

ゲノムの配列が急速なスピードで解析されている現在、世の中の関心は、遺伝子がコードしている蛋白質がどのような構造・機能を有しているかに移って行くものと思われます。蛋白質結晶学者は、これまでは、機能既知の蛋白質の立体構造を決定し、その反応機構等を考察して来ましたが、これからは、機能未知の蛋白質の立体構造を決定し、その機能を推測することが重要なミッションになるでしょう。本誌においても、阪大の倉光成紀先生に「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」についての記事（Vol.5No.2）を執筆して頂きましたが、このようなプロジェクトの中でX線結晶学者が果たす役割は多大なものであると考えられます。結晶構造決定に要する時間を更に短縮することが要求され、当然、より小さい結晶を用いてのより迅速なデータ収集が求められるでしょう。シンクロトロン放射光施設は、益々不可欠なものとなり、「構造生物学坂部プロジェクト」の更なる繁栄が期待されます。

さて、私が編集委員長に就任して、早いもので1年以上が経過しました。この間、どのような記事をどなたに書いていただくか、毎回頭を悩ませながらも、なんとか発行を続けて来られました。これも、ひとえに執筆者をはじめとする皆様のお陰と思っております。今後とも、一層のご協力とご愛読をお願い致します。

(K . I)

編集委員会

委員長	石川 弘紀	(味の素)	clm_ishikawa@te10.ajinomoto.co.jp
委員	栗原 宏之	(山之内製薬)	kurihara@yamanouchi.co.jp
委員	曽我部 智	(日本ロシュ)	satoshi.sogabe@roche.com
顧問	田仲 可昌	(筑波大)	ytanaka@sakura.cc.tsukuba.ac.jp