

# 生体分子機能研究室

## Genome Science Laboratory

主任研究員 林 崎 良 英  
HAYASHIZAKI, Yoshihide

当研究室は、理研におけるポスト DNA シーケンス研究の中核として、遺伝子エンサイクロペディア構築の関連技術や、Functional genomics を理解するための基礎技術の開発を進めてきた。そして、理研ゲノム科学総合研究センターと連携し、遺伝子エンサイクロペディアの作製を進めるとともに、その遺伝子資源を基盤とする新しい医学生物学研究スタイルの構築を目指している。発生工学的手法や DNA マイクロアレイ技術等の最新技術を駆使し、ポジショナルキャンディデートクローニングによる表現形質と原因遺伝子の結び付け、cDNA マイクロアレイによる遺伝子探索、これらを通して糖尿病、がん、老化等の多因子遺伝病原因遺伝子の探索を行っている。

1. 完全長 cDNA ライブラリー作成法の開発( Carninci, 柴田(裕)<sup>\*1</sup>, 綿引<sup>\*2</sup>, 佐藤(健)<sup>\*3</sup>, 早津, 白木, 広実, 中村, 坂詰, 品川, 伊藤<sup>\*4</sup>, 柴田(一), 今野<sup>\*5</sup>, 荒川, 石井, 河合, 岡崎, 林崎)

完全長 cDNA の中でも、長鎖 cDNA の収集は難しく、従来法で作成したライブラリーからでは収集効率が低いため、特に長鎖 cDNA 収集を目的としたライブラリー作成法の開発を行った。まず、通常クローニングが可能とされている 6 kb ~ 20 kb の cDNA をカバーできる新規ベクターの構築に取り組んだ。この新規ベクターは  $\lambda$ F1cIII-L と名付けられ、平均鎖長はこれまでの cDNA ライブラリーの中でも最長の 6.9 kb であった。このベクターを用いることにより、従来の方法では難しかった長鎖 cDNA の単離、シーケンス決定を行うことができるようになった。

次に、この  $\lambda$ F1cIII-L ベクターを更にバックグラウンドの低減とシーケンス決定後の機能解析への利用を考慮して改善を試みた。まず、ベクタースタッパー中へプラスミドベクター時の宿主にとって致死遺伝子である ccdB を導入することを検討した。この ccdB 遺伝子導入により、cDNA が組み込まれていないプラスミドの増殖を押しさえ、cDNA を持たないクローンがシーケンス工程に回る確率を著しく減少させることに成功した。更に、よりバックグラウンドを低減させるため、スタッパー中への loxP の導入を行った。cDNA がインサートされなかった場合には excision 後、この stuffer 中の loxP と、同じくスタッパー中にある ori と Amp<sup>R</sup> の間の loxP との間で組換えが起こり 2 つのプラスミドに分割される。片方は ori を持っているが Amp<sup>R</sup> を持たず、もう一方は Amp<sup>R</sup> を持っているが ori を持っていないため、結局両方とも増殖できない形になり、cDNA インサートを持つもののみを選択できる仕組みである。この新規ベクターの利用により、バックグラウンドがゼロに近い cDNA ライブラリーを作成することが可能となり、これは特に、強いサブトラクションをかけた cDNA ライブラリーの調整に有効であった。また、このベクターはインターナルクローニングが起きづらいようデザインされており、タンパク質発現など機能解析へ応用しやすいことも 1 つの利点である。

完全長 cDNA の全長シーケンスの解析を進めていく中で、

クローンのうち 2~8%程度がイントロンを含んでいることが判明したため、これを改善すべく cytoplasmic RNA からの cDNA ライブラリー作成法を開発した。この方法は種々の組織、細胞、凍結組織に適用することができ、イントロンの含有率が高くなりしがちな size-selected ライブラリーには特に効果がある。すでに 36 種の cytoplasmic cDNA ライブラリーを作成した。

また、cDNA ライブラリー作成においては、どのような組織を材料にするかも極めて重要であるが、着床前や着床直後等の初期胚から、Cap-Trapper 法により PCR を介さず cDNA ライブラリーを作成することに成功した。初期胚の他にも、免疫学的興味の高い活性化マクロファージ、糖尿病モデルである NOD マウス、がん細胞株など生物学的研究に有用な材料から cDNA ライブラリーの作成を行っており、種々の生命現象の解明に利用されている。

## 2. マウスエンサイクロペディアの作製

(1) 超高速大容量シーケンスシステム, RISA の構築(伊藤<sup>\*4</sup>, 相澤<sup>\*5</sup>, 柴田(一), 河合, 品川, 伊澤<sup>\*1</sup>, 石川(友)<sup>\*1</sup>, 今野<sup>\*5</sup>, 足立, Carninci, 早津, 廣實, 白木, 佐藤(健)<sup>\*3</sup>, 柴田(裕)<sup>\*1</sup>, 荒川, 石井, 原, 福田<sup>\*5</sup>, 福西<sup>\*5</sup>, 菊池<sup>\*5</sup>, 吉野<sup>\*4</sup>, 西, 林崎)

マウス遺伝子エンサイクロペディア (Phase1; 遺伝子クローン収集, Phase2; シーケンス情報決定, Phase3; 染色体上の位置情報決定) の作製のために、これまでに大規模システム, RISA システム (RIKEN Integrated Sequence Analysis system) を構築してきた。このシステムは完全長 cDNA ライブラリー; 8 個/月, E. coli 鈎菌; 35000/日, プラスミド調整; 40000 サンプル/日, シーケンス; 30000 サンプル/日の能力を有している。本年度, 横浜研究所ゲノム科学総合科学研究センター南, および西研究棟竣工に伴い, 筑波研究所から横浜研究所への, これらの設備の移転を行った。

この RISA システムは、完全長 cDNA の収集、解析を主目的にデザインされており、cDNA の両端 (5' 端, 3' 端) をシーケンスする端読み、cDNA の全長を決定するショットガンシーケンス、プライマーウォーキング法を有機的に組み合わせて、効率よく行うことができる。さらに、シー

ケンスプロジェクトの効率的な運用に不可欠な、サンプルとプロジェクトの管理システム ( Simple Tracking ) を構築した。

( 2 ) シーケンス反応系の改良 ( 相澤 \*<sup>5</sup>, 伊澤 \*<sup>1</sup>, 石川 ( 友 ) \*<sup>1</sup>, 柴田 ( 一 ), 林崎 )

多検体サンプルの高速塩基配列決定に優れた 384 format multi-capillary sequencing system ( RISA system ) に適合する、低コスト、省労力である High-throughput reaction/purification system を開発し、データ生産を促進した。

Cycle sequencing reaction kit としては、主に Amersham 社製 DYEnamic ET Terminator cycle sequencing kit を用いた。今年度は、昨年度に引き続き、GS-384 サーマルサイクラーを用いての反応溶液の少量化などの検討を行い、コストを通常の方法に比べて格段に引き下げることに成功した。さらに、このサーマルサイクラー反応後に、EtOH 沈殿法と、市販の分注機による精製ステップの省力化を利用した High throughput 精製系を確立した。そこで次に、このように機械化した High-throughput reaction/purification system を大量ルーチン系への拡大利用を試みた。その結果、GS-384 サーマルサイクラー 5 台、分注機 2 種類、遠心機 5 台を使用する、3 ないし 4 人のグループで 12 時間の作業時間あたり、80 枚の 384 プレートの処理 ( 30720 サンプルに相当 ) が実行可能となった。このグループを拡大することにより、1 日あたり、100 枚を超える 384 プレートを処理できる大規模ルーチンシステムが稼動中である。本システムの確立により、シーケンスデータの産出が加速されたのみならず、さらなる大量の反応システムの構築すら可能になると予想される。また、PE Applied Biosystems 社製 BigDye Terminator cycle sequencing kit においても、同様の原理面での実験を行い、この High-throughput reaction/purification system に適用可能であることを確認した。

転写シーケンス法 ( Transcriptional Sequencing ) を、RISA システムに適合させるために、ローダミン系 Dye でラベルした terminator ( R110-3'-dGTP, R6G-3'-dATP, TAMRA-3'-dUTP, Rox-3'-dCTP ) に適合するようハードウェアを調製後、5000 サンプル以上のシーケンスを行った。サンプルは、λDNA ショットガンクローンをを用い、PCR により、転写シーケンス反応の鋳型を調製した。調製産物は、未精製のまま転写シーケンス反応を行った。本実験により、平均して 500 bp 以上のベースコールを行うことができ、384 プレート当たり、約 8 割の成功率を得た。転写シーケンス法は、PCR による鋳型調製後、反応に使用されなかった DNA プライマーや dNTP を除去することなく、転写シーケンス反応が可能なが大きな特徴であるが、今回の大量シーケンスにより本反応系の安定性を実証することができた。当塩基配列決定法は、時間短縮や解析系の簡略化などの点で、遺伝子解析における多検体の塩基配列決定や多型解析に大きな貢献ができるものと考えられる。

( 3 ) シーケンサーの開発 ( 足立, 柴田 ( 一 ), 相澤 \*<sup>5</sup>, 伊澤 \*<sup>1</sup>, 石川 ( 友 ) \*<sup>1</sup>, 林崎 )

汎用ベースコーラー Phred の登場以来、シーケンサーで泳動しベースコールした DNA 塩基配列の精度は Quality Value ( QV ), 通称 Phred Score によって管理されるようになった。QV による塩基配列の品質管理の利点は、第一に、コンピュータによるシステムの自動化における省力化と、第

二に、配列決定からあいまいな人間の判断の入る余地をなくすことによって、人間の集中度や個人差のばらつきなどの不安定要素を排除し、品質の安定化を高めるという点である。そこで、Phred を RISA シークエンサーに対応させて、正しい QV をつけるためのチューニングを行った。

シーケンサーから出力されたクロマトグラム ( 各塩基の波形データ ) から、ベースコールされたそれぞれの塩基のエラー確率を推定し、それを精度を表す整数値に変換したものが QV である。簡単に言えば、整った波形の付近は精度が高く、崩れた波形の付近は精度が低いという経験的な法則を、どのような波形の時にどのくらいエラーが起きるのか統計的に推定したものである。

Phred はベースコールごとに波形データから 4 つのパラメータを読み取り、QV を決定している。Phred の内部には QV とパラメータの対応表が用意されており、これを lookup table と呼ぶ。Phred の lookup table は ABI377 用に調整されているので、当然そのままでは RISA には適用できない。無理やりベースコールをしても、推定される QV は実際に観測された QV とは大きくズレてしまう。ゲルも試薬も異なるし、キャピラリーを通して蛍光を読み取る違いもあるので、出力される波形の特性が大きく異なる。MegaBACE シークエンサーに専用の lookup table が必要であったように、新しいシーケンサーを運用するためには、専用 lookup table の作成が必要不可欠である。

QV を見積もるためには配列が既知の DNA をシーケンスしなければならぬ。その対象としてプラスミドなどのベクターをそのまま読むのでは、実際のクローンを読む場合と異なり、シーケンスのあらゆる条件が整い過ぎて、推定される精度が高くなってしまふ問題が起こりえる。そこで Lambda DNA をショットガンし、実際の配列決定と同じ方法でクローンを精製して配列を決定した。次に、オリジナル配列とシーケンス配列を比較してベースコール・エラーの判定を行い、その情報を基に lookup table ( QV とパラメータの対応表 ) を作成した。最後に、別の既知の配列 ( pGEM ) をシーケンスして、QV の推定に偏りが無いかを検証した。なお、lookup table を作成したのは、これまで運用してきた DYEnamic ET Terminator cycle sequencing Kit と新規の Transcriptional Sequencing の 2 つの反応系である。

QV の導入は、配列決定における品質管理の効率化だけではなく、ポストシーケンス時代における配列解析にも大きな革新をもたらす。基本的な配列の相同性探索から遺伝子領域の推定など、多くの配列解析は QV を利用して配列の精度も考慮した解析が行われるようになり、そしてそのために配列と QV を一緒にデータベース登録する時代が来るであろう。RISA で決定した塩基配列に正確な QV が付くことは、RISA の汎用性をより高めることになる。

( 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 \*<sup>4</sup>, 柴田 ( 一 ), 河合, 品川, 今野 \*<sup>5</sup>, 足立, Carninci, 早津, 廣實, 白木, 佐藤 ( 健 ) \*<sup>3</sup>, 柴田 ( 裕 ) \*<sup>1</sup>, 荒川, 石井, 原, 福田 \*<sup>5</sup>, 福西 \*<sup>5</sup>, 菊池 \*<sup>5</sup>, 吉野 \*<sup>4</sup>, 林崎 )

上記の RISA システムを用い、これまでに 169 組織/細胞から 344 のマウス完全長 cDNA ライブラリーを作製し、約 1125319 個の cDNA クローンの 3' 端部分配列を決定し、その結果、134941 種に分類される cDNA を得た。そのう

ち、46432 クローンの全長シーケンスを決定した。

(5) マウス完全長 cDNA に対する機能予測とアノテーション(林崎, 岡崎, 河合, 品川, 吉野<sup>\*4</sup>, 今野<sup>\*5</sup>, 足立, 清澤, 近藤, 山中, 斎藤(哲), 坊農<sup>\*4</sup>, 粕川<sup>\*1</sup>, 斎藤(輪), 門田<sup>\*6</sup>, 大城戸, 古野, 青野, Carninci, 神谷<sup>\*5</sup>, 柴田(裕)<sup>\*1</sup>, 鈴木(治), 吉田(清))

収集した cDNA クローンに対し、適切な注釈を付加することは、ポストシーケンス研究(遺伝子機能解析, Functional Genomics)を推進するために必須である。なぜならば、特定の生物現象を解析するためには、AGTC の塩基の羅列であるシーケンスの山から遺伝子とタンパクの機能を予測しなければならぬからである。したがって、あらかじめ、個々の cDNA クローンに対し予測される機能を付加しておくことは研究の効率化に重要である。しかし、これまで cDNA に対するアノテーション法は確立されていなかった。そこで、2000 年 8 月 28 日~9 月 8 日、筑波研究所において、国内外の研究者、約 60 人を招聘したアノテーション会議(FUNCTIONAL ANNOTATION FOR MOUSE [FANTOM] MEETING)を開催し、cDNA のアノテーション法の確立、21076 遺伝子に対するアノテーションを行った。その過程で、約 12400 種のマウス新規遺伝子、8200 の哺乳類新規遺伝子が発見された。

(6) 完全長 cDNA の染色体へのマッピング(近藤, 品川, 伊藤<sup>\*4</sup>, 柴田(一), 河合, 石井, 荒川, 原, 福田<sup>\*5</sup>, 林崎)

マウス完全長 cDNA 21076 配列およびシングルパス(5' 末端, 3' 末端) 40151 配列をヒトゲノム配列と相溶性比較し、35141 の候補座位を探知した。同 35141 座位は、使用したマウス cDNA 中の、20177 代表配列によりマップされるものであり、その内 3202 配列は現存するヒト既知遺伝子(約 1 万)および EST 配列(約 300 万)と相溶性を示さない、ヒト新規遺伝子(に対応するマウス遺伝子)候補である。マップできた割合は、完全長、シングルパス配列に対し、それぞれ 70%, 55% である。また、各完全長配列が最も強い相溶性を示す座位群の遺伝子構造: GC 含量, エキソン・イントロン数等の解析も行った。

(7) FANTOM+ の開発(坊農<sup>\*4</sup>, 岡崎, 粕川<sup>\*1</sup>, 坂井, 大城戸, 古野, 林崎)

ゲノム規模的な遺伝子解析を可能にするためには、各 cDNA クローンに対してきちんと遺伝子機能注釈付けがなされて全ゲノム的な視点で遺伝子群を見渡す必要がある。そのために、理研マウス完全長 cDNA クローンに対して、さまざまな遺伝子機能予測プログラムの結果をリファレンスとして遺伝子機能注釈付けを行うシステムを検討し、ウェブアプリケーションとして実装した。作成したシステムは FANTOM+ (FUNCTIONAL ANNOTATION OF MOUSE) と呼ばれ、2000 年 8 月末から 9 月初めにかけて理研筑波研究所で開かれた FANTOM 会議で実際に使われ、21076 個のマウス完全長 cDNA クローンに対して機能情報が注釈付けされた。その結果は理研内のウェブサーバ(<http://www.gsc.riken.go.jp/e/FANTOM/>)にて広く世界に公開されている。

また、ゲノム規模的な発現プロファイル解析をシステムティックに行うために、理研 19k マウス cDNA マイクロアレイから得られるデータすべてを管理するシステム READ (RIKEN Expression Array Database)を開発した。現在、

49 種類のマウス正常組織のマイクロアレイデータが READ システムに載せられており、データの閲覧や検索が可能である。とくに遺伝子発現パターンの相溶性を相関係数で表し、その相溶性、非相溶性によって遺伝子をランク付けして検索できるようになっている。また、発展途上のマイクロアレイ技術の変化に適応可能なように、柔軟な仕様のシステムになっており、新たなデータ属性をすぐにデータベース内に取り込めるようになっている。その一環として、マイクロアレイのスライド、実際に行われた実験のデータのデータベース化もこの READ システムで管理できるように機能の拡張が施され、マイクロアレイデータのデータトラッキングが可能となっている。

(8) インフォマティクス/完全長 cDNA の染色体へのマッピング(清沢, 近藤, 山中, 斎藤(哲), 林崎)

ヒトゲノム上にマップしたマウス完全長 cDNA の viewer, Genomapper を開発した。コンセプトは、RIKEN マウス完全長 cDNA の中から、疾患関連遺伝子の検索を支援することである。疾患関連遺伝子座は、染色体上の位置より先ず決まってくることから、ヒト染色体上に cDNA をマップし、その位置情報により、遺伝子検索ができるシステムを構築した。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もマップし、RIKEN マウス完全長 cDNA の染色体上での、既知遺伝子との関連情報も取り入れた。cDNA の ID 検索、マーカーを指定し、その間にマップされた cDNA の検索なども可能になっている。個々の cDNA には、染色体上でのスプライシングパターン、ライブラリーの発現情報、マイクロアレイによる発現情報、FANTOM のアノテーション情報などがリンクされ、疾患原因のキャンディデートを絞るのに必要な情報を集めている。また、染色体上の興味のある位置を登録することにより、その位置に新規遺伝子がマップされたとき、登録者にアラートを発するシステムも内蔵している。マウスゲノムとのシソーラ関係を利用し、同様の機能を持ったマウス版の Genomapper も完成している。

### 3. 遺伝子エンサイクロペディアを利用した遺伝子機能解析

(1) インプリント遺伝子の解析と疾患関連遺伝子の探索(神谷<sup>\*5</sup>, 岡崎, 林崎)

本研究は、RLGS-M (Restriction Landmark Genomic Scanning for Methylation) 法を用いて、ヒト単為発生キメラ由来の単為発生細胞と雄核生殖を原因とする胎状奇胎のゲノム上のメチル化状態を比較し、インプリント遺伝子を単離することを目的としている。

これまでに、我々はメチル化がインプリントの挙動を示す 2 つの座位を発見し、それぞれ、インプリント疾患である pseudohypoparathyroidism (PHP) type Ia と、新生児一過性糖尿病 (transient neonatal diabetes mellitus, TNDM) の領域由来であることを示し、*G-protein- $\alpha$ -subunit 1* (*GNAS1*) と、*ZAC/PLAGL1* がインプリント遺伝子であることを明らかにしてきた。*ZAC/PLAGL1* は父親由来のアリールから特異的に発現していること、インスリンの分泌に関与していることなどから、TNDM の原因遺伝子であることが強

く示唆されたが、確証を得るには至っていない。そこで本年度は、この遺伝子が、TNDMの原因遺伝子であることを確認するため、この遺伝子のトランスジェニックマウスの作成を始めると共に、周辺の遺伝子の発現状態を調べた。その結果、周辺の遺伝子は発現がインプリントしておらず、TNDMの発症を説明できないことが確認され、*ZAC/PLAGL1*がTNDMの原因遺伝子であることを支持する結果が得られた。

(2) 遺伝子エンサイクロペディアを利用した遺伝子機能解析(水野<sup>\*3</sup>, 外丸<sup>\*2</sup>, 清沢, 岡崎, 林崎)

マウスの単為発生胚である parthenogenote 胚と androgenote 胚は、雄由来、雌由来の染色体がそれぞれ欠如しているため、ゲノムインプリンティングを受ける遺伝子は、どちらか一方の胚でしか発現されないと考えることができる。このようなゲノムインプリンティング遺伝子を効率よく探索するために、マウスの1万7千種類の完全長cDNAをプリントしたマイクロアレイを用いた。parthenogenote 胚, androgenote 胚より全RNAを抽出し、*in vitro* 転写反応によりサンプル量を増幅した後、異なる2色の蛍光色素で標識してマイクロアレイにハイブリダイゼーションを行った。4回の再現実験を行った結果、マイクロアレイに載っていた Insulin like growth factor II や neuronatin などの10種類の既知インプリンティング遺伝子はすべて、どちらかの胚で著しく偏って発現していることが確認された。これらの遺伝子と同様にどちらかの胚で偏って発現している遺伝子をリストアップしたところ、20種類の遺伝子が列挙された。これらのうちのいくつかは、RT-PCR法でも両胚のうちどちらかで偏って発現していることが確認された。これらは新規ゲノムインプリンティング遺伝子の非常に有力な候補であると考えられる。現在はさらに多種類の遺伝子クローンをプリントしたマイクロアレイを作成しつつあり、さらに大規模にゲノムインプリント遺伝子を探索していくことができると考えられる。

(3) 糖尿病関連遺伝子の解析(小松<sup>\*2</sup>, 岡崎, 林崎, 吉木, 日下部)

本研究は実験動物開発室と共同研究で行った。インスリン非依存型糖尿病(NIDDM)は死亡率の高いさまざまな合併症をもたらす多因子疾患で、その遺伝的説明は予防、治療面から人類に大きく貢献する。我々は自然発症モデルマウスKKAYを用いてQTL解析による糖尿病原因遺伝子の解析を行った。これにより原因遺伝子の染色体上の新たな場所を数個同定した。候補の遺伝子座のそれぞれについて、現在GSCで作成中のマウスエンサイクロペディアの情報と比較して候補遺伝子をリストアップし、原因遺伝子の同定を進めるポジショナルクランディング法による解析を行った。

<sup>\*1</sup> 共同研究員, <sup>\*2</sup> 研修生(筑大大学院), <sup>\*3</sup> 技術研究生, <sup>\*4</sup> 基礎科学特別研究員, <sup>\*5</sup> 訪問研究員, <sup>\*6</sup> ジュニア・リサーチ・アソシエイト

#### 誌上発表 Publications

(原著論文) \*印は査読制度がある論文誌

Cattanach B. M., Shibata H., Hayashizaki Y., Townsend K. M., Ball S., and Beechey C. V.: "Association of a redefined proximal mouse chromosome 11 imprinting

region and *U2afbp-rs/U2af-rs1* expression", *Cytogenet. Cell Genet.* **80**, 41-47 (1998). \*

Date M., Otsu K., Nishida K., Toyofuku T., Matsumura Y., Morita T., Hirotsu S., Okazaki Y., Hayashizaki Y., Nigro V., Kuzuya T., Tada M., and Hori M.: "Single-strand conformation polymorphism analysis on the  $\delta$ -sarcoglycan gene in Japanese patients with hypertrophic cardiomyopathy", *Am. J. Cardiol.* **85**, 1315-1318 (2000). \*

Kanemitsu N., Kato M. V., Miki T., Komatsu S., Okazaki Y., Hayashizaki Y., and Sakai T.: "Characterization of the promoter of the murine *mac25* gene", *Biochem. Biophys. Res. Commun.* **279**, 251-257 (2000). \*

Iwata M., Izawa M., Sasaki N., Nagumo Y., Sasabe H., and Hayashizaki Y.: "T7 RNA polymerase activation and improvement of the transcriptional sequencing by polyamines", *Bioorg. Med. Chem.* **8**, 2185-2194 (2000). \*

Tateno M., Fukunishi Y., Komatsu S., Okazaki Y., Kawai J., Shibata K., Itoh M., Muramatsu M., Held W. A., and Hayashizaki Y.: "Identification of a novel member of the *Snail/Gfi-1* repressor family, *mit 1*, which is methylated and silenced in liver tumors of SV40 T antigen transgenic mice", *Cancer Res.* **61**, 1144-1153 (2001). \*

Sugahara Y., Carninci P., Itoh M., Shibata K., Konno H., Endo T., Muramatsu M., and Hayashizaki Y.: "Comparative evaluation of 5'-end-sequence quality of clones in CAP trapper and other full-length-cDNA libraries", *Gene* **263**, 93-102 (2001). \*

Ueda T., Abe K., Miura A., Yuzuriha M., Zubair M., Noguchi M., Niwa K., Kawase Y., Kohno T., Matsuda Y., Fujimoto H., Shibata H., Hayashizaki Y., and Sasaki H.: "The paternal methylation imprint of the mouse *H19* locus is acquired in the gonocyte stage during foetal testis development", *Genes Cells* **5**, 649-659 (2000). \*

Bono H., Kasukawa T., Okido T., Sakai K., Furuno M., Kohtsuki S., Yoshida K., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: "FANTOM+: The interface for functional annotation of mouse cDNA", *Genome Inf. Ser.*, No. 11, pp. 219-221 (2000). \*

Kadota K., Okazaki Y., Nakamura S., Shimada H., Shimizu K., and Hayashizaki Y.: "A novel method for identification of genes contributing to the pathological classification using cDNA microarray", *Genome Inf. Ser.*, No. 11, pp. 257-259 (2000). \*

Bono H., Kasukawa T., Miki R., Kadota K., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: "Practical organization and functional annotation of RIKEN cDNA microarray", *Genome Inf. Ser.*, No. 11, pp. 260-261 (2000). \*

Sakai H., Ohkuma Y., Imamura C., Shinagawa A., Itoh M., Shibata K., Carninci P., Konno H., Kawai J., Fukunishi Y., Hayashizaki Y., and Tomita M.: "Correlation between sequence conservation of 5' UTR and codon usage bias", *Genome Inf. Ser.*, No. 11, pp. 313-314 (2000). \*

Konno H., Fukunishi Y., Carninci P., and Hayashizaki Y.:

- “Assessment of redundancy and full-length rate of full-length enriched cDNA libraries”, *Genome Inf. Ser.*, No. 11, pp. 372–373 (2000). \*
- Osato N., Konno H., Itoh M., Kondo S., Kawai J., Shibata K., Shinagawa A., Adachi J., Fukuda S., Ota Y., and Hayashizaki Y.: “Clustering of full-length cDNA clones based on both end sequences”, *Genome Inf. Ser.*, No. 11, pp. 374–375 (2000). \*
- Kasukawa T., Bono H., Matsuda H., Okazaki Y., Kohtsuki S., and Hayashizaki Y.: “Representing functional annotations of mouse cDNA sequence in XML”, *Genome Inf. Ser.*, No. 11, pp. 376–377 (2000). \*
- Carninci P., Shibata Y., Hayatsu N., Sugahara Y., Shibata K., Itoh M., Konno H., Okazaki Y., Muramatsu M., and Hayashizaki Y.: “Normalization and subtraction of cap-trapper selected cDNAs to prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new genes”, *Genome Res.* **10**, 1617–1630 (2000). \*
- Shibata K., Itoh M., Aizawa K., Nagaoka S., Sasaki N., Carninci P., Konno H., Akiyama J., Nishi K., Kitsunai T., Tashiro H., Itoh M., Sumi N., Ishii Y., Nakamura S., Hazama M., Nishine T., Harada A., Yamamoto R., Matsumoto H., Sakaguchi S., Ikegami T., Kashiwagi K., Fujiwaka S., Inoue K., Togawa Y., Izawa M., Ohara E., Watahiki M., Yoneda Y., Ishikawa T., Ozawa K., Tanaka T., Matsuura S., Kawai J., Okazaki Y., Muramatsu M., Inoue Y., Kira A., and Hayashizaki Y.: “RIKEN Integrated Sequence Analysis (RISA) system-384-format sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer”, *Genome Res.* **10**, 1757–1771 (2000). \*
- Konno H., Fukunishi Y., Shibata K., Itoh M., Carninci P., Sugahara Y., and Hayashizaki Y.: “Computer-based methods for the mouse full-length cDNA encyclopedia: Real-time sequence clustering for construction of a nonredundant cDNA library”, *Genome Res.* **11**, 281–289 (2001). \*
- Akiyoshi S., Kanda H., Okazaki Y., Akama T. O., Nomura K., Hayashizaki Y., and Kitagawa T.: “A genetic linkage map of the MSM Japanese wild mouse strain with restriction landmark genomic scanning (RLGS)”, *Mamm. Genome* **11**, 356–359 (2000). \*
- Kawai J., Shinagawa A., Shibata K., Yoshino M., Itoh M., Ishii Y., Arakawa T., Hara A., Fukunishi Y., Konno H., Adachi J., Fukuda S., Aizawa K., Izawa M., Nishi K., Kiyosawa H., Kondo S., Yamanaka I., Saito T., Okazaki Y., Bono H., Saito R., Kadota K., Matsuo Y., Sakai K., Okido T., Furuno M., Aono H., Carninci P., Sakamoto N., Schönbach C., Suzuki H., Yoshida K., Hayashizaki Y., the RIKEN Genome Exploration Research Group Phase II Team and the FANTOM Consortium: “Functional annotation of a full-length mouse cDNA collection”, *Nature* **409**, 685–690 (2001). \*
- Kadota K., Miki R., Bono H., Shimizu K., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: “Preprocessing implementation for microarray (PRIM): An efficient method for processing cDNA microarray data”, *Physiol. Genomics* **4**, 183–188 (2001). \*
- Fukunishi Y. and Hayashizaki Y.: “Amino acid translation program for full-length cDNA sequences with frameshift errors”, *Physiol. Genomics* **5**, 81–87 (2001). \*
- Seki M., Narusaka M., Abe H., Kasuga M., Yamaguchi-Shinozaki K., Carninci P., Hayashizaki Y., and Shinozaki K.: “Monitoring the expression pattern of 1300 Arabidopsis genes under drought and cold stresses by using a full-length cDNA microarray”, *Plant Cell* **13**, 61–72 (2001). \*
- Miki R., Kadota K., Bono H., Mizuno Y., Tomaru Y., Carninci P., Itoh M., Shibata K., Kawai J., Konno H., Watanabe S., Sato K., Tokusumi Y., Kikuchi N., Ishii Y., Hamaguchi Y., Nishizuka I., Goto H., Nitanda H., Satomi S., Yoshiki A., Kusakabe M., DeRisi J., Eisen M., Iyer V., Brown P. O., Muramatsu M., Shimada H., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: “Delineating developmental and metabolic pathways *in vivo* by expression profiling using the RIKEN set of 18,816 full-length enriched mouse cDNA arrays”, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **98**, 2199–2204 (2001). \*
- (総説)
- Kawai J., Okazaki Y., Suzuki H., Watanabe S., and Hayashizaki Y.: “Restriction landmark genomic and cDNA scanning”, *Encyclopedia of Analytical Chemistry*, edited by Robert A. Meyers, John Wiley & Sons, Chichester, pp. 5196–5222 (2000).
- 林崎良英: “7万種類の完全長 cDNA クローンの単離を完了”, *InterLab (WEB)* **21**, 36 (2000).
- 伊藤昌可, 林崎良英: “Series: ゲノム解析プロトコール 15 大規模シーケンスのための鋳型プラスミドの調製法”, *Mol. Med.* **37**, 948–952 (2000).
- 福西快文, 松山高弘, 福田史郎, 堀史, 手島佳子, 河合純, 林崎良英: “Series: ゲノム解析プロトコール 16 全長決定のためのコンピュータシステム”, *Mol. Med.* **37**, 1076–1084 (2000).
- 門田幸二, 岡崎康司, 清水謙多郎, 林崎良英: “Series: ゲノム解析プロトコール 17 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”, *Mol. Med.* **37**, 1186–1194 (2000).
- 吉野正康, 林崎良英: “Series: ゲノム解析プロトコール 18 Taq 酵素と PCR”, *Mol. Med.* **37**, 1298–1304 (2000).
- Carninci P., 柴田裕子, 綿引玲, 林崎良英: “Series: ゲノム解析プロトコール 19 包括的完全長 cDNA ライブラリー作製 第3回”, *Mol. Med.* **37**, 1305–1309 (2000).
- 柴田一浩, 相澤克則, 村松正實, 林崎良英: “Series: ゲノム解析プロトコール 20 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”, *Mol. Med.* **37**, 1430–1437 (2000).
- 綿引玲, 鈴木治和, 林崎良英: “ゲノムの塩基配列を調べる”, *ゲノム—GENOMES, メディカル・サイエンス・インターナショナル*, 東京, pp. 69–95 (2000).
- 三木理雅, 岡崎康司, 林崎良英: “ゲノム配列を知る”, *ゲノム GENOMES, メディカル・サイエンス・インターナ*

- シヨナル, 東京, pp. 97-126 (2000).
- 外丸靖浩: “SNP: SNP の分類と将来性”, 医学のあゆみ 195, 922-926 (2000).
- 小松誠, 林崎良英: “特集 新ミレニウムを拓く化学工業 バイオテクノロジーの未来展望”, 化学工業 52, 7-10 (2000).
- 林崎良英: “cDNA microarray 技術開発の基本思想”, 血液・腫瘍科 41, 1-6 (2000).
- 石川孝, 嶋田紘, 林崎良英, 岡崎康司: “DNA マイクロアレイによるがん関連遺伝子のクローニング”, 血液・腫瘍科 41, 7-11 (2000).
- 浜口洋平, 神山雅子, 西塚至, 石川孝, 市川靖史, 国崎主税, 渡会伸治, 岡崎康司, 林崎良英, 嶋田紘: “cDNA マイクロアレイを用いた遺伝子発現解析と抗癌剤感受性”, 血液・腫瘍科 41, 27-31 (2000).
- 林崎良英: “ゲノム情報に基づく生命科学の 21 世紀の新展開”, 現代化学・増刊, No. 40, pp. 1-5 (2001).
- 相澤克則, 伊藤昌可, 柴田一浩, 外丸靖浩: “ゲノム解析技術”, 現代化学・増刊, No. 40, pp. 77-95 (2001).
- 林崎良英, 大和知永: “理研マウスエンサイクロペディア計画の軌跡と今後の展開”, 現代化学・増刊, No. 40, pp. 137-143 (2001).
- 品川朗, 林崎良英: “ポストゲノムに向けたマウス研究の現状と展望”, 実験医学 18, 2359-2365 (2000).
- 相澤克則, 林崎良英: “DNA シーケンサ用分離媒体の特性: 現状の詳細と展望”, 生物物理化学 44, 163-171 (2000).
- 岡崎康司: “序”, 必ずデータが出る DNA マイクロアレイ実戦マニュアル, 岡崎康司(編), 羊土社, 東京, p. 3 (2000).
- 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”, 臨床医薬 17, 287-294 (2001).
- (その他)
- 林崎良英: “ヒトゲノム計画と遺伝子が切り拓く新しい世界”, 東京テクノ・レポート, 東京テクノフォーラム 21 (編), 東京, pp. 1-16 (2000).
- 二反田博之, 岡崎康司: “第 1 章 DNA マイクロアレイの原理”, 必ずデータが出る DNA マイクロアレイ実戦マニュアル, 岡崎康司(編), 羊土社, 東京, pp. 13-16 (2000).
- 富永直子, 矢野理恵子, 水野洋介, 後藤均, 徳炭由美子: “第 2 章 DNA マイクロアレイに必要な器材”, 必ずデータが出る DNA マイクロアレイ実戦マニュアル, 岡崎康司(編), 羊土社, 東京, pp. 17-22 (2000).
- 外丸靖浩: “第 3 章 ターゲット DNA の調製 1: ターゲット DNA の選択”, 必ずデータが出る DNA マイクロアレイ実戦マニュアル, 岡崎康司(編), 羊土社, 東京, p. 23 (2000).
- 外丸靖浩: “第 3 章 ターゲット DNA の調製 2: DNA の調製法”, 必ずデータが出る DNA マイクロアレイ実戦マニュアル, 岡崎康司(編), 羊土社, 東京, pp. 24-28 (2000).
- 外丸靖浩: “第 3 章 ターゲット DNA の調製 3: PCR による遺伝子の増幅”, 必ずデータが出る DNA マイクロアレイ実戦マニュアル, 岡崎康司(編), 羊土社, 東京, pp. 28-31 (2000).
- 外丸靖浩: “第 3 章 ターゲット DNA の調製 4: PCR 産物の精製”, 必ずデータが出る DNA マイクロアレイ実戦マニュアル, 岡崎康司(編), 羊土社, 東京, pp. 32-34 (2000).
- 佐藤健二郎: “第 6 章 プローブ DNA の調製 1: RNA 抽出”, 必ずデータが出る DNA マイクロアレイ実戦マニュアル, 岡崎康司(編), 羊土社, 東京, pp. 61-65 (2000).
- 三木理雅: “第 6 章 プローブ DNA の調製 2: mRNA のラベリング”, 必ずデータが出る DNA マイクロアレイ実戦マニュアル, 岡崎康司(編), 羊土社, 東京, pp. 66-71 (2000).
- 三木理雅: “第 6 章 プローブ DNA の調製 3: total RNA のラベリング”, 必ずデータが出る DNA マイクロアレイ実戦マニュアル, 岡崎康司(編), 羊土社, 東京, pp. 71-72 (2000).
- 坂井勇仁, Gariboldi M., 後藤均: “第 6 章 プローブ DNA の調製 4: アミノアリル法によるラベリング”, 必ずデータが出る DNA マイクロアレイ実戦マニュアル, 岡崎康司(編), 羊土社, 東京, pp. 73-79 (2000).
- 水野洋介, 坂井勇仁, 佐藤健二郎, 岡崎康司: “第 6 章 プローブ DNA の調製 5: リニア増幅法による微量サンプル RNA の増幅”, 必ずデータが出る DNA マイクロアレイ実戦マニュアル, 岡崎康司(編), 羊土社, 東京, pp. 80-90 (2000).
- 後藤均: “第 6 章 プローブ DNA の調製 6: External control の調製”, 必ずデータが出る DNA マイクロアレイ実戦マニュアル, 岡崎康司(編), 羊土社, 東京, pp. 91-94 (2000).
- 三木理雅: “第 7 章 ハイブリダイゼーション 1: ハイブリダイゼーション”, 必ずデータが出る DNA マイクロアレイ実戦マニュアル, 岡崎康司(編), 羊土社, 東京, pp. 95-98 (2000).
- 三木理雅: “第 7 章 ハイブリダイゼーション 2: ポストハイブリダイゼーション”, 必ずデータが出る DNA マイクロアレイ実戦マニュアル, 岡崎康司(編), 羊土社, 東京, pp. 98-100 (2000).
- 徳炭由美子, 中川瑞貴: “第 8 章 データ解析 1: 解析ソフトをもちいたシグナルの定量化”, 必ずデータが出る DNA マイクロアレイ実戦マニュアル, 岡崎康司(編), 羊土社, 東京, pp. 101-117 (2000).
- 後藤均: “第 8 章 データ解析 3: Normalization: External control の場合”, 必ずデータが出る DNA マイクロアレイ実戦マニュアル, 岡崎康司(編), 羊土社, 東京, pp. 121-122 (2000).
- 坊農秀雅, 門田幸二: “第 8 章 データ解析 5: データマイニング”, 必ずデータが出る DNA マイクロアレイ実戦マニュアル, 岡崎康司(編), 羊土社, 東京, pp. 131-140 (2000).
- 岡崎康司: “第 8 章 データ解析 6: GeneSpring による発現解析”, 必ずデータが出る DNA マイクロアレイ実戦マニュアル, 岡崎康司(編), 羊土社, 東京, pp. 141-153 (2000).

## 口頭発表 Oral Presentations

(国際会議等)

- Collavin L., Utrera R., Lazarevic D., Verardo R., Bertoli C., Marchionni L., Schneider C., Miki R., Okazaki Y., Carninci P., and Hayashizaki Y.: “Serial and parallel analysis of p53 development gene expression”, Conf. on Molecular Oncology, Positano, Italy, May (1999).
- Hamaguchi Y., Okazaki Y., Kamiyama M., Nishizuka I., Ishikawa T., Ichikawa Y., Kunisaki C., Togo S.,

- Hayashizaki Y., and Shimada H.: "Analysis of expression profiles in anti-cancer drug sensitive and resistant breast cancer cells using mouse full-length 20K cDNA microarray", American Association for Cancer Research 91th Ann. Meet., San Francisco, USA, Apr. (2000).
- Hayashizaki Y.: "Mouse genome encyclopedia", Human Genome Meet. of 2000, Vancouver, Canada, Apr. (2000).
- Yu W., Carninci P., Okazaki Y., Tsang Y., Margolin J., Hayashizaki Y., and Gibbs R.: "Construction and evaluation of cDNA libraries enriched with full-length clones using CAP trapper", 13th Ann. Cold Spring Harbor Meet. on Genome Sequencing & Biology, New York, USA, May (2000).
- Okazaki Y., Miki R., Mizuno Y., Tomaru Y., Kadota K., Carninci P., Shibata K., Itoh M., Kawai J., Konno H., Fukunishi Y., Endo T., Bono H., Muramatsu M., Yoshiki A., Kusakabe M., DeRisi J., Iyer V., Eisen M., Brown P. O., and Hayashizaki Y.: "Global gene expression profiling using RIKEN full-length mouse 17K cDNA microarray", 13th Ann. Cold Spring Harbor Meet. on Genome Sequencing & Biology, New York, USA, May (2000).
- Suzuki H., Oda H., Fukunishi Y., Endo T., Okazaki Y., Muramatsu M., and Hayashizaki Y.: "A high-throughput assay system for protein-protein interactions using RIKEN mouse full-length cDNAs", 13th Ann. Cold Spring Harbor Meet. on Genome Sequencing & Biology, New York, USA, May (2000).
- Mizuno Y., Okazaki Y., Sotomaru Y., Kohno T., Amanuma H., Muramatsu M., and Hayashizaki Y.: "High-throughput genome wide search for mice imprinted genes using parthenogenote and androgenote with RIKEN full-length mouse cDNA microarray analysis", 13th Ann. Cold Spring Harbor Meet. on Genome Sequencing & Biology, New York, USA, May (2000).
- Carninci P., Shibata K., Itoh M., Konno H., Shibata Y., Sugahara Y., Endo T., Fukunishi Y., Muramatsu M., Kawai J., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: "Towards the completion of the mouse full-length cDNA encyclopedia", 13th Ann. Cold Spring Harbor Meet. on Genome Sequencing & Biology, New York, USA, May (2000).
- Narusaka M., Carninci P., Hayashizaki Y., and Shinozaki K.: "Analysis of gene expression under drought and cold stress using *Arabidopsis* full-length cDNA microarray", 11th Int. Conf. on Arabidopsis Research, (University of Wisconsin-Madison), Madison, USA, June (2000).
- Seki M., Narusaka M., Abe H., Yamaguchi-Shinozaki K., Carninci P., Hayashizaki Y., and Shinozaki K.: "Construction of *Arabidopsis* full-length cDNA libraries by biotinylated CAP trapper and monitoring gene expression pattern under dehydration and cold stress using full-length cDNA microarray", 11th Int. Conf. on Arabidopsis Research, (University of Wisconsin-Madison), Madison, USA, June (2000).
- Seki M., Narusaka M., Abe H., Yamaguchi-Shinozaki K., Carninci P., Hayashizaki Y., and Shinozaki K.: "Construction of full-length *Arabidopsis* cDNA libraries by biotinylated CAP trapper and monitoring gene expression pattern under dehydration and cold stress using full-length cDNA microarray", 6th Int. Congr. of Plant Molecular Biology, Québec, Canada, June (2000).
- Hayashizaki Y.: "Recent progress of mouse encyclopedia", Mouse Initiatives II: Modeling the Human Genome and Disease, (The Jackson Laboratory), Bar Harbor, USA, July (2000).
- Kadota K., Okazaki Y., Bono H., Miki R., Hayashizaki Y., and Shimizu K.: "Efficient data processing method for large-scale cDNA microarray analysis", 2000 Int. Conf. on Intelligent Systems for Molecular Biology, (The International Society of Computational Biology), San Diego, USA, Aug. (2000).
- Kawaji H., Matsuda H., Kondo S., Kawai J., Hayashizaki Y., and Hashimoto A.: "A method to detect conserved domains in mouse full-length cDNA data", 2000 Int. Conf. on Intelligent Systems for Molecular Biology, (The International Society of Computational Biology), San Diego, USA, Aug. (2000).
- Hermann R., Kamiya M., and Hayashizaki Y.: "The possible role of the imprinted NV149 region (6q24) in the pathogenesis of transient neonatal diabetes", 36th Ann. Meet. of the EASD, (European Association for the Study of Diabetes), Jerusalem, Israel, Sept. (2000).
- Nagano Y., Nagahori K., Nishizuka I., Hamaguchi Y., Ishikawa T., Togo S., Okazaki Y., Hayashizaki Y., and Shimada H.: "Functional capacity of the compensatory hypertrophied liver after portal vein ligation in rat-analysis OFN expression profiles using cDNA microarray", ISDS 17th World Congr., Hamburg, Germany, Sept. (2000).
- Shimada H. and Hayashizaki Y.: "Gene expression profile of colorectal cancer patients by cDNA microarray", 10th Int. Symp. of the Hiroshima Cancer Seminar on Gene Diagnosis: Introduction of New Technology, Hiroshima, Oct. (2000).
- Chikayama E., Kuroda Y., Tani K., Matsuo Y., Kawai J., Hayashizaki Y., and Yokoyama S.: "Automated protein domain prediction system for the selection of structure determination targets", Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Kamiya M., Judson H., Okazaki Y., Kusakabe M., Muramatsu M., Takada S., Takagi N., Arima T., Wake N., Kamimura K., Satomura K., Hermann R., Bonthron David T., and Hayashizaki Y.: "The cell cycle gene ZAC/PLAGL1 is imprinted: A strong candidate gene for transient neonatal diabetes", 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (RIKEN and others), Narita, Nov. (2000).
- Hamaguchi Y., Ishikawa T., Morita T., Kamiyama M., Nishizuka I., Takahashi S., Ichikawa Y., Kunisaki C., Togo S., Okazaki Y., Hayashizaki Y., and Shimada H.: "Analysis of expression profiles in anti-cancer drug

- sensitive and resistant breast cancer cells using mouse full-length 20K cDNA microarray”, 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Kawaji H., Matsuda H., Kondo S., Kawai J., Hayashizaki Y., and Hashimoto A.: “Analysis of functional motifs in mouse full-length cDNA sequences”, 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Kato M., Kanemitsu N., Miki T., Komatsu S., Okazaki Y., Hayashizaki Y., and Sakai T.: “Characterization of the promoter of the murine *mac25* gene”, 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Shibata Y., Carninci P., Watahiki A., Shiraki T., Konno H., Muramatsu M., and Hayashizaki Y.: “Cloning full-length, cap-trapper-selected cDNAs by using the single-strand linker ligation method”, 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Konno H., Fukunishi Y., Shibata K., Itoh M., Carninci P., Sugawara Y., and Hayashizaki Y.: “Computer-based methods for a mouse full-length cDNA project: Database and real-time sequence clustering for construction of a non-redundant cDNA library”, 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Yoshino M., Kawai J., Shinagawa A., Shibata K., Itoh M., Carninci P., and Hayashizaki Y.: “Construction of shotgun libraries for the mouse full-length cDNA clones”, 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Saito R., Yoshida K., Suzuki H., and Hayashizaki Y.: “Construction of the RIKEN mouse protein-protein interaction database”, 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Sakai H., Ohkuma Y., Imamura C., Shinagawa A., Itoh M., Shibata K., Carninci P., Konno H., Kawai J., Fukunishi Y., Hayashizaki Y., and Tomita M.: “Correlation between codon usage bias and conservation of 5' untranslated region”, 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Miki R., Bono H., Mizuno Y., Kadota K., Tomaru Y., Carninci P., Shibata K., Itoh M., Kawai J., Konno H., Tokusumi Y., Ishii Y., Muramatsu M., DeRisi J., Iyer V., Eisen M., Brown P. O., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: “Exploring metabolic pathways in 49 tissues using RIKEN full-length mouse 19K cDNA microarray”, 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Bono H., Kasukawa T., Sakai K., Furuno M., Okido T., Kohtsuki S., Yoshida K., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: “FANTOM+: Web interface for the functional annotation of mouse”, 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Komatsu S., Yoshiki A., Okazaki Y., Tomaru Y., Watanabe S., Muramatsu M., Kusakabe M., and Hayashizaki Y.: “Functional variation of QTL for non-insulin dependent diabetes mellitus in mice”, 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (RIKEN and others), Narita, Nov. (2000).
- Mizuno Y., Okazaki Y., Tomaru Y., Kiyosawa H., Sotomaru Y., Kohno T., Amanuma H., Muramatsu M., and Hayashizaki Y.: “High-throughput genome wide search for mice imprinted genes using parthenogenote and androgenote with RIKEN full-length mouse cDNA microarray analysis”, 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Aizawa K., Shibata K., Muramatsu M., and Hayashizaki Y.: “High-throughput purification method of dye terminators-labeled products of DNA sequencing reaction by using 384 well PCR plates”, 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Carninci P., Shibata K., Itoh M., Konno H., Shibata Y., Sato K., Hayatsu N., Shiraki T., Hirozane T., Aizawa K., Bono H., Kadota K., Kondo S., Kawai J., Yoshiki A., Kusakabe M., Muramatsu M., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: “Large coverage of the mouse genome with cap-selected full-length cDNAs”, 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (RIKEN and others), Narita, Nov. (2000).
- Kiyosawa H., Kondo S., Yamanaka I., Kawai J., Shinagawa A., Hara A., Shibata K., and Hayashizaki Y.: “Mapping of the RIKEN mouse cDNA clones to the human genome sequences: Identification of numbers of novel genes that cannot be discovered by the combination of exon predictors and existent EST clones”, 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Kawai J., Shinagawa A., Carninci P., Okazaki Y., Itoh M., Shibata K., Yoshino M., Aizawa K., Fukunishi Y., Konno H., Adachi J., Saito R., Shibata Y., Hirozane T., Shiraki T., Sato K., Hayatsu N., Hara A., Arakawa T., Ishii Y., Kikuchi N., Muramatsu M., and Hayashizaki Y.: “Mouse cDNA encyclopedia project: Progress of the sequencing of the mouse full-length cDNAs”, 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Suzuki H., Fukunishi Y., Kagawa I., Bono H., Saito R., Oda H., Endo T., Kondo S., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: “Protein-protein interaction panel using RIKEN mouse full-length cDNAs”, 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).

- Bono H., Miki R., Kadota K., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: "READ: RIKEN expression array database", 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Shibata K., Itoh M., Aizawa K., Nagaoka S., Sasaki N., Carninci P., Konno H., Akiyama J., Itoh M., Kikuchi N., Ishii Y., Nakamura S., Hazama M., Nishine T., Harada A., Yamamoto R., Matsumoto H., Sakaguchi S., Ikegami T., Kashiwagi K., Fujiwake S., Inoue K., Togawa Y., Izawa M., Ohara E., Watahiki M., Yoneda Y., Ishikawa T., Ozawa K., Tanaka T., Matsuura S., Kawai J., Okazaki Y., Muramatsu M., Inoue Y., Kira A., and Hayashizaki Y.: "RIKEN integrated sequence analysis system (RISA System): 384-format sequencing pipeline with 384 multi-capillary sequencer", 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Itoh M., Kitsunai T., Akiyama J., Nishi K., Shibata K., Izawa M., Tomaru Y., Carninci P., Shibata Y., Nagaoka S., Itoh M., Kikuchi N., Sasaki N., Takano H., Kawai J., Muramatsu M., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: "RIKEN integrated sequence analysis system (RISA System): Large scale inoculation, harvesting, and plasmid preparation system based on filtration method", 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Okazaki Y. and Hayashizaki Y.: "RIKEN mouse full-length cDNA clones as a common resource: Full-length cDNA sequencing project (phase2) with functional annotation of the mouse clones (FANTOM)", 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Kochiwa H., Suzuki R., Washio T., Shinagawa A., Itoh M., Shibata K., Carninci P., Konno H., Kawai J., Fukunishi Y., Hayashizaki Y., and Tomita M.: "Sequence analysis of alternative splicing patterns in the mouse cDNA clones", 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Clement K., Candille S., Okazaki Y., Hayashizaki Y., and Barsh G.: "Understanding body weight regulation with genetics and gene expression profiling", 14th Int. Mouse Genome Conf. (IMGC 2000), (International Mammalian Genome Society), Narita, Nov. (2000).
- Seki M., Narusaka M., Sakurai T., Abe H., Kasuga M., Yamaguchi-Shinozaki K., Carninci P., Kawai J., Shinagawa A., Shibata K., Itoh M., Hayashizaki Y., and Shinozaki K.: "Towards the construction of *Arabidopsis* full-length cDNA encyclopedia", 2000 Meet. on *Arabidopsis* Genomics, (Cold Spring Harbor), New York, USA, Dec. (2000).
- Hayashizaki Y.: "Mouse genome encyclopedia and its use for medical research", Int. Soc. for Heart Research 17th Ann. Meet. of the Japanese Section, Osaka, Dec. (2000).
- Konno H., Fukunishi Y., Carninci P., and Hayashizaki Y.: "Assessment of redundancy and full-length rate of full-length enriched cDNA libraries", 11th Workshop on Genome Informatics (GIW 2000), Tokyo, Dec. (2000).
- Osato N., Konno H., Itoh M., Kondo S., Kawai J., Shibata K., Shinagawa A., Adachi J., Fukuda S., Ota Y., and Hayashizaki Y.: "Clustering of full-length cDNA clones based on both end sequences", 11th Workshop on Genome Informatics (GIW 2000), Tokyo, Dec. (2000).
- Sakai H., Ohkuma Y., Imamura C., Shinagawa A., Itoh M., Shibata K., Carninci P., Konno H., Kawai J., Fukunishi Y., Hayashizaki Y., and Tomita M.: "Correlation between sequence conservation of 5' UTR and codon usage bias", 11th Workshop on Genome Informatics (GIW 2000), Tokyo, Dec. (2000).
- Bono H., Kasukawa T., Okido T., Sakai K., Furuno M., Kohtsuki S., Yoshida K., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: "FANTOM+: The interface for functional annotation of mouse cDNA", 11th Workshop on Genome Informatics (GIW 2000), Tokyo, Dec. (2000).
- Kadota K., Okazaki Y., Nakamura S., Shimada H., Shimizu K., and Hayashizaki Y.: "A novel method for identification of genes contributing to the pathological classification using cDNA microarray", 11th Workshop on Genome Informatics (GIW 2000), (Human Genome Center, University of Tokyo), Tokyo, Dec. (2000).
- Bono H., Kasukawa T., Miki R., Kadota K., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: "Practical organization and functional annotation of RIKEN cDNA microarray", 11th Workshop on Genome Informatics (GIW 2000), Tokyo, Dec. (2000).
- Kasukawa T., Bono H., Matsuda H., Okazaki Y., Kohtsuki S., and Hayashizaki Y.: "Representing functional annotations of mouse cDNA sequences in XML", 11th Workshop on Genome Informatics (GIW 2000), Tokyo, Dec. (2000).
- Hayashizaki Y.: "Genome encyclopedia and its application to imprinting research", Genomic Imprinting Int. Workshop in Japan, Osaka, Jan. (2001).
- Miki R., Bono H., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: "Delineating biological cascades *in vivo* by microarray expression profiling using the 19K set of RIKEN full-length cDNAs", 3rd Int. Meet. on Microarray Data Standards, Annotations, Ontologies and Databases, Palo Alto, USA, Mar. (2001).
- Bono H., Miki R., Kasukawa T., Kohtsuki S., Okazaki Y., and Hayashizaki Y.: "Practical organization of RIKEN cDNA microarray data with FANTOM annotation", 3rd Int. Meet. on Microarray Data Standards, Annotations, Ontologies and Databases, Palo Alto, USA, Mar. (2001).
- Hayatsu N., Carninci P., Shibata Y., Itoh M., Shiraki 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 the novel  $\lambda$ -FLC vector family allows enhanced gene dis-

- covery rate and functional analysis”, CHI’s Genome Tri-Conf. 2001, 8th Ann. Human Genome Discovery, San Francisco, USA, Mar. (2001).
- (国内会議)
- 林崎良英: “ゲノム科学と遺伝子エンサイクロペディアが切り拓く新しい世界”, 工業技術会講習会 遺伝子解析の国内外の現状と展望, 東京, 4月(2000).
- 石川孝, 神山雅子, 石井信之, 鈴木啓明, 市川靖史, 浜口洋平, 初山信義, 西塚至, 岡崎康司, 林崎良英, 嶋田紘: “カテプシン K アンチセンスオリゴを用いた乳癌骨転移治療に対する基礎的検討”, 第100回日本外科学会総会, 東京, 4月(2000).
- 林崎良英: “ゲノムエンサイクロペディアとポストシーケンス Era”, 第64回日本循環器学会総会・学術集会, 大阪, 4月(2000).
- 小松誠, 岡崎康司, 吉木淳, 外丸靖浩, 日下部守昭, 林崎良英: “自然発症モデルマウス KKAy を用いた NIDDM の QTL マッピング”, 第43回日本糖尿病学会年次学術集会, 名古屋, 5月(2000).
- 神谷守, 岡崎康司, 高田修治, 有馬隆博, 上村克徳, 里村憲一, Hermann R., Bonthron David T., 林崎良英: “新生児一過性糖尿病 (TNDM) 候補遺伝子の単離”, 第43回日本糖尿病学会年次学術集会, 名古屋, 5月(2000).
- 浜口洋平, 神山雅子, 西塚至, 石川孝, 市川靖史, 国崎主税, 渡会伸治, 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感受性遺伝子発現プロファイル解析”, 第8回日本乳癌学会総会, 横浜, 5月(2000).
- 西塚至, 石川孝, 神山雅子, 浜口洋平, 市川靖史, 国崎主税, 渡会伸治, 岡崎康司, 林崎良英, 嶋田紘: “cDNA マイクロアレイを用いた乳癌脳転移能に関する遺伝子プロファイルの検討”, 第8回日本乳癌学会総会, 横浜, 5月(2000).
- 石川孝, 神山雅子, 石井信之, 鈴木啓明, 市川靖史, 浜口洋平, 初山信義, 西塚至, 岡崎康司, 林崎良英, 嶋田紘: “カテプシン K アンチセンスオリゴを用いた乳癌骨転移治療に対する基礎的検討”, 第8回日本乳癌学会総会, 横浜, 5月(2000).
- 相澤克則, 柴田一浩, 村松正實, 林崎良英: “DNA シーケンサ用キャピラリーカラムの効率化: フューズドシリカ表面の新洗浄法”, Separation Science, (日本分析化学会), 東京, 6月(2000).
- 林崎良英: “マウスゲノムエンサイクロペディア”, 第16回奈良セミナー, (奈良県), 奈良, 7月(2000).
- 林崎良英: “高速ゲノム解析システムの開発と遺伝的背景を支配する遺伝子の解析”, 第4回領域シンポジウム「生命活動のプログラム」, (科学技術振興事業団), 東京, 7月(2000).
- 高橋真治, 石川孝, 西塚至, 神山雅子, 浜口洋平, 市川靖史, 国崎主税, 渡会伸治, 岡崎康司, 林崎良英, 嶋田紘: “cDNA マイクロアレイを用いた高分化型大腸癌の遺伝子発現プロファイル”, 第55回日本消化器外科学会総会, 宮崎, 7月(2000).
- 永野靖彦, 長堀薫, 西塚至, 浜口洋平, 石川孝, 市川靖史, 渡会伸治, 宮城洋平, 岡崎康司, 林崎良英, 嶋田紘: “ラット門脈結紮後腫大肝の機能的評価: cDNA マイクロアレイによる遺伝子発現プロファイルの解析”, 第55回日本消化器外科学会総会, 宮崎, 7月(2000).
- 岡崎康司: “発現情報からみた functional genomics: RIKEN 完全長マウス cDNA マイクロアレイを用いた解析と医学への応用”, 第10回日本サイトメトリー学会, 東京, 8月(2000).
- 林崎良英: “生命科学技術分野の今後の展開をリードする日本の戦略”, 2000年度後期 明日の技術開発と新商品・新規事業開発研究 第2回, (新経営研究会), 東京, 9月(2000).
- 渡辺幸彦: “ゲノム科学の進展と医療への展開”, 松山市医師会主催学術講演会, 松山, 9月(2000).
- 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”, 第21回日本臨床薬理学会年会, 札幌, 9月(2000).
- 林崎良英: “Mouse genome encyclopedia and it’s medical research”, 第8回臨床医科学フォーラム, (京都大学臨床病態医科学・第二内科), 京都, 9月(2000).
- 高野裕士, 石川孝, 西塚至, 岡本亮, 朴智善, 岡崎康司, 林崎良英, 西山正彦: “cDNA microarray を用いた CPT-11 耐性遺伝子の解析”, 第59回日本癌学会総会, 横浜, 10月(2000).
- 岡崎康司, 嶋田紘, 林崎良英: “cDNA マイクロアレイを用いた大腸がんの発現プロファイル解析”, 第59回日本癌学会総会, 横浜, 10月(2000).
- 兼光紀幸, 加藤満雄, 中尾昌宏, 三木恒治, 小松誠, 岡崎康司, 酒井敏行: “マウス mac25 遺伝子プロモーターの解析”, 第59回日本癌学会総会, 横浜, 10月(2000).
- 関原明, 鳴坂真理, 安部洋, 春日美江, 篠崎(山口)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”, 第11回シロイヌナズナ・ワークショップ, (京都大学大学院理学研究科), 岡崎, 11月(2000).
- 岡崎康司: “わかりやすい cDNA マイクロアレイ解析”, 第11回日本サイトメトリー学会技術講習会, 東京, 11月(2000).
- 高橋真治, 市川靖史, 石川孝, 浜口洋平, 西塚至, 盛田知幸, 神山雅子, 永野靖彦, 大木繁, 池秀之, 国崎主税, 渡会伸治, 岡崎康司, 林崎良英, 嶋田紘: “cDNA マイクロアレイを用いた大腸癌の遺伝子発現プロファイルの作成”, 第3回遺伝子情報発現研究会, 名古屋, 11月(2000).
- 林崎良英: “マウスゲノムエンサイクロペディアが切り開く医学と医療”, 第7回新化学・関西セミナー, 大阪, 11月(2000).
- 神谷守, Judson H., 岡崎康司, 日下部守昭, 村松正實, 高田修治, 高木信夫, 有馬隆博, 和氣徳夫, 上村克徳, 里村憲一, Hermann R., Bonthron David T., 林崎良英: “The cell cycle control gene *ZAC/PLAGL1* is imprinted: A strong candidate gene for transient neonatal diabetes”, 第23回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2000).
- 坂井寛章, 大熊裕介, 今村千秋, 品川朗, 伊藤昌可, 柴田一浩, Carninci P., 今野英明, 河合純, 福西快文, 林崎良英, 富田勝: “5非翻訳領域の配列保存性とコドン使用の偏りとの相関について”, 第23回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2000).
- 佐藤健二郎, 門田幸二, 坂井勇仁, 白木利幸, 後藤均, 水野

- 洋介, 三木理雅, 外丸靖浩, 伊藤昌可, 柴田一浩, 河合純, Carninci P., 村松正實, 岡崎康司, 林崎良英: “Analysis with cDNA microarray of membrane-bound polysomal RNA expressed in mouse mid-development embryos”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 柴田裕子, Carninci P., 綿引玲, 白木利幸, 今野英明, 村松正實, 林崎良英: “Cloning full-length, cap-trapper-selected cDNAs by using the single-strand linker ligation method”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 三木理雅, 坊農秀雅, 水野洋介, 門田幸二, 外丸靖浩, Carninci P., 柴田一浩, 伊藤昌可, 河合純, 今野英明, 徳炭由美子, 石井善幸, 村松正實, DeRisi J., Iyer V., Eisen M., Brown P. O., 岡崎康司, 林崎良英: “Exploring metabolic pathways in 49 tissues using RIKEN full-length mouse 19K cDNA microarray”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 小松誠, 吉木淳, 岡崎康司, 外丸靖浩, 渡辺幸彦, 村松正實, 日下部守昭, 林崎良英: “Functional variation of QTL for non-insulin dependent diabetes mellitus in mice”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 水野洋介, 岡崎康司, 外丸靖浩, 清澤秀孔, 外丸祐介, 河野友宏, 天沼宏, 村松正實, 林崎良英: “High-throughput genome wide search for mouse imprinted genes using parthenogenote and androgenote with RIKEN full-length mouse cDNA microarray analysis”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- Carninci P., 柴田一浩, 伊藤昌可, 今野英明, 柴田裕子, 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, 門田幸二, 近藤伸二, 河合純, 吉木淳, 日下部守昭, 村松正實, 岡崎康司, 林崎良英: “Large coverage of the mouse genome with cap-selected full-length cDNAs”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 坊農秀雅, 三木理雅, 門田幸二, 岡崎康司, 林崎良英: “READ: RIKEN expression array database”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 清澤秀孔, 近藤伸二, 山中到, 齋藤哲哉, 河合純, 品川朗, 原亜矢子, 柴田一浩, 林崎良英: “RIKEN マウス完全長 cDNA のヒトゲノム・ドラフトへのマッピング: マッピングによる新規遺伝子の発見”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 近藤伸二, 太田由己, 今野英明, 河合純, 伊藤昌可, 柴田一浩, 品川朗, 大里直樹, 齋藤哲哉, 林崎良英: “イネ完全長 cDNA のイネゲノムへのマッピング”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 太田由己, 河合純, 伊藤昌可, 柴田一浩, 品川朗, Carninci P., 吉野正康, 原亜矢子, 大里直樹, 福田史郎, 早津徳人, 石井善幸, 荒川貴博, 今野英明, 齋藤輪太郎, 相澤克則, 菊池尚志, 大竹祐子, 佐藤浩二, 岸本直己, 林崎良英: “イネ完全長 cDNA の収集”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 大里直樹, 太田由己, 福田史郎, 今野英明, 河合純, 伊藤昌可, 柴田一浩, 品川朗, 林崎良英: “イネ完全長 cDNA の両端配列による分類”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 関原明, 鳴坂真理, 安部洋, 春日美江, 篠崎(山口)和子, Carninci P., 林崎良英, 篠崎一雄: “シロイヌナズナの完全長 cDNA マイクロアレイを用いた乾燥, 低温ストレス応答性遺伝子および転写因子 DREB1A の Target 遺伝子の解析”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 相澤克則, 柴田一浩, 村松正實, 林崎良英: “ダイターミネータ法で蛍光ラベルした DNA サンプルのハイスループット精製法”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 小知和裕美, 鈴木良介, 鷲尾尊規, 品川朗, 伊藤昌可, 柴田一浩, Carninci P., 今野英明, 河合純, 福西快文, 林崎良英, 富田勝: “マウス cDNA における選択的スライシングの網羅的解析”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 兼光紀幸, 加藤満雄, 三木恒治, 小松誠, 岡崎康司, 林崎良英, 酒井敏行: “マウス mac25 遺伝子プロモーターの解析”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 吉野正康, 河合純, 品川朗, 柴田一浩, 伊藤昌可, Carninci P., 林崎良英: “マウス完全長 cDNA クローンのショットガン・シーケンス・ライブラリの作製”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 川路英哉, 松田秀雄, 近藤伸二, 河合純, 林崎良英, 橋本昭洋: “マウス完全長 cDNA シーケンス解析における共通保存領域の探索”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 河合純, Carninci P., 岡崎康司, 伊藤昌可, 柴田一浩, 品川朗, 吉野正康, 相澤克則, 福西快文, 今野英明, 足立淳, 齋藤輪太郎, 柴田裕子, 廣實朋子, 白木利幸, 佐藤健二郎, 早津徳人, 原亜矢子, 福田史郎, 荒川貴博, 石井善幸, 菊池典子, 村松正實, 林崎良英: “マウス完全長 cDNA の全長シーケンス”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 今野英明, 福西快文, 柴田一浩, 伊藤昌可, Carninci P., 菅原雄一, 林崎良英: “マウス完全長 cDNA プロジェクトのためのコンピューター利用システムの開発”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 坊農秀雅, 粕川雄也, 坂井勝呂, 古野正明, 大城戸利久, 青野英雄, 香月祥太郎, 吉田清, 岡崎康司, 林崎良英: “マウス完全長 cDNA 機能アノテーション”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 鳴坂真理, 関原明, Carninci P., 林崎良英, 篠崎一雄: “乾燥・低温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”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 小澤陽介, 花岡悟史, 坂井寛章, 齋藤輪太郎, 品川朗, 伊藤昌可, 柴田一浩, Carninci P., 今野英明, 河合純, 福西快文, 林崎良英, 富田勝: “真核生物の翻訳終結部位におけるコンセンサスパターンの抽出”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 元田容子, 矢吹孝, 松田夏子, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “無細胞タンパク質合成系を用いた cDNA の多核体同時発現”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 齋藤輪太郎, 吉田清, 鈴木治和, 林崎良英: “理研マウスの

タンパク質相互作用データベースの構築”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).

鈴木治和, 福西快文, 香川育子, 坊農秀雅, 齋藤輪太郎, 小田浩史, 遠藤俊徳, 近藤伸二, 岡崎康司, 林崎良英: “理研マウス完全長 cDNA を用いたタンパク質間相互作用網羅的解析法の開発”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).

柴田一浩, 伊藤昌可, 相澤克則, 秋山純一, 今野英明, Carninci P., 長岡純治, 佐々木宣哉, 河合純, 村松正實, 岡崎康司, 林崎良英: “理研大規模シーケンスシステム-RISA system-の性能評価”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).

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: “ラット過大肝切除後肝不全における microarray を用いた遺伝子発現プロファイルの検討”, 第 7 回外科侵襲とサイトカイン研究会, 東京, 12 月 (2000).

林崎良英: “ゲノムエンサイクロペディアを用いた遺伝子探索”, 第 2 回ラット研究者会議, 京都, 1 月 (2001).

岩田正彰, 伊澤真樹, 佐々木宣哉, 南雲葉子, 雀部博之, 林崎良英: “ポリアミン類による T7 RNA ポリメラーゼの活性化および TS 法による DNA 塩基配列決定の迅速・高精度化の実現”, 日本ポリアミン研究会第 16 回研究発表会, 大津, 1 月 (2001).

岡崎康司: “新世紀医療をめざして: マイクロアレイの臨床への応用”, 大腸癌懇話会 2001, 横浜, 2 月 (2001).

倉田(西村)美月, 門叶冬樹, 松尾由賀利, 小林徹, 河合純, 緑川克美, 谷畑勇夫, 林崎良英: “フェムト秒レーザーアブレーションを用いた高分子同時元素化イオン化法の研究”, 第 48 回応用物理学関係連合講演会, 東京, 3 月 (2001).

林崎良英: “マウスエンサイクロペディアの新展開”, 第 74 回日本薬理学会年会, 横浜, 3 月 (2001).

関原明, 鳴坂真理, 篠崎(山口)和子, Carninci P., 河合純, 林崎良英, 篠崎一雄: “Towards the construction of *Arabidopsis* full-length cDNA encyclopedia”, 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, 3 月 (2001).

藤田知道, 関原明, Carninci P., 林崎良英, 篠崎一雄, 長谷部光泰: “ヒメツリガネゴケ完全長 cDNA の過剰発現変異体スクリーニングによるオーキシン, サイトカニン作用機構解明への網羅的研究”, 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, 3 月 (2001).

## Research Subjects and Members of Genome Science Laboratory

1. Development of Full-Length cDNA Library Construction Method
2. Establishment of Mouse Encyclopedia
3. Genome Functional Analysis using Genome Encyclopedia

## Head

Dr. Yoshihide HAYASHIZAKI

## Members

Dr. Yasushi OKAZAKI

Dr. Jun KAWAI

Dr. Piero CARNINCI

Dr. Kazuhiro SHIBATA

Dr. Hidemasa BONO<sup>\*1</sup>

Dr. Masayoshi ITOH<sup>\*1</sup>

Dr. Masayasu YOSHINO<sup>\*1</sup>

Dr. Hiroshi ODA<sup>\*2</sup>

---

<sup>\*1</sup> Special Postdoctoral Researcher

<sup>\*2</sup> Contract Researcher

## in collaboration with

Dr. Jun ADACHI (Genome Structure Exploration Team, GSC)

Dr. Junichi AKIYAMA (Genome Structure Exploration Team, GSC)

Dr. Masaaki FURUNO (Genome Structure Exploration Team, GSC)

Dr. Tokuji KITSUNAI (Research Instruments Development Div.)

Dr. Hidenori KIYOSAWA (Genome Structure Exploration Team, GSC)

Dr. Shinji KONDO (Genome Structure Exploration Team, GSC)

Dr. Koji MORIMOTO (RI Beam Science Lab.)

Dr. Katsuo NISHI (Genome Structure Exploration Team, GSC)

Dr. Mizuki NISHIMURA (RI Beam Science Lab.)

Dr. Toshihisa OHKIDO (Genome Structure Exploration Team, GSC)

Dr. Rintaro SAITO (Genome Structure Exploration Team, GSC)

Dr. Katsunaga SAKAI (Genome Structure Exploration Team, GSC)

Dr. Katsumi SENDO (Research Instruments Development Div.)

Dr. Akira SHINAGAWA (Genome Structure Exploration Team, GSC)

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

Dr. Masanori SUZUKI (Genome Structure Exploration Team, GSC)

Dr. Isao TANIHATA (RI Beam Science Lab.)

Dr. Fuyuki TOKAMAI (RI Beam Science Lab.)

Dr. Itaru YAMANAKA (Genome Structure Exploration Team, GSC)

Dr. Kiyoshi YOSHIDA (Genome Structure Exploration Team, GSC)

### *Visiting Members*

Dr. Katsunori AIZAWA  
Dr. Yoshifumi FUKUNISHI  
Mr. Koji KADOTA (Dept. Biotech., Univ. Tokyo)  
Mr. Tomokazu ISHIKAWA (Wako Pure Chemical Ltd.,)  
Mr. Masaki IZAWA (Div. Res. Dev., Nippon Gene Co.,  
Ltd.)  
Dr. Mamoru KAMIYA  
Mr. Hideaki KONNO  
Ms. Rika MIKI (Sch. Med., Univ. Tsukuba)  
Mr. Yosuke MIZUNO (Fac. Biol. Sci., Univ. Tsukuba)

Ms. Chie OWA  
Ms. Yuko SHIBATA (Div. Res. Dev., Nippon Gene Co.,  
Ltd.)  
Mr. Yuriko SHIBATA  
Dr. Sachihiko WATANABE

### *Trainees*

Mr. Kenjirou SATO (Sch. Med., Univ. Tsukuba)  
Mr. Yasuhiro TOMARU (Sch. Med., Univ. Tsukuba)  
Mr. Akira WATAHIKI (Sch. Med., Univ. Tsukuba)