミュニケーションがとれ、進捗管理ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)。



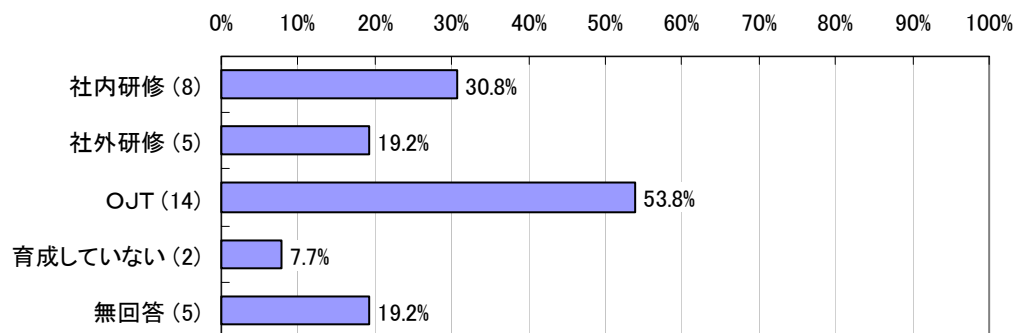
問 8-1D 1) スキル項目 知的財産 1) 特許出願ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



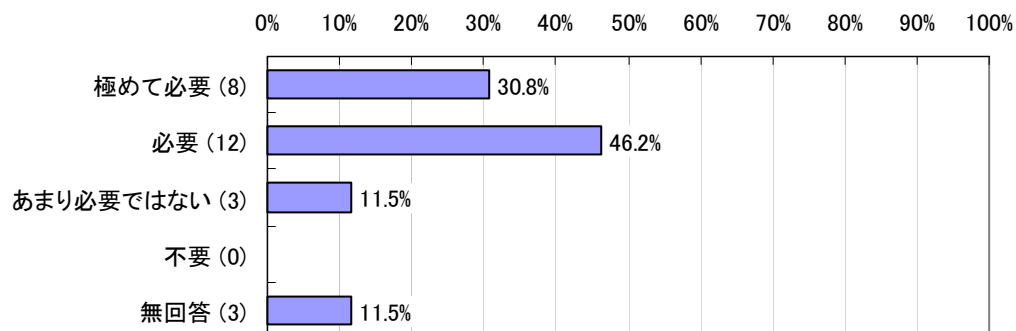
問 8-2D 1) スキル項目 知的財産 1) 特許出願ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



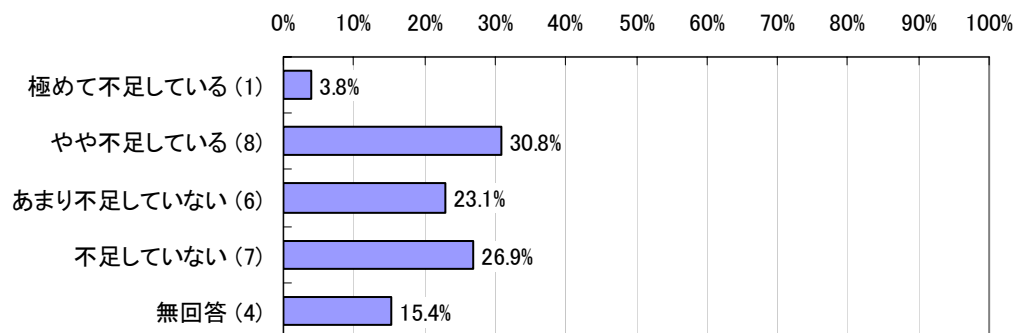
問 8-3D 1) スキル項目 知的財産 1) 特許出願ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)。



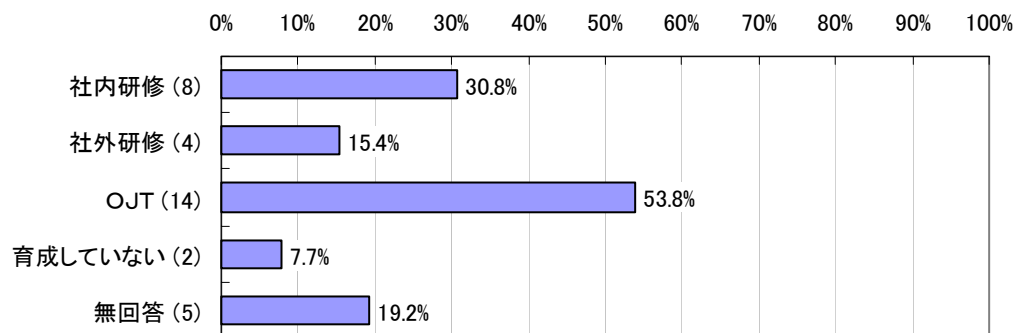
問 8-1D 2 ) スキル項目 知的財産 2 ) 他社の特許出願状況調査ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は 1 つだけ )。



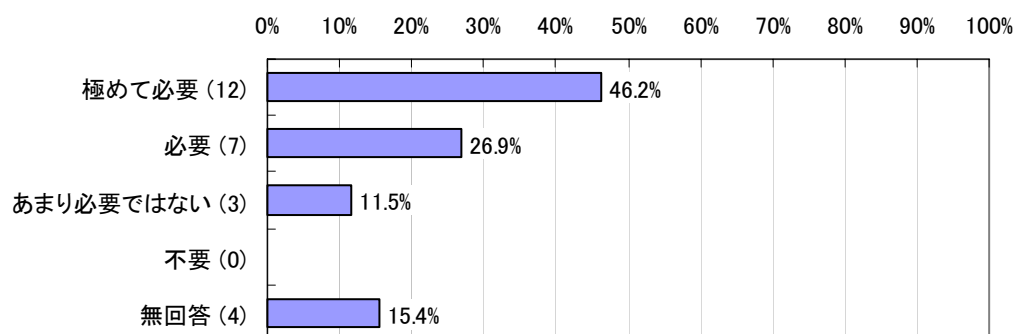
問 8-2D 2 ) スキル項目 知的財産 2 ) 他社の特許出願状況調査ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は 1 つだけ )。



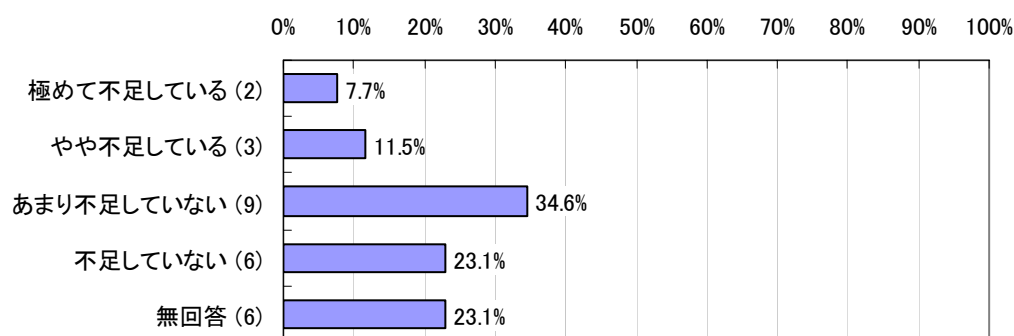
問 8-3D 2 ) スキル項目 知的財産 2 ) 他社の特許出願状況調査ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも )。



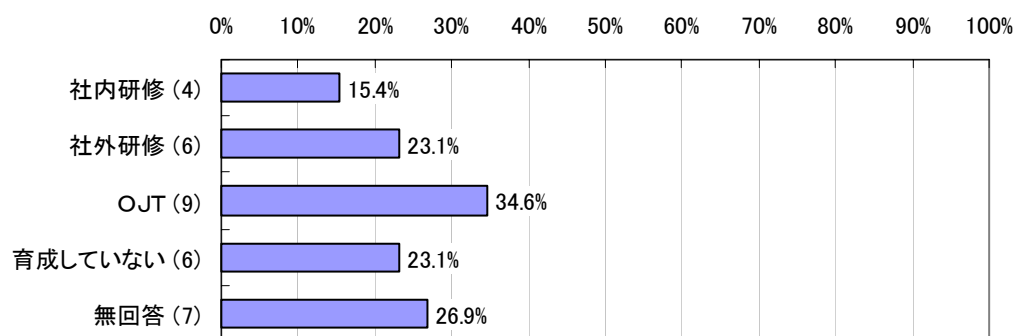
問 8-1E 1) スキル項目 ゲノム解析実験計画・作業計画の立案 1) ゲノム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で、担当業務の方向性についてイメージできる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )



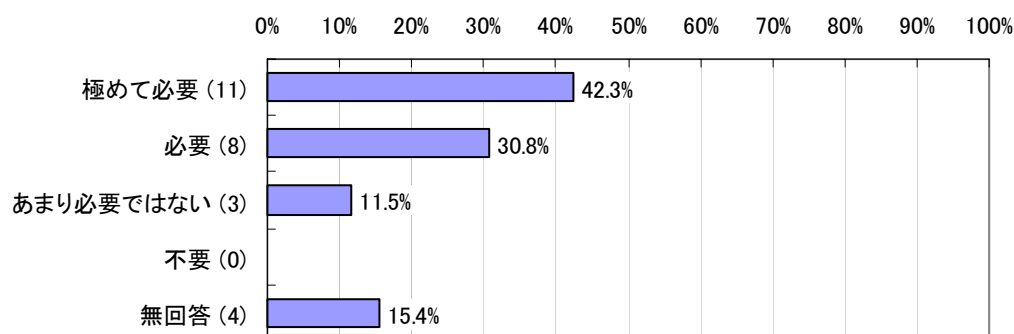
問 8-2E 1) スキル項目 ゲノム解析実験計画・作業計画の立案 1) ゲノム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で、担当業務の方向性についてイメージできる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )



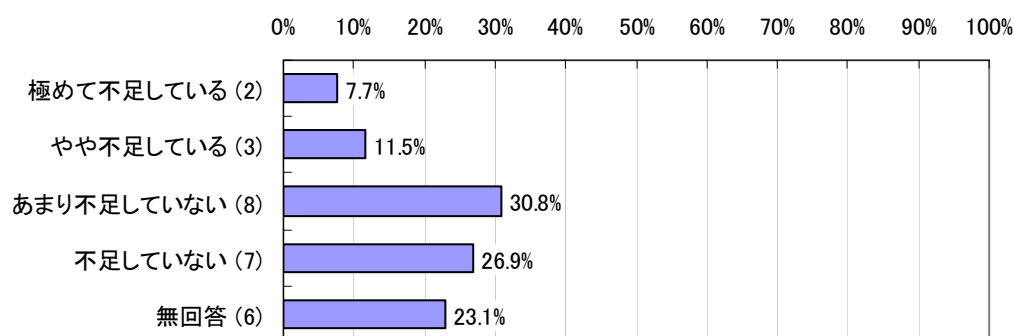
問 8-3E 1) スキル項目 ゲノム解析実験計画・作業計画の立案 1) ゲノム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で、担当業務の方向性についてイメージできる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも )



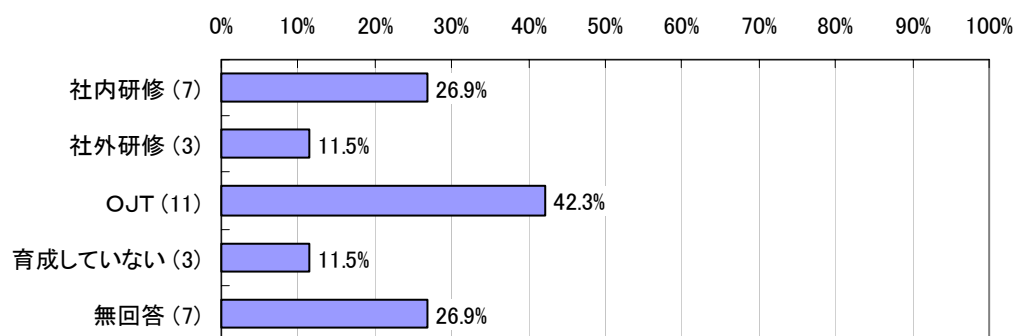
問 8-1E 2) スキル項目 ゲノム解析実験計画・作業計画の立案 2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



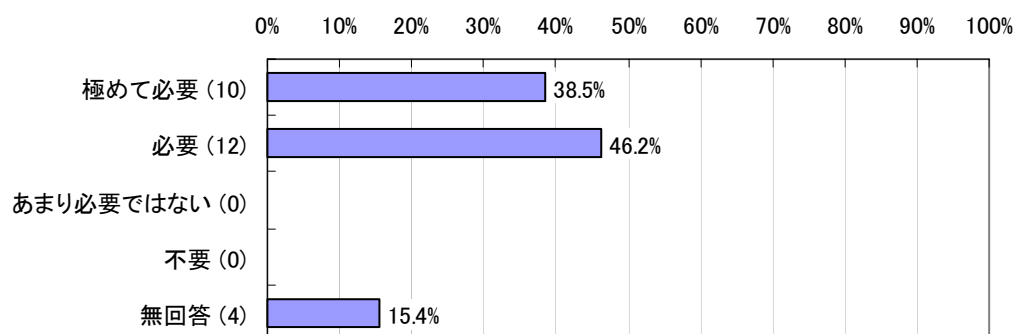
問 8-2E 2) スキル項目 ゲノム解析実験計画・作業計画の立案 2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



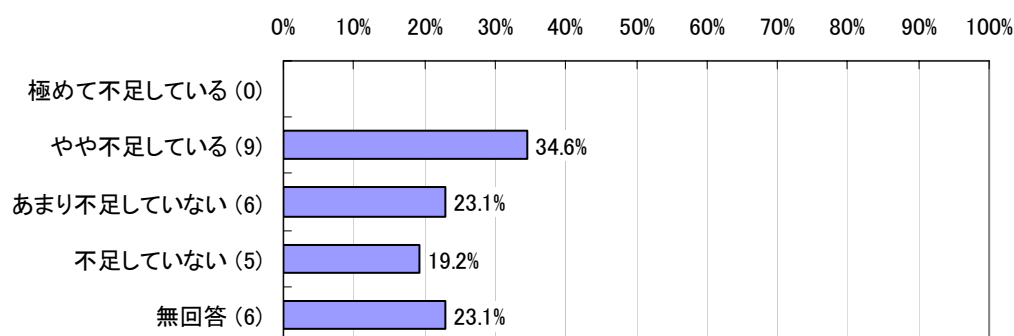
問 8-3E 2) スキル項目 ゲノム解析実験計画・作業計画の立案 2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)。



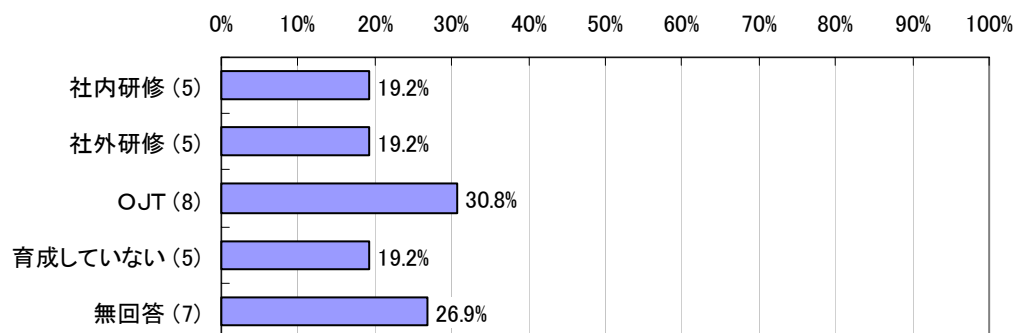
問 8-1F 1) スキル項目 トランスクリプト ム解析実験計画・作業計画の立案 1) トランスクリプトーム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



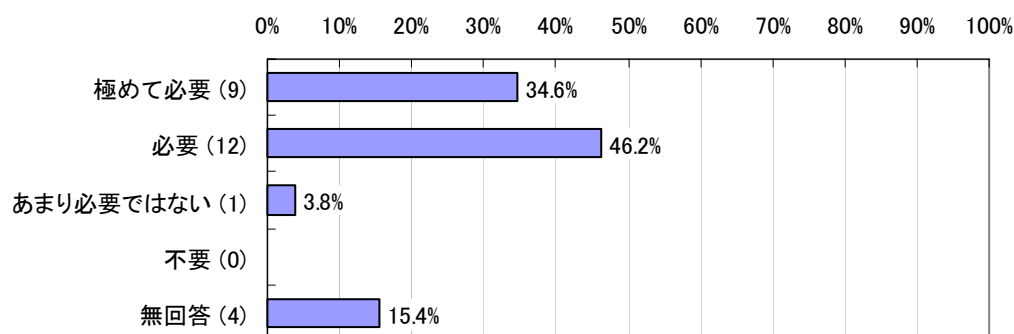
問 8-2F 1) スキル項目 トランスクリプト ム解析実験計画・作業計画の立案 1) トランスクリプトーム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください ( は1つだけ)。



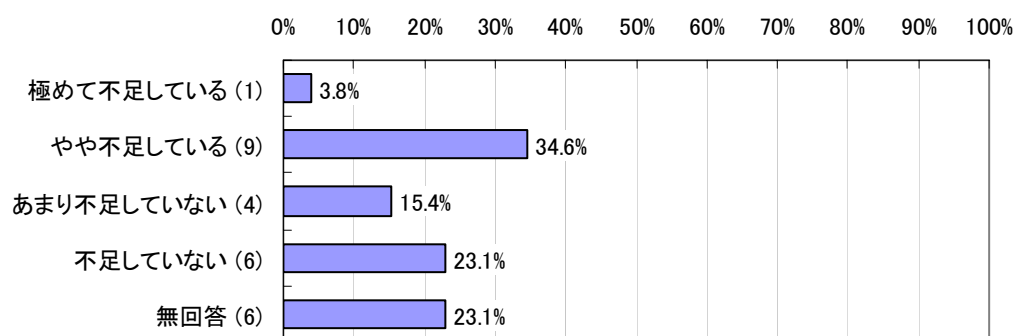
問 8-3F 1) スキル項目 トランスクリプト ム解析実験計画・作業計画の立案 1) トランスクリプトーム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)。



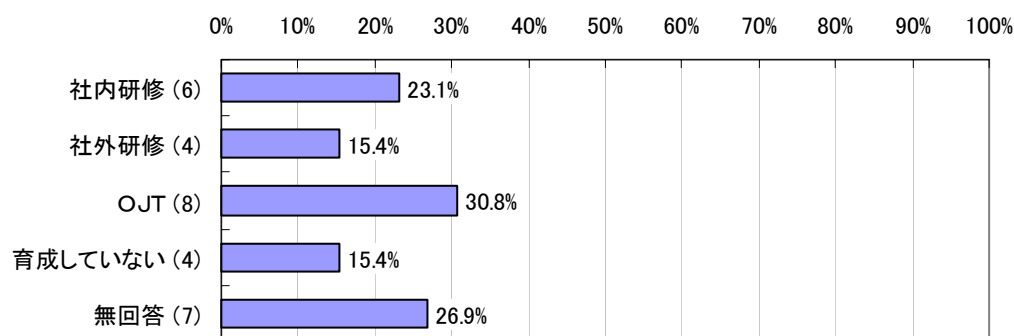
問 8-1F 2) スキル項目 トランスクリプト ム解析実験計画・作業計画の立案 2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコールを備えた実験計画、作業計画の立案ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



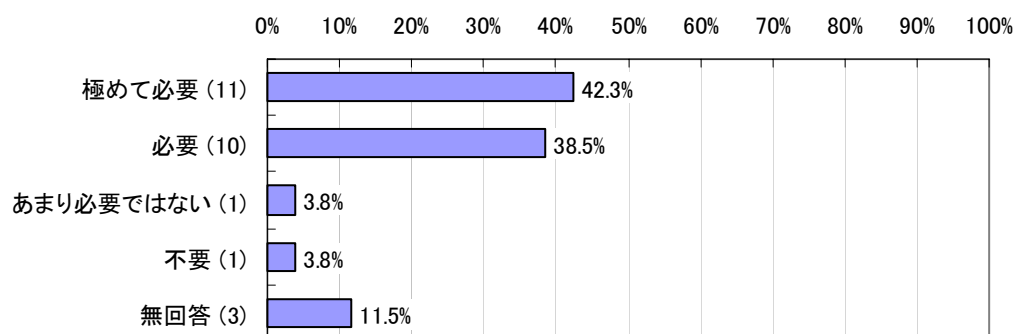
問 8-2F 2) スキル項目 トランスクリプト ム解析実験計画・作業計画の立案 2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコールを備えた実験計画、作業計画の立案ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



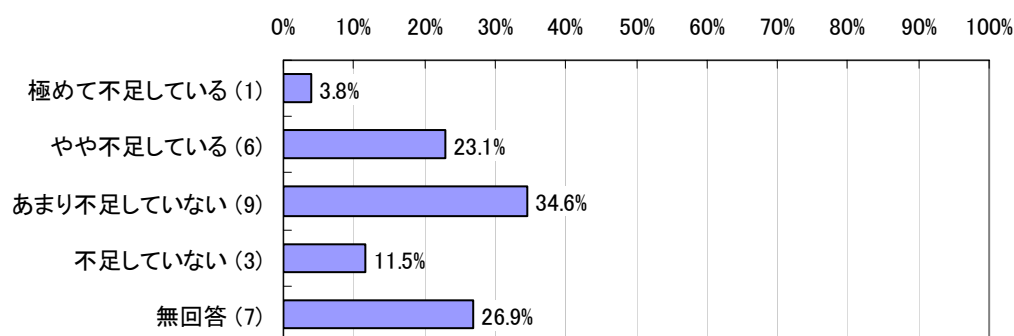
問 8-3F 2) スキル項目 トランスクリプト ム解析実験計画・作業計画の立案 2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコールを備えた実験計画、作業計画の立案ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)。



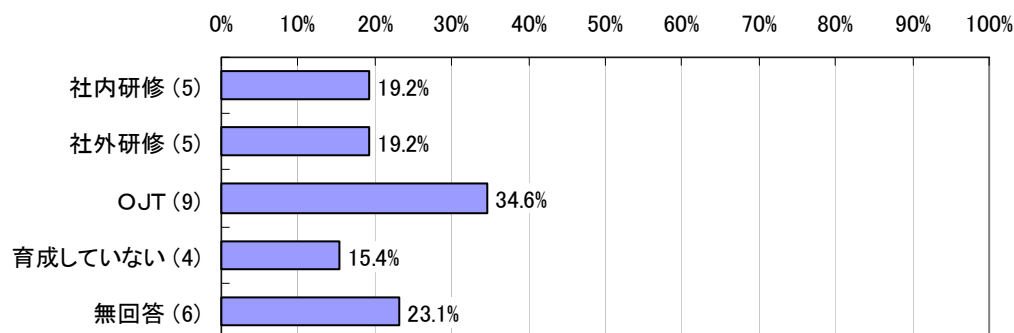
問 8-1 G 1 ) スキル項目 プロテオーム解析計画・作業計画の立案 1) プロテオーム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )



問 8-2 G 1 ) スキル項目 プロテオーム解析計画・作業計画の立案 1) プロテオーム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )

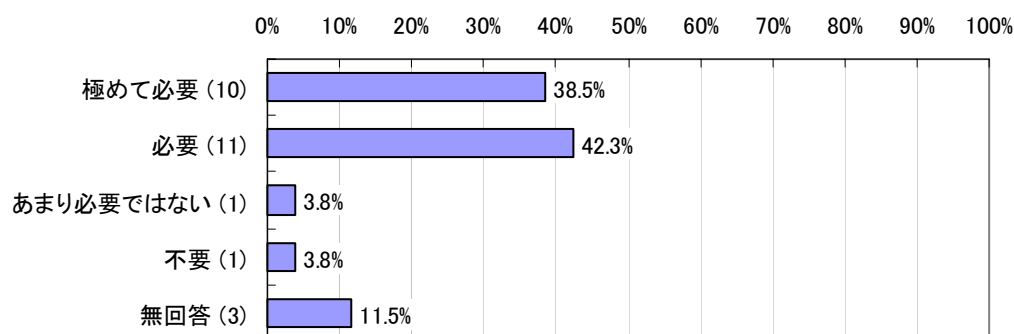


問 8-3 G 1 ) スキル項目 プロテオーム解析計画・作業計画の立案 1) プロテオーム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として該当する選択肢をお選びください( は1つだけ )

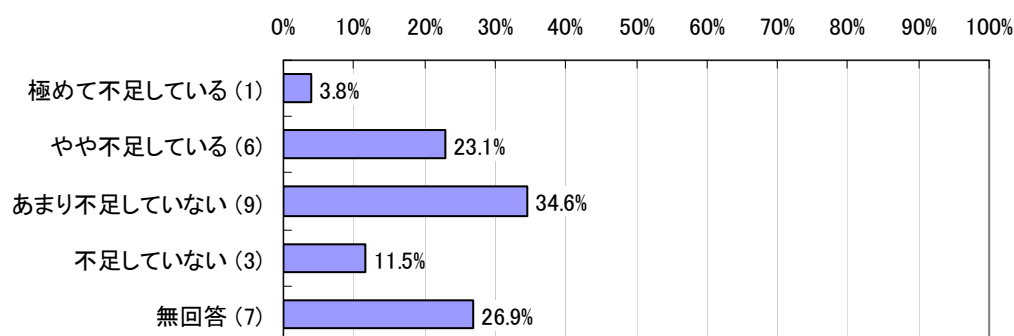




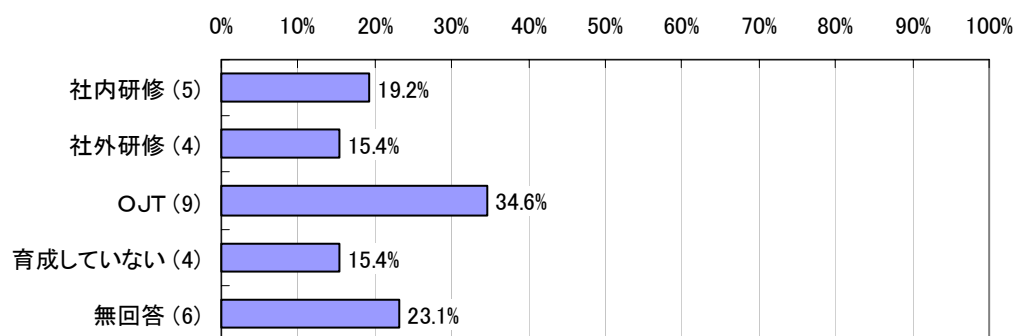
問 8-1G 2) スキル項目 プロテオーム解析計画・作業計画の立案 2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



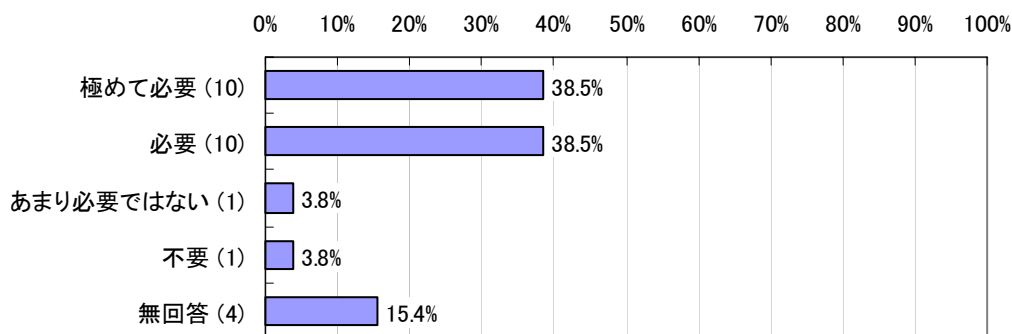
問 8-2G 2) スキル項目 プロテオーム解析計画・作業計画の立案 2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



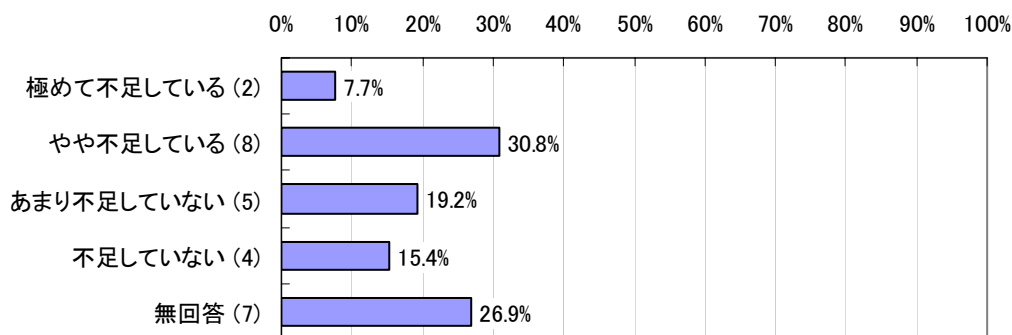
問 8-3G 2) スキル項目 プロテオーム解析計画・作業計画の立案 2) 専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)。



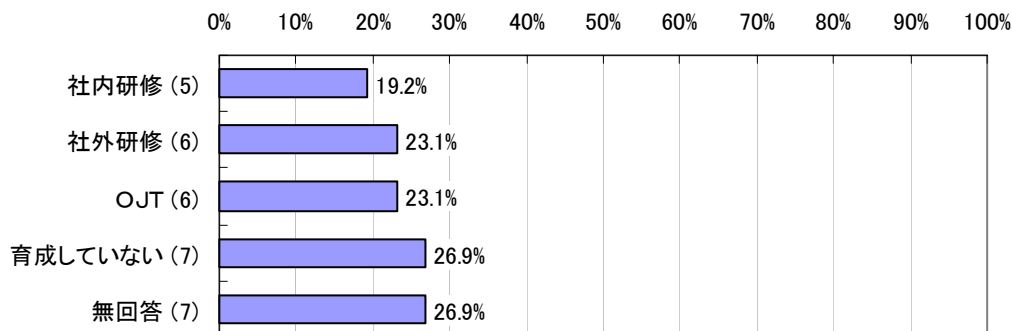
問 8-1H 1 ) スキル項目 メタボローム解析実験計画・作業計画の立案 1)メタボローム・メタボノーム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上担当業務の方向性についてイメージできる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )



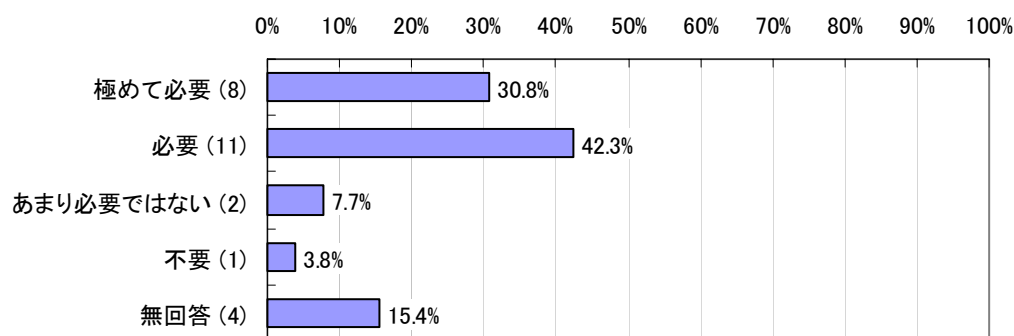
問 8-2H 1 ) スキル項目 メタボローム解析実験計画・作業計画の立案 1)メタボローム・メタボノーム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上担当業務の方向性についてイメージできる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )



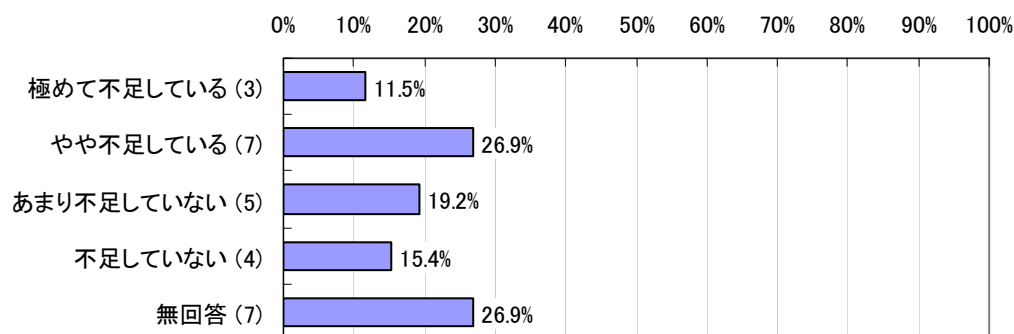
問 8-3H 1 ) スキル項目 メタボローム解析実験計画・作業計画の立案 1)メタボローム・メタボノーム解析の世界的動向、技術の開発状況を理解した上担当業務の方向性についてイメージできる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも )



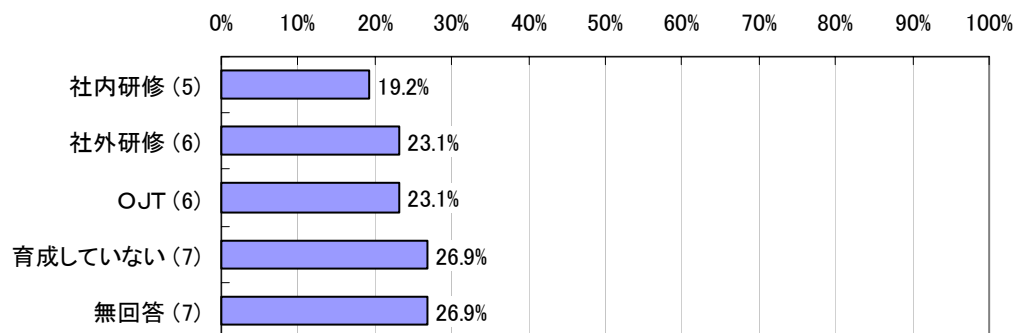
問 8-1H 2 ) スキル項目 メタボローム解析実験計画・作業計画の立案 2)専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )



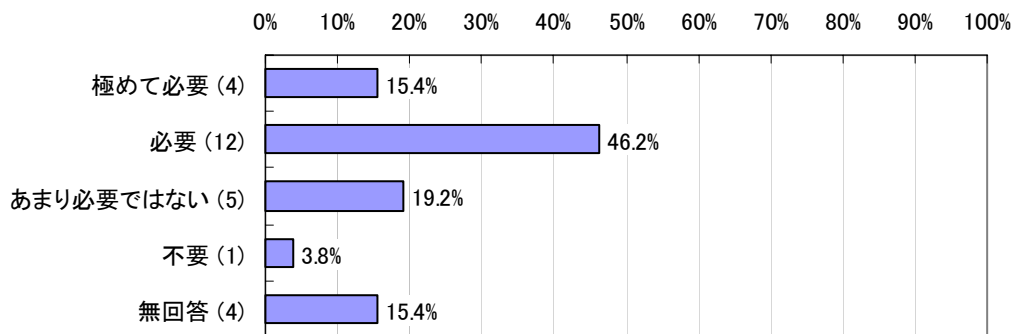
問 8-2H 2 ) スキル項目 メタボローム解析実験計画・作業計画の立案 2)専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )



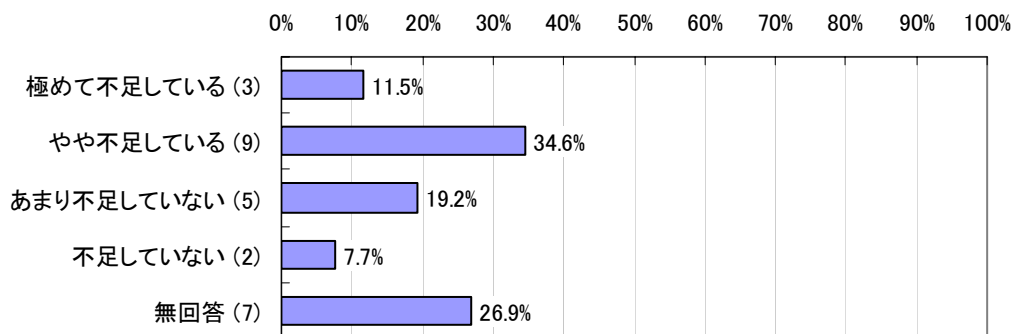
問 8-3H 2 ) スキル項目 メタボローム解析実験計画・作業計画の立案 2)専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも )



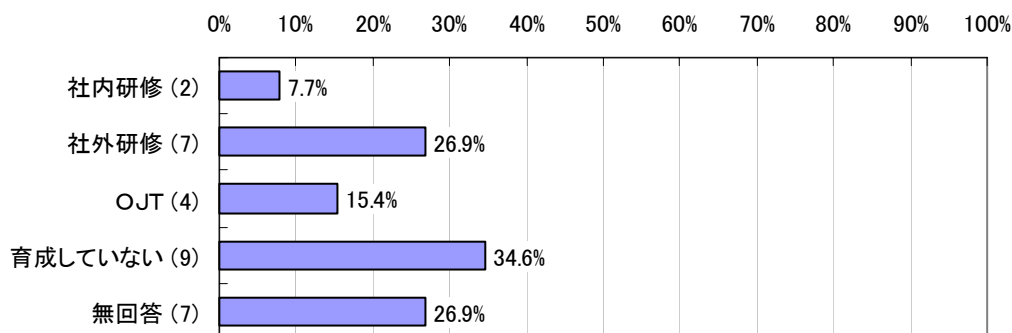
問 8-1 I 1) スキル項目 バイオシミュレーション研究計画・作業計画の立案 1) バイオシミュレーションの世界的動向、技術の開発状況を理解理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



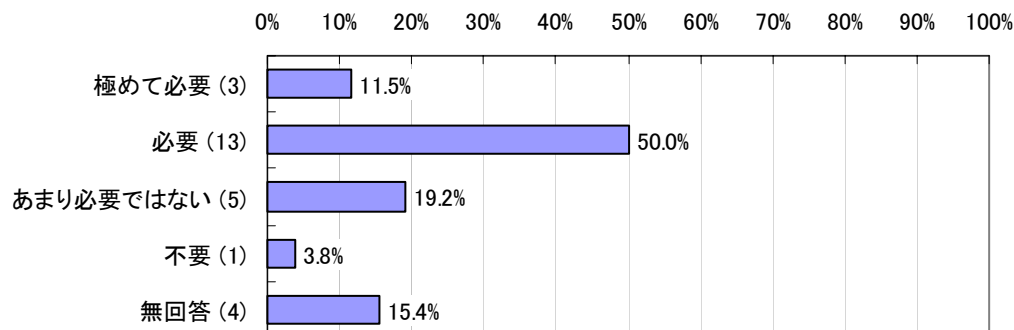
問 8-2 I 1) スキル項目 バイオシミュレーション研究計画・作業計画の立案 1) バイオシミュレーションの世界的動向、技術の開発状況を理解理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください ( は1つだけ)。



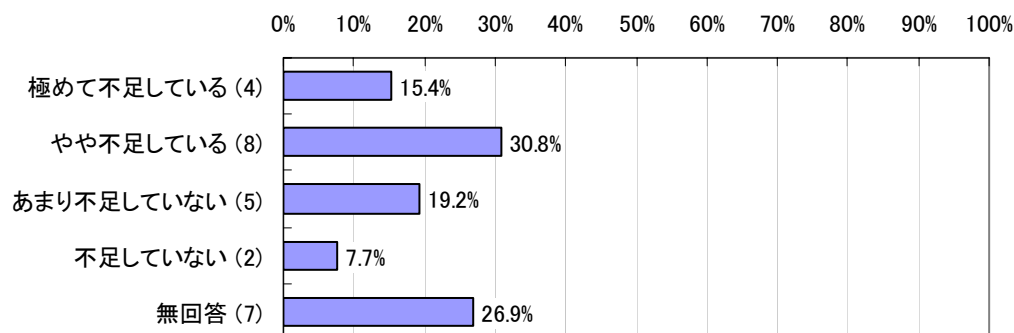
問 8-3 I 1) スキル項目 バイオシミュレーション研究計画・作業計画の立案 1) バイオシミュレーションの世界的動向、技術の開発状況を理解理解した上で担当業務の方向性についてイメージできる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)。



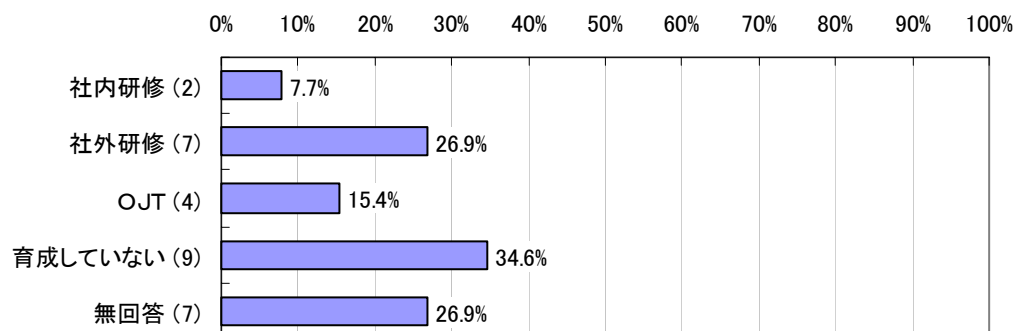
問 8-1 I 2 ) スキル項目 バイオシミュレーション研究計画・作業計画の立案 2)専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )



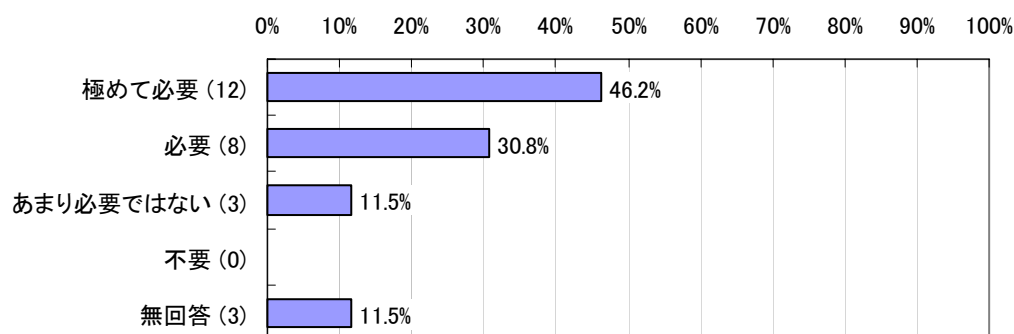
問 8-2 I 2 ) スキル項目 バイオシミュレーション研究計画・作業計画の立案 2)専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )



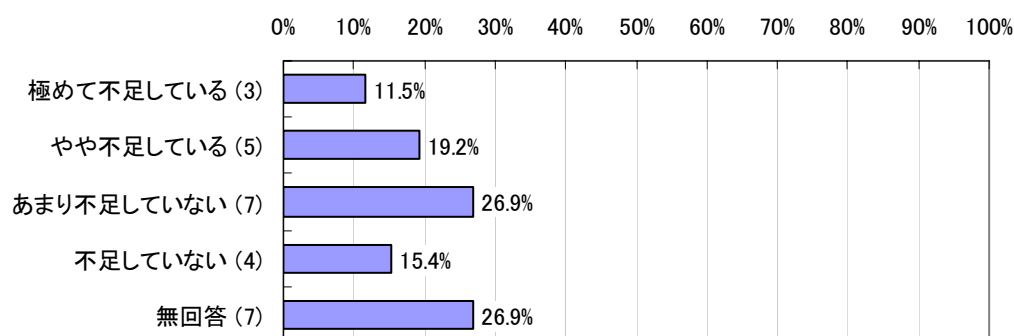
問 8-3 I 2 ) スキル項目 バイオシミュレーション研究計画・作業計画の立案 2)専門的要望を理解し、目的にかなったプロトコルを備えた実験計画、作業計画の立案ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも )



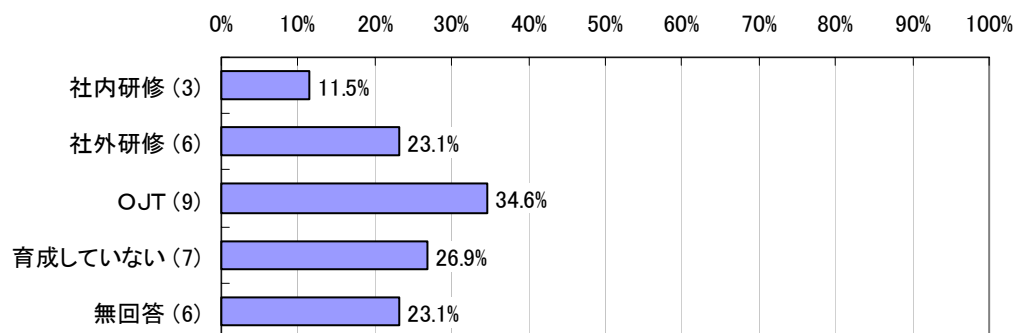
問 8-1 J 1) スキル項目 コンピュータ生物情報解析研究実務(基礎) 1)ゲノム情報に基づく生命のシステムの理解(代謝系の再構築、遺伝子の相互作用推定、細胞シミュレーション)に対する基礎概念をもつ に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



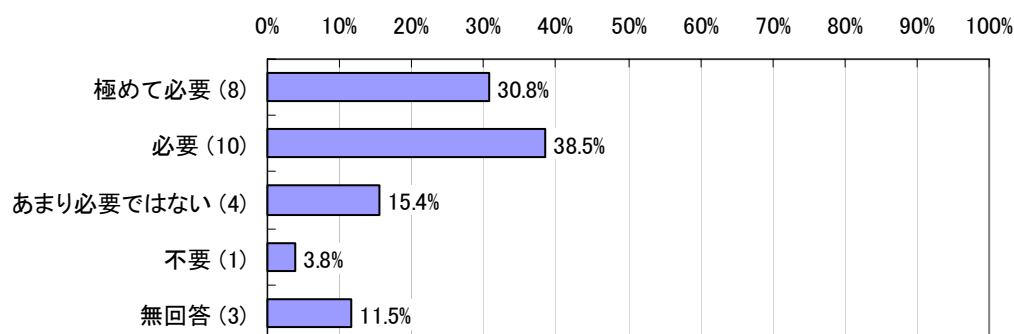
問 8-2 J 1) スキル項目 コンピュータ生物情報解析研究実務(基礎) 1)ゲノム情報に基づく生命のシステムの理解(代謝系の再構築、遺伝子の相互作用推定、細胞シミュレーション)に対する基礎概念をもつ に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



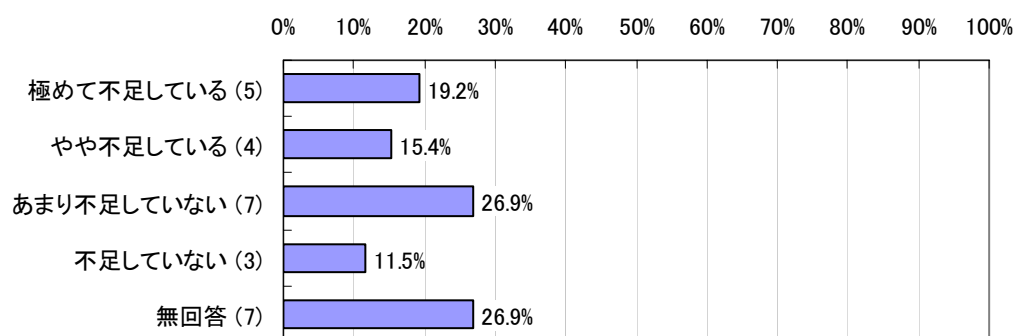
問 8-3 J 1) スキル項目 コンピュータ生物情報解析研究実務(基礎) 1)ゲノム情報に基づく生命のシステムの理解(代謝系の再構築、遺伝子の相互作用推定、細胞シミュレーション)に対する基礎概念をもつ に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)。



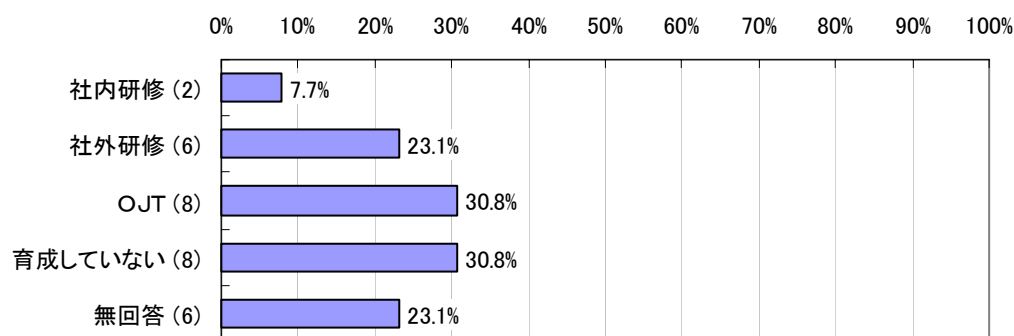
問 8-1 J 2) スキル項目 コンピュータ生物情報解析研究実務(基礎)2)論文や無償ソースプログラミングを読み解き、新規アルゴリズムのプログラミングを行える能力の会得 に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)



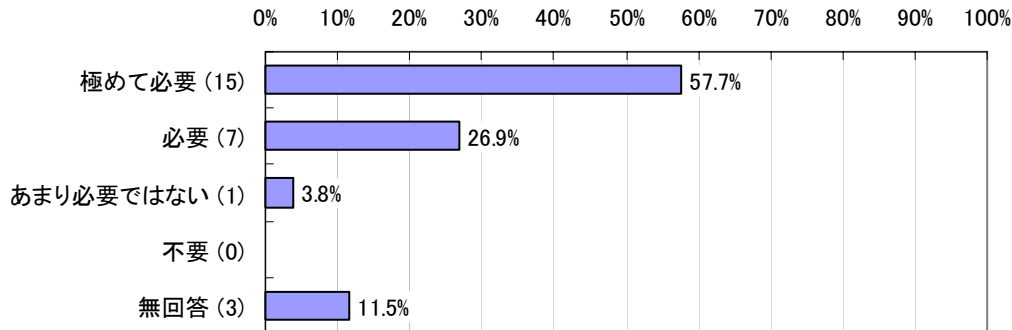
問 8-2 J 2) スキル項目 コンピュータ生物情報解析研究実務(基礎)2)論文や無償ソースプログラミングを読み解き、新規アルゴリズムのプログラミングを行える能力の会得 に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)



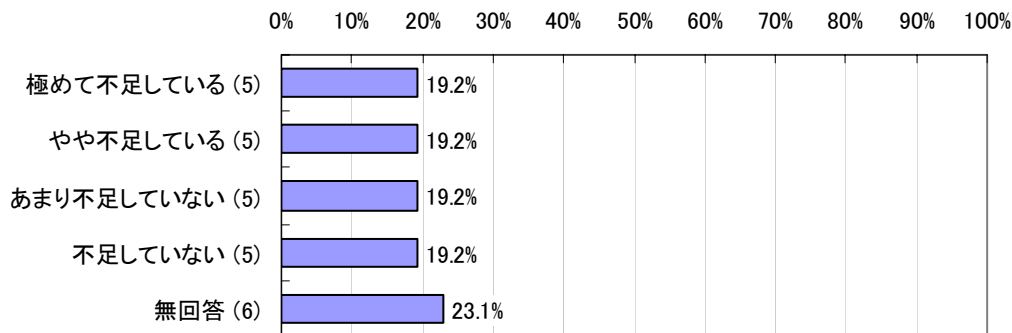
問 8-3 J 2) スキル項目 コンピュータ生物情報解析研究実務(基礎)2)論文や無償ソースプログラミングを読み解き、新規アルゴリズムのプログラミングを行える能力の会得 に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)



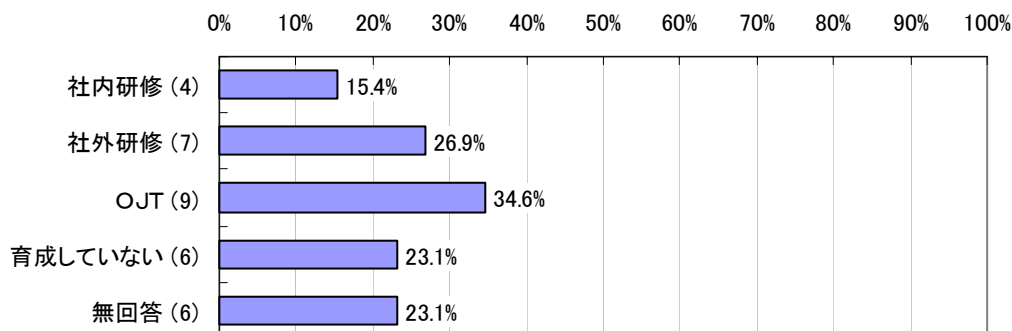
問 8-1 J 3 ) スキル項目 コンピュータ生物情報解析研究実務 (基礎) 3) バイオインフォマティクスの分野において一般的に利用されているソフト (BLAST、FASTA、ClustalW などゲノム解析における定番ツール、PubMed などのデータベースの利用方法) を用いたゲノム解析技術の取得 に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください ( は 1 つだけ )



問 8-2 J 3 ) スキル項目 コンピュータ生物情報解析研究実務 (基礎) 3) バイオインフォマティクスの分野において一般的に利用されているソフト (BLAST、FASTA、ClustalW などゲノム解析における定番ツール、PubMed などのデータベースの利用方法) を用いたゲノム解析技術の取得 に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください ( は 1 つだけ )

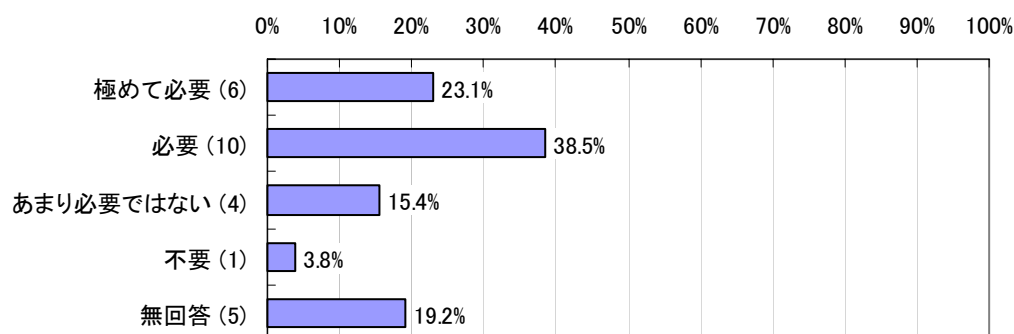


問 8-3 J 3 ) スキル項目 コンピュータ生物情報解析研究実務 (基礎) 3) バイオインフォマティクスの分野において一般的に利用されているソフト (BLAST、FASTA、ClustalW などゲノム解析における定番ツール、PubMed などのデータベースの利用方法) を用いたゲノム解析技術の取得 に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください ( はいくつでも )

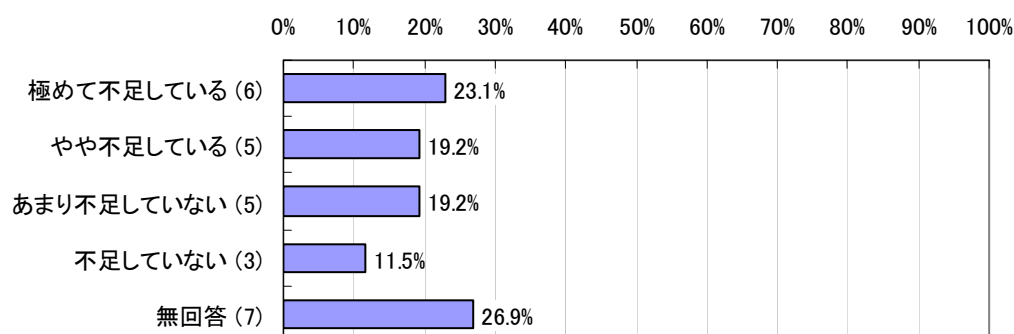




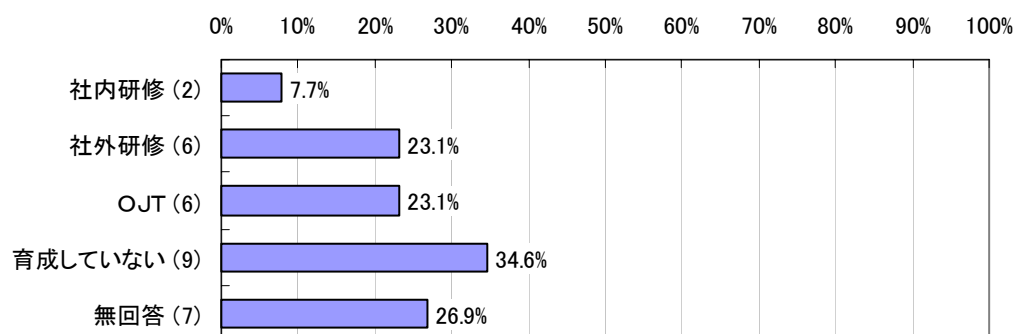
問 8-1K 1) スキル項目 コンピュータ生物情報解析研究実務(シミュレーション) 1)シミュレーションの基本概念を理解し、シミュレーションソフトの利用ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)



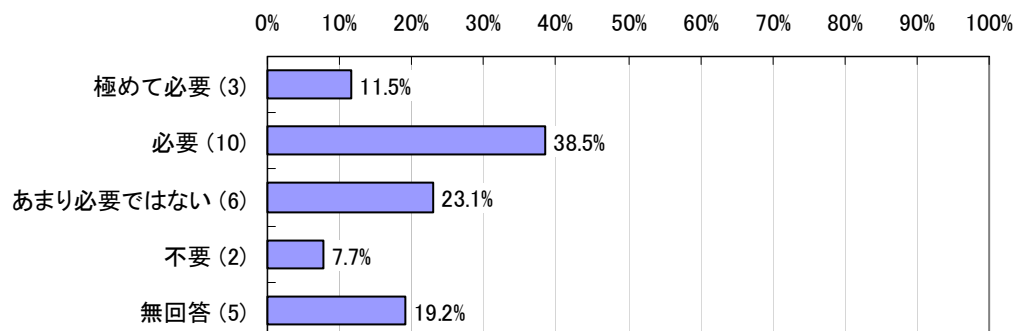
問 8-2K 1) スキル項目 コンピュータ生物情報解析研究実務(シミュレーション) 1)シミュレーションの基本概念を理解し、シミュレーションソフトの利用ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)



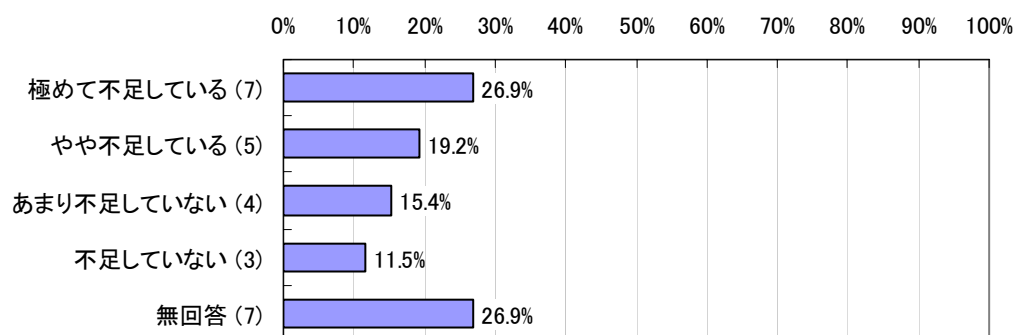
問 8-3K 1) スキル項目 コンピュータ生物情報解析研究実務(シミュレーション) 1)シミュレーションの基本概念を理解し、シミュレーションソフトの利用ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)



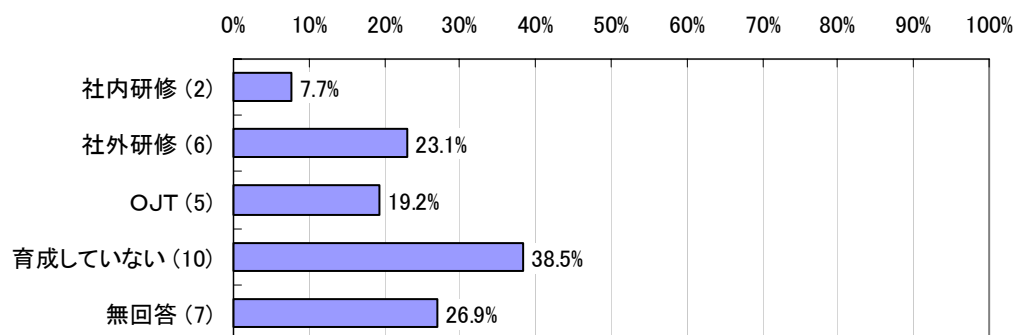
問 8-1K 2 ) スキル項目 コンピュータ生物情報解析研究実務 (シミュレーション) 2)細胞シミュレーションモデルの構築ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )



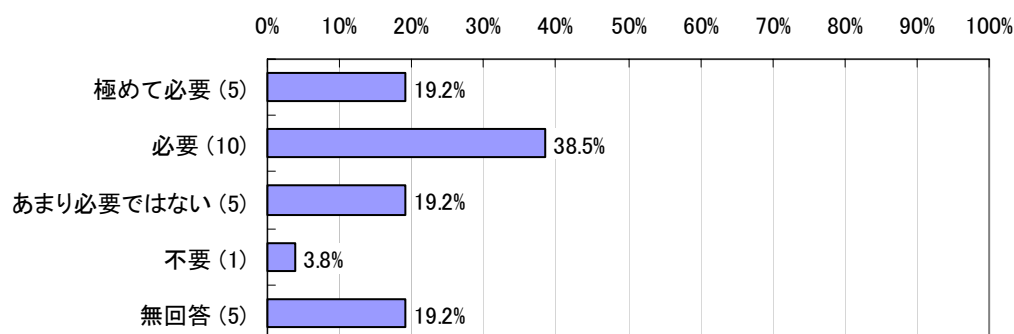
問 8-2K 2 ) スキル項目 コンピュータ生物情報解析研究実務 (シミュレーション) 2)細胞シミュレーションモデルの構築ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )



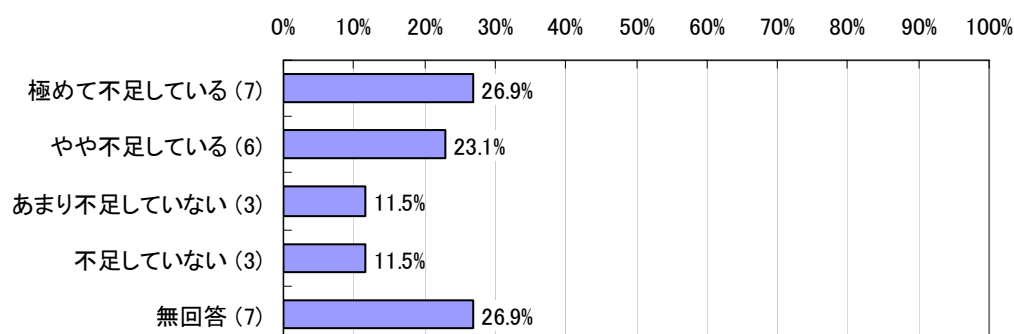
問 8-3K 2 ) スキル項目 コンピュータ生物情報解析研究実務 (シミュレーション) 2)細胞シミュレーションモデルの構築ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも )



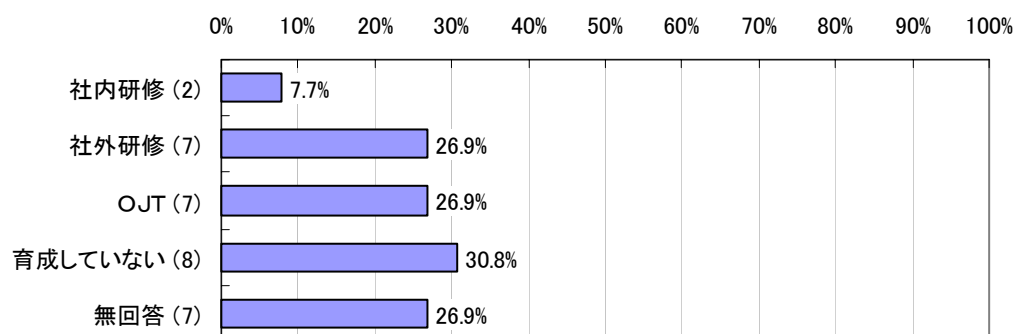
問 8-1K 3 ) スキル項目 コンピュータ生物情報解析研究実務 (シミュレーション) 3)シミュレーションモデルを用いて細胞内相互作用ネットワークの予測ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください ( は1つだけ )



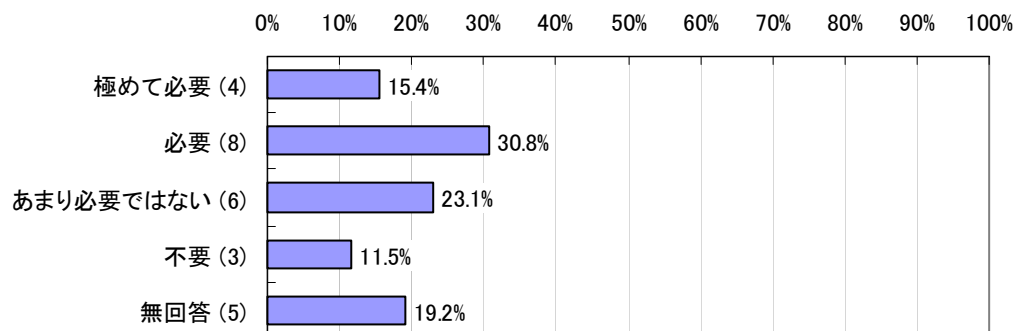
問 8-2K 3 ) スキル項目 コンピュータ生物情報解析研究実務 (シミュレーション) 3)シミュレーションモデルを用いて細胞内相互作用ネットワークの予測ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください ( は1つだけ )



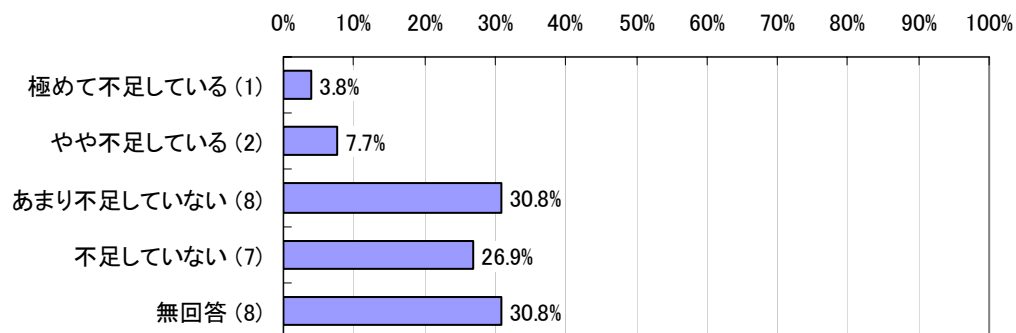
問 8-3K 3 ) スキル項目 コンピュータ生物情報解析研究実務 (シミュレーション) 3)シミュレーションモデルを用いて細胞内相互作用ネットワークの予測ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください ( はいくつでも )



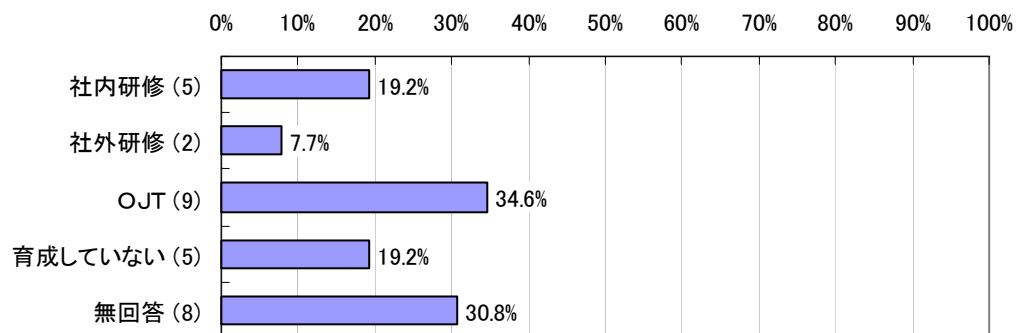
問 8-1 L 1 ) スキル項目 ゲノム解析実務 1)ゲノム物理地図構築ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



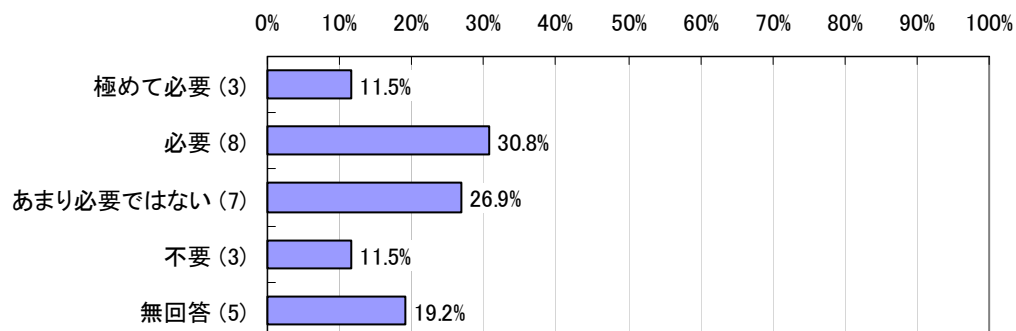
問 8-2 L 1 ) スキル項目 ゲノム解析実務 1)ゲノム物理地図構築ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



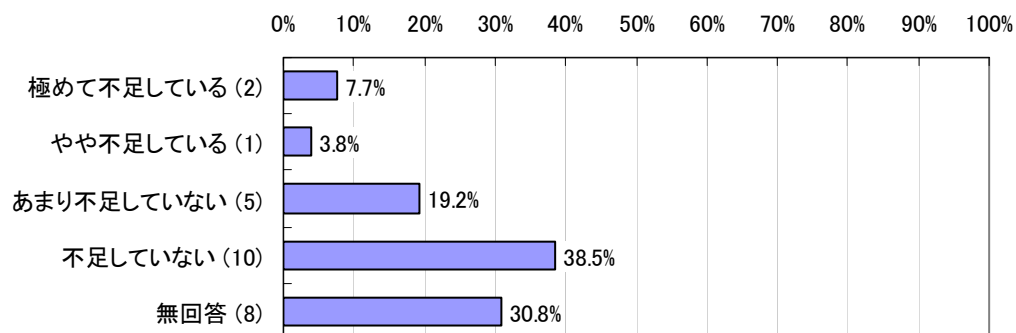
問 8-3 L 1 ) スキル項目 ゲノム解析実務 1)ゲノム物理地図構築ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)。



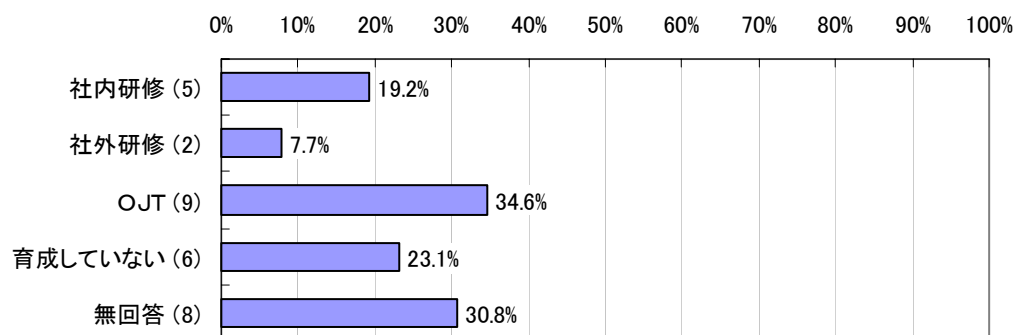
問 8-1 L 2 ) スキル項目 ゲノム解析実務 2 ) 特定生物のゲノムシーケンシングができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は 1 つだけ )



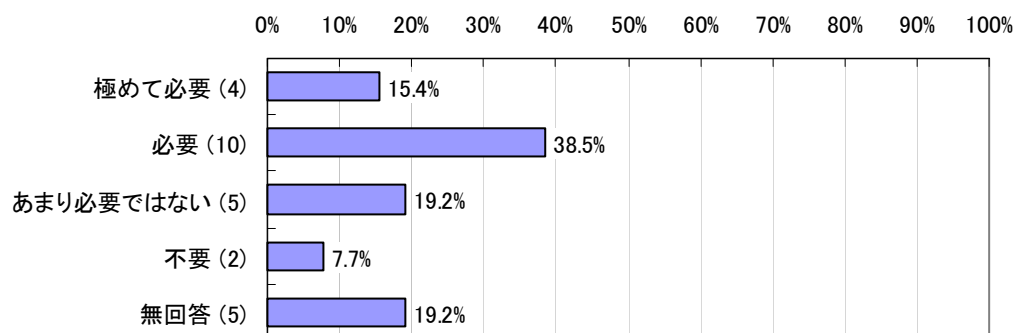
問 8-2 L 2 ) スキル項目 ゲノム解析実務 2 ) 特定生物のゲノムシーケンシングができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は 1 つだけ )



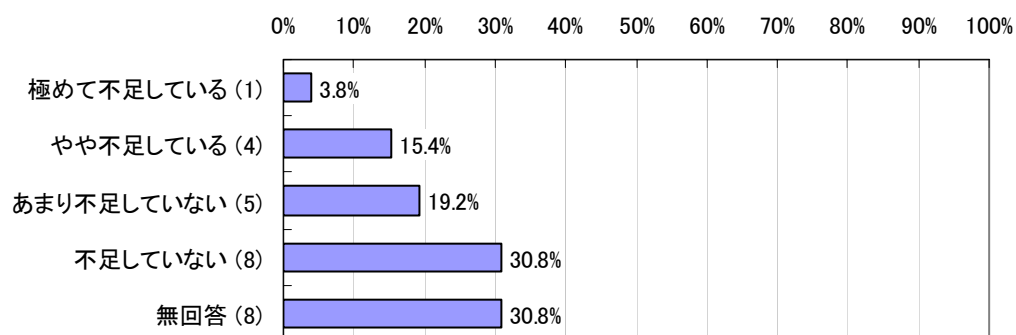
問 8-3 L 2 ) スキル項目 ゲノム解析実務 2 ) 特定生物のゲノムシーケンシングができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも )



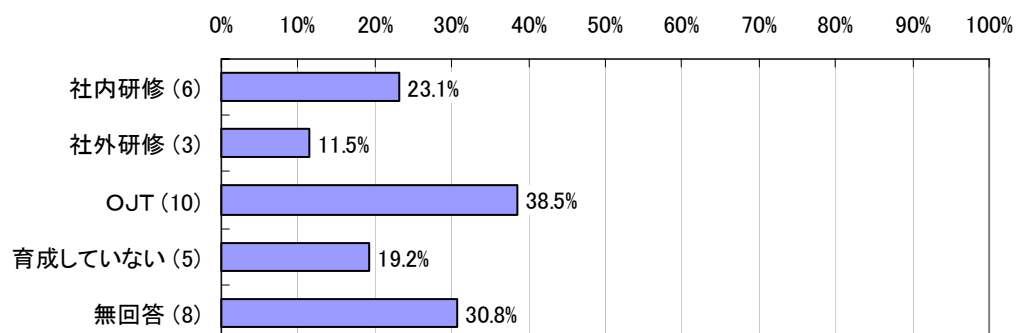
問 8-1 L 3 ) スキル項目 ゲノム解析実務 3)シーケンシングしたゲノムのフラグメント結合編集 (アセンブル) ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください ( は 1 つだけ )



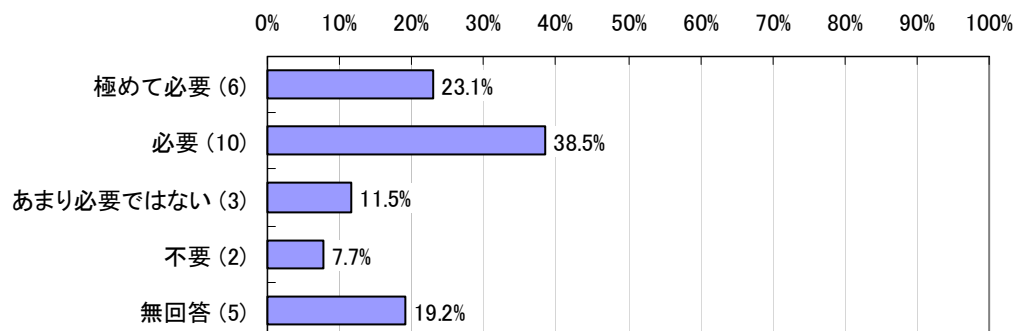
問 8-2 L 3 ) スキル項目 ゲノム解析実務 3)シーケンシングしたゲノムのフラグメント結合編集 (アセンブル) ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください ( は 1 つだけ )



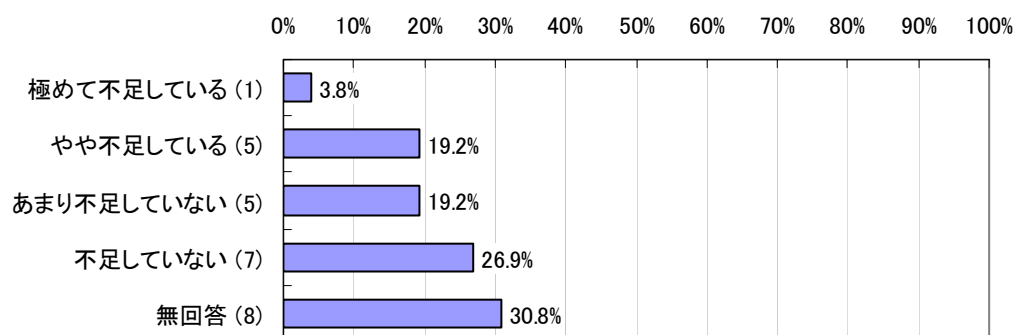
問 8-3 L 3 ) スキル項目 ゲノム解析実務 3)シーケンシングしたゲノムのフラグメント結合編集 (アセンブル) ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください ( はいくつでも )



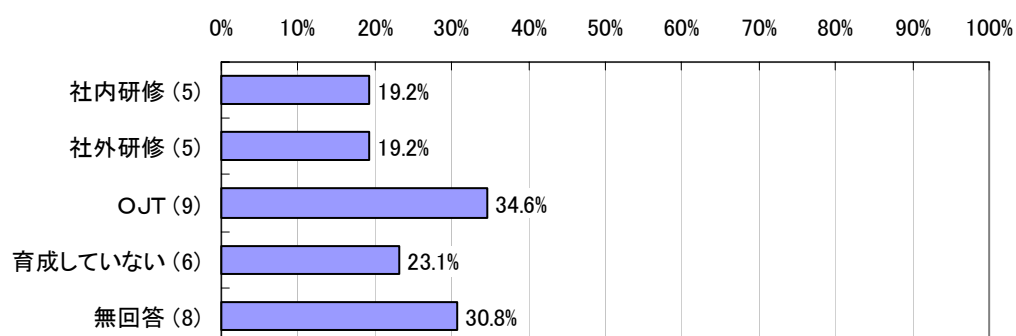
問 8-1 L 4 ) スキル項目 ゲノム解析実務 4)シーケンシングしたゲノムについてゲノム構造・機能アノテーションができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )



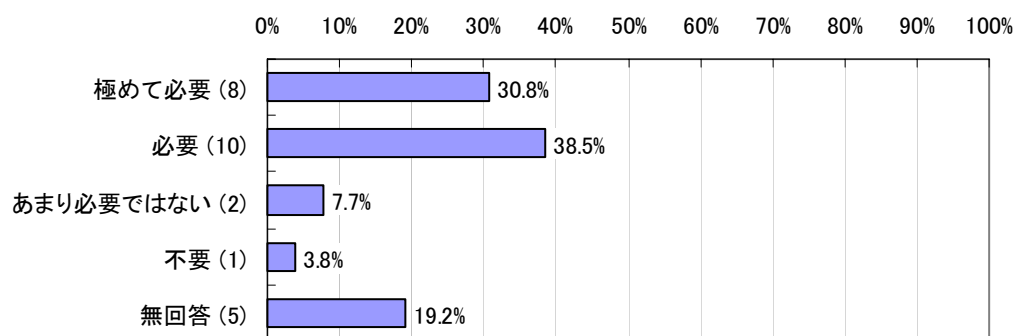
問 8-2 L 4 ) スキル項目 ゲノム解析実務 4)シーケンシングしたゲノムについてゲノム構造・機能アノテーションができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )



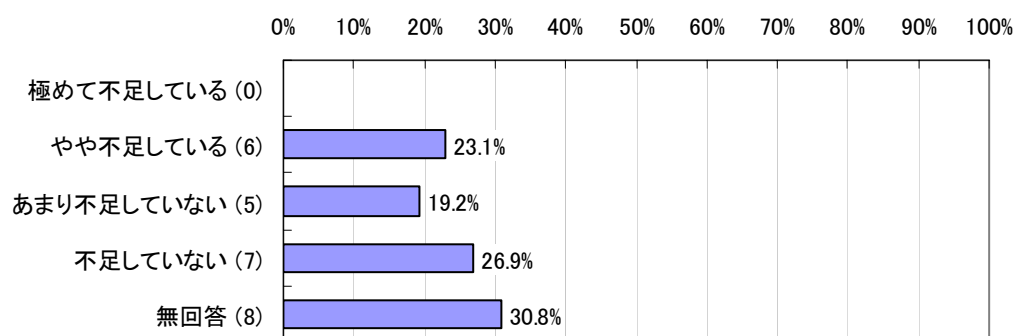
問 8-3 L 4 ) スキル項目 ゲノム解析実務 4)シーケンシングしたゲノムについてゲノム構造・機能アノテーションができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも )



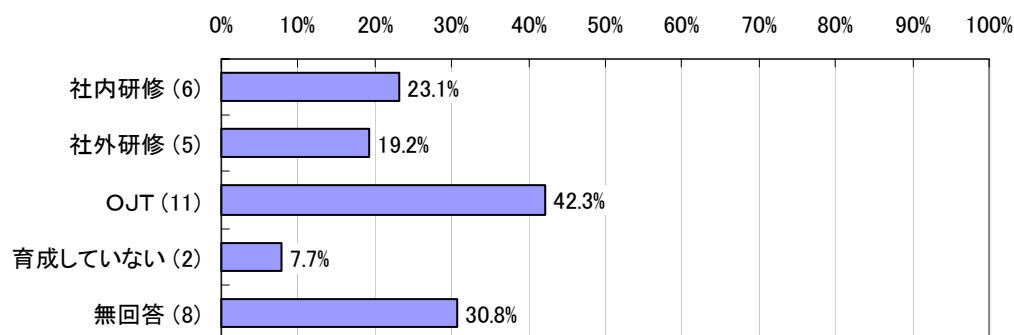
問 8-1M 1) スキル項目 トランスクリプト ム解析実務 1) DNA チップを使って特定遺伝子の発現の有無、発現量の解析、遺伝子ネットワーク解析ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)



問 8-2M 1) スキル項目 トランスクリプト ム解析実務 1) DNA チップを使って特定遺伝子の発現の有無、発現量の解析、遺伝子ネットワーク解析ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)

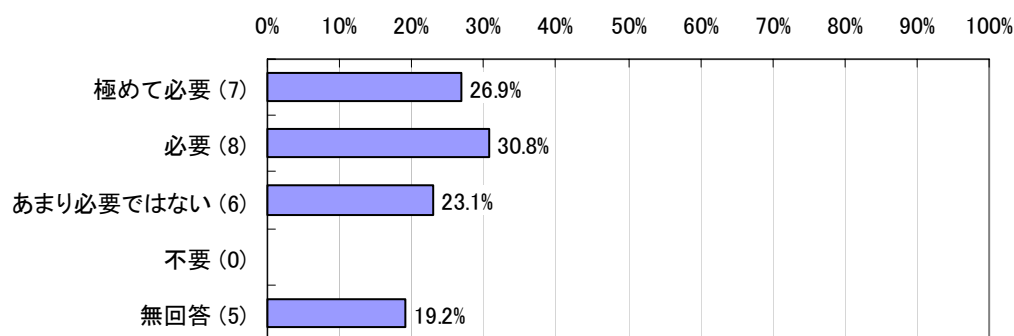


問 8-3M 1) スキル項目 トランスクリプト ム解析実務 1) DNA チップを使って特定遺伝子の発現の有無、発現量の解析、遺伝子ネットワーク解析ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)

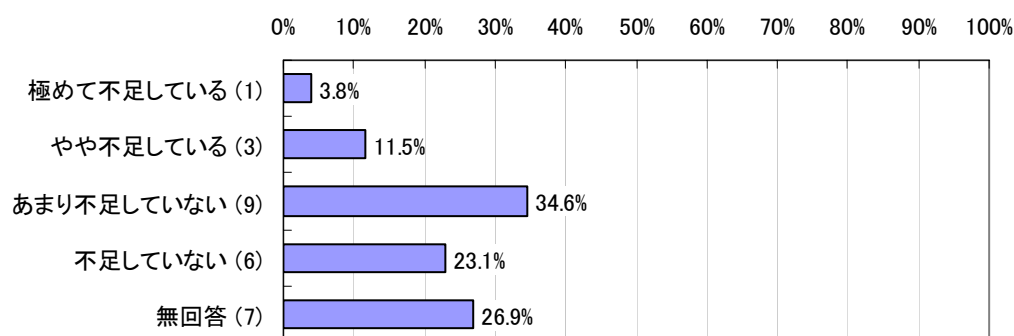




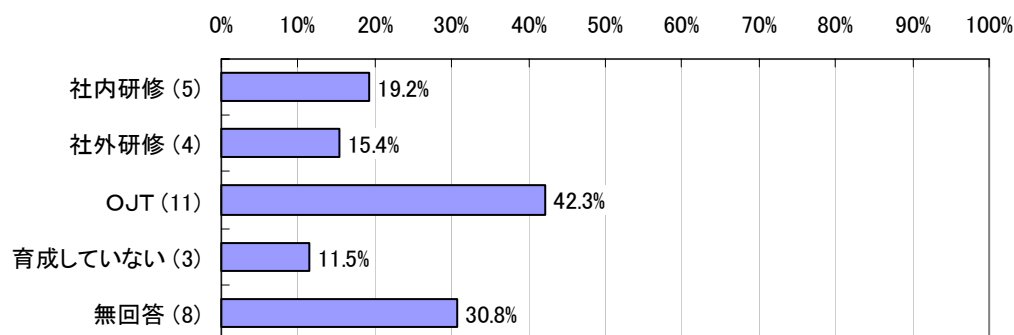
問 8-1M 2 ) スキル項目 トランスクリプト ム解析実務 2)In situ ハイブリダイゼーション法を用いて 遺伝子発現部位・mRNA の局在を分析できる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)



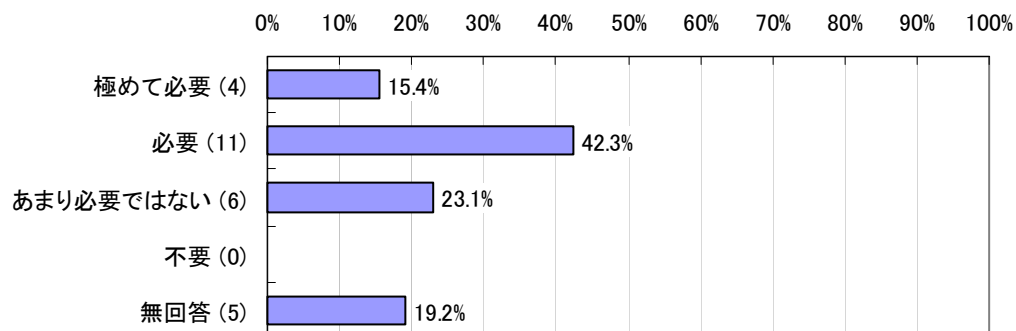
問 8-2M 2 ) スキル項目 トランスクリプト ム解析実務 2)In situ ハイブリダイゼーション法を用いて 遺伝子発現部位・mRNA の局在を分析できる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)



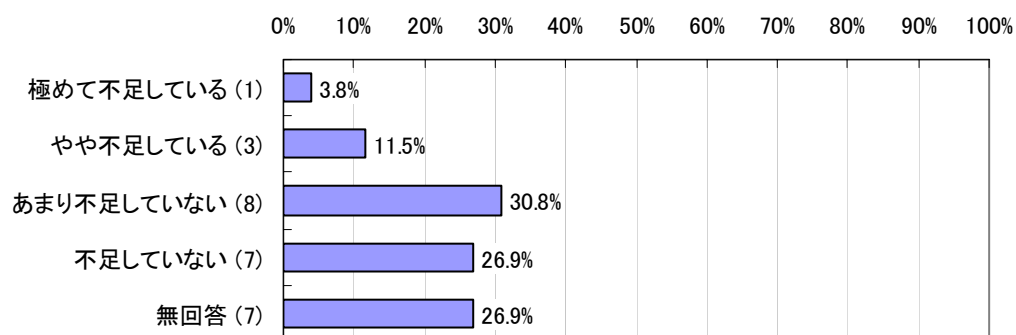
問 8-3M 2 ) スキル項目 トランスクリプト ム解析実務 2)In situ ハイブリダイゼーション法を用いて 遺伝子発現部位・mRNA の局在を分析できる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)



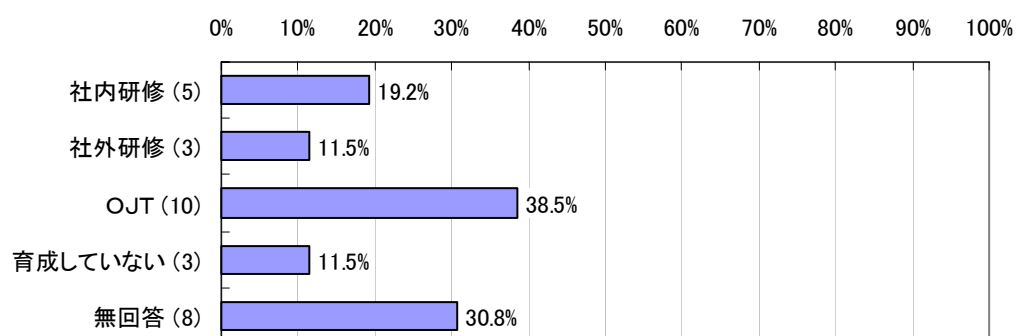
問 8-1M 3 )スキル項目 トランスクリプト ム解析実務 3)cDNA ライブラリーの構築ができる に対し て【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )。



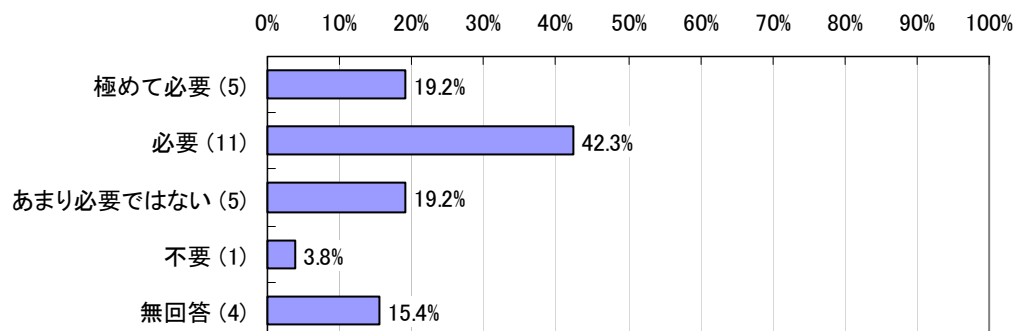
問 8-2M 3 )スキル項目 トランスクリプト ム解析実務 3)cDNA ライブラリーの構築ができる に対し て 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びく ださい( は1つだけ )。



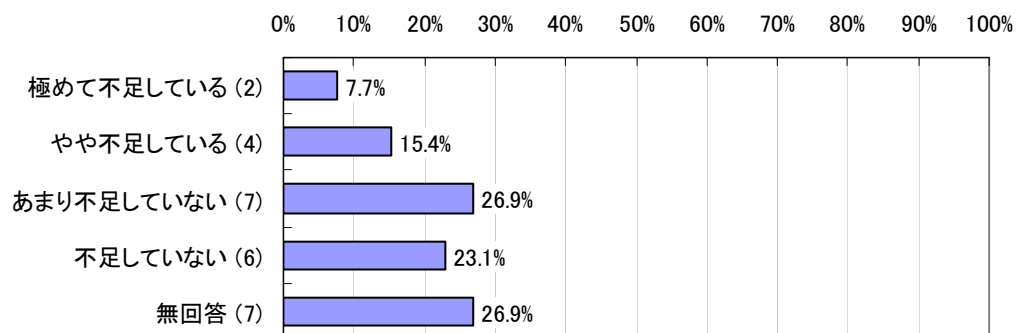
問 8-3M 3 ) スキル項目 トランスクリプト ム解析実務 3)cDNA ライブラリーの構築ができる に対し て 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当す る選択肢をお選びください( はいくつでも )。



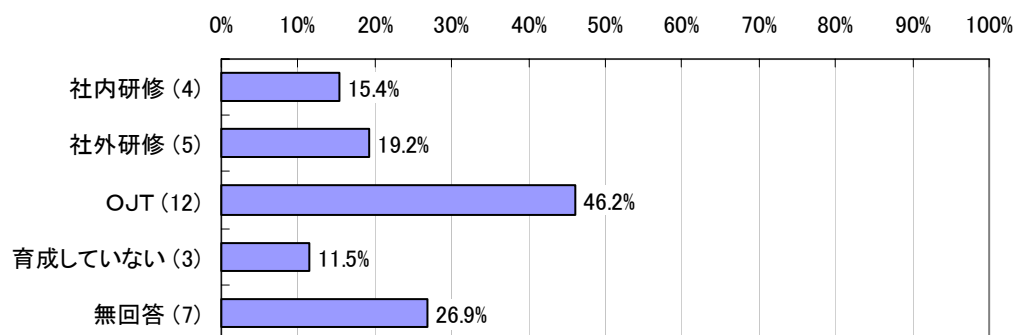
問 8-1N 1) スキル項目 プロテオーム解析実務 1)2D-PAGE/MS 法を用いた発現プロファイル解析ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)



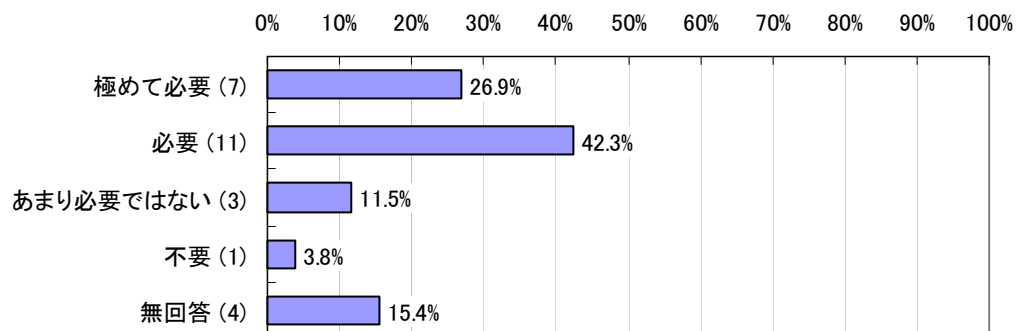
問 8-2N 1) スキル項目 プロテオーム解析実務 1)2D-PAGE/MS 法を用いた発現プロファイル解析ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)



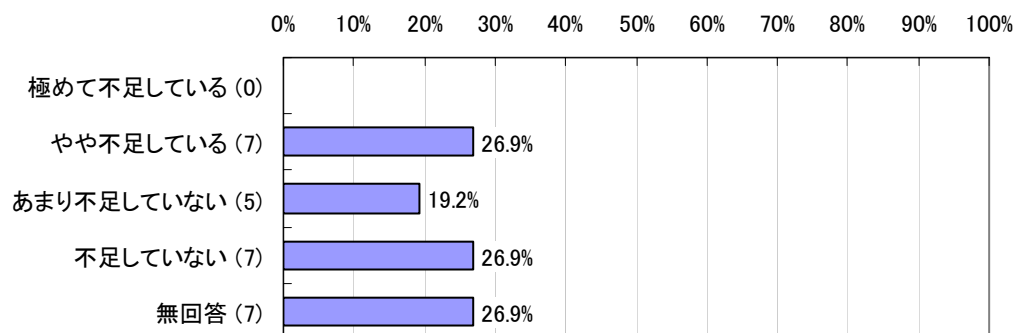
問 8-3N 1) スキル項目 プロテオーム解析実務 1)2D-PAGE/MS 法を用いた発現プロファイル解析ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)



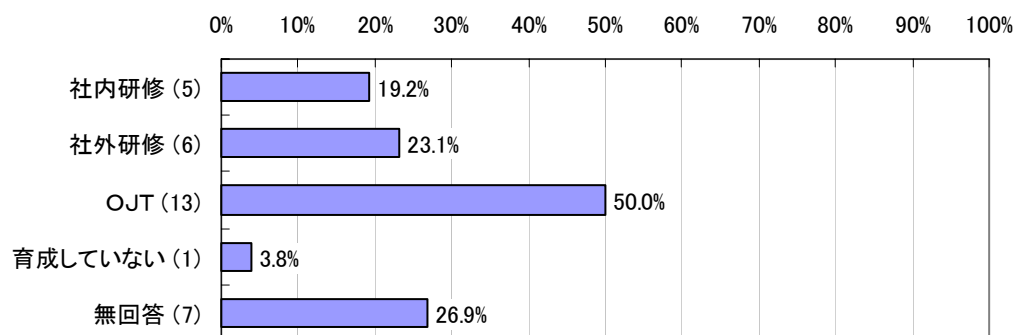
問 8-1N 2) スキル項目 プロテオーム解析実務 2) LC-MS 法による発現プロファイル解析ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )



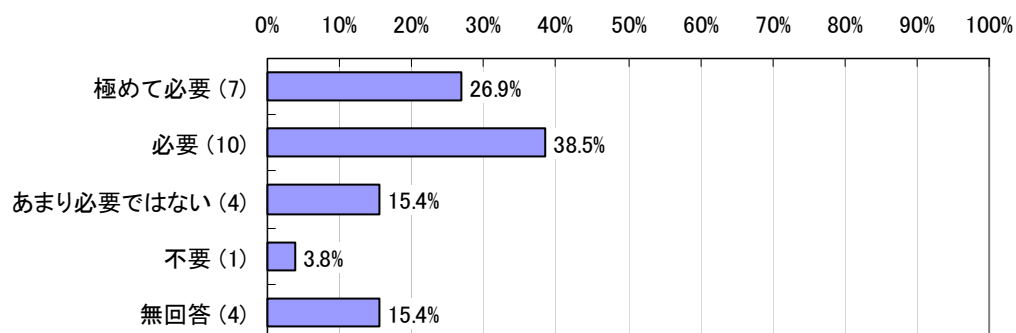
問 8-2N 2) スキル項目 プロテオーム解析実務 2) LC-MS 法による発現プロファイル解析ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )



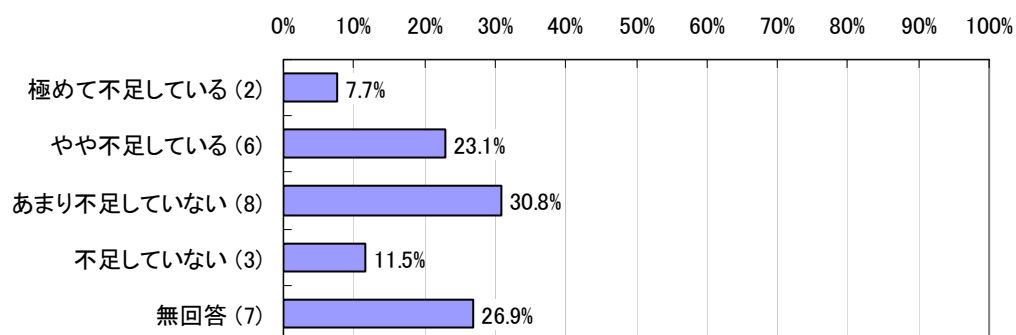
問 8-3N 2) スキル項目 プロテオーム解析実務 2) LC-MS 法による発現プロファイル解析ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも )



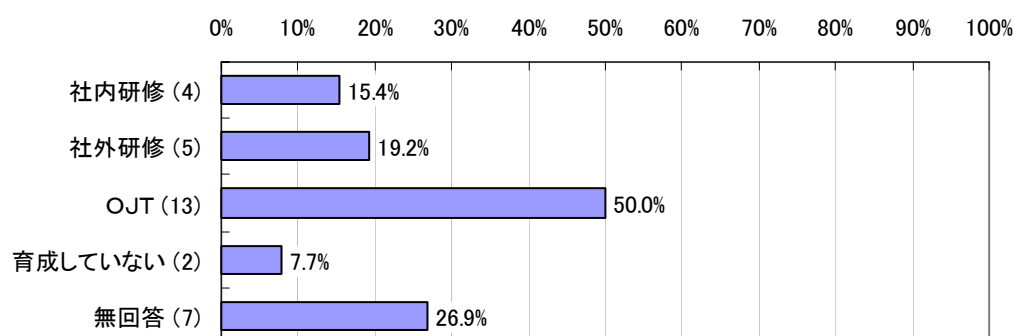
問 8-1N 3 ) スキル項目 プロテオーム解析実務 3)リン酸化タンパク質や糖鎖修飾タンパク質等の翻訳後修飾の解析ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )。



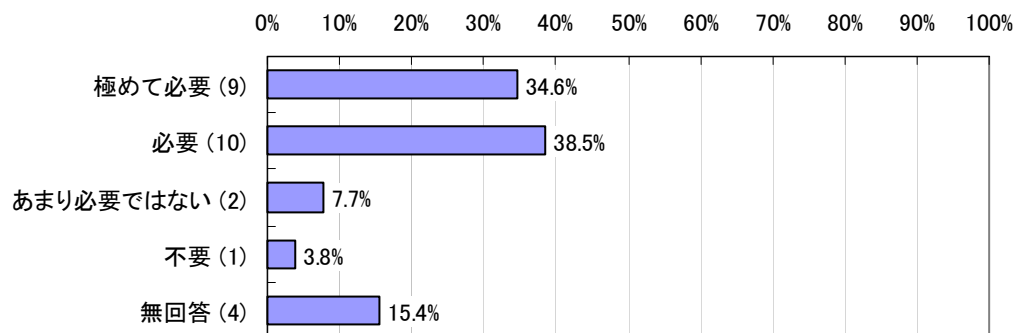
問 8-2N 3 ) スキル項目 プロテオーム解析実務 3)リン酸化タンパク質や糖鎖修飾タンパク質等の翻訳後修飾の解析ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )。



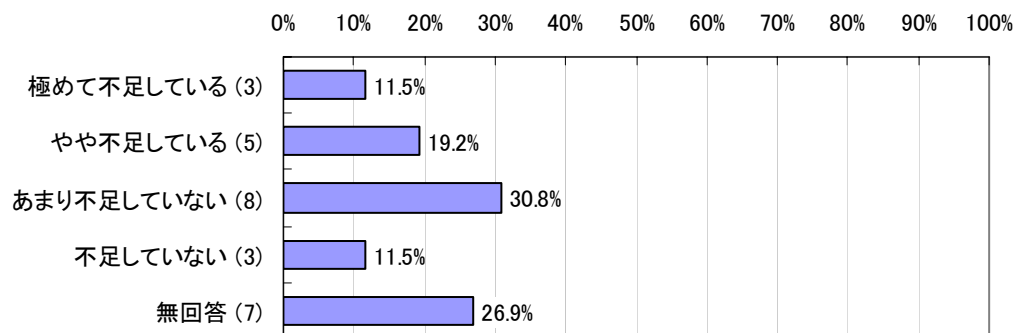
問 8-3N 3 ) スキル項目 プロテオーム解析実務 3)リン酸化タンパク質や糖鎖修飾タンパク質等の翻訳後修飾の解析ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも )。



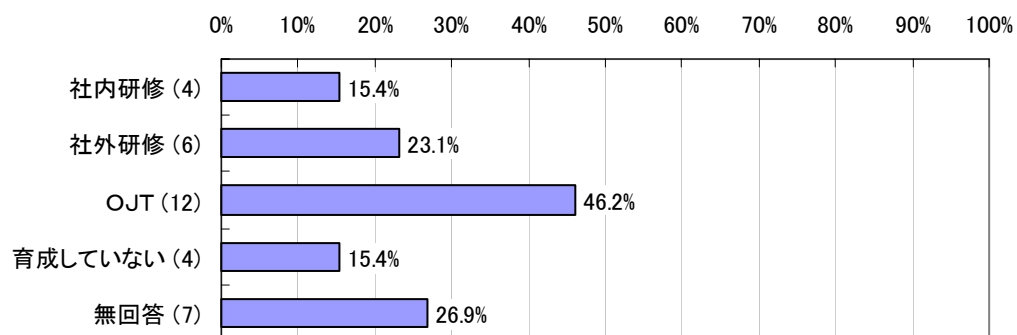
問 8-1N 4 ) スキル項目 プロテオーム解析実務 4)種々の解析法を用いて機能プロテオミクス解析ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



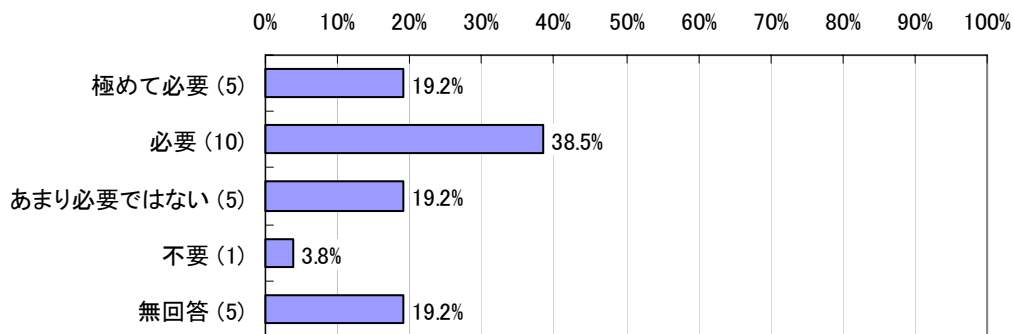
問 8-2N 4 ) スキル項目 プロテオーム解析実務 4)種々の解析法を用いて機能プロテオミクス解析ができる に対してそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)。



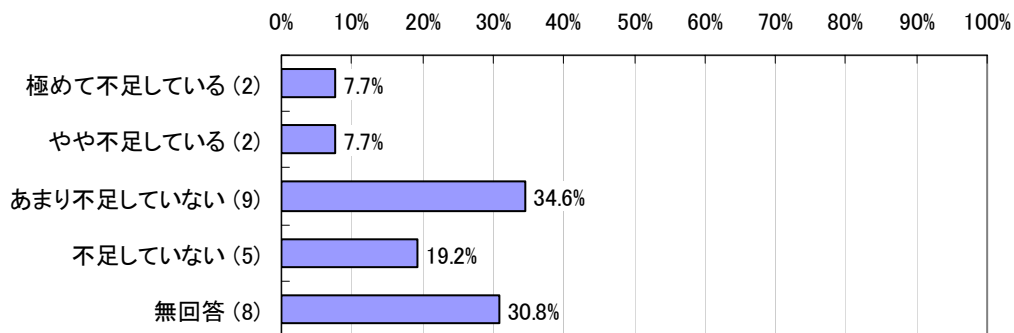
問 8-3N 4 ) スキル項目 プロテオーム解析実務 4)種々の解析法を用いて機能プロテオミクス解析ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)。



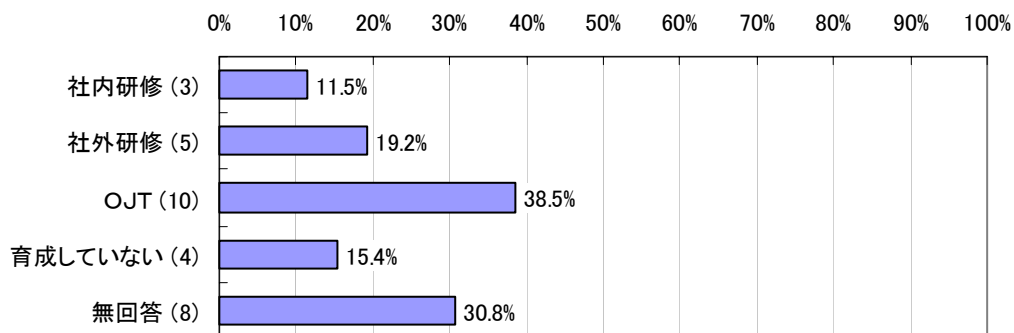
問 8-10 1) スキル項目 メタボローム解析実務 1) GC - MS、LC - MS、CE - MC、CE - MS - MSを利用して物質の検出ができ、既知物質の同定ができる に対してそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)



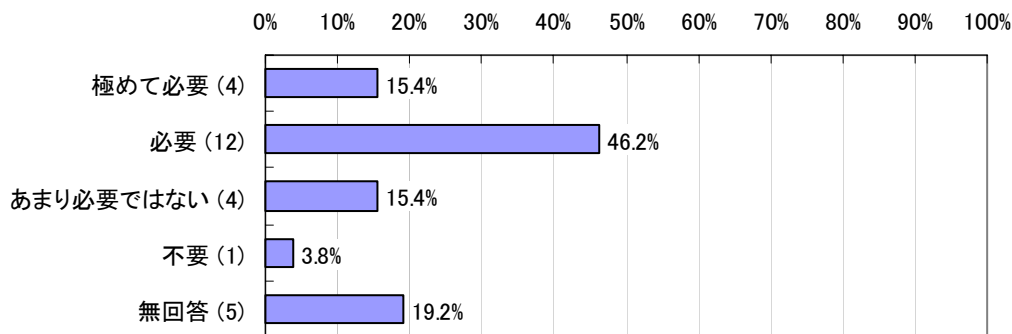
問 8-20 1) スキル項目 メタボローム解析実務 1) GC - MS、LC - MS、CE - MC、CE - MS - MSを利用して物質の検出ができ、既知物質の同定ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)



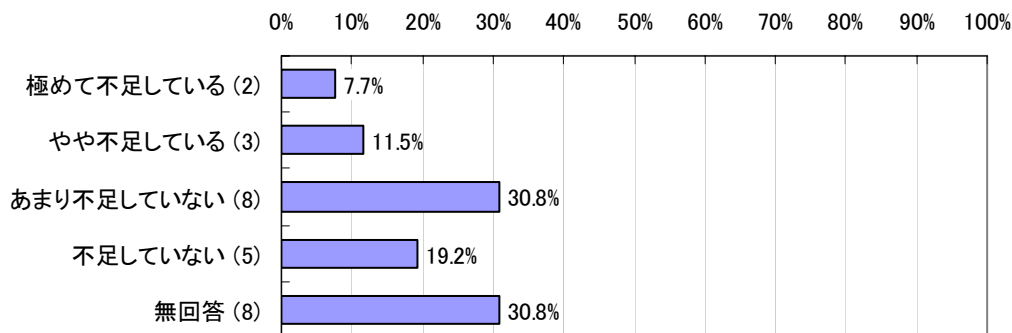
問 8-30 1) スキル項目 メタボローム解析実務 1) GC - MS、LC - MS、CE - MC、CE - MS - MSを利用して物質の検出ができ、既知物質の同定ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)



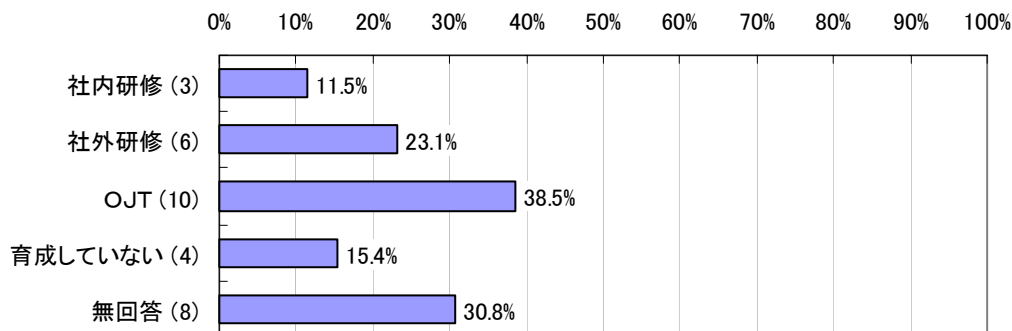
問 8-102) スキル項目 メタボローム解析実務2) GC-MS、LC-MS、CE-MC、CE-MS-MSのうち最適な機器を選択し、物質の検出ができ、未知物質の同定ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)



問 8-202) スキル項目 メタボローム解析実務2) GC-MS、LC-MS、CE-MC、CE-MS-MSのうち最適な機器を選択し、物質の検出ができ、未知物質の同定ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ)

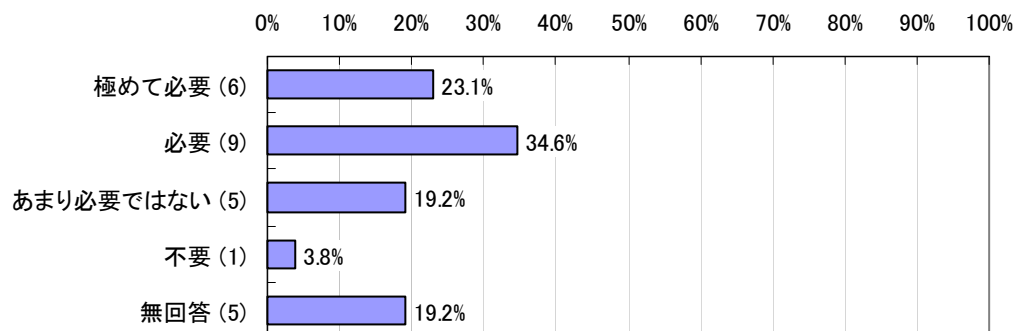


問 8-302) スキル項目 メタボローム解析実務2) GC-MS、LC-MS、CE-MC、CE-MS-MSのうち最適な機器を選択し、物質の検出ができ、未知物質の同定ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも)

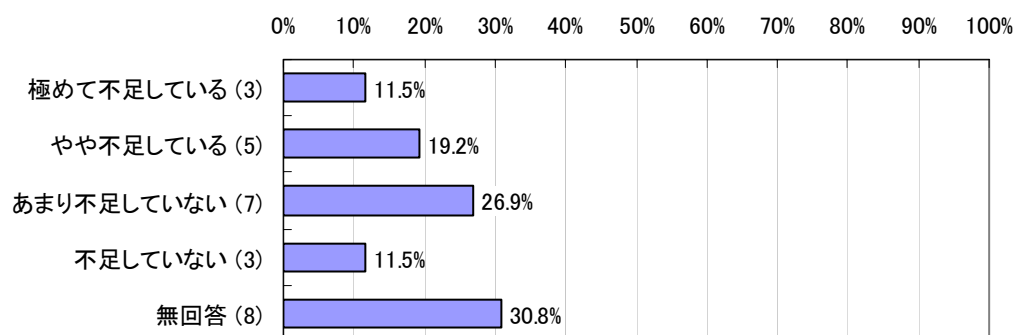




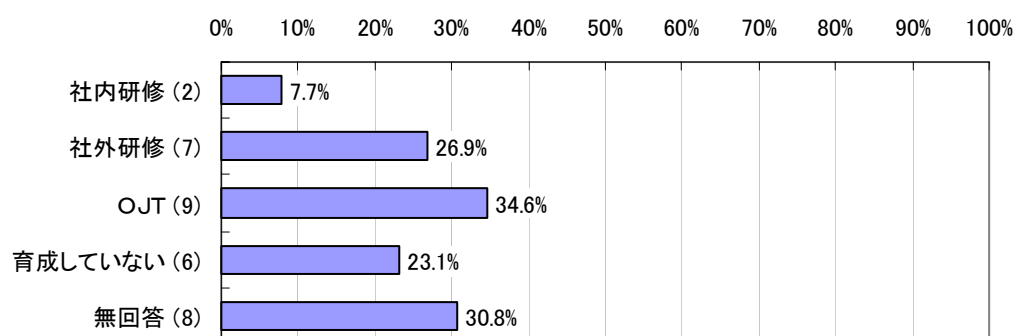
問 8-10 3 ) スキル項目 メタボローム解析実務 3)CE-MS を用いて生体内サンプルのメタボローム解析ができる に対して【必要度】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )。



問 8-20 3 ) スキル項目 メタボローム解析実務 3)CE-MS を用いて生体内サンプルのメタボローム解析ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【不足感】として最も近い選択肢をお選びください( は1つだけ )。



問 8-30 3 ) スキル項目 メタボローム解析実務 3)CE-MS を用いて生体内サンプルのメタボローム解析ができる に対して 貴社もしくは貴研究所内におけるそれぞれのスキルの【現状でのスキル獲得方法】として、該当する選択肢をお選びください( はいくつでも )。



問9 問8のスキル項目表に挙げられているスキル項目以外にも重要と考えられるスキル項目があれば、該当する業務内容の記号を選択した上で、簡単に内容をご記入ください。

回答者からの記入は少なかったが、以下の意見が寄せられた。

**【研究進捗状況管理の業務】**

- ・ある特定テーマ（生物現象）についての深い理解、専門性がある。
- ・技術を核にしつつ、尚、具体的な創薬研究テーマを設定して進捗を管理できる。
- ・臨床応用を目指すならば臨床現場の情報収集・解析能力およびコミュニケーションが重要。

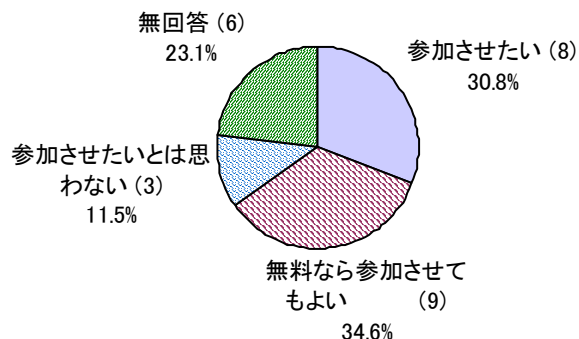
**【ゲノム解析実験計画・作業計画の立案】**

- ・外部データを科学的に評価できる。

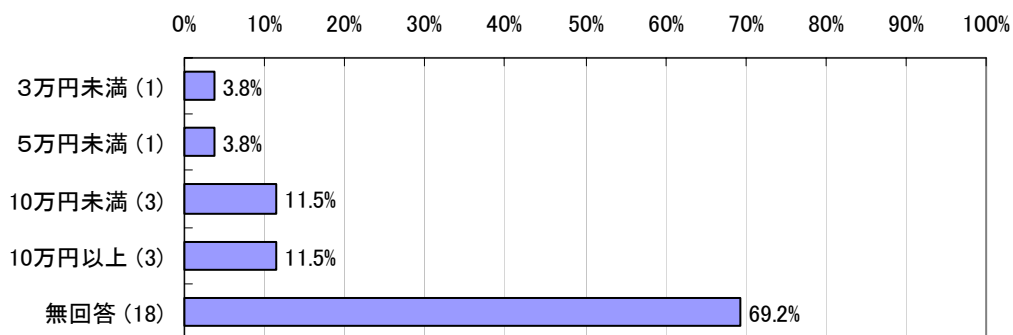
**【コンピュータ生物情報解析研究実務】**

- ・カスタマイズしたデータベースが作製できる。

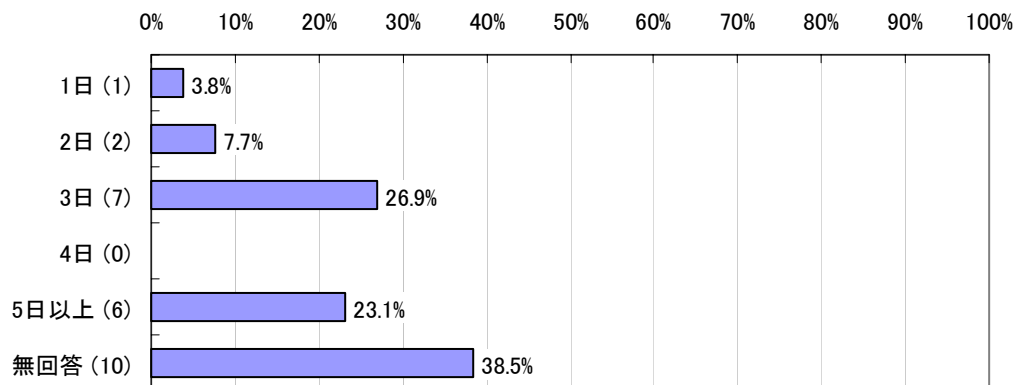
問 10 上で挙げられたような人材を育成するための外部研修（有料）があった場合、貴社もしくは貴研究所では、従業員、所員を外部研修に参加させたいと思いますか（ は1つだけ。1. に をつけた方は具体的な金額も併せてご記入ください）。



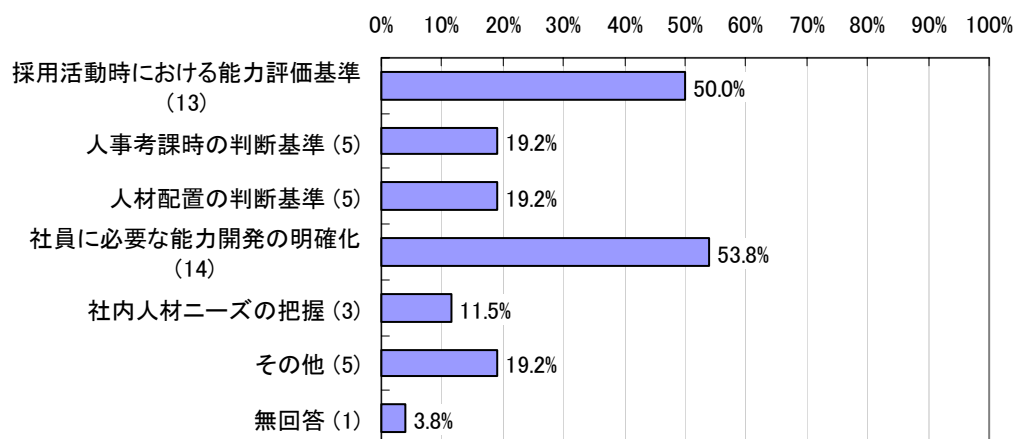
問 10（金額）その外部研修の金額は、どれくらいあれば、従業員を無理なく参加させることが可能ですか。



問 10-1 その外部研修の期間は、最長どれくらいの日数であれば、従業員を無理なく参加させることが可能ですか。（日数）



問 11-1 業界標準のスキルスタンダードが作成された場合、貴社もしくは貴研究所では、どのような観点から利用できると思いますか（はいくつでも）。



問 11-2 本事業や、広くバイオテクノロジーを支える人材の育成に対するご意見・ご要望等ございましたら、ご記入下さい。

回答数が非常に少なく特記する意見は寄せられなかった。

## 参考資料 4

### 実証の評価用調査票及びテスト問題

ここでは、実証後に行った調査票と実証前後に行ったテスト問題を示す。

- ( 1 ) 研修生用アンケート調査票
- ( 2 ) 講師用アンケート調査票
- ( 3 ) 到達度評価用テスト問題

参考資料 4 (1) 研修生アンケート調査票

実習コース名： \_\_\_\_\_ 担当者名： \_\_\_\_\_

アンケート調査

記入日：2004年 月 日

この度はバイオ人材育成研修にご参加いただき誠にありがとうございました。募集時にお願いいたしましたように終了時（個別研修項目）のアンケートへのご協力をお願い申し上げます。

本アンケートは、研修の効果の確認および研修内容とニーズとの乖離の状況を把握するために使用するものであり、集計結果および個々のご意見は事業のまとめに際し利用させていただきます。また、本アンケートは、事業実施者である(株)ダイリサーチマーテック、慶應義塾大学先端生命科学研究所、ヒューマン・メタボローム・テクノロジー(株)、経済産業省、三井情報開発(株)が利用することがあります。事業終了後は、本アンケートは廃棄処分いたします。

1. 貴殿の職種、年齢について伺います（該当する項目に 印をつけてください）

(1) 職種

1. 研究（ポストドクを含む）	2. 技術、IT	3. 製造
4. 営業・販売	5. 学術、企画	6. 管理、マネジメント
7. 事務	8. 知財、法務	9. 人事
10. 教育	11. 学生（博士課程を含む）	12. その他

(2) 年齢（該当する項目に 印をつけてください）

1. 10代	2. 20代	3. 30代
4. 40代	5. 50代	6. 60代

2. 実習について（該当する項目に 印をつけてください）

(1) このコースを受講した理由をお聞かせ下さい

専門外だが業務上必要だから                      専門分野のレベルアップのため

この分野に興味があるから

その他（ \_\_\_\_\_ ）

(2) 実習のレベルは適切でしたか

希望レベルより高かった。      希望レベルで適切だった。      希望レベルより低かった。

\* の高かったと答えた方に伺います

その理由：

- ・専門外の分野なのでもっと基礎が知りたかった
- ・募集のレベルに比べて、内容が難しすぎた
- ・実力よりも高いレベルを受講してしまった
- ・その他（ \_\_\_\_\_ ）

\* の低かったと答えた方に伺います

その理由：

- ・専門分野なのでよく知っていた
- ・募集のレベルに比べて、内容が易しすぎた
- ・実力よりも低いレベルを受講してしまった
- ・その他（ \_\_\_\_\_ ）

(3) 実習時間について

長い                      ちょうど良い                      短い

(4) 実習について、内容の理解はできましたか



## 参考資料4 (2) 講師用アンケート調査表

< 講師用評価アンケート >

### バイオテクノロジー人材育成「グリーンバイオテクノロジー人材育成システム」

講義名： \_\_\_\_\_ 講師名： \_\_\_\_\_  
日付： \_\_\_\_\_ 時間： \_\_\_\_\_ ~ \_\_\_\_\_ ( \_\_\_\_\_ 時間)

記入頂きました情報は「個人情報」に該当いたしますので、個人情報保護のため細心の注意を払って扱います。具体的には、JIS Q15001「個人情報に関するコンプライアンス・プログラムの要求事項」の趣旨を尊重し、当事業の目的のみに利用し、他の目的には一切利用しません。また個人情報の利用は当事業実施関係者（慶應義塾大学先端生命科学研究所、ヒューマン・メタボローム・テクノロジー(株)、(株)ダイヤリサーチマーテック、三井情報開発(株)および経済産業省）に限定しそれ以外の第三者に提供、公表致しません。また本プロジェクト終了後には廃棄処分をいたします。

#### 1. 受講生に対する先生の評価（該当する番号の一つを 印で囲んでください）

##### (1) 受講生のレベルの評価

かなり高い    高い    普通    低い    かなり低い

\* 判断の基準は何ですか

##### (2) 講義の理解度

かなり高い    高い    普通    低い    かなり低い

\* 判断の基準は何ですか

##### (3) 講義時間

長すぎる    少し長い    丁度よい    少し短い    短すぎる

\* どの程度が適当ですか

##### (4) 受講態度

かなり良い    よい    普通    かなり悪い    悪い



\* 判断の基準は何ですか

(5) 受講生の熱意

熱心だった かなり反応があった 普通 鈍い 反応がない

\* 質問数： 非常に多かった 多かった 普通 殆どなかった 全くなかった

\* 議論： 非常に多かった 結構多かった 普通 少しあった 全くなかった

\* 質問、議論に関し問題点があるとすればどこにあると思いますか

(6) 教壇からの質問、議論の投げかけ

大いにした 結構した 普通 少しした しなかった

\* 回答： よく回答できた すこし回答できた 普通 あまり回答できなかった  
回答できなかった

(7) 筆記

よくしていた していた 普通 少ししていた 皆無であった

2. 同様なタイトルの講義を次回するとすれば改良点はありますか  
あるとすれば何処か、何かを具体的にお書きください

3. この分野で先生がご推薦できる講師の候補者をあげてください

4. 本講義に対する先生の感想、評価をお願いします

<ご協力ありがとうございました>

**参考資料 4(3) 到達度評価用テスト問題**

**【プロテオーム解析実習】**

氏名：  
\_\_\_\_\_

【Q1】プロテオームとは何か説明せよ。

【Q2】プロテオーム解析によく用いられる次の手法に関してどのような目的で行うか簡単に説明せよ。

(a) 二次元電気泳動

(b) 蛋白質（ペプチド）質量分析

【Q3】ある蛋白質試料中（ある組織からの蛋白質抽出物）に目的とする蛋白質が存在するかどうかを調べるための方法を2つ挙げよ。

【ゲノムシーケンス実習】

氏名： \_\_\_\_\_

【問い】以下のゲノムシーケンスにおける用語について簡単に説明しなさい。

【1】物理地図

【2】パルスフィールドゲル電気泳動

【3】ホールゲノムショットガン法

【4】アセンブル

【5】アノテーション

**【メタボローム解析実習】**

氏名：  
\_\_\_\_\_

**【問い】**以下のゲノムシーケンスにおける用語について簡単に説明しなさい。

**【1】**メタボロームについて知っていることを述べよ。

**【2】**メタボローム解析ができるとどのようなことが可能になるか？

## 参考資料5 実証(研修)の評価結果

### (1) 研修生へのアンケート調査結果

参考資料4(1)のアンケート調査票により研修生へのアンケートを実施し、その詳細をまとめた。各表中の数字は研修生の数を示し、円グラフの数字は割合を示している。

### (2) 講師へのアンケート調査結果

参考資料4(2)のアンケート調査票により講師へのアンケートを実施し、その詳細をまとめた。5(2)にはアンケート結果を、には講師による社会人受講生の評価結果をまとめた。

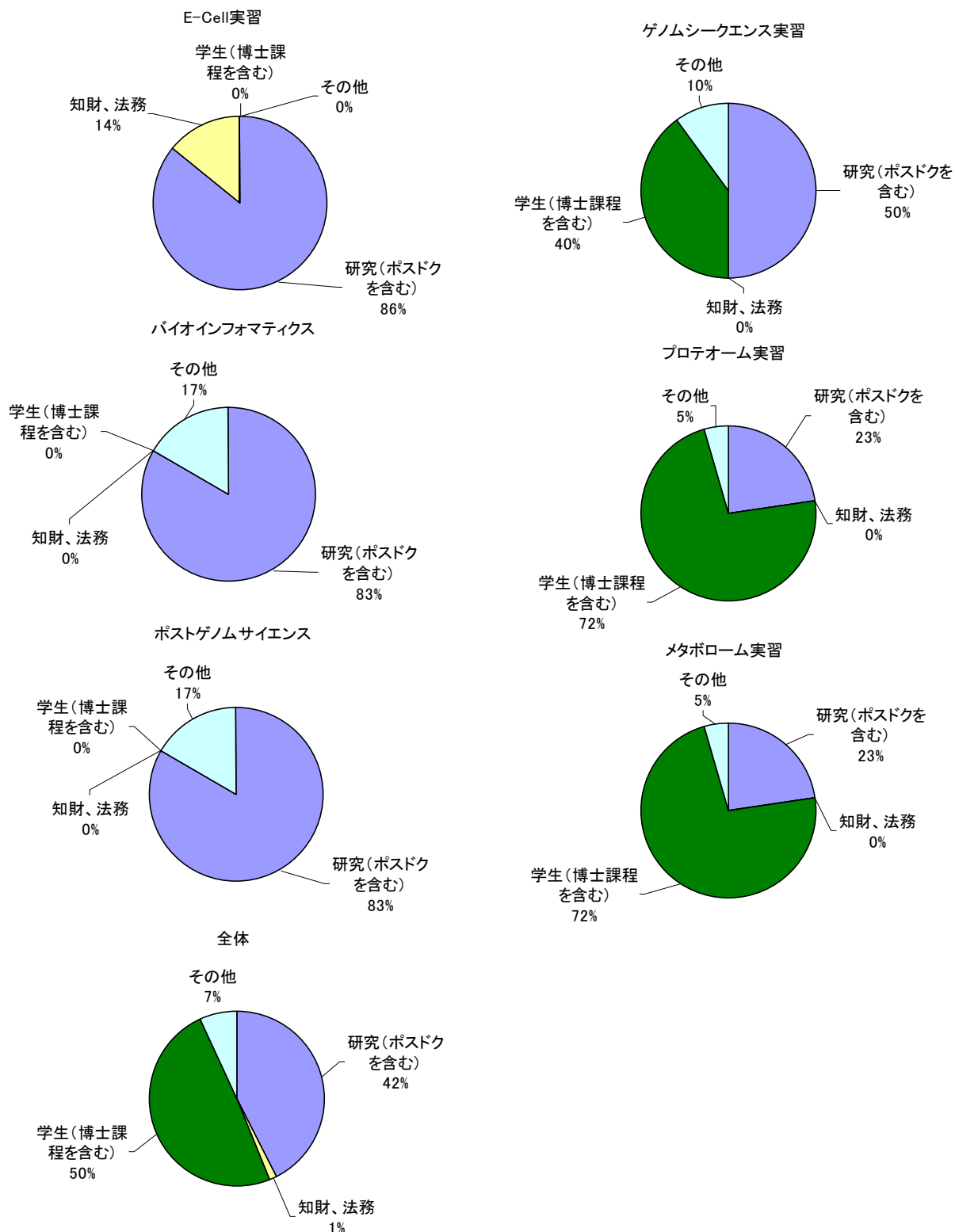
### (3) 到達度評価用テストによる評価結果

参考資料4(3)の到達度評価用テスト問題により研修生への試験を実施し、その効果をまとめた。

## 参考資料5 (1) 研修生へのアンケート調査結果

### 1(1)職種

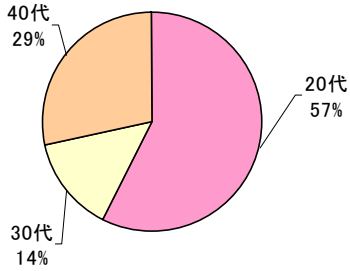
実習コース名	研究(ポスドクを含む)	知財、法務	学生(博士課程を含む)	その他	計
E-Cell 実習	6	1			7
ゲノムシーケンス実習	5		4	1	10
バイオインフォマティクス(BI)特論(大学院)	5			1	6
プロテオーム実習	5		16	1	22
ポストゲノムサイエンス(学部クラスター科目)	5			1	6
メタボローム実習	5		16	1	22
合計	31	1	36	5	73



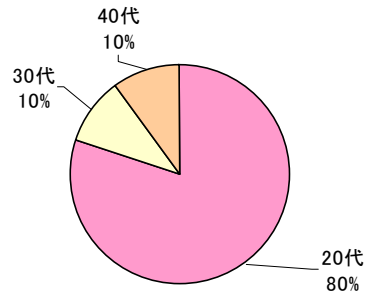
1(2)年齢

実習コース名	20代	30代	40代	計
E-Cell 実習	4	1	2	7
ゲノムシーケンス実習	8	1	1	10
バイオインフォマティクス (BI) 特論 (大学院)	4	1	1	6
プロテオーム実習	20	1	1	22
ポストゲノムサイエンス (学部クラスター科目)	4	1	1	6
メタボローム実習	20	1	1	22
合計	60	6	7	73

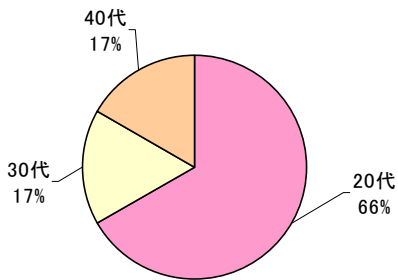
E-Cell実習



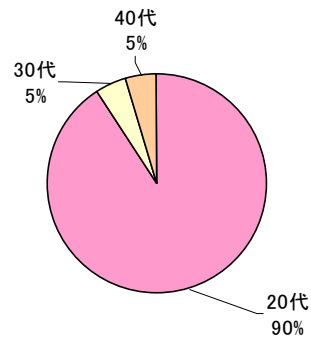
ゲノムシーケンス実習



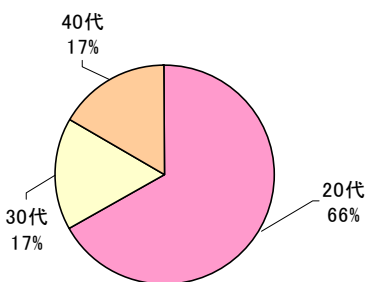
バイオインフォマティクス



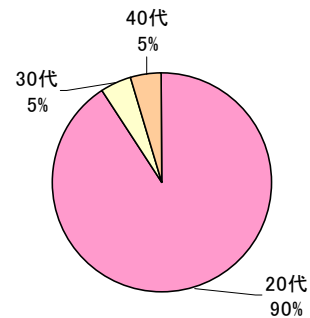
プロテオーム実習



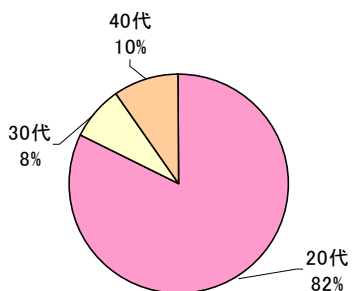
ポストゲノムサイエンス



メタボローム実習

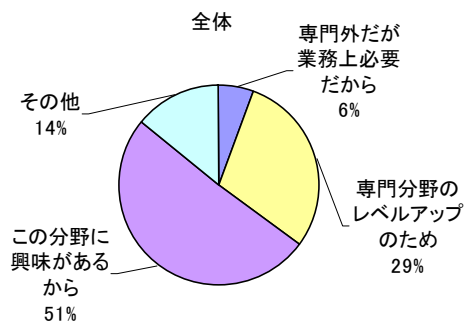
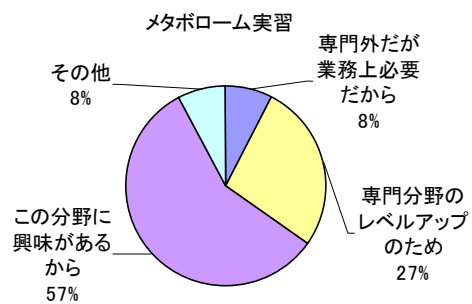
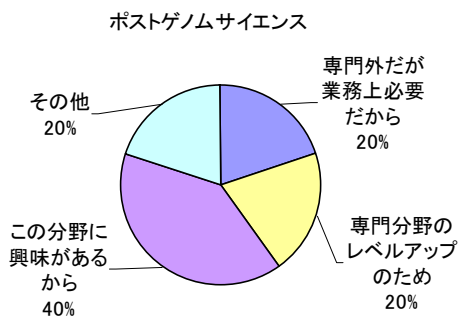
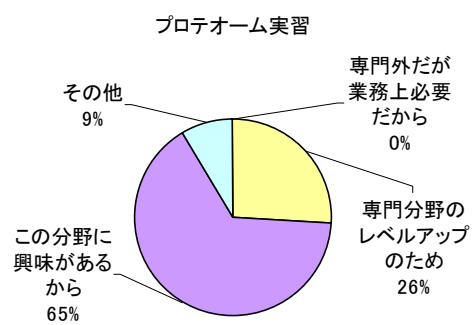
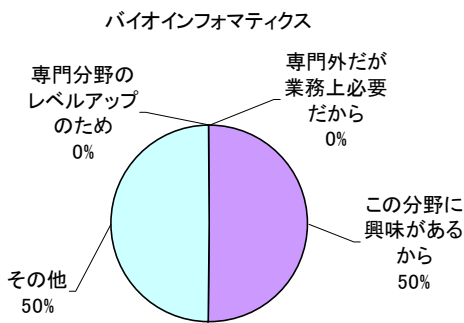
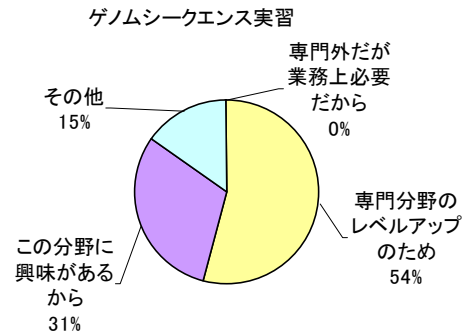
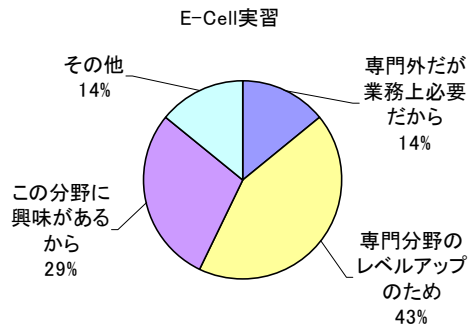


全体



2. (1)受講した理由(複数回答あり)

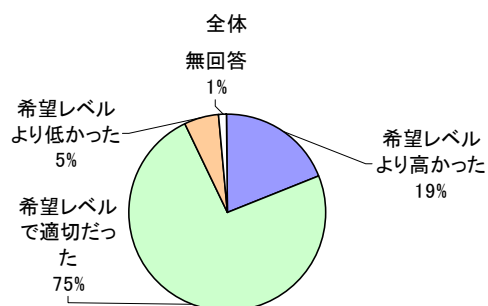
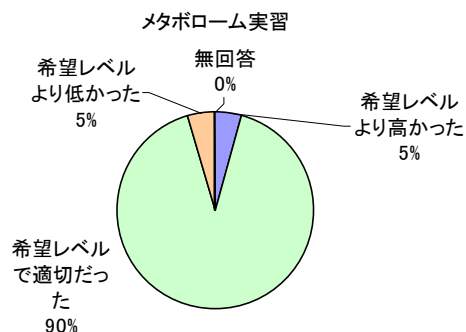
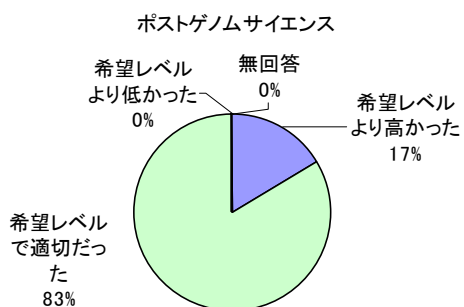
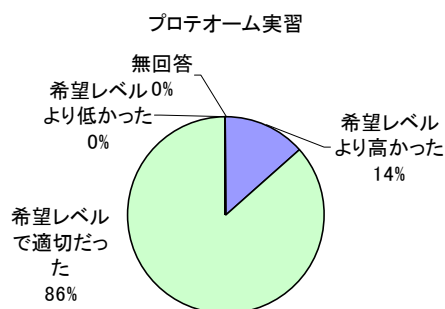
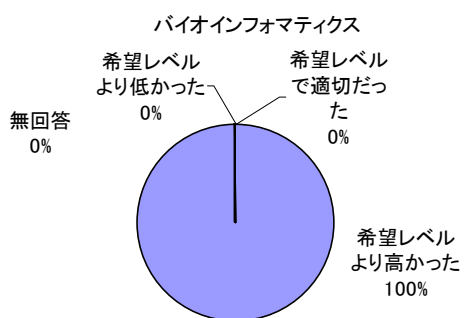
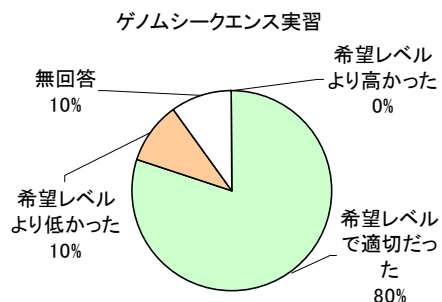
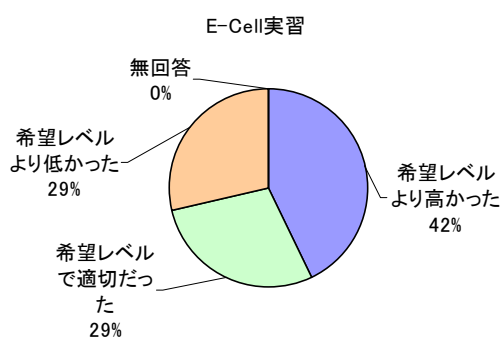
実習コース名	専門外だが業務上必要だから	専門分野のレベルアップのため	この分野に興味があるから	その他	計
E-Cell 実習	1	3	2	1	7
ゲノムシーケンス実習		7	4	2	13
バイオインフォマティクス			3	3	6
プロテオーム実習		6	15	2	23
ポストゲノムサイエンス	2	2	4	2	10
メタボローム実習	2	7	15	2	26
合計	5	25	43	12	85





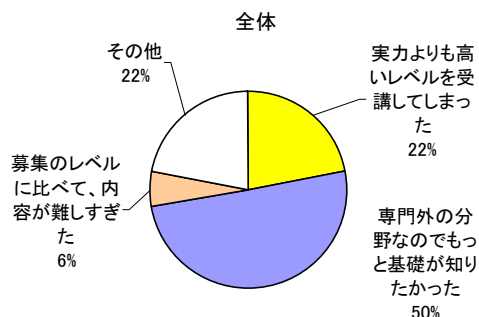
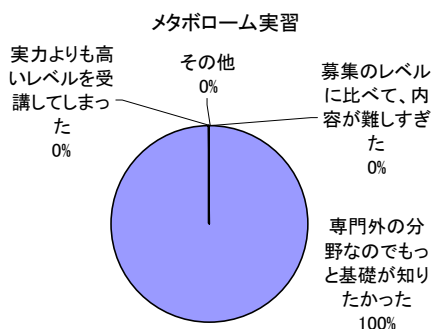
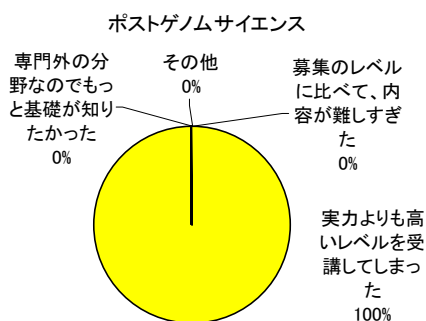
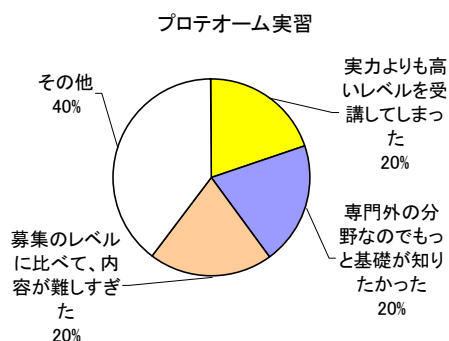
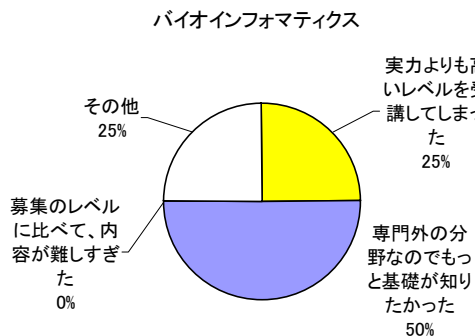
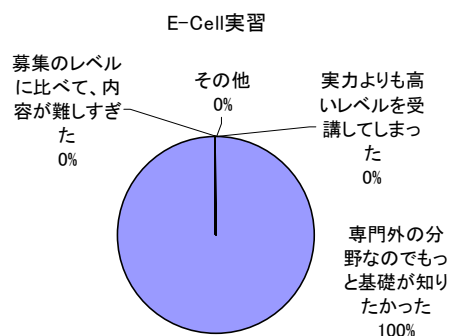
2(2)レベルの適切さ

実習コース名	希望レベルより高かった	希望レベルで適切だった	希望レベルより低かった	無回答	計
E-Cell 実習	3	2	2		7
ゲノムシーケンス実習		8	1	1	10
バイオインフォマティクス	6				6
プロテオーム実習	3	19			22
ポストゲノムサイエンス	1	5			6
メタボローム実習	1	20	1		22
合計	14	54	4	1	73



2(2) 高レベルだった理由

実習コース名	実力よりも高いレベルを受講してしまった	専門外の分野なのでもっと基礎が知りたかった	募集のレベルに比べて、内容が難しすぎた	その他	合計
E-Cell 実習		3			3
バイオインフォマティクス	2	4		2	8
プロテオーム実習	1	1	1	2	5
ポストゲノムサイエンス	1				1
メタボローム実習		1			1
合計	4	9	1	4	18

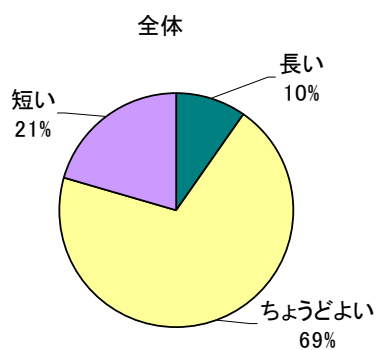
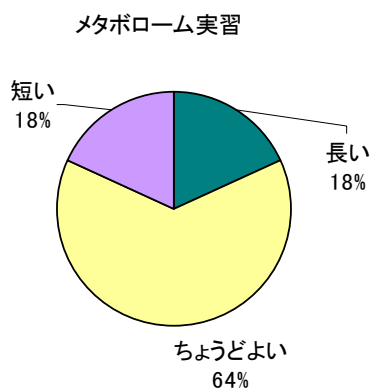
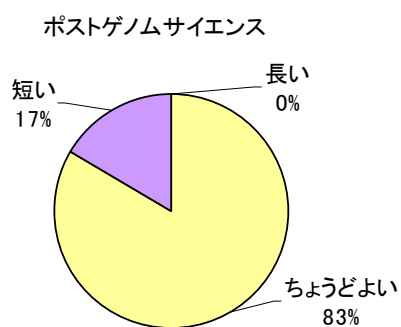
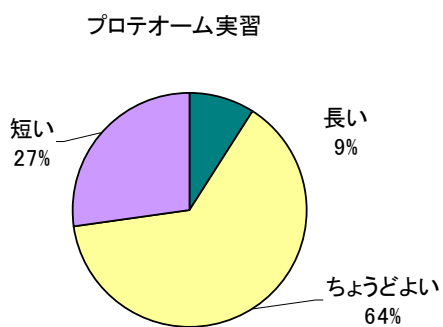
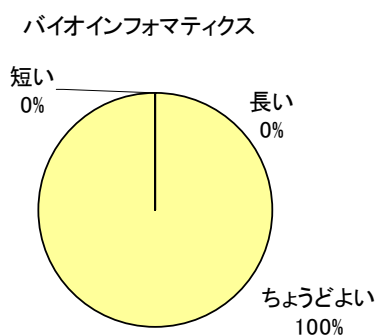
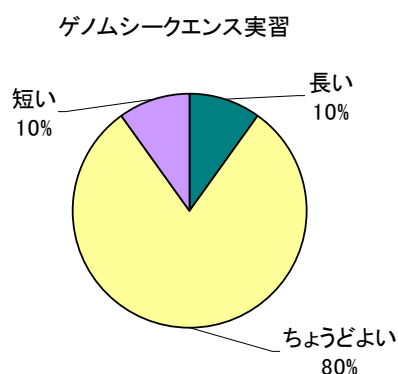
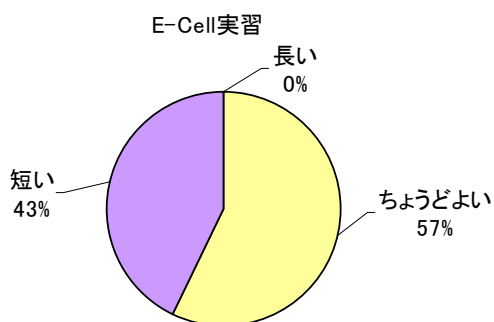


2(2) 低レベルだった理由

実習コース名	実力よりも低いレベルを受講してしまった	募集のレベルに比べて、内容が易しすぎた	その他	合計
E-Cell 実習	1		1	2
ゲノムシーケンス実習		1	1	2
バイオインフォマティクス				0
プロテオーム実習				0
ポストゲノムサイエンス				0
メタボローム実習			1	1

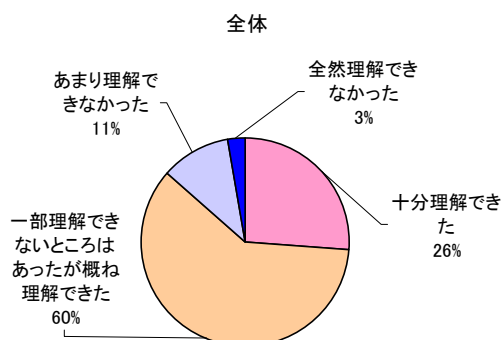
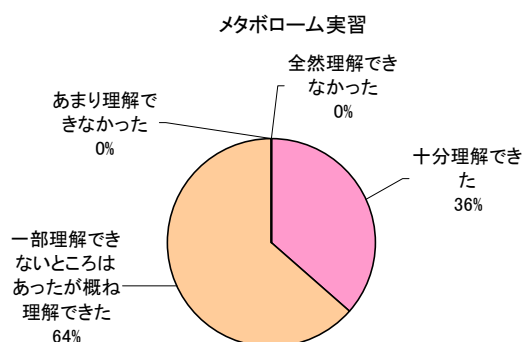
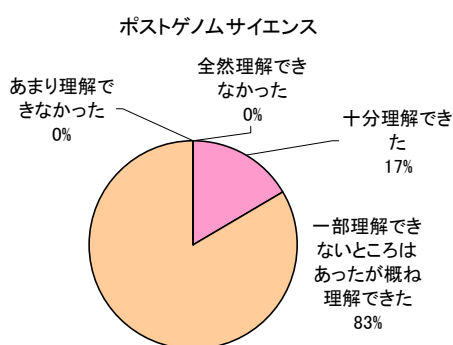
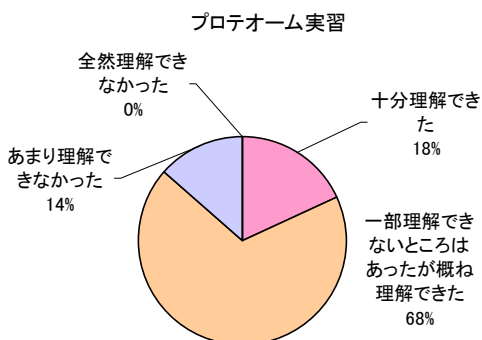
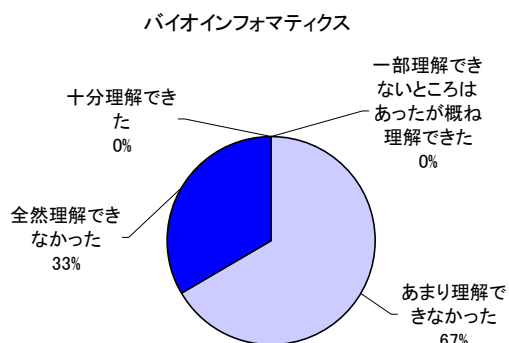
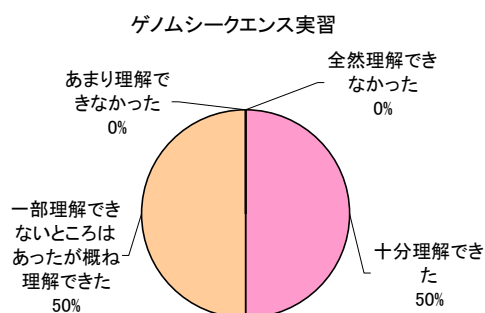
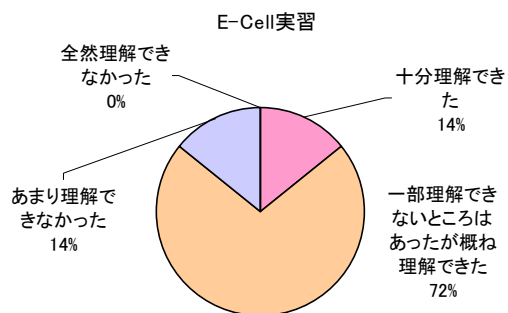
2(3)実習時間について

実習コース名	長い	ちょうどよい	短い	合計
E-Cell 実習		4	3	7
ゲノムシーケンス実習	1	8	1	10
バイオインフォマティクス		6		6
プロテオーム実習	2	14	6	22
ポストゲノムサイエンス		5	1	6
メタボローム実習	4	14	4	22
合計	7	51	15	73



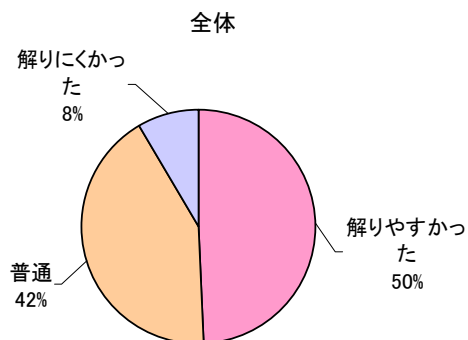
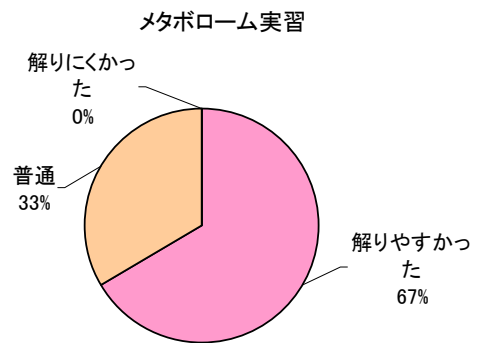
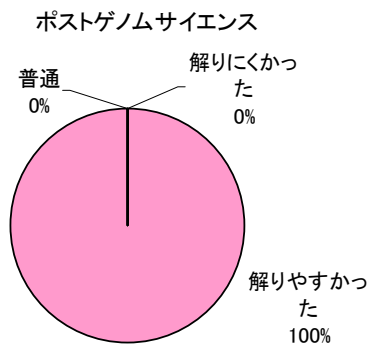
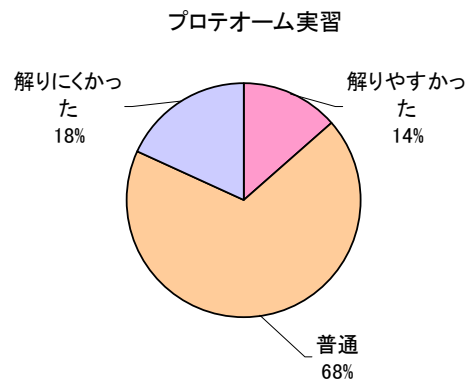
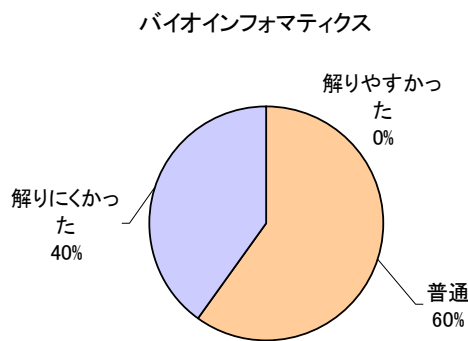
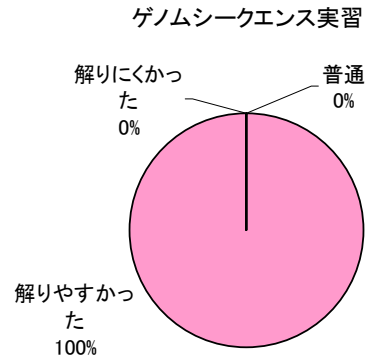
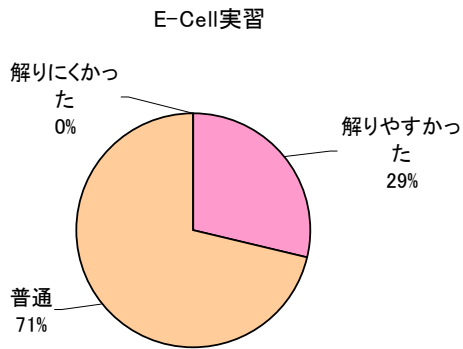
2(4)内容の理解

実習コース名	十分理解できた	一部理解できないところはあったが概ね理解できた	あまり理解できなかった	全然理解できなかった	合計
E-Cell 実習	1	5	1		7
ゲノムシーケンス実習	5	5			10
バイオインフォマティクス			4	2	6
プロテオーム実習	4	15	3		22
ポストゲノムサイエンス	1	5			6
メタボローム実習	8	14			22
合計	19	44	8	2	73



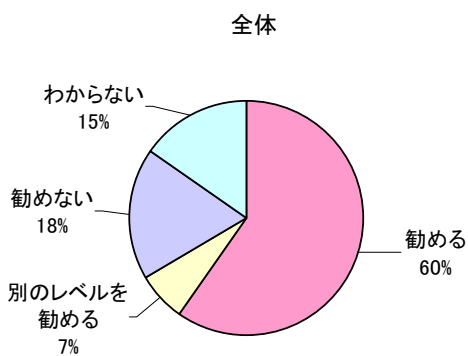
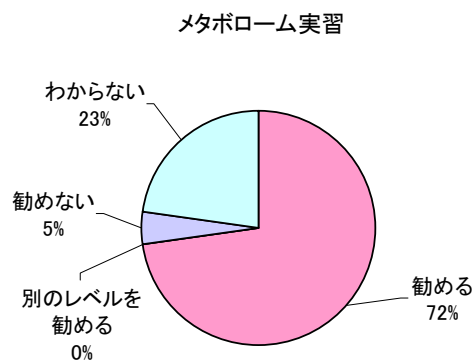
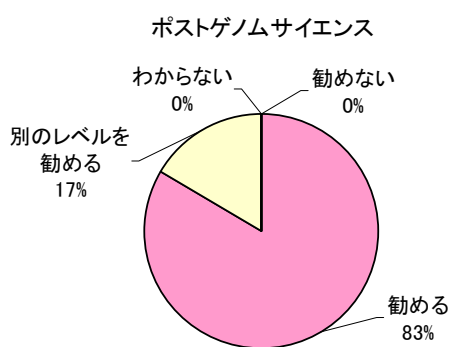
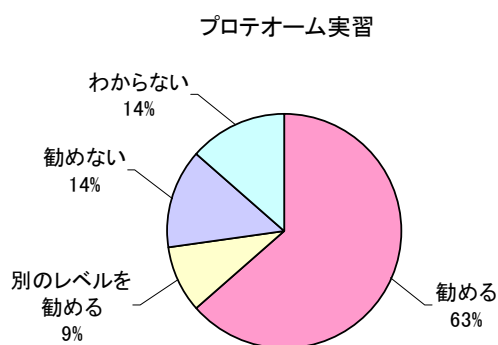
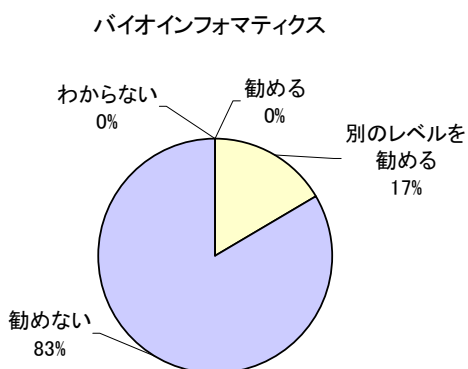
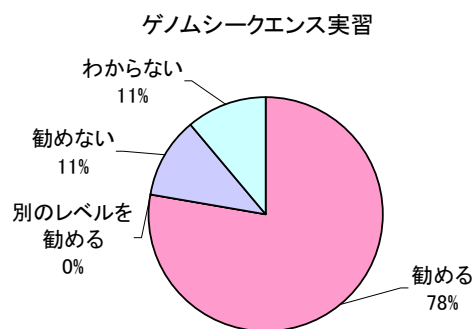
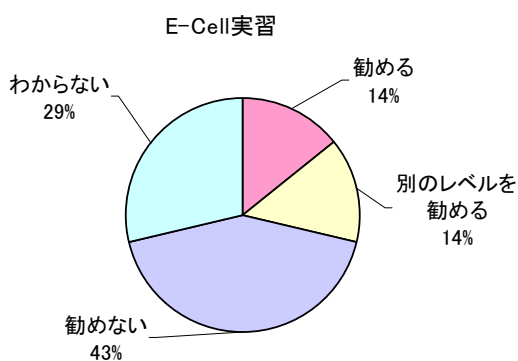
2(5)講師について

実習コース名	解りやすかった	普通	解りにくかった	合計
E-Cell 実習	2	5		7
ゲノムシーケンス実習	10			10
バイオインフォマティクス		3	2	5
プロテオーム実習	3	15	4	22
ポストゲノムサイエンス	6			6
メタボローム実習	14	7		21
合計	35	30	6	71



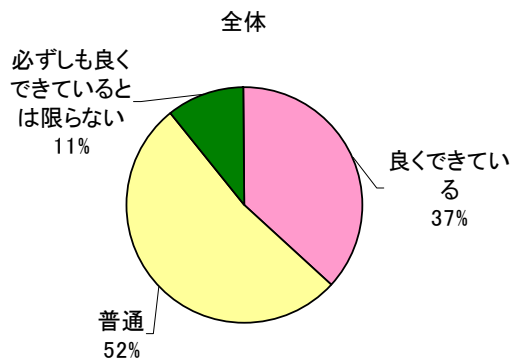
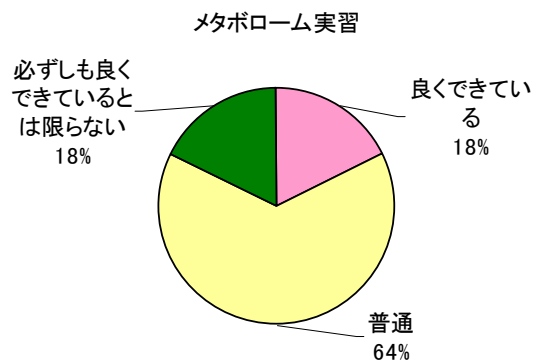
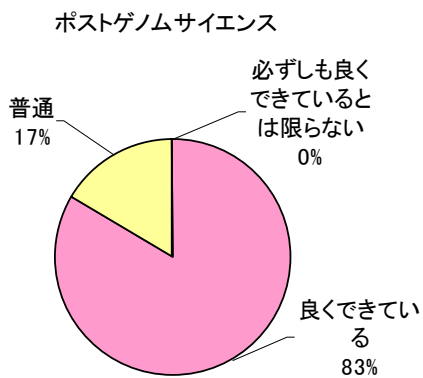
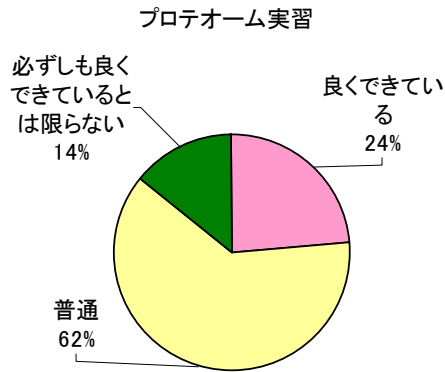
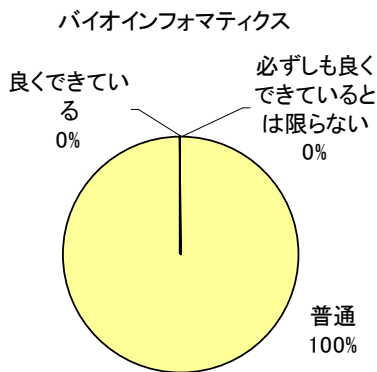
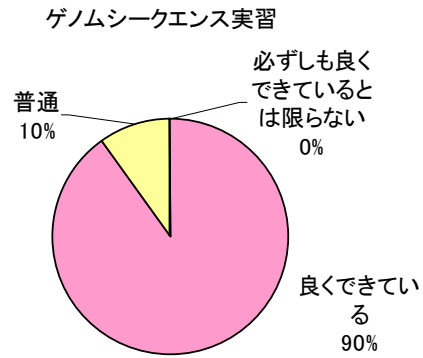
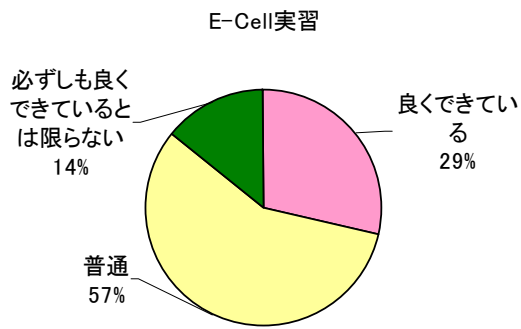
2-6 受講を勧める

実習コース名	勧める	別のレベルを勧める	勧めない	わからない	合計
E-Cell 実習	1	1	3	2	7
ゲノムシーケンス実習	7		1	1	9
バイオインフォマティクス		1	5		6
プロテオーム実習	14	2	3	3	22
ポストゲノムサイエンス	5	1			6
メタボローム実習	16		1	5	22
合計	43	5	13	11	72



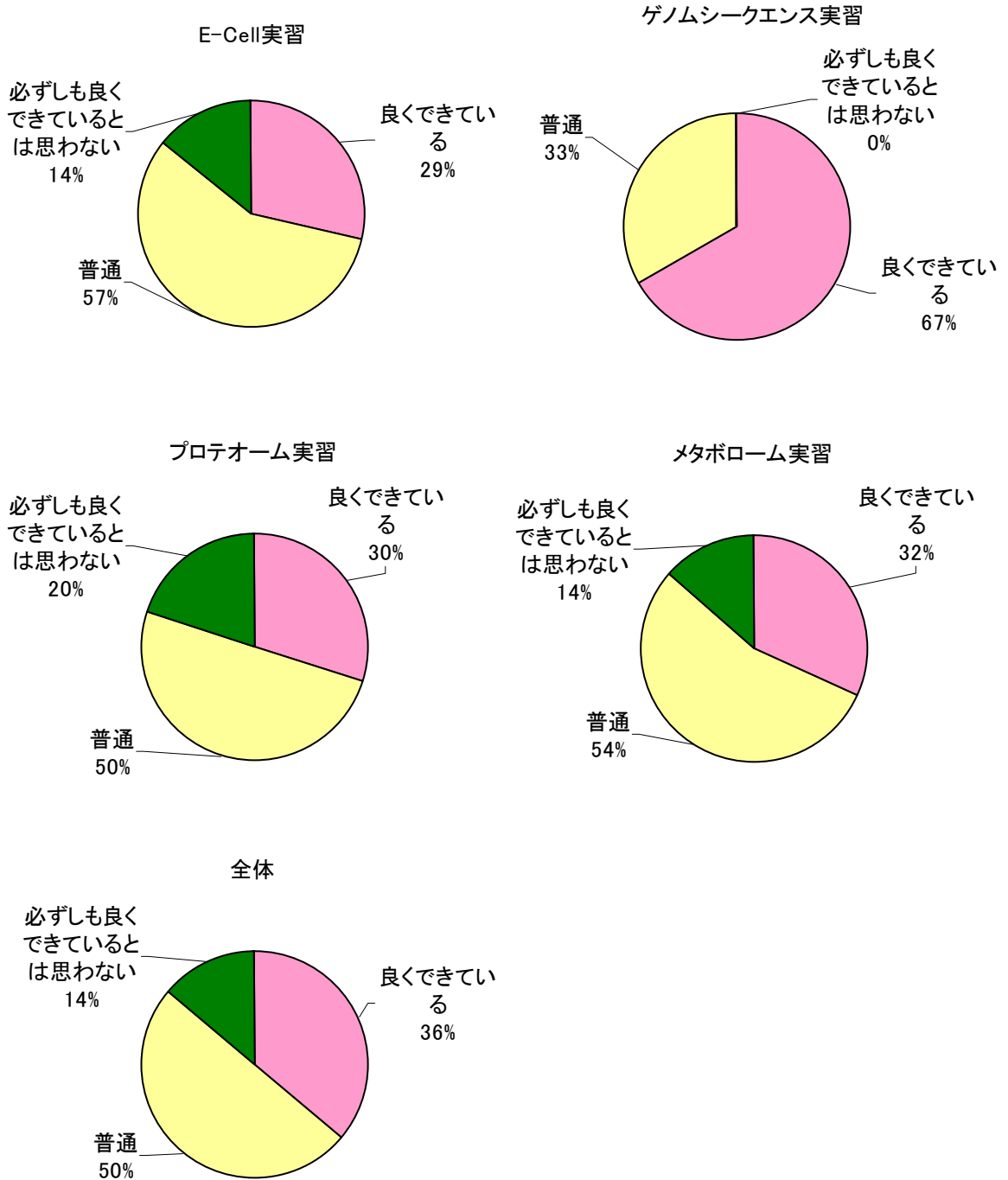
3 テキストについて

実習コース名	良くできている	普通	必ずしも良くできているとは限らない	合計
E-Cell 実習	2	4	1	7
ゲノムシーケンス実習	9	1	0	10
バイオインフォマティクス	0	4	0	4
プロテオーム実習	5	13	3	21
ポストゲノムサイエンス	5	1	0	6
メタボローム実習	3	11	3	17
合計	24	34	7	65



4 カリキュラムについて

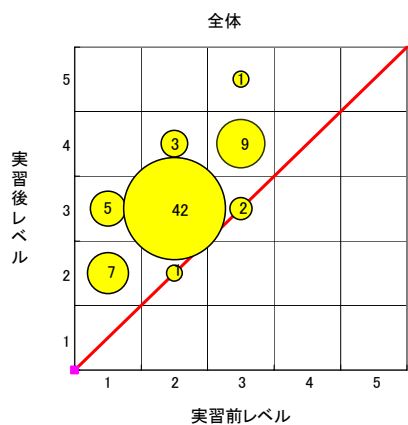
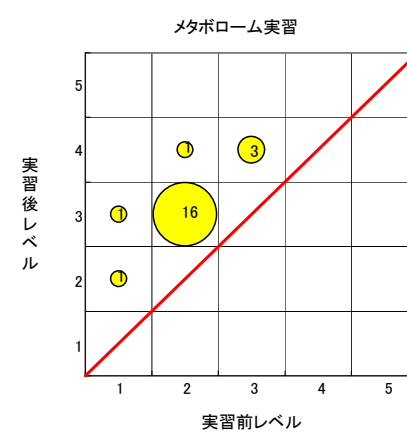
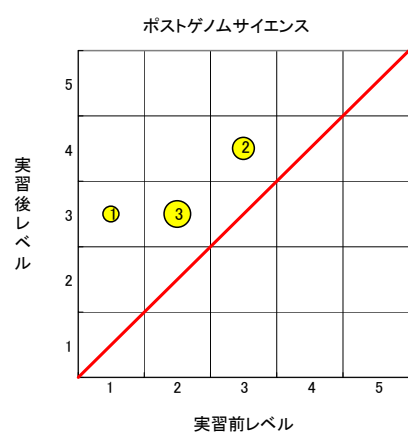
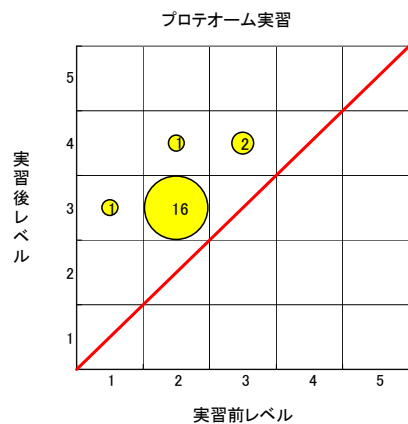
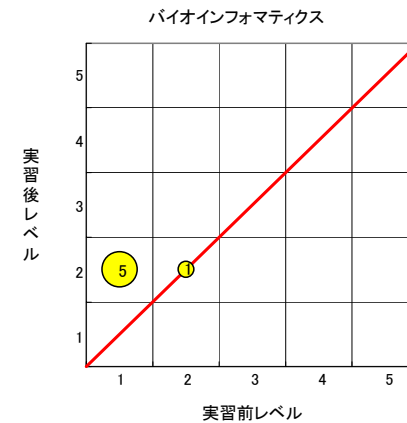
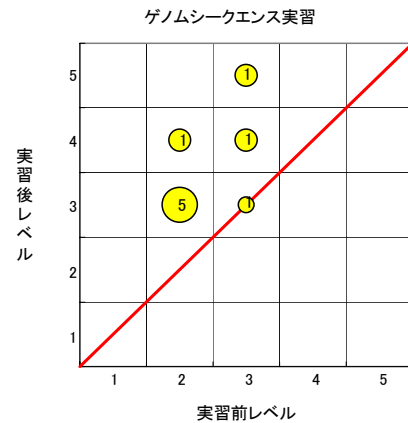
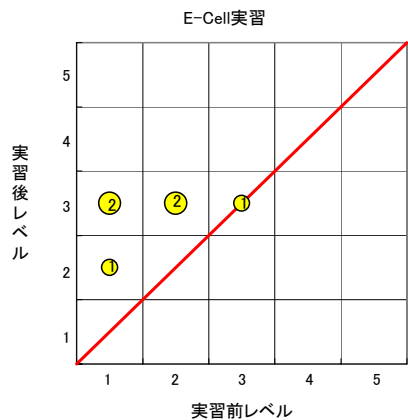
実習コース名	良くできている	普通	必ずしも良くできているとは思わない	合計
E-Cell 実習	2	4	1	7
ゲノムシーケンス実習	6	3	0	9
バイオインフォマティクス				0
プロテオーム実習	6	10	4	20
ポストゲノムサイエンス				0
メタボローム実習	7	12	3	22
合計	21	29	8	58





9 レベルアップ

実習コース名	実習後 レベル	実習前 レベル				
		1	2	3	4	5
E-Cell 実習	1		1	2		
	2			2		
	3			1		
	4					
	5					
ゲノムシーケンス実習	1					
	2			5	1	
	3			1	1	1
	4					
	5					
バイオインフォマティクス (BI)特論(大学院)	1		5			
	2		1			
	3					
	4					
	5					
プロテオーム実習	1			1		
	2			16	1	
	3				3	
	4					
	5					
ポストゲノムサイエンス (学部クラスター科目)	1			1		
	2			3		
	3				2	
	4					
	5					
メタボローム実習	1		1	1		
	2			16	1	
	3				3	
	4					
	5					
全体	1	0	7	5	0	0
	2	0	1	42	3	0
	3	0	0	2	9	1
	4	0	0	0	0	0
	5	0	0	0	0	0



参考資料5 (2) 講師へのアンケート調査結果①

ID	講義名	受講生レベル	判断の基準(レベル)	講義の理解度	判断の基準(理解度)	講義時間	適当な時間	受講態度	判断の基準(受講態度)	受講生の熱意	質問数	議論	問題点	質問議論のなげかけ	なげかけに対する回答	筆記	次回の改良点	推薦候補者	感想、評価
1	E-Cell 実習	かなり高い	受講生の殆どが最終課題を達成した	高い	受講生の殆どが最終課題を達成した(若干名、完成しなかった点がある)	少し短い	4~5日間がよりよい(但し、本当に初心者向け紹介的なものであれば3日で内容を絞ってもよい)	かなり良い	最終的にほとんど授業に遅れることなく追いつくことができた。	熱心だった	非常に多かった	普通	議論をもっと活性化するために、もっとクイズなどを入れてもよかった。	少しした	普通	よくしていた	・テキストの日本語化 ・プレゼン資料の充実、日本語化	中山洋一、内藤康弘、松崎由理(いずれも慶應先端生命科学研)	少し時間的に窮屈ではあったが、受講者側の協力もあり、スムーズに進めることができた。大学などの教育関係者、学生でなくとも、十分効果的なE-Cell実習を行える可能性を示したといえる。
2	プロテオーム解析実習	普通	実習の前の到達度テストの結果による。	高い	実習の前後で行った到達度テストの結果による。	ちょうどよい	4日~5日(15~20時間)	かなり良い	熱心に実習に参加していた。	熱心だった	多かった	結構多かった		普通	よく回答できた	していた	蛋白質の二次元電気泳動や蛋白質のマスマスプロテオーム解析など、いわゆるプロテオミクスに不可欠な手法について、デモンストレーション実験でもよいので、このような実習に組み入れていくことができると考えます。	平野先生(横浜市立大)	今回の実習では、学生と合わせて人数が大変多くなってしまい、各グループでの実験操作がかなり分業的になってしまいがちでした。実験設備の問題もあり、難しいと思いますが、2~3人で1グループとする体制で行えば、より実習内容を習得しやすくなるはずだと思います。
3	ゲノムシーケンス実習	かなり高い	実習に取り組む積極性と問題意識	高い	実習中の質問内容、到達度テスト	少し短い	実習の内容から考えると、少なくともあと1週間(25時間)の追加が必要	かなり良い	実習に取り組む積極性と問題意識	熱心だった	非常に多かった	非常に多かった	海外の留学生がいたために、言語を日本語と英語の2通りで行う必要があり、その分時間を要した点。	少しした	少し回答できた	よくしていた	(1)実習内容を減らすか、実習時間(日数)を増やす必要がある。 (2)一部の実習器具や装置を増やすか、あらかじめこちらで調製済みのサンプルを用意して、それを用いて実習を進める必要がある。	森浩禎(奈良先端化学技術大学院大学、教授)	ゲノムシーケンスに関して、実際の細胞からゲノム DNA 抽出・パルスフィールド電気泳動に始まり、ホールゲノムショットガン法によるゲノムシーケンス解析、そこからの DNA 塩基配列情報の編集に至るまでの一連の実験・解析操作を実習として実施している大学を含む高等教育機関は日本においては他に例が無い状況である。これは高額な設備の整備と試薬・消耗品も高額となる実施コストの問題と、これらを教育できる講師の人材不足の問題に起因しているからである。今後のポストゲノム時代の人材育成において、これらの基礎原理の理解の重要性が高まる
4	メタボローム実習	高い		高い		ちょうどよい		かなり良い	かなり反応があった	普通	普通	学生と一緒に受講しているため遠慮があるかと思う。	結構した	よく回答できた	よくしていた	今回は装置(分析計)に限りがあったので、操作をみているだけだったが、実際は自分で装置を動かせるというのではないかと。	京都大学大学院農学研究科 西岡孝明教授	試験を行ったところ、今回参加した受講生の結果は大変良かった。よく理解されたと思う。今回は、学生、外国人、社会人とそれぞれバックグラウンド、言語が異なっていたので、講義するのが大変だった。同レベルの人に講義した方が、講義しやすく理解度も深まると思う。	
5	ポストゲノムサイエンス(学部クラスター科目)	普通	講義に取り組む積極性	高い	講義中の小テスト	少し短い	講義の内容、量から考えると、少なくともあと3時間が必要。	かなり良い	講義に取り組む積極性	かなり反応があった	普通	少しあった	受講者によって理解度に差があるため、受講者全体のレベルを合わせることが難しかった。	しなかった	回答できなかった	よくしていた	(1)実習内容を減らすか、実習時間を増やす必要がある。 (2)受講者のレベルを分け、それぞれのレベルに合わせた構成とした方がよい。	森浩禎(奈良先端科学技術大学院大学、教授) 金井昭夫(慶應大学、先端生命科学研究所、助教授)	ポストゲノム研究に関して、その根幹となる基礎知識を最新の研究技術の原理の解説と、生命現象における既存の分子生物学との接点を整理しながら概説していく講義であり、受講者には分子生物学の基礎知識とポストゲノム研究における最新の研究技術に関する問題意識が求められる。こういった講義を実施している大学を含む高等教育機関は日本においては他に例が少ない状況である。それはゲノムおよびポストゲノム研究に携わり、これらを教育できる講師の人材不足の問題に起因しているからである。今後のポストゲノム時代の人材育成において、ポストゲノム研究の基礎原理の理解の重要性が高まるのは必至であり、日本における大学を含む高等教育機関のあり方と有用な人材育成に関して議論と認識を高めていく必要があると考えている。その意味で、バイオ人材の育成においても重要であり、社会現場のバイオ研究者にとっても有用かつ重要な講義であったことが確認できた。

## 参考資料5 (2) 講師による社会人受講生の評価②

No.	社会人		評価 (5点満点)		
	職	年齢	積極性	理解度	達成度
1	技師	28	4	5	3
2	専門研究員	34	4	4	3
3	研究員	29	3	3	4
4	研究員	27	4	3	3
5	研究員	28	5	3	3
6	主任専門研究員	44	3	4	2
7	シニアリサーチャー		3	3	4
	平均		3.7	3.6	3.1

積極性：実習に対する積極性

理解度：講義内容の理解度

達成度：赤血球の解糖系部分のモデル構築

## 参考資料5 (3) 到達度評価用テストの結果

到達度テスト平均点 (100点満点)

実習名	受講者数	社会人			学生			
		社会人 実習前	社会人 実習後	実習効果	受講者数	学生実習前	学生実習後	実習効果
プロテオーム	6	42.3	72.0	29.7	20	52.6	71.9	19.3
ゲノム シーケンス	6	44.7	68.7	24.0	8	63.5	75.5	12.0
メタボローム	6	45.0	95.0	50.0	21	67.0	87.0	20.0
到達度平均		44.0	78.6	34.6		61.0	78.1	17.1

