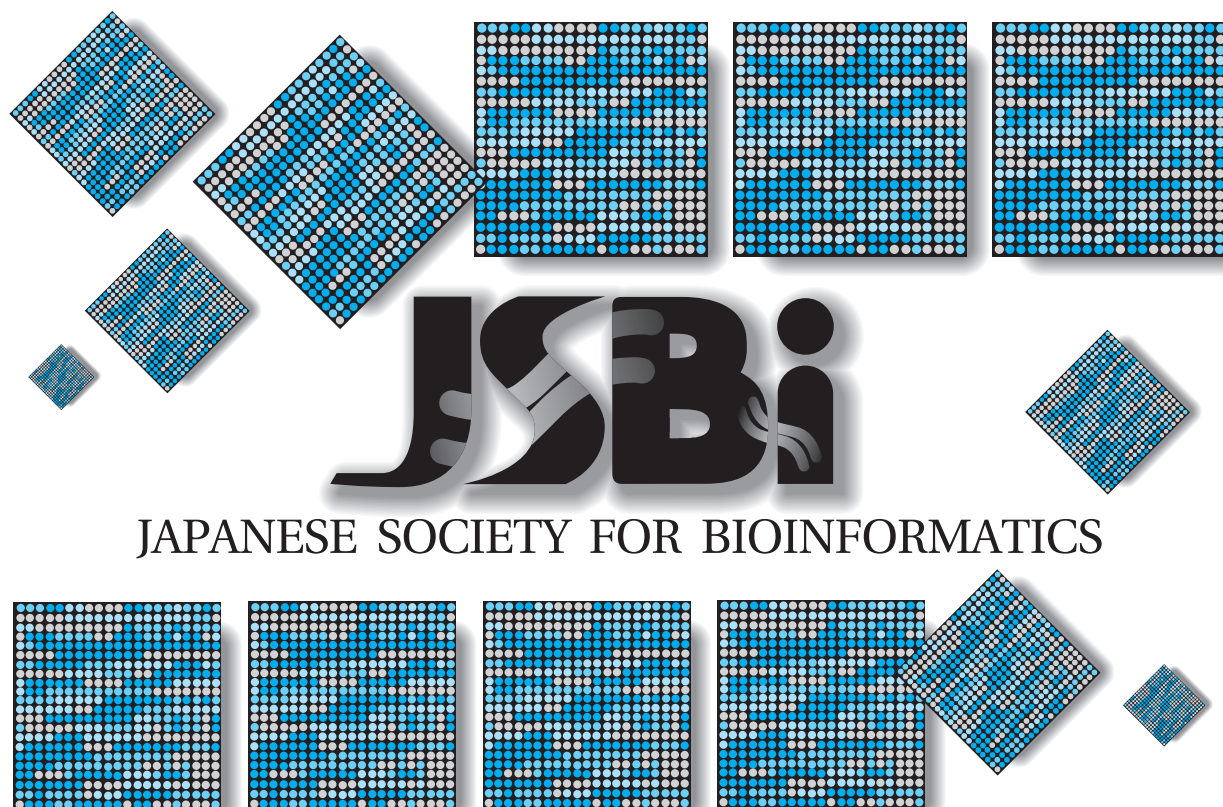




日本バイオインフォマティクス学会ニュースレター 第3号

学会ホームページ <http://www.jsbi.org/>
Tel:0774-38-0130 Fax:0774-38-0301

◆ C O N T E N T S ◆

[巻 頭 言]..... 2

[研究会およびワーキンググループの紹介] 2

・アレイインフォマティクス研究会

・バイオシミュレーション研究会

・一般向け講習会ワーキンググループ

[研究所紹介] 4

・理化学研究所 ゲノム科学総合研究センター (GSC)

・京大化学研究所バイオインフォマティクスセンター

・産総研 生命情報科学研究センター (CBRC)

・慶應義塾大学鶴岡キャンパス先端生命科学研究所

・特定非営利活動法人 システムバイオロジー研究機構

・International Society for Computational Biology

[GIW2001] 7

・GIW2001

・日本バイオインフォマティクス学会総会のお知らせ

[関連行事案内] 8

・ISMB2001に参加して

・文部科学省特定領域研究C「ゲノム」班会議報告

[学会議事録等] 9

・第4回評議員会議事録

・第5回幹事会議事録

[その他] 11

・募集

・JBIRC設立シンポジウムのお知らせ

[学会の現況] 12

・役員一覧

・賛助会員一覧(2001年10月1日現在)

[編 集 後 記].....12

巻 頭 言

ーバイオインフォマティクスの源流ー

週ればきりが無いが、現在多用されている相同性解析(あるいは相似性解析)の源流は30年ほど前のNeedlemanとWunschのアルゴリズムにある。その当時、他の分野ではHayashiらによる生化学反応のシミュレーション研究があった。20年ほど前にはChouとFasmanによる蛋白質の二次構造の予測や、Scheragaらによる蛋白質の配座エネルギー計算、Fickettによる遺伝子構造の予測など、今振り返れば現在のバイオインフォマティクスの源流ともいえる研究が盛んになされていた。20年ほど前は、また、GoadとKanehisaらがアメリカで論文から塩基配列のデータを収集、整備していた時期でもある。その成果はDDBJ/GenBank/EMBLの源流といえる。しかし、当時は、Dayhoffらによるアミノ酸配列データベースと同様に、まだ一部の研究者にしか知られない存在ではあった。

ーバイオインフォマティクスへの期待とその背景ー

現在、バイオインフォマティクスへの期待が急速に高まっているが、それには二つの背景がある。一つは、塩基配列や蛋白質立体構造等の構造データの爆発的増大である。どちらもここ10年、指数関数的伸びを示してきている。1980年代には「1,000bpほどの塩基配列中に制限酵素の認識部位を見つけ出すなんて、計算機に頼る必要はなく、一目みればすぐ分かる。」という感覚があった。また、塩基配列データベースを対象にした相同性解析でGenBankからクレームを言われる研究者もほとんどいなかった。ついで、医学・生物学データの急速な多様化がある。ゲノムそのものも多くの生物種について配列決定が終了している。マイクロサテライトやSNPといった多型情報、mRNAや蛋白質のプロファイル情報、蛋白質・蛋白質相互作用情報、代謝ネットワークを始めとする遺伝子ネットワーク情報といった多様なデータが急速に整備されつつある。

ーバイオインフォマティクスの進展ー

これらデータの量的増大と多様化は、必然的に医学・生物学研究者のバイオインフォマティクスへの期待を高めているが、同時に、バイオインフォマティクスを担う研究者には研究発展の基盤をもたらししている。相同性解析ではPSI-BLASTが生まれ、蛋白質の立体構造予測法ではScheragaの時代のホモロジーモデリング法をはるかに超える進歩があった。遺伝子構造予測はFickettの時代に比べ方法論的にも高度化し、明らかに洗練されている。データベースも文字列からなる比較的単純なデータとともに、文脈依存的ともいわれるプロファイルデータや遺伝子ネットワークデータの統合が進められている。さらに、遺伝統計学的解析や細胞シミュレーションも新たなデータの蓄積を踏まえ、飛躍の時を迎えている。



ー日本バイオインフォマティクス学会の役割ー

このような時代を迎え、日本バイオインフォマティクス学会への期待は大きく、果たすべき役割は多い。中でも、研究交流の場の提供と人材育成は重要であろう。前者については、バイオインフォマティクスそのものが異分野の融合した学問領域であるだけに特に強調されるべきであるし、後者については医学・生物学の実験研究者からの熱い要望に応える意味からも、迅速な対応が求められている。日本バイオインフォマティクス学会が時代の期待に応え、異分野交流を深めつつ、多くの多様な学生、研究者の集う場として発展していくことを願っている。

日本バイオインフォマティクス学会副会長 江口至洋(三井情報開発株式会社)

研究会およびワーキンググループの活動報告

■ アレイインフォマティクス研究会

主査 久原 哲(九州大学大学院)

アレイインフォマティクス研究会は、平成13年8月29日、かずさアカデミアホールにおいて、第3回の研究会をワークショップ「モデル微生物のアレイバイオロジー」としてかずさDNA研究所主催、日本バイオインフォマティクス学会共催で行った。

近年のアレイ技術の進歩と普及がめざましく、開発当初、議論の中心がアレイ技術のもつ可能性や実験技術的問題であったものが、現在では得られたデータの整理、解釈と生物学的な検証を行う段階へと移行しつつある。しかしながら、個々の生命現象や生物種をまたいだ情報交換が不足していること、膨大なデータを整理し理解するための方法論が確立していないことから、アレイ技術のもつ可能性を最大限に引き出していないのが現状である。

このような現状を考え、今回は、モデル微生物で蓄積しつつある

遺伝子発現カスケードについての知見を横断的に捉えることによって、生命現象をより普遍的に理解することをめざして企画した。同時に、このような目的のために、大量の発現データをどのように分析し、その結果得られる情報をどのように整理すればよいかについても論議を行うこととした。

ワークショップは100人を越える出席者があり、大腸菌、枯草菌、藍藻、酵母、細胞性粘菌のマイクロアレイ実験と解析が紹介され、実験手法あるいは解析手法についての意見交換、討論が盛んに行われた。また、発現プロファイルデータベース、ネットワーク解析等の解析手法の紹介も行われ、その有用性等の討論が行われた。実際の解析が開始された現在、研究者間の情報交換の必要性は大きくなってきており、今後このような会を定期的に開催する必

要性が感じられた。アレイインフォーマティクス研究会としても次回の開催を考えていますので、ご意見ご希望をお持ちの方は、

kuhara@grt.kyushu-u.ac.jpまで連絡ください。

■ バイオシミュレーション研究会

富田 勝(慶應義塾大学環境情報学部)

慶應義塾大学先端生命科学研究所オープン記念シンポジウム「21世紀の先端生命科学」

会期：2001年10月20日(土)～21日(日) 主催：慶應義塾大学鶴岡タウンキャンパス(TTCK) 〒997-0035 山形県鶴岡市馬場町14-1

<プログラム>

19日(金) 夕刻より受付

20日(土) 10:00 はじめに ————— 富田 勝(慶應大学)
 講演 細胞の再構築と機能予測 ————— 金久 實(京都大学)
 大量遺伝子発現解析からみた生命進化とバイオインフォーマティクス — 五條堀 孝(国立遺伝学研究所)
 マイクロアレイデータからのネットワーク推定 ————— 久原 哲(九州大学)
 マウスゲノムエンサイクロペディア ————— 林崎 良英(理化学研究所)
 13:30 講演 有用微生物のCAD(Computer Aided Design)に向けて — 富田 勝(慶應大学)
 代謝システム解析と今後の展望 ————— 清水 和幸(九州工業大学/慶應大学)
 ポストゲノムシーケンス時代におけるメタボローム解析 ——— 西岡 孝明(京都大学/慶應大学)
 ポストゲノムシーケンス解析における大腸菌の意義 ——— 森 浩禎(奈良先端大学/慶應大学)
 15:30 バイオラボ棟視察ツアー
 16:30 ポスターセッション
 21日(日) 10:00 講演 枯草菌のゲノム生物学の展開 ————— 小笠原直毅(奈良先端大学)
 自然がおりなす水平伝播に学ぶバクテリアゲノムデザイン学 — 板谷 光泰(三菱化学生命研究所/慶應大学)
 SimWormに向けて-線虫の体系的な遺伝子発現・機能解析 — 小原 雄治(国立遺伝学研究所)
 11:30 パネル討論 「21世紀を担うバイオインフォーマティクス」 ————— 話題提供者
 北野 宏明(ソニーCSL)
 小長谷明彦(北陸先端大学)
 宮野 悟(東京大学)
 富田 勝(慶應大学)

<問合せ先> 「21世紀の先端生命科学」シンポジウム登録事務局

TEL:06-6348-1391 FAX:06-6456-4105 E-mail:iab-biosim@jtbcom.co.jp URL <http://iab.jtbcom.co.jp/>

■ 一般向け講習会ワーキンググループ

第6回バイオインフォーマティクス講習会「ヒトゲノム計画とインターネット」

～生物科学とコンピュータ技術の融合～ 坂井寛子、美宅成樹(東京農工大学工学部)

教育関係の活動は継続が重要であるということで、毎年夏にバイオインフォーマティクス講習会を行ってきた。以下、今年の講習会について、簡単に報告することにする。

昨年は予想以上に多くの参加者が集まり、ゲノムに対する社会的関心の高まりを実感させられた。今年はより多数の参加者に対応できるよう、7月20・21日の2日間にわたって開催した。しかし、期待に反して、参加人数は昨年より減ってしまった。ただ参加者は皆とても意識が高く、充実した講習会になった(表1)。この講習会の対象は本来高校生ならびに中・高教諭だが、インターネットで講習会の開催を知った大学生なども若干名参加していた。2日間の講習会の司会進行は美宅が務めた。

1日目は東京大学医科学研究所アムジェンホールにて、(1)中井謙太先生(東京大学医科学研究所・ヒトゲノム解析センター)「ゲノム情報からどうやって生物学的意味を見出すのだろうか」、(2)秋山泰先生(産業技術総合研究所・生命情報科学研究センター)「ゲノム情報の解析に並列コンピュータはどうして必要なのだろうか」、(3)五斗進先生(京都大学化学研究所・バイオインフォーマティクスセンター)「ゲノム情報のデータベースって何だろう」、(4)服部正平先生(理化学研究所・ゲノム科学総合研究センター)「ヒトゲノム(21番染色体)はどのように解析したか」、の4つの講義、その後ゲノムセンターのスーパーコンピュータ室・榊研実験室の見学が行われた。

参加者からは「少々難しいこともあったが、大学で活躍されている方々

のお話を聞けてとても良かった。」「分野の領域のない講義で、視野が広がった気がした。」、ゲノムセンターの見学に対しては「巨大な機械を使っている、世界的にもひけをとらないということが納得できてよかった。地道な作業かもしれないが、とても大切な仕事？研究であると思った。」「初めての体験なので、見るものすべて珍しい。」といった率直な感想が寄せられた。

2日は東京農工大学総合情報処理センターに会場を移し、広川貴次先生(産業技術総合研究所・生命情報科学研究センター)の指導でコンピュータ・インターネットによる生物情報の検索実習が行われた。(写真1・2)「とても解りやすい解説で、教えていただいてよく理解できたと思います。学生の皆さんのサポートも大変によかったです。」(教員)、「あまりコンピュータを使ったことはなかったけど、グラフィックや動物と人間との比較などができ、とても楽しく理解することができました。」「こんなにも専門的な情報がFreeで公開されているのかと驚きました。遺伝子の配列情報を使って生物の類縁関係を調べたのが一番面白かったです。」(高校生)と、非

常によい反応であった。ゲノムというキーワードについては物珍しさは薄れたが、本当の内容を正確に伝えていく活動は今後とも非常に重要であると感じた2日間の講習会であった。

(表) 講習会参加者数

	今年	去年
教員	16 (11)	24
生徒・その他	50 (30)	111
合計	66 (41)	135

延べ人数。()内はコンピュータ実習に参加した人数。



(写真1) 講習会のようす。講師は広川氏。



(写真2) 参加者は気軽にアシスタントに質問できる。時には美宅先生も参加。

研究所紹介

理化学研究所 ゲノム科学総合研究センター (GSC)

わだ あきよし
和田昭允(所長)

英語名称: RIKEN Genomic Sciences Center

所在地: 神奈川県横浜市鶴見区末広町1-7-22 (郵便番号230-0045)

人員数(名): 76(平成10年)、125(11年)、250(12年)、335(13年)、

予算(¥百万): 2,201(平成10年)、6,426(11年)、8,688(12年)、11,192(13年)

⇒ GSCは最近年のライフサイエンスの急展開に応えるために、我が国の戦略的中枢研究機関として創設された。

分子生物学や生物物理学による分子論的生命理解の確立によって、ライフサイエンスは定量的精密科学へと変貌した。DNA、タンパク質から個体に至る諸階層の情報・構造・機能に関する大量のデータがその発展を支え、その基盤整備は科学技術先進国の必要条件となった。GSCは、科学技術立国を目指す日本がこの世界的認識を持って、世界の3極(日・米・欧)の1極を占める中枢研究機関として、平成10年10月に設立された。

⇒ GSCは「計測」と「数理」を武器として6研究グループを展開し、分子から個体に至る生命全体を総合的に研究し開発する。

生命を真に理解し開発するため、分子レベルから個体に至る階層構造のいろいろな局面で「情報・構造・機能三者間相関」を広く精密かつ定量的に研究しなければならない。GSCでは以下の6研究グループを展開し、それぞれが密接な連携を持ちながらデータ抽出、解析、応用への開発を行っている。

A. 分子レベル研究(3グループ): ヒトゲノムDNA(21番、11番、18番染色体)解読、マウス完全長cDNAエンサイクロペディア作製、タンパク質基本構造エンサイクロペディア作製。

B. 個体レベル研究(2グループ): 変異モデル動物・モデル植物作製(マウス、シロイヌナズナ)。

C. ゲノム情報科学(1グループ):

D. 統合データベース施設:

⇒ GSCは研究基盤として、科学技術を総動員した情報抽出、構造解明、機能解析の大型システムを戦略的に運営する。

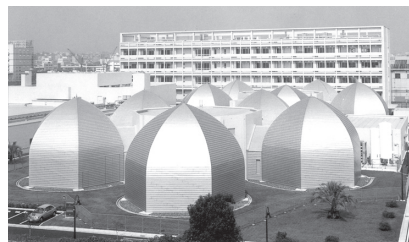
今日の“データ・ドリブン”生命研究において、我が国はもとより世界の学界・産業界の要請に応えるべく、バイオ解析の基盤となる大型DNA解析ライン、タンパク質解析のための総合計測システム(NMRおよび放射光)、および変異動物・植物作製のための大型飼育施設を整備する。また、膨大なデータを整理・処理・解析する統合データベースを確立する。

⇒ GSCは“新”と“有用”の創出により、日本および世界人類に貢献する。

○ “新しい”「発見」、「原理解明」、「方法論創出」、「生命観の確立」により、人類の知的資産の蓄積に貢献する。内外の研究機関との協力によって、最先進国としての日本の国際的地位を高め、ライフサイエンスの基礎・応用における世界的展開の発言権を確保する。



○ “有用な”「機能・物質の発見」、「メカニズムの解明」、「新手法の発明」に知的所有権を確保し、de facto standard を確立する。GSC／企業連携とGSCから諸産業への技術移転とによって、科学技術立国を謳う我が国の経済基盤強化に貢献する。



理化学研究所
ゲノム科学総合研究センター

京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター

金久 實（京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター長）

京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンターは、急増するゲノムの情報をバイオサイエンスの広範な知識と統合した情報基盤を整備し、ゲノムから生命システムへの情報構築原理を明らかにする基礎研究、ならびにそれに基づく応用のための情報技術の開発研究等、バイオインフォマティクスの研究を推進することを目的として、2001年4月に設置されました。

ゲノムの情報を真の意味で解読するには配列情報だけでは不可能です。これまでに蓄積された生命科学の膨大な知識を体系化し、DNA チップをはじめとした新しい実験データを活用し、さらには自然界の法則、とくに物質間相互作用や化学反応に関する法則と関連づけて、生命のシステムを理解していく必要があります。京都大学化学研究所では、生命のはたらきとは個々の遺伝子あるいはタンパク質に還元できるものではなく、本質的に多数の遺伝子あるいはタンパク質が複雑に相互作用したネットワークのシステムで実現されるものであるとの考え方にに基づき、生命システム情報統合データベース KEGG とそれに伴う情報技術を開発し、ゲノムネット (<http://www.genome.ad.jp/>) の中心システムとして提供してきました。このような研究をさらに発展させ、ゲノムから有用性を見いだす技術力で国際的に優位に立つことにより、我が国の経済の発

展と社会の福祉に貢献することができると考えています。

センターは3つの研究室（領域）から構成されています。従来からの金久研究室（生命知識システム領域）に加え、東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センターより阿久津達也氏と宮野悟氏を教授に迎えて、阿久津研究室（生物情報ネットワーク領域）と宮野研究室（パスウェイ工学領域）が10月に発足しました。データベース構築やゲノムネット運用といった実用面だけでなく、アルゴリズム開発や理論的な側面が大幅に強化されることになります。マイクロアレイ解析、タンパク質間相互作用解析、タンパク質立体構造予測をはじめ、新しい研究が展開されるでしょう。センターにはすでに70名が在籍し、来年には100名を越えると予想されます。また、東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センターとの間では、緊密な人事交流により、実質的に一体化した共同研究・教育体制を作り上げていく予定です。

本バイオインフォマティクスセンターの一部となったスーパーコンピュータラボラトリーでは、2002年1月より新しいシステムが稼働します。SGI Origin 3800を中心とした共有メモリアシンのクラスター（総CPU数1,000）で、ゲノムネットサービスも大幅に改善される予定です。

産総研 生命情報科学研究センター（CBRC）

秋山 泰（研究センター長）



設立の目的

産総研CBRCは、我が国におけるバイオインフォマティクス研究の拠点となることを目指して、平成13年4月に東京お台場に設立された。既に50名の研究者が集結している（末尾データ欄）。生物学・物理学・情報科学などの幅広い背景を持つ研究者が同じ目標の下に集い、自由で学際的な空気の中で、産学連携研究を精力的に進めている。

欧米では10年以上前にバイオインフォマティクスの重要性が深く理解され、NCBI・EBI等の公的研究拠点が整備されてきた。これらの拠点では実験は一切行わず、バイオインフォマティクスの基盤理論と応用技術の高度化が推進された。しかし我が国では、バイオインフォマティクス研究を実験から独立させる必要性和利点が最近まで理解されていなかった。実験プロジェクトにも高度なITチームは欠かせないが、それとバイオインフォマティクス技術の高度化とは隔たりがある。バイオインフォマティクスは学際的な技術であり、多岐にわたる専門家が同じ屋根の下に集結してこそ醸成される。またゲノム・トランスクリプトーム・プロテオーム・メタボロームと対象データが異なっても、本質的に似た理論が援用できるケースも多く、世

界中の実験プロジェクトと自由に関係を結べる独立性が強く望まれる。さらには、極めてtechnology-orientedな分野であるため、新しい測定技術が勃興した時には、インフォマティクス専門家は既存のルーチンを放棄してでも即応が求められる。これらは実験プロジェクトに従属した小チームがいくら優秀でも達成が困難である。

我が国にはバイオインフォマティクス専門の大型拠点は無かったが、優れた研究は行われて来た。産総研CBRCは、国内の大学や、先行する公的研究機関とは相補的な独自の役割を果たしたい。（詳細は設立時にWWW上に掲載したポリシーステートメントを参照されたい。）NCBIでは、バイオインフォマティクス分野での論文実績の無いポスドクやプログラム開発者も大量に雇用して、現在は300名前後、2年以内には500名体制を目指すという。そこで産総研CBRCは、ポスドクやプログラム開発者の人材インキュベーションセンターの役割を果たしたい。H13後期から始まる文科省の人材養成プロジェクトの一環として、ポスドクや他分野からの転向者を現在募集している。

研究トピックス紹介

ゲノム情報科学チーム（諏訪牧子リーダー）が中心となり、ヒトゲ

ノム全体から創薬のターゲットとして最も重要なGPCRを同定し、データベース化(SEVENS)した。予想された750前後ではなく900個弱の候補が発見された。これには、数理モデル・知識表現チーム(浅井潔リーダー)が開発した多重出力HMMに基づく遺伝子発見システム(GeneDecoder)の果たした役割も大きい。

データ(2001年9月現在)

人数: 57名

研究系: 職員13、ポスドク等 8、顧問 2
外部研究員(企業・大学院生) 27

事務系: 職員 2、アシスタント 5

予算: H13年度 356百万円(2001年9月現在)
うち約330百万円が日本新生(ミレニアム)。
他に科学技術振興調整費「人材養成(バイオインフォマティクス)」(約90百万)10月開始予定。

面積: 産総研臨海副都心センター内 約900m²

所在地: 〒135-0064 東京都江東区青海 2-41-6

Tel. 03-3599-8080 URL: <http://www.cbrc.jp/>



1040プロセッサのPCクラスタ

慶應義塾大学鶴岡キャンパス先端生命科学研究所 (The Institute for Advanced Biosciences)

富田 勝(研究所長)

コンピュータを用いて代謝プロセスを定量的にモデリングし、その動的な振る舞いを解析・最適化することによって有用微生物を“デザイン”する。そんな「IT主導型バイオサイエンス」を目指して、慶應義塾大学は東北の新拠点・鶴岡キャンパスに先端生命科学研究所を新設しました。

有用微生物のCAD(Computer Aided Design)とでも呼べるこの革新的技術を実現するためには多くの異分野技術を結集する必要があります。(1)酵素を精製しその速度論パラメータを解析する酵素工学技術、(2)代謝物質をアイソトープでラベルするなどして代謝流量を解析する代謝工学技術、(3)代謝物質の濃度をハイスループットに計測する分析化学技術、(4)必要に応じて遺伝子を削除・挿入するゲノム工学技術、(5)多数の代謝反応を高速かつ正確にシミュレーションする計算手法およびハードウェア技術、(6)多数の代謝反応式を容易に定義・編集・デバッグするためのソフトウェア工学技術、(7)未知のパラメータを自動的にかつ効率よく予測・チューニングする数理解析技術、など。

新研究所ではこれら異分野の研究グループを結集させ、ひとつの目標に向かって協力します。代謝システム工学は清水和幸教授のグループ、分析化学は西岡孝明教授のグループ、ゲノム工学は板谷光泰教授と森浩禎教授のグループがそれぞれ担当し、情報科学は富田勝教授(研究所長)のグループが担当します。

慶應義塾は、この新研究所を「アカデミックベンチャー」と位置付け、失敗を恐れず積極的に新規先端技術の開発を推進します。本研究所は実験施設を備えた本格的バイオ研究所ですが、その所長に情報科学出身者を任命したこと自体、新しいパラダイムのバイオサイエンスを世界にむけて発信しようという慶應義塾の強い

意欲の表れです。

また、首都圏に集中する傾向のある日本のアカデミズムにおいて、自然豊かな郊外でこそ豊かな発想を育む、という欧米型キャンパスを目指して山形県に新キャンパスを開設したことも慶應義塾のチャレンジと言えます。実は鶴岡は、行楽シーズンになると旅行者で旅館の予約が取れなくなる、観光リゾート地なのです。鶴岡キャンパスは日本桜百景のひとつとして有名な鶴岡公園の中に位置し、ビーチまで15分、スキー場まで30分、温泉まで15分の距離にあります。研究の合間に、夏はスキューバダイビングやフィッシング、冬はスキーが楽しむことができます(ちなみに月山では夏スキーも)。

庄内空港一研究所間は15分、羽田一庄内間は50分ですから、首都圏から日帰り圏内にあります。また、鶴岡キャンパスと湘南藤沢キャンパス(SFC)とはギガビット回線で接続され、遠隔会議や遠隔授業も日常に行っています。鶴岡キャンパス内の池のほとりに設置したコテージ風の学生寮/宿泊施設は学生・スタッフからすこぶる評判が良く、「SFCの別荘」との異名をとります。同じ池のほとりには学食がありますが、学食と言っても鶴岡市屈指の有名レストランが直営する本格レストランです。夜は居酒屋風になって10時まで営業しています。

10月20~21日には本研究所でシンポジウムが開催されます(本号3ページ)。また本研究所開設にあわせて慶應義塾大学では、「大学院バイオインフォマティクス・プログラム」(政策・メディア研究科修士・博士課程)と「バイオインフォマティクス・クラスター」(環境情報学部)を13年度より新設しました(本号11ページ)のであわせて参照してください。

特定非営利活動法人 システムバイオロジー研究機構 (The Systems Biology Institute)

北野 宏明(システムバイオロジー研究機構会長)

システムバイオロジー研究機構(SBI:会長 北野宏明、理事長 安西祐一郎 慶應義塾大学 塾長)は、システムバイオロジーの研究を推進するために2001年4月に内閣府より設立認可を受けた、おそらく、日本ではじめてのNPO型基礎研究法人である。

米国では、多くのNPO型研究所が存在し、基礎生物学分野の大きな担い手となっている。有名な例が、The Salk Institute、The Scripps Institute for Molecular Biology、The Cold Spring Harbor Laboratoryなどである。このNPO法人という形態は、日本

では、最近まで法体系が存在せず、現在でも、十分な法制度が整備できていない状況ではあるが、文部科学省の科学技術政策研究所は、NPO法人を基礎研究の重要な担い手として育成すべきであるという報告書をまとめている。また、NPO法の改正によって、科学技術が、NPOの活動項目として追加されるなどの動きがある。

NPO法人とは何か。端的に言えば、民間による公的セクターである。民間法人であるために、政府機関に特有な制約から自由であり、株式会社ではないために、営利目的ではないと同時に、株主圧力がない、中立的かつ柔軟な法人形態である。NPO法人の場合、基本的に利益は、その目的に全て再投資されることが原則になっている。

SBI自体のミッションは、システムバイオロジーに関する、幅広い研究や教育、啓蒙を行うとともに、その成果の社会への還元、産業化への展開を行うことにある。SBIは、立ち上がったばかりの組織であり、まだまだ不備が多い。しかし、将来を見据えて考えれば、このような組織形態が、日本の基礎研究の重要な位置をしめるであろうことは、疑いなく、そのための基礎作りであると考えている。

本研究機構の当面の研究課題は、科学技術振興事業団の創

造科学推進事業(ERATO)の1プロジェクトである、北野共生システムプロジェクトでのシステムバイオロジー関係の研究の拡充と成果展開にあることは、言うまでもないが、新規のプロジェクトも立ち上げ、人員の充実と共に、大きな展開を目指したい。

ERATO北野共生システムプロジェクトからの発展課題は、(1) 発現プロファイルなどのハイスループットデータからの遺伝子制御回路のリバースエンジニアリング、(2) 線虫など多細胞生物の細胞系譜を自動追尾する顕微鏡システム、(3) GTP結合蛋白および、カルシウム振動のダイナミクス等が、テーマである。また、新規のテーマとしては、農林水産省のプロジェクトである、イネ・ゲノム・シミュレーション・プロジェクトの一環として、リバースエンジニアリング手法の植物細胞データへの応用などのプロジェクトが、始まろうとしている。

現在、共にこの新領域と新研究所を立ち上げるチャレンジ精神にとんだ、いろいろなレベルでの人材(研究員、事務スタッフなど)を募集している。

連絡先: 東京都渋谷区神宮前 6-31-15 M31 6A

E-mail : kitano@symbio.jst.go.jp Phone : 03-5468-1661

International Society for Computational Biology

Stanley R. Jacob

at Stanford Medical Informatics • Stanford University • School of Medicine • MSOB Rm 215 251
Campus Drive, Stanford, CA 94305-5479 Tel: 650-736-0728 • Fax: 650-725-7944

ISCB MEMBERSHIP OFFERS SUBSTANTIAL FEE DISCOUNT TO MAJOR CONFERENCES

Membership in the International Society for Computational Biology (ISCB) offers substantial fee discount to three major conferences.

These are ISMB, PSB and RECOMB. Generally, the fee discount amounts to about ten percent. Attending one of these conferences alone is more than enough to pay for annual membership dues and subscription to Bioinformatics, the Society's official publication published by Oxford University Press.

The annual Intelligent Systems on Molecular Biology (ISMB) is ISCB's official annual conference. ISMB02 will be held on August 3-7, 2002 at the Edmonton Shaw Conference Center in Edmonton Alberta, Canada (website: <http://www.cs.ualberta.ca/~ismb02/>). PSB 2002 will be held on January 2-7, 2002 at the Kaua'i Marriott, in Kaua'i, Hawaii (website: <http://psb.stanford.edu/>)

In addition to the conference fee discounts, an ISCB member gets discounted rates for subscribing to Bioinformatics and to

Journal of Computational Biology, published by Mary Ann Liebert, Inc. Discount is also offered by other conferences which list their meetings in the ISCB website.

According to Russ B. Altman, president of the Society, discounts, however, are not only the reason for becoming a member of ISCB.

Altman says membership exposes one to an international bioinformatics network. At the same time, a member helps strengthen computational biology in the international science scene.

ISCB, one of the fastest growing scientific organizations, has tripled its membership in the last three years. Its members are dedicated to advancing the scientific understanding of living systems through computation. Members also emphasize the role of computing and informatics in advancing molecular biology.

To join ISCB and learn more about the society and its conferences, visit our website:
<http://www.iscb.org/registration.html>.

Contact: Stanley R. Jacob, Administrator
email: jacobs@smi.stanford.edu

GIW 2001

GIW2001

The Twelfth International Conference on Genome Informatics GIW2001, December 17-19, 2001 Garden Hall, Yebisu Garden Place, Tokyo, Japan (<http://giw.ims.u-tokyo.ac.jp/giw2001>)

SPONSORS

Bioinformatics Center, Institute for Chemical Research, Kyoto University; Human Genome Center, Institute of Medical Science, University of Tokyo

Grant-in-Aid for Scientific Research on Priority Areas "Genome Information, Science", Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology (MEXT), Japan

Poster & Software Demonstration Session is Organized and Sponsored by Japanese Society for Bioinformatics (JSBi)

SCOPE

The Twelfth International Conference on Genome Informatics (GIW 2001) focuses on Genome Informatics, including, but not limited to, the following areas: genomic database, knowledge extraction from literature, knowledge discovery and data mining from databases, structural genomics, protein structure and function prediction, proteome analysis, pathway analysis, functional genomics, gene expression analysis, gene network analysis, gene structure and function prediction, sequence analysis, motif extraction and search, multiple alignment, phylogenetic tree, linkage analysis program, systems for supporting experimental works (mapping, sequencing, primer design, etc.), high performance computing, simulation of biological system, DNA computing, artificial life, etc.

Program Committee

Hideo Matsuda (Osaka U, Japan, PC Co-Chair)
 Limsoon Wong (KRDL, Singapore, PC Co-Chair)
 Tatsuya Akutsu (U Tokyo, Japan)
 Russ B. Altman (Stanford U, USA)
 Rolf Apweiler (EBI, UK)
 Minoru Asogawa (NEC, Japan)
 Michael Bass (Amgen, Inc, USA)
 Steven Brenner (UC Berkeley, USA)
 Vladimir Brusic (KRDL, Singapore)
 Antoine Danchin (U Hong Kong, PR China)
 A. Keith Dunker (Washington State U, USA)

Terry Gaasterland (Rockefeller U, USA)
 Susumu Goto (Kyoto U, Japan)
 Masami Hagiya (U Tokyo, Japan)
 Hiroaki Kitano (SONY CSL, Japan)
 Akihiko Konagaya (JAIST, Japan)
 Satoru Kuhara (Kyushu U, Japan)
 Richard H. Lathrop (UC Irvine, USA)
 Yo Matsuo (RIKEN, Japan)
 Shinsei Minoshima (Keio U, Japan)
 Satoru Miyano (U Tokyo, Japan)
 Hirotada Mori (NAIST, Japan)

Gene Myers (Celera Genomics, USA)
 Hong Gil Nam (POSTECH, R Korea)
 Atsushi Ogiwara (GlaxoSmithKline, Japan)
 Motonori Ota (NIG, Japan)
 Jong Hwa Park (Cambridge U, UK)
 Hideaki Sugawara (DDBJ, Japan)
 Makiko Suwa (CBRC, Japan)
 Toshihisa Takagi (U Tokyo, Japan)
 Masaru Tomita (Keio U, Japan)
 Alfonso Valencia (CNB-CSIC, Spain)
 Hidemi Watanabe (RIKEN, Japan)

REGISTRATION

		until November 30, 2001	after November 30, 2001
Standard Registration	Standard	JPY7,000.-	JPY10,000.-
	ISCB Member	JPY6,000.-	JPY9,000.-
	JSBi Member	JPY3,000.-	JPY6,000.-
	JSBi and ISCB Member	JPY2,000.-	JPY5,000.-
Student Registration	Standard	JPY5,000.-	JPY8,000.-
	JSBi Member	JPY4,000.-	JPY7,000.-
	ISCB Member	JPY2,000.-	JPY5,000.-
	JSBi and ISCB Member	JPY1,000.-	JPY4,000.-
Banquet			
Standard		JPY6,000.-	
Student		JPY3,000.-	

平成13年度 日本バイオインフォマティクス学会総会のお知らせ

日 時：平成13年12月18日(火) 16:00～16:30 場 所：恵比寿ガーデンプレイス恵比寿ガーデンホール3階
 議 案：第1号 平成12年度事業報告 第2号 平成12年度決算報告 第3号 平成13年度事業計画および中間報告
 その他 報告 バイオインフォマティクスカリキュラムについて

関連行事案内

ISMB2001 (Intelligent Systems for Molecular Biology) に参加して

八尾 徹(理化学研究所)

本年7月22日から25日までコペンハーゲンで開かれたISMB2001に参加した。ISMBは第9回を迎えたが、数年前までとは様変わりで、約1300名の様々な分野の人が集まる大きな会に成長した。当初の情報科学系研究者主体の会から、生物学・医学の人や企業研究者など幅広い関係者を含めた会になり、テーマも遺伝子発現、タンパク質、ネットワーク等ポストゲノム解析が多くなって来た。サテライトミーティング及びチュートリアルも非常に多岐に亘り、新しい分野や技術が急速に広がって来たことを感じさせる。全体に活気が漲っていた。

参加者1300人ー招待講演7件、口頭発表38件(180件から選抜)、ポスター350件、サテライト6セッション、チュートリアル14件、企業サポート22社

テーマ 1)タンパク質構造・モデリング、2)配列機能解析、3)ネットワーク・モデリング、4)遺伝子構造・制御・モデリング、5)系統樹、6)新技術

特別テーマ 1)バイオエシックス、2)知的所有権とビジネス

サテライト 1)BioPathway、2)SIGSIM、3)オープンソース、4)オントロジー、5)教育、6)文献情報

チュートリアル 1)機械学習、2)蛋白質分類、3)マイクロアレイ、

4)発現解析、5)遺伝子ネットワーク、6)バーチャル細胞、7)文献検索、8)オントロジー、9)ユーザーインターフェイス、10)XMLデータベース、11)LINUXクラスター

私が特に注目したのは、7人の招待講演者の中4人が著名なタンパク質研究者であったことである (C.Dobson, C.Sander, D.Eisenberg, G.Heijne)。タンパク質研究の指導的な立場にある人たちが、情報科学の重要性を認識し、このような会で講演されることは、両分野のより一層の融合によるバイオインフォマティクスの今後の発展にとってきわめて望ましいことであると思った。

ワークショップでは「バイオパスウェイ」に参加した。「バイオパスウェイ」は3回目で、参加者は大学・公立研・医薬企業・専門企業など多岐に亘っているが、特に専門企業がいくつも出ているのが目立った。

(Physiome Sciences, Beyond Genomics, Entelos, Protein Pathways, Cell Signaling Technologyなど、ほかに既存のMSI, LIONなども手掛けている)

生命現象をシステムとしてとらえ、そのモデル化、シミュレーションを進めることによって、生命現象の理解と病気の解明や創薬・診断・治療に役立てようとするのが共通の目標である。ゲノム配列・遺伝子発現・蛋白質相互作用などの多様で膨大な情報から、どのように生命システムの

構築を進めて行くには、まだまだ基礎的な研究課題も多いが、すでに応用を目指しての研究開発が急速に進んでいるという感想を持った。

東大宮野教授をはじめ7つの研究紹介があり、最後にパネル討論会が開かれた。R. Aviv (テルアビブ大) の見事な司会で、1) データ (種類, ソース, 信頼度, 種間比較など)、2) モデル作り (タイプ, 規模, 作りかた, 計算可能性など)、3) 説明 (表示, 検証, 説明) について討議がなされた。

もう一つのワークショップ「SIGSIM」でも慶応大富田教授のリーダーシップでバイオシステムシミュレーションが討議され、サテライトワークショップの1/3はシステム生物学関連ということになった。この分野の関心の高まりを示すものである。

一方、「バイオソフトのオープンソース化」の流れも急速な動きであり、この流れにどのように対応していくかも重要な課題となってきた。

更に、このワークショップ参加者全員に対し、最近発足したばかりのI3C (Interoperable Informatics Infrastructure Consortium) の紹介があった。これは各種のソフト、データベース間をスムーズにつなぐためのインフラを作ろうとするもので、ソフトメーカー、コンピュータメーカーなどとユーザーが結束した大きな団体に発展していきそうである。(www.i3c.open-bio.org, www.i3c.org)。IBMのDiscoveryLinkとINCOGENのVIBEとLabBookが中核に置かれ、その間をXMLで結ぶ図が示され、メーカー主導の印象を持った。

最初にも述べたが、ゲノム解析・ポストゲノム解析における情報技術の重要性が急速に高まり、このような学会の役割は非常に重要である。そのような場に多くの分野の人が自由に参画して討議することから新しい研究の発展が期待できる。日本でもより一層の異分野交流を深めてほしいと思う。

文部科学省特定領域研究C「ゲノム」班会議報告

森下 真一 (東京大学大学院 新領域創成科学研究科/情報理工学系研究科)

一 好評を得た「有用ソフトウェア・DBの紹介」一

文部科学省科学研究費の特定領域研究C「ゲノム」4領域の合同班会議が、2001年8月22日(水)から25日(土)まで、神戸ポートピアホテルにおいて開催されました。開催初日の22日は、台風の日本列島横断によって航空機および新幹線のダイヤが大幅に乱れた日なので、記憶にある方も多いと思います。実際、会議は1時間ほど遅れて開催されましたが、交通機関の回復に伴って参加者が徐々に到着し、本領域がスタートして1年半が経過した時点としてふさわしい密度の濃い研究報告がなされました。

90%以上のヒトゲノム配列情報の解読、大規模かつ正確なcDNAライブラリーや100万箇所を越えるヒトSNP情報の公開、次々と解読されるモデル生物のゲノム情報、そしてマイクロアレイを中心とした高処理量の発現量観測装置の普及で、大量のゲノムデータを解析する技術に関する期待が大きいことは言うまでもありません。班会議では、研究代表者51名が研究報告を行い、さらにポスター発表も開かれ、大量ゲノムデータの解析方法およびタンパク質立体構造予測手法についての発表が相次ぎました。

「ゲノム」4領域は、統合ゲノム・ゲノム医科学・ゲノム生物学そしてゲノム情報科学から成り立ちますが、ゲノム情報科学の活動を他の領域の研究者にアピールするために「有用ソフトウェア・DBの紹介」という

セッションが、4領域の全体会議中に持たれました。ゲノム情報科学の班員が開発したソフトウェアの中で、既にWWWから利用されているか、配布可能な製品レベルに達したシステムを12個選別して、各5分間の持ち時間で手短かにモットーを紹介しました。特筆しなければならないのは、このセッションの評判が非常によかったことです。

ゲノムデータが公表されつつある現在、その解析技術をユーザーが使えるように提供しないと、あまり関心をもってもらえない、一方で公開中の有用なソフトウェアは賞賛を受けるという段階へシフトしていることを実感します。もう少し先進的な試みを紹介すれば、CASP、CAMDA、ACM KDD cupなどのコンテストにおいては、同一のバイオデータに対して、数多くの参加チームが、予測精度を競うようになってきております。このように、データの公表が進んだ結果、ユーザーである生物学者や医科学者が自らデータ解析ソフトウェアの質を比較検討できるようになってきております。したがって、ゲノム情報科学としても班員が研究開発した有用なソフトウェアを、班会議を含め様々なイベントで紹介してゆき、我々の活動を広めてゆきたいと考えています。

今回のゲノム情報科学・班会議は2002年1月11日から13日まで、東京お台場の東京国際交流館プラザ平成で開催予定です。12日は公開シンポジウムを開催し、再び「有用ソフトウェア・DBの紹介」のセッションを持つ予定です。

学会議事録等

■ 日本バイオインフォマティクス学会第4回評議員会議事録

日 時：平成13年3月27日(火) 15:00~17:00 場 所：国際観光会館 8F A-room

出席者：金久(会長&評議員)、藤田(副会長&評議員)、井原、江口、皿井、根本、福島、浅井、久原、高木、富田、森、松尾、諏訪、西川、河合、菅原、深川(評議員)、美宅、宮野(評議員&幹事)、秋山、五斗、中井、松田(幹事)、岡田(議事録)

報告及び議事

会議に入る前に、自己紹介があった

1. 平成12年度会計報告(配付資料)(金久会長より報告)

- ・配付資料では年度始めより現在までの会計報告だが、最終的なものを会計監査に渡し、その結果は12月に予定している総会で報告する。
- ・学生旅費援助：(宮野評議員より報告)論文が採択されている学生さんの支援予算として50万円程度考えていたが、要望があったのが

支給した2名だったのでこうなっている。Posterにまで適用すると予算的に無理なので、Full Paperのみを対象にしたが、今後は人数を増やす方向で考えていく。国内からの要望(しかも都内)には、会場手伝い料として支援したこともある。

会員数の推移(配付資料参照)

- ・会員数を増やすための勧誘策について議論した。

→大規模な学会で説明文を添えて入会カードを配布し、知名度をあげてはどうか、現に、平成12年7月の入会者が多いのは、CBI学会でニュースレターを配布した効果であると思われる。

・年度末の入会者が少ないのは他の学会でも見られることで致し方ない。

・2001年1月以降の入会者は、2001年度入会扱いにしてもいいか。

→年会実施時期にも依るが、問題ない。

2.平成13年度予算計画と活動計画

国際会議、ニュースレター、ホームページ等申し送り事項

Genome Informatics Workshopの名称について(宮野評議員)

・1990年から使われているGIWという略称は定着しているので、何らかの形で残したいが、より規模が大きくなっているという現況から(2000年度は540名が参加)2001年から、実績に伴う名称に変えた方がよい。

→ International Conference on Genome Informatics

・今年も恵比寿ガーデンプレイスで開催するが、会場の収容力が330名なのでぎりぎり。

・ゲノムセンター、高木特定領域(C)との共催、旅費援助、雑誌の著作権を学会におくことについても引き続き行う。

・今年は12月17日(月)～19日(水)の日程で開催する。

・初日は受付だけか、投稿数が多ければ口頭発表を午後に組み込む。

・ポスターが昨年以上に増えると、パンケットをポスター会場で実施するのは不可能になるので、レストランかホテルを借りてパンケットをする方向で検討する。

Genome Informatics誌について

Abstractと査読済みのOralが混在しているため分厚くなってきているため、分冊化を検討したい。

ニュースレターについて

・事務局に書評を載せたいという出版社や、その他広告を載せたいという問い合わせが数件あった。(金久会長)

・積極的に宣伝を載せていくといいのではないか。(宮野評議員)

・国際会議のプログラムに広告を入れる。

・広告料の相場はいくらぐらいなのか。(金久会長)

・半面で3万円くらい、全面だと5万円くらいだが、部数にも依る。(藤田副会長)

・生化学会は3万円だった。(福島評議員)

・部数はさほど関係なく、ターゲットを絞れば大変効果的だと思われる。(江口評議員)

・全ての要望に応じるのはいかなものか。

・学会の先生からオファーがあることが多い。(福島評議員)

→紹介者がいた方がいいのではないか。

・他の学会をみていると、rejectする機会が必要だと思われる。(秋山幹事)

→問題がありそうな会社であれば、執行部でrejectできるようにしておく。

ホームページ(会員専用)について(五斗幹事)

・論文集のHTML化:ReferenceにMEDLINEとGenome Informaticsへのリンクを埋め込む。

・論文集の全文検索機能。

・会員には、ユーザーアカウントとパスワードを発行して個人情報管理できるようにする。広告メールや会議のお知らせメールを送ってもよいかどうかのチェックをできるようにしておく。

・会員名簿の検索機能を追加する

・学会に入会するメリット、ニーズはいかほどか、異分野からの参入を奨励するべきでは。(藤田副会長)

・学生の就職状況は、引く手数多というのが現状である。(金久会長)

・学会から定期的にメールが来るとしたら、その頻度はどれくらいが適当か。

・月1回くらい来るとして、そのニュースの中にアクセスできるURLを載せてはどうか。(浅井評議員)

・会員であるとの刺激になりいいと思うが、担当の幹事をたてた方がいい。(宮野評議員)

・ISCBは、2ヶ月に一度くるので、それくらいが適当では。(富田評議員)

3.研究会、およびワーキンググループの活動報告および計画

バイオインフォマティクス講習会(美宅評議員)

・参加者:高校の先生(20数名)、高校生(約100名)、中学生(数名)

・参加者の数が増えたため、会場が手狭になり医科学研究所の講堂で講義し、PCを使った講習を行った。

・今年(第6回目)の予定:参加状況を考慮して、高校の終業式後(7月21日)に医科学研究所で講義し、23日に農工大で講習を行う予定である。

・両日とも午後から実施予定。

・講習会の案内ポスターを主に関東地域、山梨、静岡周辺に配布しているが、地方会場での開催は可能か

→関西だと奈良先端大学院大学でもできそうである(森評議員)

・ここでは、中学・高校生、およびその先生を対象にしているが、Bioinformaticsを教える先生同士の研究発表の場を新たに設けるといいのではないか

・また、同時に学会の会員になってもらえたらいいのではないか

→講習会で入会カードを置いておくなどといい(江口評議員)

・中高生をどのように教えていくか、先生の教育を組織的にやっていった方がいいのではないか(森評議員)

→新しくワーキンググループを作る?

→森評議員に企画をお願いすることに。

アレイインフォマティクス研究会(久原評議員)

・第2回アレイインフォマティクス研究会の参加者は120名で、予定していた第3回のワークショップは会場確保の問題等により、来年度に持ち越すことになった。

・今後も年3回を目処に活動していきたい、また、トレーニングコースを設けたいが、10～20人用の実験できる会場の確保が難しい。

→基礎生物学研究所で独自にトレーニングコースを開催する予定がある。(森評議員)

→学会としても協賛可能かどうかを森評議員にお願いした。

バイオシミュレーション研究会(富田評議員)

・7月、11月に開催し、各40～50人の参加があった。

・2001年7月20日には、コペンハーゲンでISMB01のサテライトミーティングとして、ISCBのSIGSIMと共催で細胞モデリングのワークショップを予定している。

→JSBiとの共催のメリット:メーリングリストに案内を流すことができる。

デメリット:想定外の参加者が集まる等会場のパンニックが予想される。

教育カリキュラム検討ワーキンググループ(小長谷評議員 欠席)

・「適塾」的な研究会を目指し、教科書の項目(カリキュラム)をきっちりと作り上げていきたい。(金久会長)

・(財)神奈川科学アカデミーによる企業人講習のように、学会がイニシアチブを取る方向でいくのがいいのではないか。(宮野評議員)

・講習会が実際の研究に活かされているのか懸念を抱いている。(森評議員)

・企業内でも温度差があり、浸透しきっていない感がある。(藤田副会長)

・大学でバイオインフォマティクス学科を作ってもカリキュラムを早く築いていかないと間に合わない。あれば有用である。(久原評議員)

・ACM(米国)が出した一覧を情報処理学会が翻訳して紹介している。(宮野評議員)

・柔軟に対応できるようにいろんなタイプを用意すべきである。(秋山幹事)

・製薬会社としても、バイオインフォマティクスとケモインフォマティクスを融合したものがほしい。(河合評議員)

4.その他

会長選挙(新評議員のみ)

・細則から

第2章第4条 会長の選任は次の通り行う。

イ.会長は評議員の選挙によって決められる。

ロ.投票は無記名単記とする。投票総数の過半数を得た者を会長とする。

ハ.投票総数の過半数を得た者がいないときは、高点順に2名をとり改めて投票を行い、最高点者を会長とする。このとき同点の場合には抽選により決定する。

・投票にうつる前に、候補者の推薦を募った。(宮野評議員)

→学会立ち上げの大変な時期から携わった金久現会長の続投をお願いしたい。(宮野評議員)

・出席の平成13年度評議員12名で投票を行い、諏訪評議員の立会

のもと開票作業を行い、金久現会長に11票、宮野評議員に1票が投じられ、金久会長の続投が決定した。
・幹事、会計監査、副会長の指名については、個人的に相談することになった。

配付資料

- ・平成12年度会計報告書
- ・会員数の推移
- ・第3回評議員会議事録
- ・第3回幹事会議事録
- ・平成12年度総会時幹事会議事録

- ・平成12年度役員一覧
- ・平成13年度評議員一覧
- ・賛助会員一覧

回覧資料

- ・会則・細則
- ・会員名簿

会長 金久 實 印
幹事 五斗 進 印

■ 日本バイオインフォマティクス学会第5回幹事会議事録

日 時：平成13年3月27日(火) 13:00～15:00 場 所：国際観光会館 8F レストラン・カウベル
出席者：金久(会長)、中井、松田、美宅、宮野、五斗(幹事)

報告及び議事

1. バイオインフォマティクス講習会について

- ・参加者数の増大でヒトゲノム解析センターでの講習が不可能になってきたため講義と講習を2日間に分けて、講習は農工大のコンピューター演習室で行う。
- ・講義(予定):7月20日(金) 東大医科研講堂、ヒトゲノム解析センターの見学を含む。
- ・講習(予定):7月23日(月) 東京農工大コンピューター演習室。
- ・両日とも午後からの実施予定。
- ・講義の講師は昨年と同じで調整、講習は農工大のスタッフを中心に、
- ・バイオインフォマティクス学会(講義)と高木特定(講習)の共催。

2. 年会

- ・昨年実績:参加者540名。
- ・ポスター・ソフトウェアデモンストレーション120件、口頭発表20件。
- ・会場のキャパシティが330名なのでぎりぎり。
- ・日程:12月17日(月)～19日(水)の3日間に延長。ただし、初日は受付だけ、投稿数が多ければ口頭発表を午後に組み込む。
- ・ポスターが昨年以上に増えると、パンケットをポスター会場で実施するのは不可能になるので、レストランかホテルを借りてパンケットをする方向で検討する。また1分間のポスターイントロは無理だろう。
- ・会議名称:参加者数を考えるとワークショップという名前は実体にそぐわないので、今年は International Conference on Genome Informaticsとして、国際学会であることを前面に出す。GIWという名称は何らかの形で残す。

- ・論文集名称:Genome Informaticsとする。MEDLINEにはGenome informatics seriesとして登録されているので、ISSNの再取得も含めてUniversal Academy Pressと相談する。
- ・論文集の構成:フルペーパーとポスター(年会)の予稿を分けるという案も出たが、今年は昨年までと同様に1冊でまとめることになった。よほど関係のない投稿はポスター発表としての受け付けはするが、予稿集には載せない。分冊化は来年以降投稿数をみながら考える。
- ・プログラムに広告を入れる。

3. ホームページ(会員専用)

- ・論文集のHTML化:TeXからHTMLの変換とWordからTeXへの変換を外注する予定。HTML化に際しては、ReferenceにMEDLINEとGenome Informaticsへのリンクを埋め込む。また、本文中に記述のあるURLについてもリンクを埋め込む。
- ・WordからTeXへの変換については9月始めまでに利用できるようにする。
- ・論文集のHTML化後は全文検索ができるようにする。
- ・会員にはユーザーアカウントとパスワードを発行して個人情報を管理できるようにする。広告メールや会議のお知らせメールを送ってもよいかどうかのチェックができるようにする。
- ・会員名簿の検索機能を追加する。

会長 金久 實 印
幹事 五斗 進 印

大学院生募集

慶應義塾大学バイオインフォマティクス・プログラム

(政策・メディア研究科修士・博士課程) <http://www.bioinfo.sfc.keio.ac.jp/program>

13年度に新設した本プログラムは、湘南藤沢キャンパス(インフォマティクス)と鶴岡キャンパス(実験生物学)の両方を利用して単位を取得することができるユニークな教育プログラムである。湘南藤沢キャンパスでは「パイオシミュレーション実習」や「ゲノム解析プログラミング」などコンピュータ実習科目を中心に学ぶ。また鶴岡キャンパス(本号6ページ参照)では森浩禎教授らが担当する「ゲノムシーケンシング実習」を履修して、最新鋭のDNAシーケンサーによるバクテリアのゲノム配列決定を体験することもできる。学

生達は自ら導出した塩基配列データをその場でバイオインフォマティクスの手法を駆使して遺伝子領域予測など解析を行う、というものである。情報系学部出身者は生物学を、生物系学部出身者はコンピュータを、それぞれ補習するために、学部の科目を履修することもできる。

2002年4月および9月入学願書締切:2001年10月16日

入試に関する情報は、公式サイト

<http://www.sfc.keio.ac.jp/admission/index.html> を参照。

生物情報解析研究センター設立記念シンポジウム開催のお知らせ

生物情報解析研究センター(JBIRC)の設立を記念し、シンポジウムを開催致します。また、日本・シンガポールバイオサイエンスシンポジウムを併行開催致します。日時・場所:10月16日(火)9:00～/17日(水)9:30～、港区台場ホテルグランパシフィックメリディアン。参加費無料。

多数の皆様のご参加をお願い申し上げます。[生物情報解析研究センター センター長 京極好正]

詳細はJBICホームページ <http://www/jbic.or.jp> をご覧ください。

日本バイオインフォマティクス学会平成13年度役員一覧

会 長	金久 實 (京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター)	任期 H13.4.1～H14.3.31
副 会 長	江口 至洋 (三井情報開発株式会社)	
会計監査	高井 貴子 (東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター) 中西 憲之 (田辺製薬株式会社)	
幹 事	浅井 潔 (産業技術総合研究所生命情報科学研究センター) 有田 正規 (産業技術総合研究所生命情報科学研究センター) 五斗 進 (京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター) 西川 哲夫 (株式会社日立製作所) 宮野 悟 (東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター)	
評 議 員	浅井 潔 (産業技術総合研究所生命情報科学研究センター) 金久 實 (京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター) 久原 哲 (九州大学大学院生物資源環境科学研究府) 小長谷明彦 (北陸先端科学技術大学院大学) 高木 利久 (東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター) 富田 勝 (慶應義塾大学環境情報学部) 中村 春木 (大阪大学蛋白質研究所) 美宅 成樹 (東京農工大学工学部) 宮野 悟 (東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター) 森 浩禎 (奈良先端科学技術大学院大学)	任期 H13.4.1～H14.3.31
	浅田起代蔵 (宝酒造株式会社) 麻生川 稔 (日本電気株式会社) 梅山 秀明 (北里大学薬学部) 荻原 淳 (グラクソ・スミスクライン株式会社) 河合 隆利 (エーザイ株式会社) 菅原 一秀 (日本IBM株式会社) 諏訪 牧子 (独立行政法人産業技術総合研究所) 西川 哲夫 (株式会社日立製作所) 深川 浩志 (インテックW&Gインフォマティクス株式会社) 松尾 洋 (理化学研究所ゲノム総合科学研究センター)	任期 H13.4.1～H15.3.31

賛助会員一覧(平成13年10月1日現在)

#会員番号 会社名

C0001 株式会社ユニバーサル・アカデミー・プレス	C0014 藤沢薬品工業株式会社	C0025 大鵬薬品工業株式会社
C0002 サン・マイクロシステムズ株式会社	C0015 宝酒造株式会社	C0026 富士通株式会社
C0003 日本SGI株式会社	C0016 ドラゴンジェノミクス株式会社	C0027 株式会社日立製作所
C0004 CTCラボラトリーシステムズ株式会社	C0017 明治製菓株式会社	C0028 アマシャムファルマシアバイオテック株式会社
C0005 田辺製薬株式会社	C0018 第一製薬株式会社	C0029 株式会社マホレックス
C0006 グラクソ・スミスクライン株式会社	C0019 塩野義製薬株式会社	C0030 モレキュラーシミュレーション株式会社
C0007 コンパックコンピュータ株式会社	C0020 富士通九州システムエンジニアリング	C0031 日本新薬株式会社
C0008 山之内製薬株式会社	C0021 武田薬品工業株式会社	C0032 日本オラクル株式会社
C0010 株式会社シーティーアイ	C0022 三井物産株式会社	C0033 三井情報開発株式会社
C0011 アプライドバイオシステムズジャパン株式会社	C0023 三共株式会社	
C0012 大日本製薬株式会社	C0024 エーザイ株式会社	

JSBi News Letter

編
集
後
記

一回目の編集会議から発行まで日数があまり無かったこともあり、初めは不安もありましたが、関係者の方々に助けられながら無事第3号を発行することが出来ました。心からホッとしています。ご執筆、ご協力いただきました皆様方に御礼申し上げます。今年はいよいよ大きなイベント(GIW2001、総会)が控えています。特にGIWは今年から「The Twelfth International Conference on Genome Informatics」と名称が変わり、新たな出発を迎え更なる発展が期待されます。会員の皆様奮ってご参加ください。このニュースレターは年2回発行予定ですが、今後もより多くのご意見を反映させた誌面を作っていきたいと思っています。ご意見・ご感想大歓迎です。掲載してほしい情報等がございましたら編集担当(E-mail:jsbi@edelweiss.ims.u-tokyo.ac.jp)までお願いいたします。(M.K)

JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS