

遺伝子構造・機能研究グループ

Genome Exploration Research Group

プロジェクトディレクター 林 崎 良 英
HAYASHIZAKI, Yoshihide

近年のゲノム研究の急速な進歩は、医学・薬学・生物学に多大な影響を与え、研究スタイルそのものが変貌しつつある。昨年度はヒトゲノムドラフトシーケンスが発表され、またマウスゲノム配列の決定も進みつつあることに基づき、大量ゲノムデータの解析とそれを出発点とした新しいスタイルの医学、生物学研究が始まった年であり、大量データ、大量遺伝子リソースに基づく遺伝子の機能解析、生物学的意義の追及も始まった。その一方で、タンパクの構造を直接規定している転写単位の間隔がゲノム配列のみからでは限界があることが明らかになり、転写単位を網羅的に調べることは依然重要である。当研究グループは、遺伝子資源解析研究チーム、遺伝子構造解析研究チーム、遺伝子情報解析研究チーム、遺伝子機能探索技術研究チームからなり、ゲノム DNA およびその転写単位の遺伝情報を高速に引き出し、生物現象を包括的に理解することを目指している。そのため、生物、とくにマウスの持つ全ての完全長遺伝子クローン資源、遺伝子配列情報資源、遺伝子座情報資源、遺伝子発現情報資源をまとめた「遺伝子エンサイクロペディア」の作製を進めている。これまで累計で 60,770 個のマウス完全長 cDNA の塩基配列情報、予測機能情報、クローン資源の整備を進めた。また、遺伝子機能の網羅的解析として遺伝子ネットワークの大規模解析を次期研究対象と考え、要素技術（遺伝子発現解析システム、タンパク質の機能予測、タンパク-タンパク相互作用、タンパク DNA 相互作用）の開発、解析システムの構築を進めた。

また、ここで確立した完全長 cDNA 技術とシーケンス技術を用い、単子葉植物のモデルとして学術的に重要な研究対象であると同時に、重要穀物でもあるイネの完全長 cDNA プロジェクトも実施中である。

I. マウス遺伝子エンサイクロペディアの作製

1. 完全長 cDNA ライブラリー作製法の開発 (Carninci, 白木, 広実, 中村, 坂詰, 早津, 脇, 佐藤 (健))^{*1}, 綿引^{*2}, 石塚^{*3}, 伊藤, 柴田 (一), 荒川, 今野, 石井, 芋谷, 佐々木, 宮崎, 河合, 岡崎, 林崎)

[参照 生体分子機能研究室 1.]

2. シーケンス反応系の改良 (伊澤^{*4}, 相澤, 柴田 (一))

[参照 生体分子機能研究室 2.]

3. シーケンス泳動系の改良 (相澤, 柴田 (一))

[参照 生体分子機能研究室 3.]

4. マウス完全長 cDNA クローン収集と、全長シーケンス決定 (伊藤, 柴田 (一), 河合, 今野, 足立, 近藤, 大里, Carninci, 早津, 廣實, 白木, 中村 (真), 荒川, 石井, 芋谷, 佐々木, 香川, 福田)

上記の RISA システムを用い、これまでに 276 組織/細胞から 377 のマウス完全長 cDNA ライブラリを作製し、約 1,300,000 個の cDNA クローンの 3' 端部分配列を決定し、その結果、約 160,000 種に分類される cDNA を得た。そのうち、60,770 クローンの全長シーケンスを決定した。

5. cDNA のタンパク質コーディング領域を推定 (足立) cDNA の塩基配列からタンパク質コーディング領域

(CDS) を決めることは意外に難しい。なぜなら全ての cDNA に CDS が含まれているわけではないし、1 つの cDNA に複数の長い ORF が存在することもあるので、真の ORF と偽陽性な ORF を判別しなければならない。また cDNA は途中で切れてしまうこともあるし、イントロンを含む未成熟なものも存在する。さらにシーケンシングの過程の塩基置換に伴う開始と終止コドンの発生と消失、塩基の挿入と欠失に伴うフレームシフトによる CDS の分断などが起こり得る。そこで CDS が既知の cDNA 配列から CDS の特徴を抽出し、新しい確率モデルの構築を行った。このモデルとベースコールの信頼性を表す Quality Value を使い、エラーを含んだ配列から CDS を推定する新しいプログラム ProCrest (Protein Coding Region Estimator) を開発した。このプログラムは、既知の配列から得られた CDS を含む ORF と含まない ORF の統計情報をもとに、複数の ORF 間の判別や、CDS を含まないものの判定も行える。また配列の CDS らしさをグラフィカルに表示する viewer としての機能も持つ。さらにシーケンシングのエラーも検出するので、配列の最終的な決定作業にも有効なツールとなる。

6. マウス完全長 cDNA に対する機能予測とアノテーション (古野, 岡崎, 坊農^{*5}, 二階堂^{*3}, 足立, Carninci, 粕川^{*4}, 河合, 清澤, 今野, 野上^{*3}, 長谷川^{*3}, 大里, 斉藤 (輪), 近藤, 鈴木 (治), 外丸^{*6}, 八木, 山中, 林崎) 2000 年夏、当研究グループはマウス完全長 cDNA 機能ア

ノテーション (FANTOM) 国際会議を開催し、遺伝子機能を注釈するための国際ルールを議論した。本年度も、公開されたマウス cDNA の配列データに対して、FANTOM 会議で決められたルールに従い最新の公共データに基づいて機能注釈の更新を継続して行った。更新に際しては、配列相同性相同解析の結果表示の最適化および同一遺伝子クラスターの一括注釈記録システムによる機能注釈作業の効率化を行った。また、遺伝子機能をコンピュータにより自動的に予測するシステムの開発も行った。これらの補助システムを活用し、2001 年 2 月に公開された 2 万クローンについて、2001 年 10 月および 12 月に更新されたアノテーションを公開した。

さらに、これまでにマウスエンサイクロペディアプロジェクトにより全長配列が決定されたマウス cDNA 6 万クローンについて、アノテーションの議論を行うために FANTOM2 国際共同研究を行った。2001 年 10 月には FANTOM 会議の主要メンバーを中心に国内外の研究者約 20 人を招聘し、多くの解析情報を用いて効率よくアノテーションをつける方法を議論した。2002 年 2 月から 3 月にかけては、理研を含む国内外の研究者約 80 人が参加し、6 万クローンの cDNA の機能アノテーションを行う国際インターネット会議 (MATRICS: Mouse Annotation Teleconference for RIKEN cDNA Sequence) を開催した。この会議では、各国の研究者がインターネットを介して、理研のサーバーにアクセスし、理研 cDNA に対する解析結果に基づいた機能アノテーションを行った。

7. FANTOM annotation system の開発 (粕川^{*4}, 坊農^{*5}, 古野, 二階堂^{*3}, 林崎, 岡崎)

上記のように、これまでに全長配列が決定されたマウス cDNA 6 万クローンに対して機能アノテーションをつけるために、2002 年 2 月から 3 月にかけて、インターネットを介して、世界各地から研究者が理研のサーバーにアクセスし、アノテーションの入力を行う遠隔会議が行われた。この遠隔会議を行うために、昨年度 FANTOM1 国際会議のために開発・使用され、さらにアノテーションデータの更新のために使われてきた FANTOM annotation system (FANTOM+) の拡張・改良を行った。より大量のデータからどのように効率良くアノテーションを決定して行くかという問題に対応するため、2001 年 10 月に国内外の研究者約 20 名を招聘して行われた FANTOM2 Typhoon Meeting で議論された結果を基に、より効果的なデータの見せ方や、各研究者が自分の専門分野に関連するクローンを見つけられるような仕組みの実装などを中心に改良を行った。また、あらかじめアノテーションを決めておくこと、およびクローンの分類のために、自動アノテーション方法の検討・開発も行った。

8. 完全長 cDNA のヒト・マウス染色体へのマッピング (近藤, 伊藤, 柴田 (一), 河合, 石井, 荒川, 福田, 林崎)

マウス完全長 cDNA 6 万配列をヒトドラフトゲノム配列にマップした。6 万配列の内 4 万 3 千配列が 2 万 1 千の遺伝子座位にマップされた。また、同 6 万配列をマウスドラフトゲノム配列にマップし、5 万 4 千配列を 2 万 9 千遺伝子座位にマップできた。両ゲノム配列へのマッピング結果を比較することにより、上記 6 万配列をタンパク質をコー

ドする遺伝子、およびタンパク質をコードしていない配列に分類し、各カテゴリーについて解析中である。また、同一座位にマップされる配列群を比較し、転写単位の多様性について分析中である。両ゲノム配列上で各完全長配列が最も強い相同性を示す座位群の遺伝子構造: GC 含量, エキソン・イントロン長および 1 座位あたりのイントロン数等の解析も行った。

9. 完全長 cDNA の染色体へのマッピングおよびそのビューワー (清澤, 近藤, 山中, 坂井 (勝))

ヒトゲノム上、およびマウスゲノム上にマップしたマウス完全長 cDNA の viewer, Genomppaer を改良した。昨年度より RIKEN マウス完全長 cDNA と共に、遺伝子予測プログラムによる予測遺伝子、既知遺伝子として、NCBI の RefSeq, Unigene の代表クラスター、更に、サテライトマーカーなどをマップし利用しているが、本年度は、新たに文献情報から集めた遺伝疾患の情報を格納するデータベースをリンクすることにより、疾患遺伝子の候補となる遺伝子群を的確にリストアップできるようにした。

10. 完全長 cDNA マイクロアレイを用いた遺伝子発現解析

(1) DNA マイクロアレイを用いた虚血再灌流傷害における保護遺伝子の解析 (二反田^{*7}, 後藤^{*7}, 橋本^{*7}, 林崎, 岡崎)

臓器が予め短時間の虚血に晒されることで、引き続き起こる長時間の虚血再灌流傷害に対して臓器が耐性を得る ischemic preconditioning (IP) という現象が知られている。本研究は虚血再灌流傷害に対する IP の保護効果を検証し、さらに DNA マイクロアレイを用いて、傷害の軽減に関わる新規遺伝子の同定を目的としている。本年度はマウス肝の虚血再灌流モデルを作製し、IP 負荷の有無による肝逸脱酵素の測定と肝組織の TUNEL 染色を行った。更にマイクロアレイによる解析を行い、IP を負荷した群としない群のデータを比較して発現が大きく変化した遺伝子のスクリーニングを行った。その結果、IP 負荷群で逸脱酵素は著明に低下し、アポトーシス細胞の減少も認めた。またマイクロアレイの解析では、IP によって発現が増加した遺伝子は約 2,000 個あり、この中には HSP72 や thioredoxin など虚血再灌流傷害を軽減するとして過去に報告されているものが認められる一方で、現在のところ虚血再灌流傷害との関連が明らかにされていない転写因子や growth factor も含まれていた。今後はこれらの候補遺伝子を細胞に導入し、*in vitro* で保護効果の確認を行う予定である。

(2) マイクロアレイと MRL/MpJ-Fas^{lpr} mouse を用いた SLE 関連遺伝子の検索 (坂井 (勇)^{*7}, 首村^{*7}, Carninci, 白木, 二階堂^{*3}, 粕川^{*4}, 坊農^{*5}, 水野^{*2}, 福田, 荒川, 石井, 香川, 河合, 林崎, 岡崎)

我々は C57BL/6J マウス, NOD (non obese diabetes) マウス由来の dendritic cell, activated macrophage, LPS stimulated born marrow から完全長 cDNA ライブラリーを構築し、重複のないクローンのみを収拾した。また免疫学的に重要と考えられる既知遺伝子群をリストアップし現在までに当研究グループで所有している遺伝子群とホモロジーサーチを行った。その結果 70%以上の遺伝子がこれら

の既知遺伝子と一致し、当研究グループがこれらの遺伝子を既に保有していることが分かった。これらのクローンをを用いて免疫チップなるものを作製した。

一方、我々は MRL/MpJ-Faslp^r マウスに着目した。このマウスはヒト SLE と非常に類似した症状を呈することで知られている。特に腎臓においては現在までに CSF-1, TNF- α などが腎病変を悪化させる分子であることが報告されている。これらの分子について免疫チップおよび RIKEN mouse 19K マイクロアレイを用いて遺伝子発現解析を行った。

(3) マイクロアレイによるマウス肝がんの包括的遺伝子発現解析 (下地^{*7}, 秋吉^{*7}, 林崎, 岡崎)

我々は日本産の野生マウスで肝発がん耐性の MSM とラボラトリーマウスで肝発がん感受性の C3H マウスの F1 に diethylnitrosamine (DEN) で誘発した肝がんの遺伝子変化を検討している。今回、マイクロアレイ法を用いて個の肝がん中の遺伝子発現の変化を包括的に解析した。

方法: DEN で MSC3F1 マウスに誘発した 5 個の肝がんより totalRNA を抽出し、理研マウス全長 cDNA, 19K マイクロアレイを用いて遺伝子発現を検索した。コントロールとして、Adult MSC3F1 マウス肝臓を用いた。

結果: 約 17,000 個の遺伝子が解析可能であった。そのうち 4 個以上の肝がん共通して 4 倍以上の発現亢進が見られた遺伝子は 53 個, 1/4 以下に発現低下が見られた遺伝子は 141 個であった。もっとも発現量亢進がみられた遺伝子は AFP (α fetoprotein) で、約 64 倍亢進していた。

肝がんでは髄外造血が見いだされることを反映して、hemoglobin 関連の遺伝子が 26 個見いだされた。がん関連遺伝子では IGF2 遺伝子に約 16 倍の発現亢進が見られた。発現低下が見られた遺伝子群中には代謝関連酵素である GST (glutathion-S-transferase) 遺伝子が 5 種含まれ、他に major urinary protein などの分化形質が多く含まれた。他方、発現量で変化が見いだされた遺伝子の中には機能解析のすすんでいないものも多く含まれており、我々が現在まで進めてきたゲノムレベルでの変異の解析をふまえて解析を進めている。

11. タンパク-タンパク相互作用解析 (PPI) (鈴木(治), 斎藤(輪), 金森, 甲斐)

遺伝子の機能を調べるために遺伝子がコードするタンパク質間の相互作用 (PPI) を調べることは非常に重要である。我々は哺乳動物の培養細胞を用いた 2-ハイブリッド法 (mammalian two-hybrid 法) をベースとし、網羅的に PPI を調べるための新規ハイスループット解析法を開発した。その特徴はアッセイサンプルが PCR のみを利用して迅速に作製できること、384 アッセイプレートと半自動分注機を用いたハイスループットアッセイシステムであることである。

実験により見いだされたマウス PPI の数は現在 1,000 を超えている。我々はこれらのデータを詳細に解析するために “Protein-protein interaction (PPI) network viewer” を開発した。このソフトでは予想相互作用強度を線の太さで表示することにより、主要な相互作用ネットワークが一目で分かるようになっている。また相互作用情報は、配列情報、染色体上のマップ情報、マイクロアレイによる遺伝子発現情報とリンクしており、生物学的に意味があると考え

られる相互作用を迅速に見いだすことが可能である。

PPI network viewer を用いて見いだされた興味深い相互作用についての生化学的解析も行った。すなわち TNF 情報伝達に關する TRAF2 に結合する新規タンパク質を同定し T2BP (TRAF2 binding protein) と命名した。T2BP は TRAF2 の TRAF ドメインと結合すること、T2BP を HEK293 細胞で強制発現させると TNF による刺激なしで NF- κ B や AP-1 を活性化することが明らかとなった。また、この解析を通じて PPI アッセイシステムで見いだされた相互作用について、免疫沈降法による確認、結合領域を迅速に調べる方法、培養細胞を用いたタンパク質機能解析法などの基本的解析システムを確立した。

PPI データをバイオインフォマティクスを用いて解析することにも力を注いだ。一般に 2 ハイブリッド法で得られた PPI データは偽陽性が多いことが知られているが、遺伝子間の発現に相関があるものは偽陽性の可能性が低いことが判明し、タンパク質間相互作用と発現データを組み合わせることで質の高い相互作用データをフィルタリングできることを示した。さらに、PPI データのみを用いて各相互作用の信頼性を簡便に評価する Interaction Generality 法を開発した。この方法を用いて公開されている酵母 PPI データを整理解析した結果、未知タンパク質の機能推定を行うことができた。

12. タンパク DNA 相互作用解析 (PDI) (鈴木(正), 外丸^{*6})

遺伝子発現のカスケードおよび階層構造を同定し、さらには遺伝子発現制御のネットワークを解析することを目指して、DNA 結合性転写調節因子 DNA-binding transcription factor (DBTF) が認識・結合する DNA 要素配列を探索・同定・解析し、その DNA 要素配列を制御領域として有する遺伝子を同定する系の開発を進めている。モデル系としては、発生・分化において重要な役割を果たし、糖尿病の成因にも数えられている肝細胞核因子群 (HNFs) およびそれと生理学的に関連のある転写調節因子群から成る転写制御系を解析している。

タンパク質-DNA 相互作用を利用した遺伝子発現カスケードの解析を行うために、種々の DBTF の大腸菌内発現を検討した。目的の DBTF をコードする cDNA クローンとしては、理研マウス cDNA クローンを利用し、理研クローン中になくのものについては、マウス肝または膵 mRNA を用いて RT-PCR により cDNA を作製した。調製した cDNA を用いて GATEWAY クローニングシステムにより、His6-tag/マウス HNF 発現クローンを作製した。発現を試みた DBTF のうち、マウス HNF1, 1, 3, 3, 6, NeuroD1/Beta-2, Pdx-1/IPF-1 の 7 種で効率のよい発現が観察された。精製した HNF3 を用いて HNF3 に特異的に結合するマウスゲノム DNA 断片の増幅と濃縮が可能であることが確認された。

転写調節因子の機能を解析するために、転写調節因子の mRNA を特異的に分解し、それによる被制御遺伝子の転写レベルの低下を評価する実験系の構築に取りかかっている。モデル実験として、外来性のプラスミド上に乗せた cDNA からの転写物である GFP mRNA に対する siRNA (短い二本鎖 RNA) を細胞内に導入したところ、一定時間後に

GFP の蛍光が顕著に抑えられた。また、内在性の遺伝子からの転写物として、ラミン A/C mRNA を攻撃するために、その配列の一部に相当する siRNA を細胞内に導入したところ、ラミン A/C タンパク質のレベルが対照と比較して顕著に低下することも観察された。転写調節因子機能の解析に利用するため、Real time PCR による転写調節因子被制御遺伝子の特異的 mRNA の定量実験も開始した。

II. イネゲノム完全長 cDNA の収集と解析 (Carninci, 白木, 荒川, 石井, 芋谷, 佐々木, 香川, 大里, 河合, 今野, 福田, 足立, 近藤, 斉藤 (輪))

カタログ化したイネ完全長 cDNA クローンバンクから、5' 端シーケンス, 10,849 個 (累計 75,820 個), 3' 端シーケンス, 10,504 個 (累計 96,475 個) を得た。大里らが開発した二段階分類法 (昨年度報告) により分類したところ, 15,000 種以上の cDNA を含んでいると判断された。

ショットガンシーケンス法や、プライマーウォーキング法で全長シーケンスを決定した。その結果, 11,000 を超えるクローンの全長シーケンスを決定できた。全長を決定できた cDNA クローンのインサートの平均鎖長は 1953 bp, 最長クローンは 6528 bp であった。シーケンス精度は, 各 cDNA において平均 99% 以上で決定できた。

GenScan (シロイヌナズナの解析条件) を用いたタンパクのコーディング領域を予測したところ, 100 アミノ酸よりも大きなタンパクをつくるであろうと予測された cDNA は全体の 95% と高率であった。これは理研完全長 cDNA ライブラリーのコンプレキシティが高く, 多種の cDNA を網羅していることを示唆している。

^{*1} 技術研究生, ^{*2} 研修生 (筑大大学院), ^{*3} 研修生 (横浜市大大学院), ^{*4} 共同研究員, ^{*5} 基礎科学特別研究員, ^{*6} ジュニア・リサーチ・アソシエイト (筑大大学院), ^{*7} 研修生

Research Subjects and Members of Genome Exploration Research Group

Head

Dr. Yoshihide HAYASHIZAKI

Team Leaders

Dr. Yasushi OKAZAKI (Genome Resource Exploration Team)

Dr. Yoshihide HAYASHIZAKI (Genome Structure Exploration Team)

Dr. Jun KAWAI (Genome Informatics Exploration Team)

Dr. Harukazu SUZUKI (Genome Function and Technology Exploration Team)

Members

Genome Resource Exploration Team

Dr. Ken YAGI

Ms. Naoko TOMINAGA

Ms. Yuki TSUJIMURA

Ms. Rieko YANO

Genome Structure Exploration Team

Dr. Masanori SUZUKI

Mr. Kiyoshi YOSHIDA

Dr. Jun-ichi AKIYAMA

Mr. Katsuo NISHI

Dr. Hidenori KIYOSAWA

Dr. Shinji KONDO

Dr. Jun ADACHI

Dr. Rintaro SAITO

Dr. Itaru YAMANAKA

Dr. Katsunaga SAKAI

Dr. Toshihisa OHKIDO

Dr. Masaaki FURUNO

Dr. Toshihisa KATO

Dr. Mutsumi KANAMORI

Mr. Norihito HAYATSU

Ms. Yumi KOJIMA

Ms. Ikuko KAGAWA

Mr. Toshiyuki SHIRAKI

Mr. Tetsuya SAITO

Mr. Takahiro ARAKAWA

Ms. Tomoko HIROZANE

Mr. Yuji SOGABE

Mr. Susumu KOYA

Mr. Daisuke SASAKI

Mr. Chikatoshi KAI

Mr. Naoki OHSATO

Ms. Ayako YASUNISHI

Mr. Hidetoshi NIITSUMA

Mr. Shigeyasu YOSHIDA

Mr. Yoshiyuki ISHII

Ms. Hiromi TORIGOE

Ms. Yoko UEDA

Ms. Chitose KURIHARA

Ms. Mariko OHNO

Ms. Ai MIYAZAKI

Mr. Michihira TAGAMI

Ms. Mari NAKAMURA

Ms. Naoko SAKAZUME

Ms. Michiko HASUIKE

Ms. Tomoko HANAGAKI

Mr. Kohichi IMOTANI

Ms. Emi HIRATSU

Ms. Hiromi SANO

Ms. Takako AKIMURA

Ms. Rie NUMAZAKI

Ms. Yoshiko TAKEDA

Mr. Kazuhito NOMURA

Mr. Shiro FUKUDA

Ms. Fumi HORI

Mr. Hideaki KONNO

Mr. Wataru HASHIDUME

Ms. Sumiko KAWABE
Ms. Hiromi ISAKA
Ms. Miki AOYAMA
Mr. Kengo HAYASHIDA
Mr. Mitsuyoshi MURATA
Ms. Tsugumi KAWASHIMA
Ms. Maki SHIMADA
Ms. Yukari SHIGEMOTO
Ms. Michiko TABARA
Mr. Kazunori WAKI
Mr. Takeshi HANAMI

in collaboration with

Dr. Hidemasa BONO (Genome Science Lab.)
Dr. Piero CARNINCI (Genome Science Lab.)
Dr. Masayoshi ITOH (Genome Science Lab.)
Mr. Tokuji KITSUNAI (Research Instruments Development Div.)
Dr. Tohru KOBAYASHI (Condensed Molecular Materials Lab.)
Dr. Yukari MATSUO (RI Beam Science Lab.)
Dr. Mizuki NISHIMURA (RI Beam Science Lab.)
Dr. Hiromichi OHMORI (Research Instruments Development Div.)
Dr. Hiroshi ODA (Genome Science Lab.)
Ms. Chie OWA (Genome Science Lab.)
Mr. Kenjiro SATO (Genome Science Lab.)
Dr. Katsumi SENOO (Research Instruments Development Div.)
Dr. Kazuhiro SHIBATA (Genome Science Lab.)
Dr. Isao TANIHATA (RI Beam Science Lab.)

Visiting Members

Mr. Yasushi HASEGAWA (NTT Software Corp.)
Dr. Yasufumi ICHIKAWA (Sch. Med., Yokohama City Univ.)
Mr. Masaki IZAWA (Div. Res. Dev., Nippon Gene Co., Ltd.)
Dr. Yuuichi ISHIKAWA (Sch. Med., Yokohama City Univ.)
Mr. Takeya KASUKAWA (NTT Software Corp.)
Dr. Hiroaki KANDA (Cancer Inst.)
Dr. Kengo KINOSHITA (Yokohama City Univ.)
Mr. Kenichi KUROKI (NTT Data)
Mr. Kouji KADOTA (Univ. Tokyo)
Dr. Akinori KIDERA (Yokohama City Univ.)
Mr. Hideya KAWAJI (NTT Software Corp.)
Dr. Shotaro KOHTSUKI (Tottori Univ. Environ. Stud.)
Dr. Hirochika MAKINO (Yokohama City Univ.)
Dr. Hideo MATSUDA (Grad. Sch. Eng. Sci., Osaka Univ.)
Mr. Shuhei SAITO (NTT Data)
Mr. Yasuhiro TOMARU (Univ. Tsukuba)

Trainees

Mr. Shingo AKIYOSHI (Toyama Med. Pharm. Univ.)
Mr. Hiroyuki ANDO (Yokohama City Univ.)
Mr. Morio ENDO (Yokohama City Univ.)
Dr. Junshin FUJIYAMA (Kyoto Pref. Univ. Med.)
Dr. Hitoshi GOTO (Tohoku Univ.)
Dr. Munetaka HASHIMOTO (Tohoku Univ.)
Ms. Yuki HASEGAWA (Yokohama City Univ.)
Ms. Yukiko ISHIZUKA (Yokohama City Univ.)
Mr. Takatoshi KOBAYASHI (Yokohama City Univ.)
Mr. Takashi KODERA (Tokyo Coll. Med.-Pharm. Technol.)
Dr. Moritoshi KADOMURA (Niigata Univ.)
Dr. Tomoyuki MORITA (Yokohama City Univ.)
Ms. Tomoko MATSUMOTO (Yokohama City Univ.)
Mr. Yousuke MIZUNO (Univ. Tsukuba)
Ms. Rika MIKI (Univ. Tsukuba)
Dr. Hiroyuki NITANDA (Tohoku Univ.)
Mr. Itoshi NIKAIIDO (Yokohama City Univ.)
Ms. Atsuko NOGAMI (Yokohama City Univ.)
Ms. Kaoru NAKANO (Tokyo Tech. Coll.)
Ms. Natsue OMI (Kyoto Univ.)
Dr. Takehito SAKAI (Niigata Univ.)
Mr. Hirohiko SAKAI (Waseda Univ.)
Dr. Daisuke SHIMIZU (Yokohama City Univ.)
Dr. Takashi SHIMOJI (Tokyo Med. Dental Univ.)
Mr. Taku TANAKA (Yokohama City Univ.)
Mr. Yasuhiro TOMARU (Sch. Med., Univ. Tsukuba)

誌 上 発 表 Publications

[雑誌]

(原著論文) *印は査読制度がある論文誌

Shibata Y., Carninci P., Watahiki A., Siraki T., Konno H., Muramatsu M., and Hayashizaki Y.: "Cloning full-length, cap-trapper-selected cDNAs by using the single-strand linker ligation method", *BioTechniques* **30**, 1250–1254 (2001). *

Shibata Y., Carninci P., Sato K., Hayatsu N., Siraki T., Ishii Y., Arakawa T., Hara A., Osato N., Izawa M., Aizawa K., Ito M., Shibata K., Shinagawa A., Kawai J., Ota Y., Kikuchi S., Kishimoto N., Muramatsu M., and Hayashizaki Y.: "Removal of polyA tails from full-length cDNA libraries for high-efficiency sequencing", *BioTechniques* **31**, 1042–1049 (2001). *

Sakai H., Washio T., Saito R., Shinagawa A., Ito M., Shibata K., Carninci P., Konno H., Kawai J., Hayashizaki Y., and Tomita M.: "Correlation between sequence conservation of the 5' untranslated region and codon usage bias in *Mus musculus* genes", *Gene* **276**, 101–105 (2001). *

Bono H., Kasukawa T., Nikaido I., Furuno M., Hayashizaki Y., and Okazaki Y.: "READ: Practical analysis system of mouse transcriptome with the FANTOM database", *Genome Inf.* **12**, 232–233 (2001). *

Kawagashira N., Ohtomo Y., Murakami K., Matsubara K.,

- Kawai J., Carninci P., Hayashizaki Y., Kikuchi S., and Higo K.: "Multiple zinc finger motifs with comparison of plant and insect", *Genome Inf.* **12**, 368–369 (2001). *
- Suzuki H., Fukunishi Y., Kagawa I., Saito R., Oda H., Endo T., Kondo S., Bono H., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: "Protein-protein interaction panel using mouse full-length cDNAs", *Genome Res.* **11**, 1758–1765 (2001). *
- Carninci P., Shibata Y., Hayatsu N., Ito M., Siraki T., Hirozane T., Watahiki A., Shibata K., Konno H., Muramatsu M., and Hayashizaki Y.: "Balanced-size and long-size cloning of full-length, cap-trapped cDNAs into vectors of the novel λ -FLC family allows enhanced gene discovery rate and functional analysis", *Genomics* **77**, 79–90 (2001). *
- Isono K., Abe K., Tomaru Y., Okazaki Y., Hayashizaki Y., and Koseki H.: "Molecular cloning, genetic mapping, and expression of the mouse *Sf3b1*(SAP155) gene for the U2 snRNP component of spliceosome", *Mamm. Genome* **12**, 192–198 (2001). *
- Kondo S., Shinagawa A., Saito T., Kiyosawa H., Yamanaka I., Aizawa K., Fukuda S., Hara A., Ito M., Kawai J., Shibata K., and Hayashizaki Y.: "Computational analysis of full-length mouse cDNAs compared with human genome sequences", *Mamm. Genome* **12**, 673–677 (2001). *
- Seki M., Narusaka M., Shinozaki K., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., and Shinozaki K.: "*Arabidopsis* encyclopedia using full-length cDNAs and its application", *Plant Physiol. Biochem.* **39**, 211–220 (2001). *
- Kanamori M., Suzuki H., Saito R., Muramatsu M., and Hayashizaki Y.: "T2BP, a novel TRAF2 binding protein, can activate NF- κ B and AP-1 without TNF stimulation", *Biochem. Biophys. Res. Commun.* **290**, 1108–1113 (2002). *
- Mizuno Y., Sotomaru Y., Katsuzawa Y., Kono T., Meguro M., Oshimura M., Kawai J., Tomaru Y., Kiyosawa H., Nikaido I., Amanuma H., Hayashizaki Y., and Okazaki Y.: "*Asb4*, *Ata3*, and *Dcn* are novel imprinted genes identified by high-throughput screening using RIKEN cDNA microarray", *Biochem. Biophys. Res. Commun.* **290**, 1499–1505 (2002). *
- Kawaji H., Schoenbach C. D., Matsuo Y., Kawai J., Okazaki Y., Hayashizaki Y., and Matsuda H.: "Exploration of novel motifs derived from mouse cDNA sequences", *Genome Res.* **12**, 367–378 (2002). *
- Yamanaka I., Kiyosawa H., Kondo S., Saito T., Carninci P., Shinagawa A., Aizawa K., Fukuda S., Hara A., Ito M., Kawai J., Shibata K., Arakawa T., Ishii Y., and Hayashizaki Y.: "Mapping of 19032 mouse cDNAs on mouse chromosomes", *J. Struct. Funct. Genom.* **2**, 23–28 (2002). *
- Bono H., Kasukawa T., Furuno M., Hayashizaki Y., and Okazaki Y.: "FANTOM DB: database of functional annotation of RIKEN mouse cDNA clones", *Nucleic Acids Res.* **30**, 116–118 (2002). *
- Bono H., Kasukawa T., Hayashizaki Y., and Okazaki Y.: "READ: RIKEN expression array database", *Nucleic Acids Res.* **30**, 211–213 (2002). *
- Buerstedde J., Arakawa H., Watahiki A., Carninci P., Hayashizaki Y., Korn B., and Plachy J.: "The DT40 web site: sampling and connecting the genes of a B cell line", *Nucleic Acids Res.* **30**, 230–231 (2002). *
- (総説)
- 柴田一浩, 林崎良英: "理研 384 フォーマットシーケンシングパイプライン", *バイオベンチャー* **1**, No. 1, pp. 93–96 (2001).
- 坊農秀雅: "かならず役立つバイオインフォマティクス入門 連載第1回: バイオインフォマティクスで何ができるの?", *バイオベンチャー* **1**, No. 1, pp. 125–131 (2001).
- 坊農秀雅: "かならず役立つバイオインフォマティクス入門 連載第2回: バイオインフォマティクスのための考え方: バイオインフォマティクス勉強法", *バイオベンチャー* **1**, No. 2, pp. 124–130 (2001).
- 坊農秀雅: "かならず役立つ バイオインフォマティクス入門 連載第3回: 公共データベースを使ってみよう! ~ 実際の公共データベースの利用法 ~", *バイオベンチャー* **1**, No. 3, pp. 121–127 (2001).
- 三木理雅, 林崎良英, 岡崎康司: "RIKEN マウス DNA マイクロアレイを用いた発現解析", *Cytometry Res.* **11**, 15–22 (2001).
- 大城戸利久: "マウス完全長 cDNA の機能アノテーション", *DDBJ Rep.* **2001**, March, pp. 5–8 (2001).
- 相澤克則: "電場を用いる DNA 塩基配列決定法: 現状と革新的代替法", *キャピラリー電気泳動ジャーナル「CE アドバンス」* **5**, No. 2, pp. 45–50 (2001).
- 門田幸二, 岡崎康司: "マイクロアレイデータの前処理", *医学のあゆみ* **197**, 791–792 (2001).
- 林崎良英: "遺伝情報探索のためのゲノム計測法", *応用物理* **70**, 984–988 (2001).
- 清澤秀孔, 林崎良英: "マウスゲノム解析の現状", *化学と生物* **39**, 504–512 (2001).
- 石川孝, 浜口洋平, 市川靖史, 神山雅子, 西塚至, 国崎主税, 渡会伸治, 岡崎康司, 林崎良英, 嶋田紘: "抗癌剤感受性と cDNA マイクロアレイによる遺伝子発現解析", *癌治療と宿主* **13**, 243–250 (2001).
- 大城戸利久, 坂井勝呂, 古野正朗, 林崎良英: "マウス・ゲノム塩基配列決定の状況と意義", *蛋白質 核酸 酵素* **46**, 1277–1282 (2001).
- 清澤秀孔, 林崎良英: "マウス遺伝子エンサイクロペディアプロジェクト: 新規疾患関連遺伝子の同定に向けて", *蛋白質 核酸 酵素* **46**, 2365–2370 (2001).
- 坊農秀雅: "かならず役立つバイオインフォマティクス入門 連載第4回 実際に遺伝子発現情報を解析しよう: DNA マイクロアレイによる発現情報解析の実際", *バイオベンチャー* **2**, No. 1, pp. 131–138 (2002).
- 坊農秀雅: "かならず役立つバイオインフォマティクス入門 連載第5回 遺伝子多型情報の解析: SNP 解析におけるバイオインフォマティクス", *バイオベンチャー* **2**, No. 2, pp.

- 115-121 (2002).
- 林崎良英: “プロジェクト研究の舞台裏”, Sci. Technonews Tsukuba, No. 61, pp. 45-48 (2002).
- 林崎良英: “バイオインフォマティクス はじめに”, 医学のあゆみ 200, 579 (2002).
- 清澤秀孔: “バイオインフォマティクス 3: マッピング - ゲノム解読以前と以降, およびマウス完全長 cDNA の重要性”, 医学のあゆみ 200, 591-595 (2002).
- 坊農秀雅: “バイオインフォマティクス 4: 遺伝子発現情報解析”, 医学のあゆみ 200, 597-602 (2002).
- 古野正朗: “バイオインフォマティクス Topics: 機能アノテーション”, 医学のあゆみ 200, 620-621 (2002).
- 鈴木治和: “バイオインフォマティクス Topics: 蛋白質相互作用 (PPI) と病気の解明”, 医学のあゆみ 200, 627-628 (2002).
- 岡崎康司: “バイオインフォマティクス あとがき”, 医学のあゆみ 200, 629 (2002).
- (その他)
- 林崎良英: “(特別寄稿つくば賞受賞記念) Mouse Genome Encyclopedia Project”, Sci. Technonews Tsukuba, No. 59, pp. 7-10 (2001).
- 林崎良英: “マウスエンサイクロペディアとその医学生物学的研究”, 臨床薬理 32, 437-438 (2001).
- [単行本・Proc.]
- (総説)
- 古野正朗, 大城戸利久, 坂井勝呂, 林崎良英: “第1章 6. マウスエンサイクロペディア”, ポストシーケンス時代のゲノム科学 4: ゲノムから個体へ生命システムの理解に向けて, 榊佳之, 小原雄治 (編), 中山書店, 東京, pp. 69-80 (2001).
- Trakhanov S.: 白水美香子: (訳) “タンパク質結晶解析と強力シンクロトロン放射光”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 189-195 (2001).
- 木川隆則, 横山茂之: “タンパク質の高次構造決定 (NMR法)”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 196-202 (2001).
- (その他)
- 斎藤輪太郎: “コンピュータ解析による翻訳開始領域の比較ゲノム学”, ポストシーケンス時代のゲノム科学 6, 中山書店, 東京, pp. 134-146 (2000).
- 館野美成子: “BAC ライブラリーの作製”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 23-30 (2001).
- 横田倫子, 吉野正康, 福西快文: “ショットガンライブラリーの作製”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 31-36 (2001).
- 吉野正康: “Taq 酵素とPCR”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 37-42 (2001).
- 伊藤昌可: “大規模シーケンスのための鋳型プラスミドの調整法”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 44-47 (2001).
- 伊澤真樹, 石川友一: “転写シーケンス法”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 49-55 (2001).
- 柴田一浩, 相澤克則, 村松正實: “大容量 DNA マルチキャピラリーシーケンサーを用いた塩基配列解析”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 56-63 (2001).
- 河合純: “スラブゲルを用いた蛍光 DNA シーケンシング”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 64-73 (2001).
- 小島由美, 柴田一浩: “LI-COR 社製の dNA4200 シーケンサーを用いたロングリードシーケンス”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 74-78 (2001).
- 原亜矢子, 足立淳, 品川朗: “Applied Biosystems 社製 ABI PRISM 3700 DNA Analyzer によるシーケンスの実際”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 79-85 (2001).
- 相澤克則: “DNA シーケンスにおける分離性能の評価 Index (1) 理論的背景”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 89-93 (2001).
- 小島由美, 相澤克則: “DNA シーケンスにおける分離性能の評価 Index (2) ゲルの分離性能についての実例”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 94-98 (2001).
- 曾我部有司, 原亜矢子, 小島由美, 柴田一浩, 相澤克則: “シーケンスに関するトラブルとその対策: シグナル波形に関して”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 99-111 (2001).
- 高橋文子, 柴田一浩: “大規模シーケンスシステムの管理とトラブルシューティング”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川

朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 112–117 (2001).

足立淳, 福田史朗: “ベースコールと精度: Phred Quality Value のチューニング”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 120–126 (2001).

福西快文, 横田倫子, 福田史朗, 吉野正康: “アセンブル”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 127–131 (2001).

福田史朗, 堀史, 田上道平, 福西快文: “Phred/phrap/consed—アセンブルとエディティング”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 132–143 (2001).

福西快文, 松山高広, 福田史朗, 堀史, 手島佳子, 河合純: “全長決定のためのコンピューターシステム”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 144–152 (2001).

今野英明: “完全長 cDNA データベース”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 153–159 (2001).

鈴木治和: “restriction landmark cDNA scanning (RLCS) 法”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 168–173 (2001).

福西快文: “完全長 cDNA シーケンスの情報処理技術: コーディング領域・機能の予測”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 174–181 (2001).

坂井勝呂, 大城戸利久, 古野正朗: “マウス完全長 cDNA の機能アノテーション”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 182–188 (2001).

水野洋介, 三木理雅, 岡崎康司: “cDNA マイクロアレイを用いた遺伝子発現プロファイル解析”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 203–212 (2001).

門田幸二, 岡崎康司, 清水謙多郎: “マイクロアレイを用いた発現データベース構築とデータマイニング”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 213–221 (2001).

鈴木治和: “タンパク質間相互作用の解析法”, 大規模ゲノム

解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 222–228 (2001).

甲斐誓利, 鈴木治和: “マウス完全長 cDNA クローンを利用したハイスループットタンパク質間相互作用検索法”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析: 基本テクニックからバイオインフォマティクス, マイクロアレイまで, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 229–235 (2001).

口頭発表 Oral Presentations

(国際会議等)

Hayashizaki Y. and Okazaki Y.: “RIKEN mouse full-length cDNA collection: Full-length sequencing project with functional annotation (FANTOM)”, HGM 2001, Human Genome Meet., Edinburgh, UK, Apr. (2001).

Carninci P., Shibata K., Ito M., Konno H., Shibata Y., Sato K., Hayatsu N., Siraki T., Hirozane T., Aizawa K., Bono H., Kondo S., Kawai J., Yoshiki A., Kusakabe M., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: “Comprehensive selection of full-length cDNAs for the completion of the mouse cDNA encyclopedia”, 2001 Cold Spring Harbor Meet. on Genome Sequencing & Biology, Cold Spring Harbor, USA, May (2001).

Miki R., Bono H., Carninci P., Kiyosawa H., Yamanaka I., Lyon P., Todd J., Hayashizaki Y., and Okazaki Y.: “Genomewide search for genes contributing to the diabetes genetic background using differential expression profile of NOD congenic mice”, 2001 Cold Spring Harbor Meet. on Genome Sequencing & Biology, Cold Spring Harbor, USA, May (2001).

Bono H., Miki R., Kasukawa T., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: “Mining cDNA microarray expression profiles of RIKEN full-length mouse clones with functional annotation”, 2001 Cold Spring Harbor Meet. on Genome Sequencing & Biology, Cold Spring Harbor, USA, May (2001).

Okazaki Y. and Hayashizaki Y.: “RIKEN mouse full-length cDNA collection: Full-length sequencing project with functional annotation (FANTOM)”, 2001 Cold Spring Harbor Meet. on Genome Sequencing & Biology, Cold Spring Harbor, USA, May (2001).

Kasukawa T., Matsuda H., Bono H., Okazaki Y., Kohtsuki S., Hayashizaki Y., and Hashimoto A.: “MaXML: Functional annotation of mouse cDNA sequences in XML”, NETTAB 2001 Workshop on CORBA and XML: Towards a Bioinformatics Integrated Network Environment, (National Cancer Research Institute-Genova and others), Genova, Italy, May (2001).

Seki M., Narusaka M., Ishida J., Nanjo T., Fujita M., Ono Y., Kamiya A., Nakajima M., Sato M., Sakurai T., Shinozaki K., Ecker J. R., Davis R. W., Theologis A., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., and Shinozaki K.: “Arabidopsis encyclopedia using full-length cDNAs

- and its application for expression profiling under abiotic stress conditions”, 12th Int. Conf. on Arabidopsis Research, Madison, USA, June (2001).
- Fujita T., Nishiyama T., Hiwatari Y., Uchiyama I., Seki M., Kamiya A., Carninci P., Hayashizaki Y., Shinozaki K., and Hasebe M.: “A genomics based approach to finding genes involved in asymmetric cell division in the moss *Physcomitrella Patens*”, 17th Int. Conf. on Plant Growth Substances (IPGSA 2001), Brno, Czech, July (2001).
- Seki M., Narusaka M., Ishida J., Nanjo T., Fujita M., Ono Y., Kamiya A., Sato M., Sakurai T., Shinozaki K., Carninci P., Hayashizaki Y., and Shinozaki K.: “Analysis of ABA-and drought-inducible genes using *Arabidopsis* full-length cDNA microarray”, 17th Int. Conf. on Plant Growth Substances (IPGSA 2001), Brno, Czech, July (2001).
- Saito R., Suzuki H., Kagawa I., Miki R., Bono H., Konno H., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: “Analysis of gene expression profiles between interaction protein pairs in *M.musculus*”, 9th Int. Conf. on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB2001), Copenhagen, Denmark, July (2001).
- Kadota K., Okazaki Y., Nakamura S., Hayashizaki Y., and Shimizu K.: “Classification of malignant states in multistep carcinogenesis using gene expression matrix”, 9th Int. Conf. on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB2001), Copenhagen, Denmark, July (2001).
- Bono H., Kasukawa T., Nikaido I., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: “Practical transcriptome analysis system in the RIKEN mouse cDNA project”, 9th Int. Conf. on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB2001), Copenhagen, Denmark, July (2001).
- Bono H., Kasukawa T., Nikaido I., Matsuda H., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: “Open access to the FANTOM (functional annotation of mouse)”, Bioinformatics Open Source Conf. (BOSC 2001), Copenhagen, Denmark, July (2001).
- Kigawa T., Yabuki T., Terada T., Shirouzu M., Hayashizaki Y., and Yokoyama S.: “Structure and function analyses of proteins using the cell-free synthesis”, 15th Symp. of the Protein Soc., Philadelphia, USA, July–Aug. (2001).
- Matsuda H., Schoenbach C. D., Kawaji H., Kawai J., and Hayashizaki Y.: “A tool for annotating novel motifs detected in mouse full-length cDNA sequences”, Joint Cold Spring Harbor Laboratory/Wellcome Trust Conf., Cambridge, UK, Aug. (2001).
- Bono H., Kasukawa T., Nikaido I., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: “cDNA clone-based practical analysis system of transcriptome in the RIKEN mouse cDNA project: FANTOM and more”, Joint Cold Spring Harbor Laboratory/Wellcome Trust Conf., Cambridge, UK, Aug. (2001).
- Hayashizaki Y. and Okazaki Y.: “RIKEN mouse full-length cDNA collection: Full-length sequencing project with functional annotation (FANTOM)”, Mouse Molecular Genetics Meet. 2001, Heidelberg, Germany, Aug. (2001).
- Okazaki Y., Hayashizaki Y., RIKEN1 Phase, RIKEN2 Phase, CHIP Team, and FANTOM Consortium: “RIKEN mouse full-length cDNA collection with functional annotation (FANTOM) and its application to cancer genetics using microarray”, Int. Meet. of Sardinia: New Trends in Molecular Carcinogenesis, (University of Sassari), Sardinia, Italy, Sept. (2001).
- Hayashizaki Y.: “RIKEN mouse full-length cDNA collection: Full-length sequencing project with functional annotation (FANTOM)”, Pathology of Genetically-Engineered Mice II: Large Scale Phenotyping of Mutant Mice, (Karolinska Institutet), Stockholm, Sweden, Sept. (2001).
- Kiyosawa H., Kondo S., Yamanaka I., Sakai K., Saito T., and Hayashizaki Y.: “Genomapper: Mapping system of mouse full length cDNA onto genomic sequences”, 15th Int. Mouse Genome Conf., Edinburgh, UK, Oct. (2001).
- Suzuki H., Saito R., Kanamori M., Miki R., Kagawa I., Bono H., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: “PPI network viewer: Analysis of 500 protein-protein interactions obtained from RIKEN mouse full-length cDNA”, 15th Int. Mouse Genome Conf., Edinburgh, UK, Oct. (2001).
- Carninci P., Shibata K., Ito M., Arakawa T., Ishii Y., Konno H., Sato K., Hayatsu N., Siraki T., Hirozane T., Aizawa K., Bono H., Kondo S., Kawai J., Yoshiaki A., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: “Strategies to select, clone and sequence of high quality full-length cDNA from rarely transcribed mRNAs”, 15th Int. Mouse Genome Conf., Edinburgh, UK, Oct. (2001).
- Hayashizaki Y.: “RIKEN mouse full-length cDNA collection with functional annotation (FANTOM) and its application”, 8th Int. Conf. on Environmental Mutagens, Shizuoka, Oct. (2001).
- Yabuki T., Motoda Y., Matsuda N., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S.: “High-throughput and high-yield production of protein fragments using PCR and cell-free synthesis”, 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).
- Nishimura M., Tokanai F., Matsuo Y., Kobayashi T., Kawai J., Kumagai H., Midorikawa K., Tanihata I., and Hayashizaki Y.: “Simultaneous atomization and ionization of large organic molecules using femtosecond laser ablation”, 6th Int. Conf. on Laser Ablation (COLA’01), Tsukuba, Oct. (2001).
- Sakai K., Kiyosawa H., Kondo S., Yamanaka I., Saito T., and Hayashizaki Y.: “GenoMapper; mapping system of mouse full-length cDNA onto genomic sequences”, American Soc. of Human Genetics 51st Ann. Meet., San Diego, USA, Oct. (2001).
- Watahiki M., Izawa M., Ohara E., Hasegawa K., Kitamura N., Ishii K., Itooka T., Otake N., Funaki H., Yamaguchi

- M., Hayashizaki Y., and Yoneda Y.: "Improved transcriptional sequencing: dual end sequencing and specific performance by new mutated phage-derived RNA polymerases", 4th Int. Workshop on Advanced Genomics from Genomics to Proteomics, Kyoto, Nov. (2001).
- Bono H., Kasukawa T., Nikaido I., Furuno M., Hayashizaki Y., and Okazaki Y.: "READ: Practical analysis system of mouse transcriptome with the FANTOM database", 12th Int. Conf. Genome Informatics (GIW2001), Tokyo, Dec. (2001).
- Hayashizaki Y.: "Mouse genome encyclopedia", 1st Japan-UK Bioinformatics Forum, (Japan Biological Informatics Consortium and others), Tokyo, Jan. (2002).
- Nagata T., Kojima K., Oneda E., Yahagi W., Namiki T., Osato N., Kawai J., Carninci P., Hayashizaki Y., Ohtomo Y., Murakami K., Matsubara K., Yamashita T., Washio T., Tomita M., and Kikuchi S.: "Homologous sequence clusters found in the full-length cDNA sequences of rice", Plant, Animal and Microbe Genomes X Conf., San Diego, USA, Jan. (2002).
- Satoh K., Oneda E., Yahagi W., Kojima K., Namiki T., Osato N., Kawai J., Carninci P., Hayashizaki Y., Ohtomo Y., Murakami K., Matsubara K., Yamashita T., Washio T., Tomita M., and Kikuchi S.: "Polymorphism of 5' end- and 3' end- sequences of rice full-length cDNA", Plant, Animal and Microbe Genomes X Conf., San Diego, USA, Jan. (2002).
- Kikuchi S., Higo K., Ohtomo Y., Murakami K., Matsubara K., Kawai J., Carninci P., and Hayashizaki Y.: "Rice full-length cDNA clone collection and their functional annotation", Plant, Animal and Microbe Genomes X Conf., San Diego, USA, Jan. (2002).
- Kikuchi S., Yazaki J., Kishimoto N., Ishikawa M., Satoh K., Nagata T., Kawagashira N., Doi K., Kojima K., Namiki T., Shimbo K., Fujii F., Ohata T., Shimatani Z., Hashimoto A., Nagata Y., Honda S., Toyoshima K., Sakata K., Yamamoto K., Sasaki T., Ohtomo Y., Murakami K., Matsubara K., Kawai J., Carninci P., and Hayashizaki Y.: "Rice functional genomics via cDNA microarray: expression profiles of stress-responsive genes and rice full-length cDNA clones for global expression analysis", Plant, Animal and Microbe Genomes X Conf., San Diego, USA, Jan. (2002).
- Beisel K. W., Carninci P., Siraki T., Delimont D. C., Zhang J., Arakawa T., Kawai J., and Hayashizaki Y.: "Identification of unique transcripts from a mouse full-length, subtracted inner ear cDNA library", 25th Mid-winter Meet. Assoc. for Research in Otolaryngology, St. Petersburg, USA, Jan. (2002).
- Hayashizaki Y.: "RIKEN mouse gene expression", 4th MGED Meet. on Microarrays and Chips: Algorithms and Applications, (Microarray Gene Expression Data Group), Boston, USA, Feb. (2002).
- Shen X., Kigawa T., Yabuki T., Motoda Y., Matsuda N., Asanuma M., Hirota H., Hayashizaki Y., and Yokoyama S.: "Combinatory use of cell-free protein expression, limited proteolysis, and mass spectrometry for the high-throughput domain boundary identification", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Yabuki T., Motoda Y., Matsuda N., Saito M., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S.: "High-throughput and high-yield production of protein using PCR and cell-free protein synthesis", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Seki E., Kigawa T., Matsuda N., Hayashizaki Y., and Yokoyama S.: "Protein domain screening system for structural genomics", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Carninci P., Shibata K., Ito M., Arakawa T., Ishii Y., Yasunishi A., Sasaki D., Konno H., Sato K., Siraki T., Hirozane T., Nakamura M., Aizawa K., Bono H., Kondo S., Kawai J., Yoshiki A., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: "RIKEN mouse cDNA encyclopedia project: 1) Construction of the full-length cDNA library", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Kawai J., Arakawa T., Carninci P., Siraki T., Hirozane T., Ito M., Ishii Y., Yasunishi A., Shibata K., Aizawa K., Sasaki D., Kagawa I., Fukuda S., Konno H., Adachi J., Kondo S., Osato N., Sakai K., Kiyosawa H., Muramatsu M., Suzuki H., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: "RIKEN mouse cDNA encyclopedia project: 2) Sequencing of the full-length cDNA", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Bono H., Kasukawa T., Hayashizaki Y., and Okazaki Y.: "RIKEN mouse cDNA encyclopedia project: 3) READ: RIKEN expression array database", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Mizuno Y., Okazaki Y., Tomaru Y., Kiyosawa H., Sotomaru Y., Katsuzawa Y., Kohno T., Meguro M., Oshimura M., Amanuma H., Muramatsu M., and Hayashizaki Y.: "RIKEN mouse cDNA encyclopedia project: 4) Application of RIKEN cDNA microarray", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Suzuki H., Saito R., Kanamori M., Kai C., Muramatsu M., and Hayashizaki Y.: "RIKEN mouse cDNA encyclopedia project: 5) Protein-protein interaction analysis", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Hayashizaki Y.: "The collection of whole transcriptome and its application to medical research", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Hayashizaki Y.: "Mouse genome encyclopedia and its ap-

- plication for post-sequence”, Memorial for the 100 year Nobel Prize: Joint Bio-vision Seminar, (Karolinska Institutet and RIKEN GSC), Tokyo, Mar. (2002).
- Hayashizaki Y.: “Mouse genome encyclopedia”, 2nd Joint Congr. the Korean-Japanese Intensivists, Okayama, Mar. (2002).
- Hayashizaki Y.: “RIKEN mouse genome encyclopedia”, Transcriptome 2002: From Functional Genomics to Systems Biology, (The Institute for Genomic Research), Seattle, USA, Mar. (2002).
- (国内会議)
- 後藤均, 二反田博之, 佐藤成, 岡崎康司, 林崎良英, 里見進: “DNA マイクロアレイを用いた臓器虚血障害, 再灌流障害における遺伝子発現プロファイリング”, 第 101 回日本外科学会総会, 仙台, 4 月 (2001).
- 小林徹, 西村美月, 門叶冬樹, 松尾由賀利, 河合純, 緑川克美, 谷畑勇夫, 林崎良英: “生体分子の同時原子イオン化と化学分析への応用”, 平成 13 年度日本分光学会春季講演会, 東京, 5 月 (2001).
- 盛田知幸, 渡会伸治, 窪田徹, 上向伸幸, 西塚至, 浜口洋平, 市川靖史, 石川孝, 松尾憲一, 岡崎康司, 林崎良英, 嶋田紘: “cDNA microarray によるラット肝再生と過大肝切除後肝不全モデルの遺伝子発現の検討”, 第 37 回日本肝臓学会総会, 横浜, 5 月 (2001).
- 沈新春, 木川隆則, 矢吹孝, 元田容子, 松田夏子, 浅沼三和子, 廣田洋, 林崎良英, 横山茂之: “限定分解による蛋白質のドメイン領域同定のための多検体調製系の開発”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).
- 林崎良英: “高速ゲノム解析システムの開発と疾病遺伝子の単離新生児一過性糖尿病とヒトインプリント遺伝子”, 「生命活動のプログラム」平成 7 年度採択研究課題終了シンポジウム, (科学技術振興事業団), 東京, 6 月 (2001).
- 林崎良英: “疾患遺伝子の発見と分子病因論の解明の新戦略”, 横浜市立大学大学院医学学術セミナー「理研ゲノム科学総合研究所とゲノム医学」, 横浜, 6 月 (2001).
- 林崎良英: “ポストゲノムライフサイエンスへのお誘い”, 第 56 回 EC 研究会・ネット金融サービス研究会合同フォーラム, 東京, 6 月 (2001).
- 岡崎康司: “新世紀医療を目指して: マイクロアレイを用いた臨床への応用”, 横浜市立大学大学院医学学術セミナー「理研ゲノム科学総合研究所とゲノム医学」, 横浜, 7 月 (2001).
- 林崎良英: “RIKEN mouse full-length cDNA encyclopedia and its application to medical research”, 第 5 回 Molecular Cardiovascular Conf., (パイオメディスインターナショナル), 余市郡赤井川村, 8-9 月 (2001).
- 下村克己, 阪倉長平, 藤田佳史, 中西正芳, 萩原明於, 阿部達生, 西塚至, 石川孝, 市川靖, 岡崎康司, 林崎良英, 山岸久一: “DNA チップを用いた胃癌腹膜播種性転移関連遺伝子群の網羅的解析と遺伝子診断への応用”, 第 60 回日本癌学会総会, 横浜, 9 月 (2001).
- 林崎良英, 岡崎康司, Gariboldi M., Dragani T. A.: “マウスエンサイクロペディアと発ガン遺伝子ネットワーク解析への応用”, 第 60 回日本癌学会総会, 横浜, 9 月 (2001).
- 神田浩明, 下地尚, 野村起美恵, 北川知行, 岡崎康司, 林崎良英: “マウス肝がんの網羅的遺伝子発現解析”, 第 60 回日本癌学会総会, 横浜, 9 月 (2001).
- 松山歩, 井上裕, 三森功士, 洪田健二, 宇都宮徹, 田中洋一, 岡崎康司, 林崎良英, 森正樹: “食道癌における放射線治療感受性規定遺伝子の探索—個別化医療へ向けて—”, 第 60 回日本癌学会総会, 横浜, 9 月 (2001).
- 関原明, 鳴坂真理, 石田順子, 神谷麻子, 中嶋舞子, 槐亜希子, 大野陽子, 佐藤将一, 秋山顕治, 櫻井哲也, 楠城時彦, 藤田美紀, 篠崎 (山口) 和子, Ecker J. R., Davis R. W., Theologis A., Carninci P., 河合純, 林崎良英, 篠崎一雄: “シロイヌナズナ完全長 cDNA エンサイクロペディアの作製と遺伝子の機能・発現解析への利用”, シロイヌナズナワークショップ 2001, (かずさ DNA 研究所), 名古屋, 9 月 (2001).
- 小林徹, 倉田 (西村) 美月, 松尾由賀利, 河合純, 熊谷寛, 緑川克美, 谷畑勇夫, 林崎良英: “フェムト秒レーザーによる同時原子イオン化と化学分析: レーザー強度および基板依存性”, 分子構造総合討論会 2001, 札幌, 9 月 (2001).
- 沈新春, 木川隆則, 矢吹孝, 元田容子, 松田夏子, 浅沼三和子, 廣田洋, 林崎良英, 横山茂之: “限定分解による蛋白質のドメイン領域同定のための多検体調製系の開発”, 第 74 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2001).
- 林崎良英: “ポストゲノムシーケンス時代の遺伝子機能解析”, 第 74 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2001).
- 石井克典, 伊澤真樹, 大原英治, 糸岡利行, 小竹七々恵, 米田祐康, 林崎良英, 綿引正則: “転写シーケンス法: 変異型 T7,T3RNA ポリメラーゼを用いた Dual End Sequencing”, 第 74 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2001).
- 長谷川千巳, 大原英治, 山口光代, 伊澤真樹, 米田祐康, 林崎良英, 綿引正則: “転写シーケンス法に最適な変異型 RNA ポリメラーゼ「CUGATM ポリメラーゼ」”, 第 74 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2001).
- 小知和裕美, 鈴木良介, 鷲尾尊規, 斎藤輪太郎, The genome RIKEN, 坊農秀雅, 三木理雅, 岡崎康司, Carninci P., 林崎良英, 富田勝: “Inferring alternative splicing patterns in mouse from full-length cDNA library and micro-array data”, 慶應義塾大学先端生命科学研究soオープン記念シンポジウム「21 世紀の先端生命科学」, 鶴岡, 10 月 (2001).
- 櫻井敦, 藤森茂雄, 小知和裕美, 北村澄江, 鷲尾尊規, 斎藤輪太郎, 品川朗, 伊藤昌可, 柴田一浩, Carninci P., 今野英明, 河合純, 林崎良英, 富田勝: “On biased distribution of introns in various eukaryotes”, 慶應義塾大学先端生命科学研究soオープン記念シンポジウム「21 世紀の先端生命科学」, 鶴岡, 10 月 (2001).
- 藤森茂雄, 鷲尾尊規, 斎藤輪太郎, Carninci P., 林崎良英, 富田勝: “ヒト・マウス・アラビドプシス完全長 cDNA とゲノム配列における SSRs (Simple Sequence Repeats) の統計的解析”, 慶應義塾大学先端生命科学研究soオープン記念シンポジウム「21 世紀の先端生命科学」, 鶴岡, 10 月 (2001).
- 熊谷禎洋, 鷲尾尊規, 斎藤輪太郎, The genome RIKEN, Carninci P., 林崎良英, 富田勝: “マウス cDNA における網羅的二次構造解析”, 慶應義塾大学先端生命科学研究soオープン記念シンポジウム「21 世紀の先端生命科学」, 鶴岡, 10 月 (2001).

- 林崎良英: “マウスゲノムエンサイクロペディア”, 慶應義塾大学先端生命科学研究soオープン記念シンポジウム「21世紀の先端生命科学」, 鶴岡, 10月(2001).
- 鈴木良介, 小知和裕美, 櫻井敦, 伊藤ひとみ, 源崇雄, 鷲尾尊規, 斎藤輪太郎, The genome RIKEN, Carninci P., 林崎良英, 富田勝: “完全長 cDNA の生物種間比較によるイントロンおよび選択的スプライシング配列の検出”, 慶應義塾大学先端生命科学研究soオープン記念シンポジウム「21世紀の先端生命科学」, 鶴岡, 10月(2001).
- 阪倉長平, 下村克己, 藤田佳史, 白数積雄, 岡本和真, 上田祐二, 糸井啓純, 園山輝久, 萩原明於, 西塚至, 石川孝, 高橋孝, 市川靖史, 岡崎康司, 林崎良英, 藤原斎, 山岸久一: “DNA チップを用いた胃癌腹膜播種性転移関連遺伝子群の網羅的解析と遺伝子診断への応用”, 第39回日本癌治療学会総会, 広島, 11月(2001).
- 井上裕, 松山歩, 岡崎康司, 林崎良英, 田中洋一, 森正樹: “cDNA マイクロアレイを用いた食道癌の放射線感受性規定因子の検討”, 第39回日本癌治療学会総会, 広島, 11月(2001).
- 門田幸二: “DNA マイクロアレイを用いたがんの臨床診断への応用”, 第18回よこはま21世紀フォーラム「新世紀の遺伝子医療」, 横浜, 11月(2001).
- 岡崎康司: “遺伝子研究が医学にもたらすもの”, 第18回よこはま21世紀フォーラム「新世紀の遺伝子医療」, 横浜, 11月(2001).
- 林崎良英: “未来のライフサイエンスの産業構造とそれに求められる人材”, 横浜市立大学大学院総合理学研究科公開セミナー「新しい生命科学への招待—ゲノム・蛋白質・環境・バイオインフォーマティクス」, 横浜, 11月(2001).
- 鈴木正則: “ゲノム科学が切り拓く新しい世界: 機能ゲノム科学と遺伝子発現ネットワークを中心に”, 香川医科大学特別講義, 高松, 11月(2001).
- 鳴坂真理, 関原明, 楠城時彦, 藤田美紀, 石田順子, 神谷麻子, 佐藤将一, 櫻井哲也, Carninci P., 林崎良英, 篠崎一雄: “乾燥・低温・塩ストレス下におけるシロイヌナズナ完全長 cDNA マイクロアレイを用いた遺伝子発現解析”, 日本植物生理学会2001年度年会および第41回シンポジウム, 福岡, 12月(2001).
- 近藤伸二, 斎藤哲哉, 品川朗, 清澤秀孔, 相澤克則, 荒川貴博, Carninci P., 福田史朗, 原亜矢子, 早津徳人, 廣實朋子, 石井善幸, 伊藤昌可, 香川育子, 河合純, 佐々木大輔, 柴田一浩, 安西亜矢子, 白木利幸, 林崎良英: “Computational analysis of human and mouse genome sequences compared with full-length mouse cDNAs”, 第24回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月(2001).
- 坂井勇仁, 首村守俊, Carninci P., 白木利幸, 二階堂愛, 粕川雄也, 坊農秀雅, 水野洋介, 福田史朗, 荒川貴博, 石井善幸, 香川育子, 河合純, 成田一衛, 岡崎康司, 下条文武, 林崎良英: “Expression analysis of the MRL/MpJ-Fas^{lpr} mouse by immune chip and RIKEN mouse 19K microarray”, 第24回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月(2001).
- 清澤秀孔, 近藤伸二, 山中到, 坂井勝呂, 林崎良英: “GenoMapper; Mapping viewer system of mouse full length cDNA onto genomic sequences”, 第24回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月(2001).
- 水野洋介, 岡崎康司, 外丸靖浩, 清澤秀孔, 外丸祐介, 勝沢由紀子, 河野友宏, 天沼宏, 村松正實, 林崎良英: “High-throughput genome wide search for mice imprinted genes using parthenogenote and androgenote with RIKEN full-length mouse cDNA microarray analysis”, 第24回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月(2001).
- 矢吹孝, 元田容子, 齋藤みゆき, 松田夏子, 布川絵未, 木川隆則, 林崎良英, 横山茂之: “PCR と無細胞合成を用いた, 迅速, 高収量なタンパク質発現法”, 第24回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月(2001).
- 廣實朋子, 白木利幸, 早津徳人, 荒川貴博, 石井善幸, 佐々木大輔, 河合純, Carninci P., 林崎良英: “Methods to normalize and subtract cap-trapped full-length cDNA libraries to isolate very rare transcripts”, 第24回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月(2001).
- 白木利幸, 廣實朋子, 早津徳人, Carninci P., 林崎良英: “Methods to prepare very long first-strand and second-strand cDNAs”, 第24回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月(2001).
- Carninci P., 坂詰直子, 廣實朋子, 柴田裕子, 白木利幸, 早津徳人, 荒川貴博, 石井善幸, 佐々木大輔, 福田史朗, 香川育子, 河合純, Wild J., Szybalski W., 林崎良英: “Preparation and sequencing of difficult and long full-length cDNAs”, 第24回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月(2001).
- Carninci P., 柴田一浩, 伊藤昌可, 荒川貴博, 石井善幸, 安西亜矢子, 佐々木大輔, 今野英明, 佐藤健二郎, 早津徳人, 白木利幸, 廣實朋子, 相澤克則, 坊農秀雅, 近藤伸二, 河合純, 吉木淳, 岡崎康司, 林崎良英: “Progress to construct the mouse full-length cDNA encyclopedia”, 第24回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月(2001).
- 坊農秀雅, 粕川雄也, 三木理雅, 林崎良英, 岡崎康司: “Ringene: READ (RIKEN Expression Array Database) integrates gene expression neighbor”, 第24回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月(2001).
- 二反田博之, 後藤均, 橋本宗敬, 佐藤成, 岡崎康司, 林崎良英, 里見進: “DNA マイクロアレイを用いた虚血・再灌流障害における保護遺伝子の解析”, 第24回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月(2001).
- 古野正朗, 粕川雄也, 坊農秀雅, 二階堂愛, 斎藤輪太郎, 鈴木治和, 坂井勝呂, 岡崎康司, 林崎良英: “FANTOM2-マウス完全長 cDNA に対する高次機能アノテーションへ向けて”, 第24回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月(2001).
- 鈴木治和, 斎藤輪太郎, 金森睦, 香川育子, 林崎良英: “PPI network viewer: 理研マウス完全長 cDNA を用いて得られた500組のタンパク質間相互作用の解析”, 第24回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月(2001).
- 今村加奈子, 藤田英明, 田中嘉孝, 内村聖子, 梅月雄介, 奈良篤樹, 吉森保, 林崎良英, 河合純, 姫野勝: “SKD1 結合蛋白質群 SBPs (SBP1,2,3) の機能解析”, 第24回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月(2001).
- 三木理雅, 八木研, 坊農秀雅, 二階堂愛, Carninci P., 清澤秀孔, 山中到, Lyon P., Todd J., 林崎良英, 岡崎康司: “cDNA microarray と NOD congenic mouse を用いた糖尿病関連遺伝子群のゲノム解析”, 第24回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月(2001).

- 足立淳, 林崎良英: “cDNA 塩基配列のタンパク質コーディング領域推定プログラム ProCrest”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 藤森茂雄, 鷺尾尊規, 肥後健一, 大友泰裕, 村上和雄, 松原謙一, 河合純, Carninci P., 林崎良英, 菊池尚志, 富田勝: “イネ・ヒト・アラビドプシス完全長 cDNA とゲノム配列における SSRs (Simple Sequence Repeats) の統計的解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 小島恵一, 永田俊文, 大根田英祐, 矢作渡, 並木高洋, 河合純, Carninci P., 林崎良英, 大友泰裕, 村上和雄, 松原謙一, 鷺尾尊規, 富田勝, 菊池尚志: “イネの完全長 cDNA における相同配列構造を含むクラスタークロンの解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 鈴木良介, 小知和裕美, 櫻井敦, 伊藤ひとみ, 源崇雄, 鷺尾尊規, 菊池尚志, 肥後健一, 大友泰裕, 村上和雄, 松原謙一, 河合純, Carninci P., 林崎良英, 富田勝: “イネ完全長 cDNA と他植物との比較によるイントロンおよび選択的スプライシングサイトの検出”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 佐藤浩二, 小島恵一, 大根田英祐, 矢作渡, 並木高洋, 大里直樹, 河合純, Carninci P., 林崎良英, 大友泰裕, 村上和雄, 松原謙一, 山下智也, 鷺尾尊規, 富田勝, 菊池尚志: “イネ完全長 cDNA における UTR 領域での多型解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 川頭信之, 小島恵一, 大根田英祐, 矢作渡, 並木高洋, 大友泰裕, 村上和雄, 松原謙一, 河合純, Carninci P., 林崎良英, 菊池尚志: “イネ完全長 cDNA におけるモチーフ検索と解析結果”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 山下智也, 鹿島剛輝, 東恵児, 鷺尾尊規, 菊池尚志, 肥後健一, 大友泰裕, 村上和雄, 松原謙一, 河合純, Carninci P., 林崎良英, 富田勝: “イネ完全長 cDNA における転写開始点と PolyA サイトの多様性解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 熊谷禎洋, 鷺尾尊規, 肥後健一, 大友泰裕, 村上和雄, 松原謙一, 河合純, Carninci P., 林崎良英, 菊池尚志, 富田勝: “イネ完全長 cDNA における二次構造の網羅的解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 小知和裕美, 鈴木良介, 伊藤ひとみ, 源崇雄, 鷺尾尊規, 菊池尚志, 肥後健一, 大友泰裕, 村上和雄, 松原謙一, 河合純, Carninci P., 林崎良英, 富田勝: “イネ完全長 cDNA の選択的スプライシングサイトおよびイントロンの検出”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 大里直樹, 伊藤昌可, 今野英明, Carninci P., 早津徳人, 白木利幸, 廣實朋子, 品川朗, 荒川貴博, 石井善幸, 原亜矢子, 福田史朗, 佐々木大輔, 吉野正康, 安西亜矢子, 柴田一浩, 相澤克則, 近藤伸二, 足立淳, 斎藤輪太郎, 太田由己, 河合純, 林崎良英: “イネ完全長 cDNA の全長配列決定候補クローンの選択”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 菊池尚志, 肥後健一, 大友泰裕, 村上和雄, 松原謙一, 河合純, Carninci P., 林崎良英: “イネ完全長 cDNA プロジェクト: 2 つの方法を用いた完全長 cDNA ライブラリーの構築, クローンの単離, 完全長配列決定, データベースの構築に関して”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 12 月 (2001).
- 土井孝爾, 大友泰裕, 村上和雄, 松原謙一, 河合純, Carninci P., 林崎良英, 菊池尚志: “イネ完全長 cDNA プロジェクト: Gene ontology を用いた完全長 cDNA データベースの有用性検証の試み”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 河合純, Carninci P., 早津徳人, 白木利幸, 廣實朋子, 品川朗, 太田由己, 伊藤昌可, 荒川貴博, 石井善幸, 安西亜矢子, 柴田一浩, 相澤克則, 佐々木大輔, 吉野正康, 原亜矢子, 福田史朗, 香川育子, 大里直樹, 今野英明, 足立淳, 近藤伸二, 斎藤輪太郎, 岸本直己, 佐藤浩二, 菊池尚志, 林崎良英: “イネ完全長 cDNA プロジェクト: クローン収集とシーケンス決定”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 神谷守, 岡崎康司, 村松正實, Bonthron D. T., 林崎良英: “インプリント疾患, 新生児一過性糖尿病原因領域に存在する全ての遺伝子の発現様式”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 関原明, 鳴坂真理, 石田順子, 神谷麻子, 中嶋舞子, 槐亜希子, 大野陽子, 佐藤将一, 秋山顕治, 櫻井哲也, 楠城時彦, 藤田美紀, 篠崎和子, Ecker J. J., Davis R. W., Athanasios T., 村松正實, 林崎良英, 河合純, Carninci P., 伊藤昌可, 石井善幸, 荒川貴博, 柴田一浩, 品川朗, 篠崎一雄: “シロイヌナズナ完全長 cDNA エンサイクロペディアの作製と遺伝子の機能・解析への利用”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 山中到, 清澤秀孔, 河合純, 林崎良英: “ヒトゲノムとシンテニーによるマウス遺伝地図へのマッピング方法の改良について”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 藤田知道, 関原明, 神谷麻子, Carninci P., 林崎良英, 篠崎一雄, 内山郁夫, 村田隆, 長谷部光泰: “ヒメツリガネゴケ完全長 cDNA の過剰発現による不当分裂, 細胞分化関連遺伝子のスクリーニング”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 神田浩明, 下地尚, 秋吉信吾, 野村起美恵, 岡崎康司, 北川知行, 林崎良英: “マイクロアレイによるマウス肝がんの包括的遺伝子発現解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 斎藤輪太郎, 鈴木治和, 香川育子, 三木理雅, 坊農秀雅, 今野英明, 岡崎康司, 林崎良英: “マウスのタンパク質間相互作用データと遺伝子発現データの総合環境とその解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 福田史朗, 河合純, 荒川貴博, 石井善幸, 香川育子, 品川朗, 岡崎康司, 村松正實, 林崎良英: “マウス完全長 cDNA クローンセット (FANTOM1 クローンセット)”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 石川友一, 林田幸信, 平安一成, 小澤香織, 山本直之, 林崎良英, 田中巧, 松浦脩治: “解析困難領域における塩基配列決定を目的とした転写シーケンス法の適用”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 櫻井敦, 鷺尾尊規, 菊池尚志, 肥後健一, 大友泰裕, 村上和雄, 松原謙一, 河合純, Carninci P., 林崎良英, 富田勝: “完全長 cDNA とゲノム配列を利用したイントロンの位置解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).

相澤克則, 柴田一浩, 村松正實, 林崎良英: “高性能 DNA 分離媒体の確立と RISA シーケンサへの搭載”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).

伊藤慎二, 藤森俊彦, 林崎良英, 鍋島陽一: “新規膜結合型ファミリー 1 グリコシダーゼ様分子 KLPH の単離と発現解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).

北村暢夫, 小竹七々恵, 大原英治, 伊澤真樹, 米田祐康, 林崎良英, 綿引正則: “転写シーケンス法を用いた難解鋳型の解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).

荒川貴博, 河合純, Carninci P., 早津徳人, 白木利幸, 廣實朋子, 伊藤昌可, 石井善幸, 安西亜矢子, 柴田一浩, 相澤克則, 佐々木大輔, 原亜矢子, 香川育子, 福田史朗, 今野英明, 足立淳, 近藤伸二, 大里直樹, 品川朗, 村松正實, 鈴木治和, 岡崎康司, 林崎良英: “理研マウス完全長 cDNA の全長シーケンス”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).

浜口洋平, 清水大輔, 神山雅子, 盛田知幸, 岡崎康司, 林崎良英, 嶋田紘: “cDNA マイクロアレイを用いた抗癌剤耐性関連遺伝子の解析”, 第 39 回日本癌治療学会総会, 広島, 12 月 (2001).

林崎良英: “マウスゲノムエンサイクロペディア”, 埼玉医科大学医学会総会公開シンポジウム「ゲノムからみた医学: 埼玉医科大学ゲノム医学研究センター開設を記念して」, 入間, 12 月 (2001).

林崎良英: “全トランスクリプトーム収集に向けて”, 第 12

回ゲノム関連技術 GSC 会議, 東京, 1 月 (2002).

岡崎康司: “疾病におけるゲノム科学”, 日本薬学会関東支部第 26 回学術講演会「ゲノム科学と創薬」, 横浜, 1 月 (2002).

関原明, 鳴坂真理, 石田順子, 神谷麻子, 中嶋舞子, 槐亜希子, 大野陽子, 佐藤将一, 秋山顕治, 櫻井哲也, 藤田美紀, 楠城時彦, 篠崎和子, Ecker J. J., Davis R. W., Theologis A., 村松正實, 林崎良英, 河合純, Carninci P., 伊藤昌可, 石井善幸, 荒川貴博, 柴田一浩, 品川朗, 篠崎一雄: “シロイヌナズナ完全長 cDNA エンサイクロペディアの作製と遺伝子の機能・発現解析への利用”, 日本植物生理学会 2002 年度年会および第 42 回シンポジウム, 岡山, 3 月 (2002).

関原明, 鳴坂真理, 石田順子, 神谷麻子, 中嶋舞子, 槐亜希子, 大野陽子, 佐藤将一, 秋山顕治, 櫻井哲也, 楠城時彦, 藤田美紀, 篠崎和子, Carninci P., 河合純, 林崎良英, 篠崎一雄: “シロイヌナズナ完全長 cDNA マイクロアレイを用いた遺伝子発現解析”, 日本植物生理学会 2002 年度年会および第 42 回シンポジウム, 岡山, 3 月 (2002).

林崎良英: “ゲノム科学とライフサイエンス”, 生命科学への招待/市民講座「ポストゲノム研究はどこまで進んでいるか?」, (横浜市立大学大学院総合理科学研究科), 横浜, 3 月 (2002).

林崎良英: “ゲノム医科学研究を通じた地場産業への貢献”, 平成 14 年度市民の健康と医療を語る会総会, 横浜, 3 月 (2002).