バイオインフォマティクスシリーズ 8

ケモインフォマティクス

浜田 道昭 監修
山西 芳裕
海東 和麻
岩田 通夫 共著
金子 弘昌

コロナ社

シリーズ刊行のことば

現在の生命科学においては，シークエンサーや質量分析器に代表される計測機器の急速な進歩により，ゲノム，トランスクリプトーム，エピゲノム，プロテオーム，インタラクトーム，メタボロームなどの多種多様・大規模な分子レベルの「情報」が蓄積しています。これらの情報は生物ビッグデータ（あるいはオミクスデータ）と呼ばれ，このようなデータからいかにして新しい生命科学の発見をしていくかが非常に重要となっています。

このような状況の中でその重要性を増しているのが，生命科学と情報科学を融合した学際分野である「バイオインフォマティクス」（生命情報科学，生物情報科学）です。バイオインフォマティクスは，DNA やタンパク質の配列などの，生物の配列情報をディジタル情報として捉え，コンピュータにより解析を行うことを目的として誕生しました。このような，生物の配列情報を解析するバイオインフォマティクスの一分野は「配列解析」と呼ばれます（これは本シリーズでも主要なテーマとなっています）。上述の計測機器の進歩とともに，バイオインフォマティクスはここ数十年で飛躍的に発展し，いまや配列解析にとどまらずに，トランスクリプトーム解析，メタボローム解析，プロテオーム解析，生物ネットワーク解析など多岐にわたってきています。また，必要な知識も，統計学，機械学習，物理学，化学，数学などの多くの分野にまたがっています。しかしながら，これらのバイオインフォマティクスの多岐にわたる分野を，教科書的・体系的に学ぶことができる成書シリーズは，国内外を見てもほとんどありません。

そこで，大学生，大学院生，技術者，研究者などに，バイオインフォマティクスの各分野を体系的に学習することを可能とするための教科書を提供することを目的として本シリーズを企画しました。これを実現するために，バイオイン

フォマティクス分野の最前線で活躍をしている，若手・中堅の研究者に執筆を依頼しております。執筆者の方々には，バイオインフォマティクス研究の基盤となる理論やアルゴリズムを中心に，可能な限り厳密かつ自己完結的に解説を行うようにお願いしています。そのため，本シリーズは，大学などにおけるバイオインフォマティクスの講義の教科書として活用可能であるのみならず，読者が独学する場合にも最適な書籍になっていると確信しています。

最後になりますが，本シリーズの企画の段階から辛抱強くサポートしてくださったコロナ社の皆様に御礼を申し上げます。本シリーズが，今後のバイオインフォマティクス研究さらには生命科学研究の一助となることを切に願います。

2021 年 9 月

「バイオインフォマティクスシリーズ」監修者　浜田道昭

ま　え　が　き

さまざまな生物種のゲノム情報をコンピュータで解析するための学問として始まったバイオインフォマティクスの役割は，大きな変化を遂げてきている。次世代シークエンサーやハイスループット測定技術の発展により，ゲノムだけでなく，トランスクリプトーム，プロテオーム，メタボローム，インタラクトームなど多階層オミクスデータが得られるようになり，さまざまな生体分子に対して網羅的な解析が可能になってきた。同時に，コンビナトリアルケミストリーやハイコンテンツスクリーニングなどの技術の発展によって，膨大な数の化合物に関するケミカル情報や生物活性情報も蓄積されてきている。個体差，シングルセル，時空間などを考慮した解析なども可能になり，データの巨大化だけでなく，多様化・複雑化に拍車がかかっている。これにより，バイオインフォマティクスが関わる研究領域は，生命科学や情報科学だけでなく，医学，薬学，化学，農学，環境学などさまざまな領域へと及んでいる。

バイオインフォマティクスと近い学問としてケモインフォマティクスがある。ケモインフォマティクスとは化学と情報科学の融合分野である。歴史そのものはバイオインフォマティクスよりも長く，ケモメトリックスとも呼ばれることもある。バイオインフォマティクスとの関係としては明確な境目はなく，化学物質にフォーカスするか，生命現象にフォーカスするかというところに依存する。例えば，遺伝子やタンパク質などの生体分子に関するデータを解析するときはバイオインフォマティクス，代謝産物や医薬品などの低分子・中分子の化合物に関するデータを解析するときはケモインフォマティクスと呼ばれることが多い。実際に，ケモインフォマティクスでは，低分子・中分子の化合物の化学構造（構造式）を情報解析することが主であった。近年は，化合物に対する生体応答を示すトランスクリプトームデータ（化合物応答遺伝子発現プロ

ファイルなど）や膨大な代謝産物のメタボロームデータも大量に生まれてきており，化合物に関するオミクス情報を解析する必要性が高まっていることから，バイオインフォマティクスとケモインフォマティクスの垣根は非常に低くなってきている。本書籍では，化合物の化学構造データやオミクスデータを情報解析する広い意味でのケモインフォマティクスに注目する。

ケモインフォマティクスは学術研究だけでなく，産業応用においても期待されている。特に，医薬品開発や材料設計は，ケモインフォマティクスの力が最大限に発揮できる応用分野である。ここ数年の学術研究や産業界における大きな変化として，人工知能（AI）への期待の高まりが挙げられるが，この背後にはAI基盤である機械学習の発展がある。ケモインフォマティクスの分野でも機械学習は必須の技術であり，ニューラルネットワーク，カーネル法，ブースティング，スパースモデリングなどさまざまな手法が適用されてきている。データから有用な情報を効率的に抽出し，学術研究や産業応用につなげていくためにも，ケモインフォマティクスにおける各研究項目において機械学習はますます重要になってきている。

本書籍のまえがきは山西が執筆し，各章はケモインフォマティクス分野で活躍している若手の研究者に執筆していただいた。産業技術総合研究所の海東和麻先生に1章「ケモインフォマティクスの基本的な考え方」，5章「構造生成器」，九州工業大学大学院情報工学研究院生命化学情報工学研究系の岩田通夫先生に2章「化合物・タンパク質間相互作用解析」，3章「化合物のオミクス解析」，明治大学理工学部応用化学科の金子弘昌先生に4章「分子設計」，6章「材料設計」，7章「スペクトル解析」，8章「ソフトセンサー」と付録について執筆していただいた。先生方には，本書籍の意義を考慮して，ケモインフォマティクスの基本や最新トピックを紹介していただいている。多忙な中，執筆していただいた先生方に深く感謝する。本書籍をきっかけに，我が国のケモインフォマティクスの研究が少しでも発展することにつながれば，望外の喜びである。

2026年3月

山西芳裕

目　　次

1. ケモインフォマティクスの基本的な考え方

1.1 ケモインフォマティクスとは …… *1*

1.2 化合物の表現法 …… *4*

1.2.1 グラフ表現 *4*

1.2.2 文字列表現 *8*

1.2.3 記述子表現 *11*

1.2.4 化合物の命名法 *13*

1.2.5 その他の化合物の表記法 *16*

1.3 化合物データ …… *16*

1.3.1 基本的なデータの形状 *16*

1.3.2 データベース *18*

1.4 分子設計の指針と構造活性相関 …… *20*

1.4.1 構造活性相関の基本 *20*

1.4.2 活性に影響を与える化学構造 *22*

1.4.3 定量的構造活性相関と各種指標 *28*

1.5 シミュレーション …… *32*

1.5.1 ドッキングシミュレーション *32*

1.5.2 量子化学計算 *36*

1.6 機械学習 …… *39*

1.6.1 機械学習の分類 *39*

1.6.2 機械学習モデルの解釈性 *41*

1.7 ケミカルスペース …… *44*

2. 化合物・タンパク質間相互作用解析

2.1 化合物の標的タンパク質・オフターゲット予測 …… 48
2.1.1 インシリコ創薬 48
2.1.2 薬のゲノムワイドなスクリーニングの枠組み 49
2.1.3 化合物の表現法 50
2.1.4 既知の化合物・タンパク質間相互作用 51
2.1.5 新たな化合物・タンパク質間相互作用の予測 51
2.2 化合物の効能予測 …… 56
2.3 ドラッグリポジショニング …… 58

3. 化合物のオミクス解析

3.1 トランスクリプトーム解析 …… 59
3.1.1 トランスクリプトームとは 59
3.1.2 化合物応答トランスクリプトーム 59
3.1.3 化合物の標的タンパク質・オフターゲット予測 60
3.1.4 化合物の標的タンパク質・オフターゲット予測の性能評価 61
3.1.5 疾患の治療候補薬の予測 62
3.1.6 欠損値の予測 65
3.1.7 欠損値補完の性能評価 68
3.1.8 疾患の治療候補薬の予測における欠損値補完の影響 69
3.2 ディジーズーム解析 …… 71
3.2.1 疾患を特徴づける遺伝子発現データ 71
3.2.2 遺伝子発現パターンを用いた疾患の共通性解析 73
3.2.3 疾患を特徴づける分子 75
3.3 レギュローム解析 …… 76
3.3.1 レギュロームプロファイルの構築 76
3.3.2 レギュロームに基づく疾患の特徴づけ 77
3.3.3 疾患と承認薬の相関解析 78
3.3.4 疾患の治療候補薬の予測 80

3.3.5　予測された疾患治療候補薬の実験検証　*81*
3.4　パスウェイ創薬……*83*
3.4.1　パスウェイエンリッチメント解析　*83*
3.4.2　既知の抗がん剤のパスウェイレベルでの特性評価　*85*
3.4.3　抗がん作用が期待される新たな薬物の予測　*86*
3.4.4　パスウェイ創薬手法の性能　*87*
3.5　1細胞トランスクリプトーム解析……*88*
3.5.1　1細胞トランスクリプトーム　*88*
3.5.2　欠損値の予測　*88*
3.5.3　欠損値補完の性能評価　*89*
3.5.4　欠損値補完の応用―パスウェイ軌道解析―　*91*

4. 分子設計

4.1　分子設計とは……*93*
4.2　構造活性相関・構造物性相関……*96*
4.2.1　化学構造の表現法　*97*
4.2.2　化合物データセットの表現方法　*100*
4.2.3　化学構造の数値化　*101*
4.2.4　回帰分析手法・クラス分類手法の選択　*103*
4.2.5　モデル構築時の注意点　*111*
4.2.6　構造活性相関・構造物性相関の例　*111*
4.3　化学構造生成……*124*
4.3.1　モデルの適用範囲　*125*
4.3.2　コンピュータによる自動的な化学構造生成　*129*
4.3.3　化学構造生成の例および活性・物性の推定　*131*

5. 構造生成器

5.1　構造生成器とは……*135*
5.2　深層生成モデルの基本……*137*

5.2.1 全結合型ネットワーク 138
5.2.2 畳込みニューラルネットワーク 141
5.2.3 再帰的ニューラルネットワーク 142
5.2.4 注意機構と Transformer 146
5.2.5 深層生成モデル 151
5.3 深層生成モデルを用いた構造生成器 157
5.3.1 Chemical VAE 158
5.3.2 REINVENT 159
5.3.3 TRIOMPHE 161
5.3.4 EMPIRE 163

6. 材 料 設 計

6.1 材料設計とは 165
6.2 実験計画法・適応的実験計画法 166
6.3 ベイズ最適化 169
6.4 一般的なモデルの逆解析とベイズ最適化のそれぞれの特徴 172

7. スペクトル解析

7.1 スペクトル解析の活用例 174
7.2 スペクトルの前処理 177
7.3 スペクトルのモデリング例 180

8. ソフトセンサー

8.1 ソフトセンサーとは 190
8.2 時系列データの特徴 192
8.3 適応型ソフトセンサー 195

8.4　適応型ソフトセンサーによる解析例 …… *199*
8.5　プロセス管理 …… *204*

付　　録 …… *208*
A.1　データセットの表現 …… *208*
A.2　最小二乗法による線形重回帰分析 …… *208*

引用・参考文献 …… *211*
索　　引 …… *230*

【本書ご利用にあたって】
・本文中に記載している会社名，製品名は，それぞれ各社の商標または登録商標です。本書では ® や TM は省略しています。

1 ケモインフォマティクスの基本的な考え方

bioinformatics

ケモインフォマティクスは情報科学技術を用いた化学の総称であり，シミュレーションや機械学習など，多様な技術が活用されている。また，化合物情報のデータベース整備や各種ツールの開発も盛んに行われている。本章では，創薬化学領域を念頭に置いて，有機化合物の表現法やデータベース，シミュレーションや機械学習など，ケモインフォマティクスにおける基本的な考え方や技術などについて概説する。また，化合物と生物活性との間の関係性を評価する構造活性相関についても基本的な考え方を概説する。

1.1 ケモインフォマティクスとは

化学（chemistry）とは物質の構造・性質・変化そして創生に関する自然科学の一分野である。素粒子やエネルギーなどを扱う物理と，細胞や個体・生態系を扱う生物の間にあるとみなされることも多く，Central Science と呼ばれることもある。もっとも，古くから物理化学・生物化学という境界領域があり，分野間融合が盛んな今日では，その明確な線引きは意味をなさない。化学のルーツは**錬金術**（alchemy）であり，その目的は不老不死と金の生成であった。今日において錬金術は「ファンタジー」とみなされることが多いが，古代から近世においては主要な学問であり，イスラーム世界で培われた錬金術の技法は現代の化学実験技術の基礎となっている。Issac Newton をはじめとする著名な錬金術師は現代でも著名な科学者として知られている。錬金術の目的である不老不死は新薬の創出，金の生成は高付加価値の化合物創製という言葉に置き換わ

り，現代でも多くの化学者が探求をしている。錬金術が今日の化学に置き換わったのは，17 世紀のことである。Robert Boyle は粒子の運動に関する挙動を数式として定義し，Antoine Lavoisier は化学変化の前後で物質全体の質量は変化しないことを示した。化学と錬金術の差分は，物質を定量的に分析することにあると捉えることができる。

Lavoisier 以来，200 年以上の時を経て，化学は飛躍的な進歩を遂げた。それに伴い，化学に関する研究成果も指数関数的な増加を続けている。今日では，すべての研究成果を一人の研究者が網羅的に理解することは不可能となっている。一方，化学だけでなく，計算機の発展も飛躍的である。計算機器としてのそろばんは古代バビロニア時代には用いられていたとされているが，機械式計算機は 17 世紀の自然哲学者 Blaise Pascal が作成したものが始まりとされている。Newton と同時期に微分積分学を確立した哲学者 Gottfried Leibniz は乗除算が可能な計算機と二進法を発明している。今日の計算機は John von Neumann が考案したものに即しており，Moore の法則に従い，扱える計算量は指数関数的に増大してきた。50 年前の大型計算機よりも高性能なスマートフォンを我々は持っている。

ケモインフォマティクス（あるいは化学情報学，情報化学）とは，計算機をはじめとする情報科学技術を用いた化学の総称である。ケモインフォマティクスは機械学習を用いた研究分野，とみなされる場合もあるが，それはケモインフォマティクスのある一面にすぎない。本書では，シミュレーションや化学データの取扱い，グラフィック表記などもケモインフォマティクスの範疇に含まれる。ケモインフォマティクスの目的は，化学現象の理解と新しい物質創製の手がかりを見出すことである。ケモインフォマティクスでは，機械学習による予測や量子化学計算などのシミュレーションにより，化学データから本質的な情報を抽出することで，化学を体系的に理解することを促す。化学構造の描写や，検索による情報収集も，化学を理解する手助けとなる点でケモインフォマティクスの重要な使命である（**図 1.1**）。

注意しなければならないのは，ケモインフォマティクスだけで化学を完全に

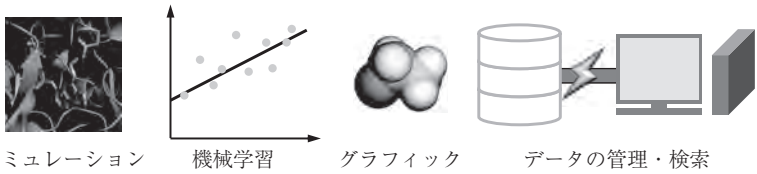


図 1.1　ケモインフォマティクスの主要な研究技法

解明することは不可能であるという点である。実験で得られた結果や観測された現象をもとに，機械学習モデルやシミュレーションの条件が定められる。また，機械学習モデルやシミュレーションの結果が実験結果に即しているとは限らず，最終的には実験検証が必要不可欠である。最初に述べたとおり，化学は現実世界の物質を扱う学問である以上，計算機の中だけで化学が完結することは決してあり得ない。ケモインフォマティクスは，化学を体系化することで，人間が化学の本質を理解することを手助けするツールであり，実験化学との連携により，その真価を発揮する。

他の情報科学の領域と同様に，ケモインフォマティクスでは，コンパイラ型，インタープリタ型ともにさまざまなプログラミング言語が用いられている。目的に応じて，適切な言語を選択することが望ましいが，その中でも，プログラミング言語として Python がケモインフォマティクスの領域では広く用いられている。これは，ケモインフォマティクスで用いられているライブラリの多くが Python API を通して使いやすい形で整備されているためである。Python でケモインフォマティクス関連の課題を遂行する場合，汎用すると考えられるものをいくつか例示する。詳細な利用法は公式のドキュメントなどを参考にされたい。

- NumPy：行列を扱うためのライブラリ。Python で数値データを扱う際には必須である。
- Pandas：表形式のデータを扱うためのライブラリ。データの読み書きや加工，統計値の算出などに用いる。
- scikit-learn：機械学習を行うためのライブラリ。判別・回帰を行う教師あ

り学習や次元削減などの教師なし学習などの手法が一通り利用可能となっている。

・TensorFlow，PyTorch：深層学習を行うためのライブラリ。ケモインフォマティクス関連の研究では PyTorch が多く用いられているが，TensorFlow で構築したモデルもよく見かける。

・RDKit：化学データを扱うためのライブラリ。化学構造データの読み書きから基本的な物性の計算値や立体配座の発生，構造式描写まで非常に多くのことができる。

・Matplotlib：グラフを描写するためのライブラリ。細かい設定を行うことができ，美麗なプロットを描くことが可能である。

1.2　化合物の表現法

化合物はいろいろな形式で表現することができる。本節では，化合物の表現法の中でも特に汎用されているものについて概説する。

1.2.1　グラフ表現

数学におけるグラフとは，頂点（ノード）と辺（エッジ）の集合とみなすことができる。**図 1.2** に，基本的なグラフの例を示す。詳細については，グラフ理論の専門書を参考にされたい[1),2)†]。グラフの中でも，すべての頂点の組合せに対して辺があるグラフを完全グラフと呼ぶ。グラフ中の任意の 2 頂点を選択した際，それらを結ぶルートが必ず一つとなるグラフを木と呼ぶ。木の考え方は，ケモインフォマティクスの基盤となる機械学習の考え方で登場する。同じ頂点を結ぶ辺がある場合，その辺をループと呼び，ループが含まれるグラフをループグラフと呼ぶ。また，グラフの辺に向きがあるものを有向グラフと呼ぶ。ケモインフォマティクスの分野では，化学構造を無向グラフとして扱うこ

† 肩付き数字は，巻末の引用・参考文献番号を示す。

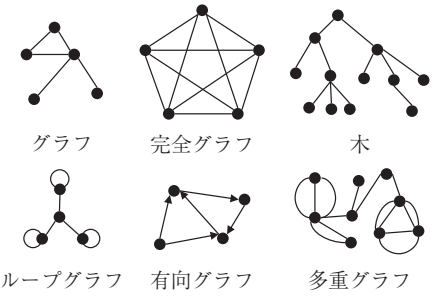
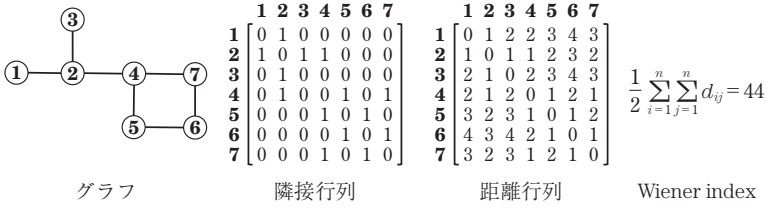


図 1.2 基本的なグラフ

とが多く，有向グラフやループグラフを扱う場面は比較的少ない。多重グラフは，二つの頂点の間で 2 本以上の辺が存在することを許すグラフである。

グラフを数字表現した例として，隣接行列が挙げられる。隣接行列は，頂点の間に辺があれば要素が 1，辺がなければ 0 となる。隣接行列は対称行列となる。距離行列は，2 頂点間のグラフ上の最短距離を示す行列である。隣接している頂点の間の距離は 1 として扱われ，通常，辺の実際の長さは考慮されない。Wiener index[3] は距離行列の要素の総和を 2 で割った値である。隣接行列，距離行列，Wiener index の例を**図 1.3** に示した。



i は距離行列の行番号を，j は距離行列の列番号を，n は距離行列の行数（列数）を，d_{ij} は距離行列の i 行 j 列の要素をそれぞれ示す。距離行列は対称行列であるため，Wiener index は 2 で割る処理を行う。

図 1.3 隣接行列，距離行列，Wiener index の例

構造式は有機化合物をグラフとして表記したもので，化学者が最も一般的に用いている表記法である。構造式では，頂点は原子に，辺は共有結合にそれぞれ対応する。共有結合とは，二つの原子間で電子対を共有している結合であ

索　　引

【い】

硫黄回収装置 *202*
医薬品有効成分 *181*

【お】

欧州バイオインフォマティクス研究所 *51*
重　み *138*

【か】

ガウス過程回帰 *170*
化　学 *1*
拡散モデル *154*
確率密度関数 *170*

【き】

近赤外線分光法 *174*

【く】

グラフ畳込みニューラルネットワーク *142*

【こ】

構造活性相関 *20*
構造毒性相関 *20*
構造物性相関 *20*
国際純正・応用化学連合 *13*

【さ】

再帰的ニューラルネットワーク *143*

【し】

時間差分 *198*
自己注意機構 *150*
主成分分析 *46, 127, 206*

【せ】

赤外線分光法 *174*
セントラルドグマ *59*

【そ】

相対標準誤差 *68*

【た】

畳込みニューラルネットワーク *141*
脱ブタン塔 *199*
多変量統計的プロセス監視 *206*
多変量統計的プロセス管理 *206*

【ち】

注意機構 *146*
直鎖炭化水素 *13*

【て】

ディジーゾーム *71*
定量的構造活性相関 *28, 94*
定量的構造毒性相関 *28*
定量的構造物性相関 *28, 94*
適用範囲 *43, 97*

【と】

トランスクリプトーム *59*

【へ】

平滑化 *177*
ベイズ最適化 *169*
変分オートエンコーダ *151*

【ほ】

ポリファーマコロジー *49*

【れ】

レギュローム *76*
錬金術 *1*

【A】

AD *43, 97*
API *181*
AUC *61*
AUPR *61*

【C】

CNN *141*
CREEDS *70*

【E】

EBI *51*

【F】

fingerprint *102*

【G】

GCN 142
GPR 170

【I】

IC_{50} 20
IR 174
IUPAC 13

【J】

JITPLS 198
JITSVR 198

【L】

LINCS 60

【M】

MAGIC 89
MSPC 206
MSPM 206
MWPLS 197
MWSVR 197

【N】

NIR 174

【P】

PCA 46, 127, 206
PDF 170
PR 62

【Q】

QSAR 28, 94
QSPR 28, 94
QSTR 28

【R】

RNN 143
ROC 61
RSE 68

【S】

SAR 20
SAVER 89
SELFIES 10
SMARTS 9
SMILES 8
SPR 20
SRU 202
STR 20

【T】

TD 198
TIGERS 89
TT–WOPT 66

【U】

UMAP 77, 90

【V】

VAE 151

【数字】

50 %阻害濃度 20

――監修者・著者略歴――

浜田　道昭（はまだ　みちあき）
2000 年　東北大学理学部数学科卒業
2002 年　東北大学大学院理学研究科修士課程修了（数学専攻）
2002 年　株式会社富士総合研究所研究員
2009 年　東京工業大学大学院総合理工学研究科博士後期課程（社会人博士）修了（知能システム科学専攻），博士（理学）
2010 年　東京大学特任准教授
2014 年　早稲田大学准教授
2018 年　早稲田大学教授
現在に至る

山西　芳裕（やまにし　よしひろ）
1999 年　岡山大学環境理工学部環境数理学科卒業
2001 年　岡山大学大学院自然科学研究科博士前期課程修了（環境システム学専攻）
2005 年　京都大学大学院理学研究科博士後期課程修了（生物科学専攻），博士（理学）
2005 年　École Nationale Supérieure des Mines 博士研究員
2006 年　京都大学特任助手・特任助教
2008 年　Curie Institute・Mines ParisTech 常勤研究員
2012 年　九州大学准教授
2018 年　九州工業大学教授
2023 年　名古屋大学教授
現在に至る

海東　和麻（かいとう　かずま）
2014 年　慶應義塾大学薬学部薬科学科卒業
2016 年　東京大学大学院薬学系研究科修士課程修了（薬科学専攻）
2019 年　東京大学大学院工学系研究科博士課程単位取得退学（化学システム工学専攻）
2019 年　九州工業大学研究員
2022 年　博士（工学）（東京大学）
2023 年　名古屋大学特任助教
2025 年　産業技術総合研究所研究員
現在に至る

岩田　通夫（いわた　みちお）
2009 年　九州工業大学情報工学部生命情報工学科卒業
2011 年　九州大学大学院生物資源環境科学府博士前期課程修了（遺伝子資源工学専攻）
2014 年　九州大学大学院生物資源環境科学府博士後期課程修了（生物産業創成専攻），博士（農学）
2014 年　九州大学学術研究員
2018 年　九州工業大学研究職員
2022 年　九州工業大学准教授
現在に至る

金子　弘昌（かねこ　ひろまさ）
2007 年　東京大学工学部化学システム工学科卒業
2009 年　東京大学大学院工学系研究科修士課程修了（化学システム工学専攻）
2011 年　東京大学大学院工学系研究科博士課程修了（化学システム工学専攻），博士（工学）
2011 年　東京大学助教
2017 年　明治大学専任講師
2020 年　明治大学専任准教授
2025 年　明治大学教授
現在に至る

ケモインフォマティクス
Chemoinformatics

© Yoshihiro Yamanishi, Kazuma Kaitoh, Michio Iwata, Hiromasa Kaneko 2026

2026年5月7日　初版第1刷発行

検印省略

監修者　浜田道昭
著者　山西芳裕
海東和麻
岩田通夫
金子弘昌
発行者　株式会社コロナ社
代表者　牛来真也
印刷所　新日本印刷株式会社
製本所　株式会社グリーン

112-0011　東京都文京区千石 4-46-10
発行所　株式会社　**コロナ社**
CORONA PUBLISHING CO., LTD.
Tokyo Japan
振替00140-8-14844・電話(03)3941-3131(代)
ホームページ　https://www.coronasha.co.jp

ISBN 978-4-339-02738-9　C3355　Printed in Japan　（齋藤）

JCOPY ＜出版者著作権管理機構 委託出版物＞
本書の無断複製は著作権法上での例外を除き禁じられています。複製される場合は，そのつど事前に，出版者著作権管理機構（電話 03-5244-5088，FAX 03-5244-5089，e-mail: info@jcopy.or.jp）の許諾を得てください。

本書のコピー，スキャン，デジタル化等の無断複製・転載は著作権法上での例外を除き禁じられています。購入者以外の第三者による本書の電子データ化及び電子書籍化は，いかなる場合も認めていません。
落丁・乱丁はお取替えいたします。