

计算分子生物学国际会议

郑杰¹ 姜涛²

¹美国国立卫生研究院

²美国加州大学

关键词：生物信息学

计算分子生物学国际会议（The Annual International Conference on Research in Computational Molecular Biology, RECOMB）是计算生物学和生物信息学领域最有影响力的会议。其宗旨是发展新的计算方法（算法、统计模型等），应用在分子生物学和医学研究中。

计算分子生物学国际会议，参加者主要来自计算机科学和应用数学（特别是统计学）领域，此外也得到生物医学、生物技术等工业界的参与和关注。会议从1997年开始举办，至2010年已举办了14届。自2003年以来，每年有150篇以上的投稿论文，接受率在20%左右。此外，计算分子生物学国际会议每年还邀请7~10位各领域的顶尖学者作主题演讲，包括诺贝尔医学奖得主安德鲁·费尔（Andrew Fire）和图灵奖获得者理查德·卡普（Richard Karp）。

2006年，美国加州大学圣地亚哥分校的萨拉·阿尼（Sarah J. Aerni）和利亚撒·埃斯金（Eli-eazar Eskin）发表了对计

算分子生物学国际会议创办10周年的回顾文章^[1]，其中包含“最高产作者”的排名等统计数据。本文参考了该文2001年至2006年的部分数据，并对2007年至2010年作了补充，主要介绍论文的研究方向以及在各个国家的分布等。

2003年后投稿数量开始增加，接收率降低到20%左右。计算分子生物学国际会议以论文质量高，

表1 自2001年来计算分子生物学国际会议论文投稿和接受数量

年份	投稿	接收	接收率	年份	投稿	接收	接收率
2001	128	35	27.3%	2006	215	40	18.6%
2002	118	35	29.7%	2007	170	37	21.8%
2003	175	35	20%	2008	193	34	17.6%
2004	215	38	17.7%	2009	166	36	21.7%
2005	217	40	17.5%	2010	176	36	20.5%

表2 计算分子生物学国际会议论文历年在各研究方向的分布

研究方向	合计	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010
蛋白质结构分析	56	6	6	4	6	5	12	6	2	6	3
分子进化	48	4	3	4	5	8	10	4	4	4	2
群体遗传学/SNP/单元型/拷贝数变异	40	0	4	7	3	3	2	5	5	6	5
系统生物学	40	1	1	4	2	5	4	5	7	5	6
序列分析	32	8	4	3	2	0	1	1	3	4	6
模体寻找	28	5	3	4	6	3	0	4	3	0	0
序列比对	26	2	3	1	3	3	4	2	2	2	4
基因表达	25	3	6	2	1	1	0	4	3	3	2
蛋白质组学	23	3	0	1	2	4	2	3	4	2	2
RNA分析	19	1	2	1	4	3	4	1	0	1	2
基因组重排	10	0	1	2	1	2	1	1	0	2	0
其它	18	2	2	2	3	2	0	1	1	1	4

表3 近几年计算分子生物学国际会议论文第一作者在各国家的分布

年份	美国	以色列	加拿大	德国	中国	新加坡
2007	26	5	0	2	0	2
2008	19	3	4	2	1	0
2009	22	4	3	1	1	0
2010	20	3	3	2	2	1

挑选严格而闻名于生物信息学界，竞争十分激烈。

表2显示：（1）蛋白质结构分析和分子进化这两个传统领域的论文数比较稳定；（2）群体遗传学和系统生物学在近几年增长势头较猛；（3）序列分析和序列比对的论文数在2008年之后开始增加，可能和新一代测序技术（Next Generation Sequencing）的迅猛发展有关。

本文和文献[1]一样用第一作者的工作单位来统计论文在各国的分布。历年美国研究者发表的论文一般占有所有论文60%以上，遥遥领先于其它国家。除美国外，以色列，加拿大和德国比较活跃。表3列出了2007年以来这几个国家以及中国和新加坡在计算分子生物学国际会议发表的论文数。中国的4篇论文第一作者分别来自中国科学院计算技术研究所（2008年）、香港科技大学（2009年）、香港大学（2010年）和清华大学（2010年）。值得一提的是，署名单位在美国和加拿大的作者中有相当比例是来自中国的留学人员，表明华人学者在生物信息学领域已有一定影响力。

随着分子生物学的飞速发展，计算分子生物学国际会议也在引入一些新的规则和形式。例如，从2011年开始，计算分子生物学国际会议学习ISMB

（The annual international conference on Intelligent Systems for Molecular Biology，国际分子生物学智能系统大会）将增设highlights track报告，内容是过去一年内已发表在杂志上的较受关注的研究成果。从2011年

开始，计算分子生物学国际会议将采用并行报告会（Parallel Sessions）的形式以容纳更多方向的报告；此外，作者在投稿计算分子生物学国际会议时可以选择同时投稿到杂志，若被会议接收则将在会刊上以两页之内的摘要形式发表。■



郑杰

美国国立卫生研究院（NIH）、美国国立生物技术信息中心（NCBI）。
zhengj@ncbi.nlm.nih.gov



姜涛

美国加州大学河滨分校计算机系。
jiang@cs.ucr.edu

参考文献

- [1] Sarah J. Aerni, Eleazar Eskin. “10 Years of the International Conference on Research in Computational Molecular Biology (RECOMB)”. Proceedings of RECOMB 2006, pp. 546-562, Lecture Notes in Computer Science 3909, 2006.

CCF走进四川两所高校

2010年12月22~23日，由中国计算机学会主办的“CCF走进高校”系列活动——“把握现在 规划未来”主题报告会第28、29场在成都东软信息技术职业学院、西南科技大学两所高校成功举行。两场报告会的主讲人是杜子德（CCF秘书长、中科院计算所研究员）。

12月22日，在成都东软信息技术职业学院，杜子德为地震灾区1000多名师生演讲如何规划人生，并与师生展开了互动，现场气氛十分活跃。

12月23日，在西南科技大学，杜子德以“如何从现在规划未来”为题发表了精彩演讲，500多名师生参加了活动。该校计算机学院院长韩永国教授主持了报告会。（有一张图）（余）