



JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS

日本バイオインフォマティクス学会ニュースレター 第1号

学会ホームページ <http://www.jsbi.org/>

◆ 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]..... 3

・アレイインフォマティクス研究会研究会研

・バイオシミュレーション研究会研究会研究

・教育カリキュラム検討ワーキンググループ

・一般向け講習会ワーキンググループ研究会

[関連行事案内]..... 4

・第5回バイオインフォマティクス講習会

「ヒトゲノム計画とインターネット」

・The First International Conference on Systems Biology

・The Eleventh Workshop on Genome Informaticsaa

[科研費関係情報]..... 8

・文部省特定領域研究 (C) 「ゲノム情報科学の新展開」

[評議員会議事録等]..... 10

・設立総会議事録 (平成11年12月13日)

・第1回評議員会議事録(平成12年1月14日)

・第2回評議員会議事録(平成12年4月26日)

[その他]..... 15

・初代役員一覧

・賛助会員一覧(平成12年5月30日現在)

[編集後記]..... 16

## 巻頭言

バイオインフォマティクス (bioinformatics) は計算生物学 (computational biology) とも呼ばれる新しい学問分野です。物理学や化学では主に計算機能力の大幅な進歩に伴い、理論と実験に続く第3の領域として、計算物理学や計算化学が位置付けられています。一方、生物学においては分子生物学の実験技術の進歩に伴い、とくにヒトゲノム計画に代表される大量データの生産に伴い、バイオインフォマティクスが誕生しました。物理学や化学では原理的な方法に基づく数値計算が有効であるのに対し、生物学における計算とは蓄積されたデータの中から経験的な知識や法則を発見していくことが中心です。計算生物学よりもバイオインフォマティクス (生命情報学) の方がふさわしい呼び方でしょう。

1999年12月13日、日本バイオインフォマティクス学会が設立されました。学会発足の母体となったのは、文部省ヒトゲノムプログラムの中で活動してきたゲノム情報の研究コミュニティです。学会の設立総会も、1990年以来毎年12月に開催されてきたゲノム情報ワークショップの第10回を記念して行われました。ただ、本学会はこれまでゲノム情報プロジェクトの中で行われてきた狭い意味でのバイオインフォマティクスではなく、生命科学と情報科学の境界に位置するより広範な学問分野を想定しています。学問分野の振興だけでなく、そのための人材養成、技術開発と技術移転、情報インフラストラクチャー整備を行うことも、本学会の大きな目的です。また国際的には International Society for Computational Biology (ISCB) と協力して活動を行っていく予定です。

生命科学の研究者にとって現状の大きな問題点は、バイオインフォマティクスがこれからの研究に不可欠な要素となりつつあることは分かるが、具体的にどうすれば有用なデータベースや情報処理技術を開発し、またそれを駆使できる技術者を養成

できるのかといったことでしょう。本学会では、学部・大学院レベルでの教育カリキュラムの策定と、中学・高校の先生と生徒への講習を行う



ワーキンググループを設置しました。長期的には、バイオインフォマティクス技術者養成コースと認定制度の設置なども模索していきたいと考えています。

広い意味で21世紀の生命科学は、実験と並んで情報を扱う学問になっていくと思われます。実験生物学が、とくに分子生物学が、生命のはたらきを遺伝子やタンパク質のはたらきとして理解する還元論的アプローチに基づいていたのに対し、バイオインフォマティクスの基本は合成論的アプローチです。すなわち、生命そのものが情報のシステムであり、ゲノムの情報から生命システムの情報を再構築すること、またその際にプロテオームをはじめ様々な情報を統合することが合成論なのです。このような新しいバイオインフォマティクスを目指して、本学会ではアレイインフォマティクス研究会とバイオシミュレーション研究会を設置しました。

生命科学から情報学、物理学、化学など自然科学の広範な分野へ、基礎研究から産業へ、専門研究から一般社会へ、日本から世界へ、そして20世紀から21世紀へ、バイオインフォマティクスは大きな広がりをもたらす学問分野です。多くの方々にご参加いただき、日本バイオインフォマティクス学会を発展させていきたいと思っております。

日本バイオインフォマティクス学会会長  
金久 實 (京都大学化学研究所教授)

## 研究会およびワーキンググループの紹介

### ■ アレイインフォマティクス研究会

主査 久原 哲(九州大学大学院農学研究科) 副査 江口 至洋(三井情報開発株式会社)

近年、ゲノムの全配列が決定され、研究のスタイルが全遺伝子を対象とする網羅的研究にシフトしてきている。この研究を支えている実験手法の

一つにアレイ技術がある。しかし、現状ではアレイ実験結果の解析ツールは十分ではなく、そのため今後の解析へ向けて解析ツールの開発を行う。

#### 研究会の活動目標

- 発現プロファイル実験の支援
  - 発現プロファイル解析ソフトの開発支援
  - データの蓄積と公開
- 活動予定 年に数回の研究会と年1回のワークショップを行う予定です。

#### 第一回アレイインフォマティクス研究会

場所:東京医科学研究所ヒトゲノム解析センター 日時:6月16日(金) 13:30~『アレイ解析技術の今後』

### ■ バイオシミュレーション研究会

主査 富田 勝(慶應義塾大学環境情報学部) 副査 北野 宏明(SONY CSL)

近年、細胞の分子レベルの知識が大量にかつ急速に蓄積されつつあるが、これらの知識を統合し、細胞がどのように振舞うかを分析するには、コンピュータシミュレーションが不可欠である。コンピュータ上に細胞代謝モデルを構築し、遺伝子破

壊や薬物投与など様々な条件下での振舞いを予測する、いわゆる "*in silico* 実験"は、21世紀の生物学において中心的役割を担う可能性がある。このような時代の流れを捉えて発足した本研究会のスコープは大きく分けて以下の3つである。

1. シミュレーションソフトウェア、モデル構築のための知識表現など、細胞代謝のシミュレーションのための基盤技術を開発する。
2. 1.の基盤技術の上に、様々な細胞モデルおよび細胞代謝モデルを構築する。
3. 2.の代謝モデルをプロジェクト間で容易に交換、評価、再利用、改良できるようにするための、ソフトウェアと知識表現の標準化についても検討する。

シミュレーションに興味を持つ会員間の交流を目的に、年2回程度研究会を開催する。

第1回バイオシミュレーション研究会(兼、日本人工知能学会 第12回分子生物情報研究会)

2000年7月15日(土) 13時~18時

慶應義塾大学湘南藤沢キャンパス 大学院棟 $\epsilon$ (タウ)11号室

(地図はこちら <http://www.sfc.keio.ac.jp/SFCInformation/guide/access/access.htm>)

発表希望者は氏名・所属・発表タイトル・要旨を6月15日までに研究会事務局

(熊谷薫子・kumakako@sfc.keio.ac.jp)にご連絡ください。

## ■ 教育カリキュラム検討ワーキンググループ

主査 小長谷 明彦（北陸先端科学技術大学院大学知識科学研究科、理化学研究所GSC）

ゲノム解析プロジェクトの生み出した膨大な遺伝子情報は生命科学にバイオインフォマティクスという情報化の波をもたらした。もはやインターネットの利用は常識になりつつあり、配列情報の解析にはプログラミングが不可欠となっている。さらに、問題の複雑さとデータ量の多さに対応するために、ニューラルネットワーク、隠れマルコ

フモデルといった高度な数学的モデルや並列処理、分散処理といった高速化技術が要求されつつある。本ワーキンググループでは情報化された生命科学世紀の旗手として、高度な情報処理技術と分子生物学の知識を備えた技術者・研究者を育成するための教育カリキュラムについて検討する。

WG開催予定（年3～4回程度）

平成12年度検討課題 大学院のバイオインフォマティクスカリキュラム

成果公表予定 日本バイオインフォマティクス学会総会

## ■ 一般向け講習会ワーキンググループ

主査 美宅 成樹（東京農工大学工学部）

バイオインフォマティクスは新しい学問分野で、今後の生物科学の中心となると考えられます。生物に関する知識と情報処理の技術を持ち、物理や化学の考え方を身に付けることによって、生物現象に対する深い理解を目指すのがこの新しい学問分野の目標です。現状では、生物学者、情報学者、物理学者、化学者などがそれぞれの特徴を生かしながらこの新しい学問を進めようとしています。しかし、長期的には研究キャリアの最初からバイオインフォマティクスを理解した若い研究者の成長が必要です。また、新しい学問が定着していくには、研究者ばかりではなく一般の人たち

の理解も必要です。そういう意味で、若い高等学校や中学校の先生・生徒や一般向けの講習会を企画していくのがこのワーキンググループです。

これまで文部省科学研究費特定領域研究「ゲノムサイエンス」と東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センターの主催で「ヒトゲノム計画とインターネット」講習会を行ってきましたが、今回は日本バイオインフォマティクス学会、文部省科学研究費特定領域研究(C)「ゲノム情報科学」、東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センターの共催で、新しい講師陣で講習会を行うこととしました（以下参照）。

## 関連事業案内

### ■ 第5回バイオインフォマティクス講習会

「ヒトゲノム計画とインターネット」ゲノム計画からポストゲノム計画へ

共 催：●日本バイオインフォマティクス学会 ●文部省科学研究費特定領域研究(C)「ゲノム情報科学」  
●東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター

開催期日：2000年7月24日（月）午前10時より午後4時まで

開催場所：東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター

対象者：中学・高校の先生と生徒

定員：計50名

申し込み期日：7月15日

申し込み先：美宅成樹 東京農工大学工学部生命工学科 〒184-8588 東京都小金井市中町2-24-16

Fax. 0423-87-6591 Tel. 0423-88-7048 電子メール mitaku@cc.tuat.ac.jp

申し込み内容：氏名、学校名、担当科目（先生の場合）、学年（生徒の場合）、学校連絡先（住所、電話、Fax、電子メールなど）、自宅（住所、電話など）

#### 講師

中井謙太（東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター） 五斗 進（京都大学化学研究所）

秋山 泰（電子技術総合研究所） 諏訪牧子（ヘリックス研究所）

#### 講習内容

10時～12時 講義「ヒトゲノム計画とインターネット」

12時～14時 昼食 およびセンター見学

14時～16時 コンピュータによる実習「インターネットを用いた生物情報処理」 / 質問コーナー

#### 参考図書

金久 實：「ゲノム情報への招待」共立出版

高木利久、金久 實 編：「ゲノムネットのデータベース利用法（第2版）」共立出版

松原謙一、中村桂子：「ゲノムを読む」紀伊国屋書店

B. ジョーダン（美宅成樹訳）：「ヒトゲノム計画とは何か」講談社ブルーバックス

美宅成樹、金久實編：「ヒトゲノム計画と知識情報処理」培風館

吉川寛 監修：「ネオ生物学シリーズ」共立出版

第1巻「ゲノム生物学」藤山秋佐夫、松原謙一 編

第2巻「ゲノム情報を読む」宮田隆、五條堀孝 編

日本生物物理学会：シリーズ「ニューバイオフィジックス」共立出版

第11巻「ヒューマンゲノム計画」金久實 編集

美宅成樹：「子どもにきっちり答える遺伝子Q&A100」講談社ブルーバックス



## ■Call for Participation

# The 9th JST International Symposium The First International Conference on Systems Biology

14-16 November, 2000 Royal Park Hotel @ TCAT, Tokyo Japan

Admission Free <http://www.systems-biology.org>

Organizer: Japan Science and Technology Corporation Supported by: Japanese Society for Bioinformatics

This is a partial list of organized sessions and its speakers confirmed, and some of invited speakers. This list is released to provide an image on the scope of the conference, and to give you the idea that this conference

will be an exciting one!!! There are few more speakers committed, and accepted papers from peer-reviewed submissions will be incorporated in the final conference program.

### Session: Software Platform and Data Resources

The ERATO Systems Biology Workbench: an integrated environment for multi-scale and multi-theoretic simulations of molecular biology

Hamid Bolouri (ERATO/Caltech and Univ. Hertfordshire)

E-CELL Project: Towards Whole Cell Simulation

Masaru Tomita (Laboratory for Bioinformatics, Keio University)

PathDB: a second generation metabolic database

Pedro Mendes (National Center for Genome Resources)

Reconstruction of metabolic and regulatory networks in *Synechocystis*

Minoru Kanehisa (Kyoto University)

Stochastic modeling and simulation of cell signaling using StochSim

Tom Shimizu (Cambridge University)

### Session: Data Analysis

Generative model based statistical and cluster analysis of phenotype associated gene expression matrices

Zoltan Szallasi (Uniform Service Univ.) and Mattias Wahde (Chalmers Univ. of Technology)

### Session: Genomics for Medicine and Disease Model

Plenary Invited Talk:

Genomic Medicine in the light of systems biology (title to be confirmed)

Yusuke Nakamura (University of Tokyo, Medical Research Institute)

### Session: Comprehensive Measurement

Strategic Approach to Determine the Yeast Genetic Regulatory Network with Microarray data

Satoru Kuhara (Graduate. School of Genetic Resources Technology, Kyushu University)

Comprehensive Measurement of *C. elegans* gene expression (title to be confirmed)

Yuji Kohara (National Institute of Genetics)

Systematic isolation of deletion mutants to analyze neural development in the nematode *Caenorhabditis elegans*

Shohei Mitani (Tokyo Women's Medical University School of Medicine)

Automatic acquisition of cell lineage and other developmental information through 4D microscopy

Shuichi Onami (ERATO Kitano Symbiotic Systems Project)

### Session: System-level Analysis

Phage, Phase Variation and Sporulation: Analysis of control in pathogenic systems

Adam Arkin (Lawrence Berkeley Laboratory)

Constructing Mathematical Models of Biological Signal Transduction Pathways

Tau-Mu Yi (Caltech / ERATO Kitano Symbiotic Systems Project)

Bacterial chemotaxis - a simple signal pathway ?

Dennis Bray (Cambridge University)

### Tutorial

Tutorial 1: Genetic network analysis - The millennium-end version (Zoltan Szallasi, Uniform Service Univ.)



## ■ Call for Paper

# The Eleventh Workshop on Genome Informatics GIW2000

December 18-19, 2000 Garden Hall, Yebisu Garden Place, Tokyo, Japan

<http://www.hgc.ims.u-tokyo.ac.jp/giw>

**Organized by**  
Human Genome Center, The University of Tokyo

**Sponsored by**  
"Genome Information Science" (MESSC, Japan)  
Japanese Society for Bioinformatics (JSBi)

### Topics

The Eleventh Workshop on Genome Informatics (GIW 2000) focuses on Genome Informatics, including, but not limited to, the following areas related to Genome Science: genome database, unified database, knowledge extraction from literature, knowledge discovery and data mining from databases, sequence analysis, comparative genomics, motif extraction and search, multiple alignment, phylogeny tree, linkage analysis program, gene structure and function prediction, protein structure and function prediction, gene expression profile analysis, pathway analysis, proteome analysis, gene network analysis, systems for supporting experimental works (mapping, sequencing, primer design, etc.), simulation of biological system, DNA computing, artificial life, which are overall related to Genome Science.

Paper Submission Guidelines <http://giw.ims.u-tokyo.ac.jp/giw2000/>

### Paper Deadlines

August 31, 2000 Paper submission deadline      October 6, 2000 Notification of acceptance/rejection  
October 30, 2000 Final version deadline

### Poster/Demo Deadlines

October 10, 2000 Poster/Demo submission deadline      October 31, 2000 Notification of acceptance/rejection  
\* Poster/Demo Session is organized by JSBi

### Questions

Satoru Miyano

Email: [giw@ims.u-tokyo.ac.jp](mailto:giw@ims.u-tokyo.ac.jp) Tel: +81-3-5449-5615 Fax: +81-3-5449-5442

Human Genome Center, Institute of Medical Science, University of Tokyo

4-6-1 Shirokanedai, Minato-ku, 108-8639 Tokyo, Japan

### Publication

Genome Informatics 2000 will be published from Universal Academy Press, Inc.

Genome Informatics Series is MEDLINE indexed.

### Program Committee

A. Keith Dunker (Washington State U., PC Co-Chair)

Akihiko Konagaya (JAIST, PC Co-Chair)

Yutaka Akiyama (RWCP)

Tastuya Akutsu (U. Tokyo)

Russ Altman (Stanford U.)

Kiyoshi Asai (ETL)

Minoru Asogawa (NEC)

Chris Burge (MIT)

Antoine Danchin (Institute Pasteur)

Terry Gaasterland (ANL)

Janice Glasgow (Queen's U.)

Susumu Goto (Kyoto U.)

Masami Hagiya (U. Tokyo)

Lawrence Hunter (U. Colorado)

Toni Kazic (Washington U.)

Yang-Suk Kim (POSTECH)

Hiroaki Kitano (SONY)

Teri Klein (Stanford University)

Satoru Kuhara (Kyushu U.)

Sam Kwong (City U. Hong Kong)

Richard H. Lathrop (UC Irvine)

Hideo Matsuda (Osaka U.)

Shinsei Minoshima (Keio U.)

Satoru Miyano (U. Tokyo)

Hirotsada Mori (NAIST)

Kenta Nakai (U. Tokyo)

Atsushi Ogiwara (GlaxoWellcome)

Motonori Ota (NIG)

Christos Ouzounis (EBI)

Hideaki Sugawara (DDBJ)

Toshihisa Takagi (U. Tokyo)

Masaru Tomita (Keio U.)

Junichi Tsujii (U. Tokyo)

Alfonso Valencia (CNB-CSIC)

Limsoon Wong (NUS)

## 科研費関係情報

### ■ 文部省特定領域研究(C)「ゲノム情報科学の新展開」

平成12年度は、文部省のバイオインフォマティクス関連特定領域研究として、特定領域研究「ゲノムサイエンス：ヒトゲノム解析に基づくバイオサイエンスの新展開」（代表：榊佳之）の第三班「ゲノムの生物知識情報」（班長：金久實）

が最終年度を迎えることをうけて、新たに下に示す特定領域研究(C)「ゲノム情報科学の新展開」（代表：高木利久）がスタートしました（つまり今年度は例外的に二つの特定領域研究が走っています）。

#### ゲノム情報科学の新展開

領域代表者 高木 利久（東京大学医科学研究所・教授）

領域代表者からの申請総額 42億円 研究期間 平成12年度～16年度

### <<< 生命をシステムとして理解するための革新的情報技術の開発 >>>

#### 研究の背景と目的

ゲノム計画の進展により、膨大なゲノム情報が産生されるようになり、いわゆる実験生物学者といえども、これまでどちらかという縁遠い存在であった計算機の世界と無縁ではいられなくなってきた。それにつれて、膨大なゲノム情報を計算機で効率良く処理するためのデータベースやソフトウェアツールを作ることから派生してきたゲノム情報科学への期待は近年ますます高まってきており、もはやゲノム情報科学とは無縁のゲノム研究は考えることもできない上に、新しい情報理論に基づく実験法の出現によって世界の研究勢力地図を塗り替えられてしまうことも十分に考えられる。さらに、生命科学全般へゲノム計画の成果が波及するにつれて、

生命現象をゲノム情報からトータルに理解しようという方法論がますます有効になり、生命科学の根幹をなす論理としてのゲノム情報研究の重要性が強く認識されるようになってきている。すなわち、ゲノム情報科学に備わる、実験データ解釈のサポート的役割とは異なる、基礎的な側面が注目されるに至っている。そこで、本特定領域研究では、他の実験主体のゲノム関連特定領域研究と緊密な関係を取りつつ、この基礎理論としての側面の研究にも力を入れる。そして、これから5年先、10年先に確実に必要となり、それなしでは将来のゲノム研究、ひいては生命科学が成り立たないと言えるような、革新的なゲノム情報処理技術の研究開発を目指す。

#### 研究項目の概要と期待される成果

##### 1. 高度データベースの構築と高次生物知識の体系化

これまでの配列データに加えて、分子間相互作用データや遺伝子発現データなども統合的に扱う高度データベースの構築および高次生物知識のコンピュータ化を図る。これによって、生命現象の理解に適した新しい知識表現法（記述言語）が生み出されることが期待される。



## 2. ゲノムデータベースからの知識発見

上述の高度データベースを駆使して、そこから新しい生物知識を発見する技術を開発し、ゲノム情報理解の深化に対応した、より深い遺伝子構造の数学的モデル化などを旨とする。これによって、たとえば遺伝子の上流配列からその制御内容を読み出すことが可能になることが期待できる。

## 3. タンパク質高次構造に基づくゲノム情報科学

タンパク質高次構造情報のシステマティックな解析から、ゲノム機能の解明を目指し、近年注目されている構造ゲノム科学を情報科学的に支える研究を行う。この研究の進展により、従来単純なアミノ酸配列パターンの有無に基づいて行われていた遺伝子の機能予測が、より高い信頼度で行えるようになることが期待される。

## 4. 遺伝子ネットワークのモデル化とシミュレーション

遺伝子間ネットワークを実験データから推測したり、その数理的特性を検討する研究や、生命現象を遺伝子産物が織りなすシステムとしてとらえて、それをシミュレートするための基礎研究を行う。この研究によって、将来遺伝子欠損などによっておこる病理現象を計算機シミュレーションによって予測する道が拓かれる。

### 総括班の機能

総括班では、領域全体の研究の推進及び評価、シンポジウムの企画・開催などを行う。また、総括班の中に「オントロジー整備委員会」と「ソフトウェア高速化および共有化委員会」を設けて、ゲノム情報科学全体で特に必要と思われる作業やそのための体制作りを行う。前者では、ゲノム配列情報の注釈づけなどに際して混乱の原因になる生物概念の体系

化・用語の統一への基準作りや実際の用語辞書構築を行い、後者では、データの爆発的増加にも対応できるように有用なソフトウェアツールを高速化・並列化したり、ソフトウェア部品を整備して開発速度や互換性を向上することなどによって、ゲノム研究コミュニティへの研究成果の還元を促進する。

### ミレニアム・プロジェクトとの関連

ミレニアム・プロジェクトでは、高齢化社会に対応し個人の特徴に応じた革新的医療の実現に向けて、ヒトゲノム計画の推進を大きな目標として掲げている。その中でも特に、バイオインフォマティクス技術による遺伝子情報の分析・活用を課題としてとりあげており、ヒトゲノム関連データベース整備やバイオインフォマティクス技術の開発を目指している。

本特定領域研究では、この流れの一環として、高度なデータを取り扱うためのデータベース技術や、分子レベルから個体レベルに至るさまざまなゲノム情報の相互関係（ゲノム情報原理）の解明を目指した研究を、中長期的視点から行う。



この高木特定の本年度の公募は締め切られましたが、来年度以降の公募にはぜひ学会員の皆さまの積極的なご応募をお願い致します。また、一般の皆さまに研究成果の一端をご紹介する場として、12月の日本分子生物学会でのワークショップ開催を現在企画中です。詳細は追って発表いたします。



## 評議員会など議事録

### ■ 日本バイオインフォマティクス学会設立総会議事録

日時:平成11年12月13日(月) 17:30~18:20 場所:恵比寿ガーデンプレイス The Garden Room  
出席者:約80名

#### 報告及び議事

- 宮野悟世話人(東京大学医科学研究所教授)によって学会の設立経緯が説明された。
- 世話人により金久實氏(京都大学化学研究所教授)が議長として推薦され、出席者の拍手により承認・選出された。
- 議長より学会設立の趣意書の説明があった。
- 高木利久世話人(東京大学医科学研究所教授)によって、会則案の説明があり、出席者の拍手により会則が承認された。
- 宮野悟世話人より学会設立時の役員の選出についての事情が説明され、役員候補者の紹介があった。配付された役員案のうち、評議員の任期及び役員の所属についての訂正を経て、初代役員が承認された。
- 金久實初代会長より挨拶があった。
- International Society for Computational Biology (ISCB) 会長 Lawrence Hunter 博士から、日本バイオインフォマティクス学会設立への祝辞があった。Hunter 博士の都合がつかず設立総会に出席できなくなったため、会長代理として派遣された ISCB の Board of Directors である A.Keith Dunker 教授より Hunter 会長の祝辞がビデオ映像で会場に披露された。また Dunker 教授より祝辞があった。

#### その他

- 設立総会終了後、記念コンサート(18:30~19:30)と懇親会(19:30~21:00)が開催された。

### ■ 日本バイオインフォマティクス学会第1回評議員会議事録

日時:平成12年1月14日(金) 10:00~12:00 場所:国際観光会館 7F E-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,高井,永井,  
中西(代理:大貫),根本,福島,久原,小長谷,富田,森(評議員),美宅,  
宮野(評議員&幹事),秋山,中井,松田,五斗(幹事)

#### 報告および議事

#### 1. 自己紹介

金久会長より開会の挨拶があり、出席者の自己紹介があった。名簿の修正が一部あった。

#### 2. 報告

- (1) 日本バイオインフォマティクス学会(JSBi)設立総会の報告が宮野評議員よりされた。また学会設立の経緯についても説明があった。

- (2) 会則について金久会長より説明があり、評議員の2分の1以上の出席が確認され、本会議の議決が有効であることが確認された。

#### 3. 予算計画

- (1) 諸経費について  
学会設立時で予算的に余裕がないため、

- ・役員の会議参加のための諸経費は手弁当
- ・会議場費,事務員の旅費については学会が負担することの説明が金久会長よりなされ,了承された。

(2) 学会の規模および学会ですべきことについての協議まず金久会長から, International Society for Computational Biology(ISCB)の現在の会員数が500名程度であるとの報告がされ,現在200名足らずの学会の規模をどのようにして大きくするかについて協議された。

- ・藤田副会長より, 知名度が低いとの意見が出され, 各役員や企業のホームページからJSBiのホームページへのリンクを張ったらよいのではという提案がされた。

- ・学生のメリットについて考える必要があるとの意見が富田評議員より出され,

1. 会費を安くする(現行通り)
2. ISMBやPSBなどの国際学会参加のための旅費を支援する(金久)
3. ゲノム情報ワークショップ(GIW)の参加は会員のみにするか(富田)

等の意見が出された。2.に関しては具体的にISCBと共同で行うことで話を進めていくことになった。3.に関しては, 会員全体のメリットとして, プロシーディング代を現行3000円から5000円に値上げし, 会員は2000円で買えるようにするとの提案が金久会長よりされた。参加費は従来通り無料にする予定。

- ・学会が何をすべきかを決めたほうが, 予算計画を立てやすいのではないかとの意見が小長谷評議員より出され, 金久会長から会則にしたがって説明があった。

1. 総会
2. 評議員会
3. 年会
4. 刊行物の出版
5. 研究会

これに加え, 3年後(平成14年5月)に学術会議への登録をすることを目指しているとの説明が宮野評議員よりされた。学術会議の登録には, 1) 登録会員数



300名以上。2)年1回の総会を開いていること。3)刊行物があること,の条件を満たす必要があることの説明も同時にされた。3)の刊行物に関してはGIWのプロシーディングが使えるとのこと。

- ・賛助会員(一口5万円)を増やす方法について

1. JBICを窓口として宣伝してもらう。(根本)
2. 具体的なアクティビティを明示する。(江口) 並列情報処理イニシアチブの例(企業に対するメリットのリストアップ)について。(秋山)
3. 会長名で趣意書と申込書を送付する。
4. 趣意書と申込書の宛先は研究本部長または研究開発担当役員宛が適当(根本) 代表印よりも研究開発担当役員印の方が速い(福島)

- ・バイオインフォマティクスのコースを作る

1. オンライン大学,単位の認定(学生のメリット), トレーニングコースの設置(小長谷)
2. 商用ツールの利用法も含めたコースの方が企業にとってのメリットにもなる(江口)
3. トレーニングコースの設置とともに情報処理第1種試験などの認定試験はどうか(宮野)
4. スイスでのバイオインフォマティク養成についての説明(藤田)
5. 夏のチュートリアルを開催する(秋山)。情報だけでなく実験のコースも。

これらについては, ワーキンググループでカリキュラムを作成する。

#### ・法人化について

1. 中間法人という組織を作れるようになり、法人化しやすくなる可能性がある。(美宅)
2. 税金に関する問題について金久会長より質問が出された。予算規模の大きな学会に対しては課税される。農芸化学会は払っている(久原)が、JJPは払っていない(美宅)。税金免除のシステムは特にはない(宮野)

#### 4. 研究会,およびワーキンググループの設置

##### (1) DNA チップに関する研究会(久原)

- ・データの収集.データベースの標準化
- ・解析ツールの整備
- ・データ入力・解析の統合データベースの開発  
現在,DNAチップに関する研究会は他に2つあるが,あまり活動は活発ではない.また,実験寄りであり,バイオインフォマティクスの立場から設立されているものはない.実験系では,やりたがっている人が多いのでメリットがあるだろう(森).

##### (2) 他の研究会との関連(小長谷)

- ・SIG-MBI(人工知能学会)
- ・MPS 研究会(情報処理学会)
- 両者との連携をしていくことで合意.

##### (3) どのような研究会を立ち上げるべきか.

- ・生物系と情報系の意見を交換し,情報を素早く回す場であるべき(小長谷).
- ・チップはコスト的に問題があるので,それ以外の方法論に関する研究会が必要(藤田).
- ・チップのデザインを情報処理側から提示するための議論(金久).
- ・タンパク質から DNA までを横断的に研究するための情報処理技術(小長谷).
- ・網羅的なデータの解析(久原).
- ・具体的なものの方が人が集まりやすい(森).

##### (4) 研究会立ち上げのための手続き

- ・3行程度のプリプロポーザルを書いて評議員の誰かにメールする(富田).プリプロポーザルは会員ならば誰でも出せる.
- ・それらの評価と類似提案の統合を評議員のメ

ーリングリストで行い,決定された主査が会長にプロポーザルを提出する.

- ・最終決定は評議員会でを行う.
- ・時限つきにする.

##### (5) 発足が確認された研究会とワーキンググループ

- ・アレイインフォマティクス研究会(主査:久原)
  - ・シミュレーション(仮称)研究会(主査:富田)
  - ・バイオインフォマティクス・カリキュラム検討ワーキンググループ(主査:小長谷)
  - ・中高生のためのバイオインフォマティクス講習会ワーキンググループ(主査:美宅)
- 予算の都合上,研究会とワーキンググループの事務局は学会側では設置せず,主査を中心に進めていくことで了承された.

#### 5. 国際会議の協賛

##### (1) 国際担当窓口を宮野評議員にお願いすることで了承された

##### (2) 以下の国際会議に協賛することで了承された

- ・International Conference on Biological Physics 2001(埼玉大の伏見先生より依頼)
- ・International Conference on Systems Biology(ERATOの北野氏より依頼)

#### 6. 行事予定

##### (1) 中高生のためのバイオインフォマティクス講習会 7月24日(月)の予定(美宅)

##### (2) 年会・総会

- ・GIW(12月18日,19日予定)の一部として開催.
- ・会計年度が4月からのため,12月だと予算承認がかなり遅れた形になるとの意見が出されたが,分子生物学会や生物物理学会の例もあるので,12月でも大丈夫だろうということで了承された.

→JSBiはアジア太平洋を視野に入れたいので,従来通り英語にすることで了承された.

- ・ポスター発表を会員に限定すると海外からの発表者は困る.(小長谷)

→年会はGIWとの共催という形にする.

## 7.その他

### (1) 会員獲得についてのその他の案

- ・GIWとの共催になると、ゲノムや文部省重点の印象が強くなり、閉じたイメージが出てしまう。タンパク質の研究者たちなどにも広く開かれていることをアピールする必要がある。(美宅)
- ・宣伝媒体の活用。
  1. 日経バイオテクノロジーのホームページに載せてもらう。(根本)
 

根本評議員から日経バイオテックの宮田氏に連絡してもらう。
  2. コンピューター関係の企業への宣伝は井原評議員を中心としてやってもらえないかとの依頼が金久会長よりあった。

### (2) 圧力団体としての JSB

- ・「科学技術基本計画」に重大な影響を持つ「バイオ産業技術戦略」からバイオインフォマティクスの文字が1999年度からほとんど消えているとの指摘が秋山幹事よりあった。今後、このような計画にも組み込まれるよう宣伝していく必要があることが確認された。

### 配付資料

- ・ 議事予定    ・ 設立総会議事録    ・ 会則    ・ 細則
- ・ 役員一覧    ・ 会員名簿
- ・ 4th International Conference on Biological Physics の First Circular    ・ 研究活動案について

## ■ 日本バイオインフォマティクス学会第2回評議員会議事録

日 時:平成12年4月26日(金) 13:00~15:00 場 所:国際観光会館 7F E-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,高井,田畑,永井,中西,根本,浅井,久原,小長谷,富田,森(評議員),美宅,宮野(評議員&幹事),秋山,中井,松田,五斗(幹事)

### 報告及び議事

#### 1.幹事会報告

- ・ドメイン名取得:jsbi.orgホームページの立ち上げ。
- ・セキュアサーバーの立ち上げ:クレジットカードによる入金,会員専用ページ
- ・プロシーディングスのオンライン公開と MEDLINE への登録。
- ・公報関係:日経バイオテックのホームページおよび日経新聞での記事。  
リンク集の作成。  
オンラインで公開する場合には著作権等の問題をクリアにしておいたほうが良い。
- ・学会ロゴについて。
- ・ISCB との協力関係について。
- ・特許に関する問題について。
- ・GIW ポスターセッションを学会の年会とする。登録料の設定について。

#### 2.研究会,およびワーキンググループの活動計画。

- 一般向け講習会ワーキンググループ(美宅)
  - ・ 昨年まで科研費「ゲノムサイエンス」とゲノムセンターが中心になって開催していた「ヒトゲノム計画とインターネット」と踏襲した講習会を今年も開催する。(資料回覧)
 

これまで,参加者は約20名.昨年は約50名.今年はずでに5名の参加希望者あり。
  - ・ 今年,ゲノムセンターと共催という形をとる。
  - ・ 講師:昨年は金久,高木,美宅.今年はメールで別途依頼する。
  - ・ 対象が高校生と中学生になっているが幅広すぎないか?
 

→実際には高校生とその先生が主に参加している。
  - ・ タイトルはこのままでよいか?
 

→奈良先端ではサマースクールと題して似たようなことをしている(森)。

対象:大学1年生(3日間),高校生(1日)

→バイオインフォマティクス講習会としてはどうか。

#### バイオシミュレーション研究会(富田)

- ISCB の SIG simulation (SIGSIM) と連動して活動する予定。
- 割りと小さいコミュニティーなので集まる機会を作れていい。

#### アレイインフォマティクス研究会(久原)

- 久原,江口,宮野,阿久津,丸山,井原で集まって相談した。
- 発現プロファイル解析ソフトの開発と,データの公開・共有を促進することを目的とする。
- 具体的には,  
解析内容を検討し,解析ソフトをカタログ化する。  
問題のカタログ化も行い,開発分野の分散化を行う。  
これらを Web で公開して討論できるようにする。
- 来年の1月か2月に国際ワークショップを学会主催で開催したい。  
それまでに,1,2度の研究会を開く。
- 他のチップ研究会との関わりは?  
他はチップの作り方や実験プロトコルが中心。こちらは,インフォマティクス中心。

#### 教育カリキュラム検討ワーキンググループ(小長谷)

- 大学教育と産業を巻き込んだ教育があるが,まずは大学教育が必要だろう。
- 他の国の現状:
  - 北米には40以上のコースがある。
  - アジアではバイオインフォマティクス学科に相当するものはあるが,中身はほとんどがバイオのみ
- SCS をつけた教育をしてはどうか。
- 評議委員会後に小長谷,宮野,森,久原,美宅,松田,秋山,金久,富田で相談する。

#### 研究会・ワーキンググループに関する手続きの確認。

- 評議員の一人が代表となって,委員会へ提案する。

### 3.平成12年度予算計画

- 評議員会開催日現在で,会員数243名.賛助会員10名.約250万円の残高。
  - 250万円をどのように使用するかについて議論がなされた。
  - 初年度なので概算で,以下のように分配して使用することになった。来年度は今年度の実績を元に配分を考える。
    - 旅費のサポート:100万円
    - 事務諸費用:50万円
    - 年会諸費用:50万円
    - 研究会諸費用:50万円
  - 事務諸費用には,ドメイン名・セキュアサーバー関連費,ロゴ作成費,電話代,ニュースレター印刷費・郵送費など。  
ニュースレターは初版は印刷物を作成する。  
事務に関わる費用は予算からちゃんと出したほうがよいという意見が出された。
  - 年会諸費用は,ポスター会場の費用に約30万円はかかる。
  - 国際ワークショップは主催と予算は学振になるかも知れない。会場費程度は学会負担でできるかもしれない。
  - 旅費のサポート:学生会員に対する外国学会 (ISMB, PSB, RECOMB) 参加費・旅費の支援。募集案内をホームページに出す。基本的には発表者へのサポート。ISCB と共同で。  
評価する仕組みを作る。
- 幹事会がオーガナイズする団体を作り,評議委員会で承認を得る。
- 賛助会員がまだ少ないので,企業への案内を出す。ゲノム創薬フォーラムや CBI 研究会に参加している企業など。

#### 配付資料

- 第1回評議委員会議事録
- 第1回幹事会議事録
- 研究会,およびワーキンググループの案内
- 賛助会員一覧

## 回覧資料

- ・ホームページ ・会則 ・細則 ・役員一覧 ・会員名簿
- ・特許法第30条等に基づく学術団体,博覧会に関する指定手続き等について


 その他

## ■ 初代役員一覧

会 長	金久 實 (京都大学化学研究所)	任期 平成11年12月13日 ～平成13年 3月31日
副 会 長	藤田 芳司 (グラクソ・ウェルカム株式会社)	
会計監査	市吉 伸行 (株式会社三菱総合研究所)	
	藤山秋佐夫 (国立遺伝学研究所)	
幹 事	秋山 泰 (工業技術院電子技術総合研究所)	
	五斗 進 (京都大学化学研究所)	
	中井 謙太 (東京大学医科学研究所)	
	松田 秀雄 (大阪大学基礎工学部)	
	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)	任期 平成11年12月13日 ～平成13年 3月31日
評 議 員	井原 茂男 (株式会社日立製作所)	
	江口 至洋 (三井情報開発株式会社)	
	皿井 明倫 (理化学研究所)	
	高井 貴子 (国立医薬品食品衛生研究所)	
	田畑 哲之 (財団法人かずさDNA研究所)	
	永井 啓一 (株式会社ヘリックス研究所)	
	中西 憲之 (田辺製薬株式会社)	
	根本 靖久 (山之内製薬株式会社)	
	福島 信弘 (日本SGI株式会社)	
	藤田 芳司 (グラクソ・ウェルカム株式会社)	
浅井 潔 (工業技術院電子技術総合研究所)	任期 平成11年12月13日 ～平成14年 3月31日	
金久 實 (京都大学化学研究所)		
久原 哲 (九州大学大学院生物資源環境科学研究科)		
高木 利久 (東京大学医科学研究所)		
小長谷明彦 (北陸先端科学技術大学院大学)		
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)		
森 浩禎 (奈良先端科学技術大学院大学)		

## ■ 賛助会員一覧 (平成12年5月30日現在)

C0001 株式会社ユニバーサル・アカデミー・プレス	C0006 グラクソ・ウェルカム株式会社
C0002 サン・マイクロシステムズ株式会社	C0007 コンパックコンピュータ株式会社
C0003 日本SGI株式会社	C0008 山之内製薬株式会社
C0004 CTCラボラトリーシステムズ株式会社	C0009 株式会社トミー精工
C0005 田辺製薬株式会社	C0010 株式会社シーティーアイ

# JSBi

JSBi News Letter

## 編 集 後 記

学会発足以来、長らくお待たせいたしました。ここに学会ニュースレターの第一号をお届けいたします。会員の皆さまに必要な情報がうまく伝わっているかどうか、少し心配です。学会ホームページと併せてご参照ください。第一回評議員会の議事録にもありますように、本学会の年会は、12月に恵比寿ガーデンプレイスで開催されるゲノム情報ワークショップ(GIW2000)のポスターセッションになります。奮ってご参加ください。また、第二回評議員会の議事録にもありますように、学会活動の目玉の一つとして、海外の関連学会(ISMB,PSB,RECOMB)で研究発表

を行う学生会員をサポートしたいと考えております。いずれ、ホームページなどに正式の案内がでる予定ですが、興味のある学生会員は学会事務局に直接問い合わせていただいても結構です(E-mail: jsb@genome.ad.jp)。なお、このニュースレターは年数回発行の予定ですが、掲載してほしい情報の提供やこんな記事がほしいというリクエストなどがありましたら、編集担当の中井までご連絡ください(電話03-5449-5619;FAX03-5449-5434;e-mail: knakai@ims.u-tokyo.ac.jp)。

(中井)

JAPANESE SOCIETY FOR BIOINFORMATICS