

林崎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、理研におけるゲノム・ポストゲノム研究の中核として、遺伝子エンサイクロペディア構築関連技術や様々なポストゲノム研究に必要な基礎技術の開発を進めている。遺伝子エンサイクロペディアでは、通常では単離が困難な長鎖 mRNA 等のクローン化技術の開発を行っている。また、理研ゲノム科学総合研究センターと連携してエンサイクロペディア構築を進めると共に、構築されたクローン・データ資源を基盤として、これまでにない医学・生物学的研究手法の構築を目指している。さらに、DNA マイクロアレイ技術などの最新技術を導入・改良し、各種臓器・組織・発生段階の遺伝子発現パターンの解析による遺伝子発現情報データベースを構築して遺伝子エンサイクロペディアのクローン・データ資源にさらに情報を付加することにより、表現形質と遺伝子発現の関わりを解析を行っている。これらを通して生活習慣病など様々な複数の遺伝子が複雑に関わる生命現象の解明を目指している。

1. 一細胞ライブラリー作製法の開発～一細胞のキャラクタリゼーション～ (Plessy^{*1}, 綿引^{*2}, Carninci; Hensch (BSI 学習機能研究グループ))

組織の遺伝子発現と一細胞での発現遺伝子を区別することは重要である。そのため、100～1,000 個の細胞を RNA のソースとして用いて、シングルチューブでのライブラリー法を開発した。この手法を視覚領皮質の可塑性のキャラクタリゼーションにも使用した。その際に、特に、視覚領皮質の可塑性に深く関係していると思われる介在ニューロンである parvalbumin 細胞に特に重点を置いた。

新手法を開発するため、現在は、混合バッファの中で効率的に機能する酵素の組み合わせをテストしている。このプロトコルは、脱リン酸化反応、脱キャッピング反応、ライゲーション、逆転写反応、増幅の 5 つから成り立っている。

また、我々は、脳などの組織からの生細胞の収集を飛躍的に改善するシステムを開発した。今後は、一細胞に上記の手法を取り入れていくことを考慮している。低発現の転写物を、この手法を用いることにより、観察することができる。100～1,000 個の細胞から得られた抽出物に比べ、一細胞由来であるため、低発現の転写産物を得ることは非常に難しい。増幅前に一段階多く特別な処理を行うことにより、試料の損失を最小限にとどめることができる。同じチューブ内で細胞が溶解されるので、低発現の転写産物をより多く得ることができる。酵素反応を妨げない溶解条件の開発を行う予定である。現段階では、同一チューブ内で全ての酵素を一度に反応させることができる混合バッファ条件の開発を行っている段階である。

CAGE 法は、promoter usage だけでなく、発現レベルとプロモーターエレメントを関係づける研究にも役立っている。このような研究方法を用いることにより、様々な細胞集団から一細胞をとりだして研究を進める際には、従来のトランスクリプトーム研究法より、より一段階踏み込んだ研究を行うことができる。プロトコルの開発と平行して、組織全般にわたる実験から得たデータの探求を通して、“promotome (プロモーター研究)” の解析に関する知見を得ている。こ

れには、以下の 3 つの主なアプローチが使用された。

(1) Unsupervised clustering

転写開始点利用能クラスタリングは、遺伝子発現レベルクラスタリングよりも正確であり、プロモーターの近傍にあると予測される転写因子結合部位の選択に非常に有効な手段となる。

(2) ラーニングアルゴリズム

これは、前述の Unsupervised clustering の補足的アプローチである。ラーニングアルゴリズムは、研究者によって定義されたデータセットにより改変をしながら整備されていく。本法は、特定のタイムコースに合致する遺伝子や、分子ネットワークを構成する遺伝子と類似の遺伝子発現する遺伝子を抽出する方法である。

(3) ネットワーク

ネットワークモデリングは、生理学的問題のある複雑なデータを解くための重要なツールとなっている。一細胞の転写ネットワークの動きを解析することによって、研究過程で同定される遺伝子のサブネットワークを作成することができる。一細胞ライブラリー、プローブと CAGE 法、最新のデータマイニングにより、一細胞の動きから生理学的プロセスまでの分子レベルでの動きを理解することに焦点を当てている。

現在、我々は、転写因子結合領域とそのネットワーク解析と、解析のためのバイオインフォマティクスのツール作成において経験を積んでいる最中であり、一細胞の CAGE データ作成に向けて動いている。

新規アプローチと平行して、可逆性に関連する parvalbumin 細胞以外の細胞についても実験を行っている最中である。また、ノーマルアレイの全脳組織（視覚領皮質）についても一細胞細胞のキャラクタリゼーションの実験を行っている。脳の可塑性に深いつながりのある遺伝子の候補をいくつか挙げる事ができている。

2. DNA ポリメラーゼライブラリーの構築 (安西^{*1}, 伊藤, 河合, 柴田 (一), 林崎)

様々な生物が有する DNA ポリメラーゼにはそれぞれに特有の性質がある。中には学術的、産業的に有用なものが多く存在する可能性がある。そこで、本研究は、理研系統保存施設と共同で、系統保存施設が有する細菌・古細菌より DNA ポリメラーゼをクローン化し、酵素を発現・精製することにより、DNA ポリメラーゼの遺伝子・酵素の揃ったライブラリーを構築することを目的とする。

手始めに、特徴的でよく知られている Thermophilic および Mesophilic な DNA ポリメラーゼに着目して、数種類の細菌から DNA ポリメラーゼをクローン化した。そのうちの一つは、特徴的な活性を有し、産業上での応用が期待されたため、さらにその活性について調査を進めている。また、同属の細菌より系統的に DNA ポリメラーゼをクローン化して解析することにより、細菌の分類・進化上における DNA ポリメラーゼの位置付けを明らかにできる可能性がある。

3. ナノレゴ (臼井^{*1}, 伊藤, 河合, 柴田 (一), 林崎; 鈴木 (治), 金森, (GSC 遺伝子構造・機能研究グループ))

生物体は、タンパク質に代表される特異的な結合能力を持つ生体分子を巧みに利用し、外部からの力を借りずに自発的に形成するナノ構造体、すなわち「自己組織化」する複合体を形成し、様々な生命機能を果たしている。本プロジェクトでは、この特異的相互作用を示すタンパク分子を特異的結合素子という概念で捉え、それらの複数個の素子から人工融合タンパク質を設計・作成し、ナノレベルで制御可能な自己組織化を実現する機能性材料の開発を目指している。我々はこの機能性分子をナノレゴ (NanoLEGO) と命名した。

我々の計画では、タンパク質-タンパク質間相互作用 (PPI) に基づく大規模スクリーニングにより生体内からナノレゴ素子対を探索し、それらの素子を組み合わせた人工融合タンパク質であるナノレゴを作成し、その諸性質をマクロレベル、さらには 1 分子レベルで解析することにより、機能性医療材料 (バイオマテリアル) の創製へとつなげることを目的としている。本年度は、先に述べたナノレゴの開発に伴う基盤技術の確立を行った。

タンパク質間相互作用に基づくナノレゴ素子の探索については、理研哺乳類細胞ツーハイブリッド法によるマウス cDNA の PPI 解析結果をプラットフォームとして利用することとした。これに加え、マウス以外に用いるナノレゴ素子の探索を実施する生物種として、超好熱細菌 *Pyrococcus horikoshii* OT3 を用いることとした。超好熱細菌由来のタンパク質の利用は、非常に高い熱安定性を有したナノレゴの創製も可能になるものと期待され、組換え大腸菌からの精製という点においても、目的タンパク質以外の大腸菌由来のタンパク質を熱変性により除去できるため、高純度の迅速精製が可能になるという利点がある。今回は、*P. horikoshii* OT3 のタンパク質間相互作用の解析を哺乳類細胞ツーハイブリッド法を用いて実施し、960 遺伝子の発現産物における総当りの PPI 解析の結果、170 の相互作用を見いだすことに成功した。相互作用の内訳は、self-interaction が 71 種、hetero-interaction が 99 種であった。

上記探索プラットフォームより探索されたナノレゴ素子候補タンパク質に関し、GST-および His-タグを付加した融

合タンパク質の発現プラスミド pGvH に導入し、同タンパク質の発現および可溶性を調べ、ナノレゴ素子として利用可能なタンパク質の選抜を行った。また、上記タグを利用することにより、2 段階のアフィニティー精製を利用した迅速精製系を構築した。これまでに、マウス cDNA 由来の NanoLEGO 素子候補タンパク質 30 組をそれぞれ融合タンパク質として組換え大腸菌において発現させた結果、10 組が可溶性を示しており、順次、精製を実施している。精製した融合タンパク質については、BIAcore を用いたマクロレベルの相互作用解析、および原子間力顕微鏡 (AFM) を用いた一分子相互作用力の測定を行い、NanoLEGO 素子の物性解析を行う予定である。

4. 選択的スプライシングに関する研究 (前田, 長谷川 (由)^{*2}, Carninci, Hervers^{*1}, Lezhava^{*1}, 河合, 林崎; 佐々木, 福田 (GSC 遺伝子構造・機能研究グループ))

これまでのゲノム解析から、ヒト、マウスにおける全遺伝子の約半数以上で選択的スプライシングが起り、1 つの遺伝子から多種多様な mRNA が作り出されることが明らかになった。また、これら選択的スプライシングにより生じた異なる mRNA (スプライスバリエント) は、発生、分化などの生物学的に重要な役割を果たしていることも示され、その重要性が特に注目を集めている。しかしながら、これまでの大規模解析では、新規転写産物の探索に重点が置かれ、同一遺伝子座に位置するものスプライスバリエントに関する詳細な解析がなされてこなかった。これら選択的スプライシングにより生じた異なる mRNA を効率的に回収、検出することができれば、生物学的な機能解析は勿論、cDNA リソースの有効活用という面においても貢献できるものと考えている。

本年度は、マウスゲノムエンサイクロペディアプロジェクトで得られた完全長 cDNA、および FANTOM コンソーシアムによるアノテーション結果を用いて、小規模での予備的解析を行った。まず、アノテーションの結果をもとに、選択的スプライシングが実際に起こっている遺伝子座を見つけ出し、それらスプライスバリエントのエキソン配列の抽出を行った。そして、ビオチンでラベル化したプローブ DNA を調製し、特定エキソンを有する cDNA を効率的に回収する方法の検討、および改良を行った。また、Rolling Circle Amplification 法を応用することにより、簡便にスプライスバリエントのエキシソンを検出する方法の開発も進めた。今後、スプライスバリエントのみを特異的に濃縮する方法の検討、DNA マイクロアレイ技術を導入することによる大規模化への可能性を模索していく予定である。

^{*1} 共同研究員, ^{*2} 研修生

Genome Science Laboratory has been leading Genome Research in RIKEN. We developed the basic technologies to analyze functional genomics and explore the resource of genes. We are collaborating with the Genomic Sciences Center, RIKEN, and establishing the RIKEN Mouse Genome Encyclopedia. We are further working on the improvement and development of full-length cDNA library construction technology and also on research fields using

maximizing the value of the encyclopedia. Through these researched, the phenotypes of organisms will be understood.

1. Development of technology for single cell library construction

It is important to distinguish expression in tissues and the gene expression from purified cells of a single type. For this purpose, we have been developing a library method which works based on a single-tube protocol, using 100–1,000 cells as a source of RNA, with the aim towards further reducing the amount. Then, we are applying these to the characterization of the plasticity in the visual cortex, with particular emphasis to the interneuron which is a candidate to be responsible for the visual cortex plasticity, the parvalbumin cells.

To develop the new technologies, we are currently testing a combination of enzymes, which function efficiently in the compatible reaction buffers. This single-tube protocol by itself is an important milestone which will be innovative enough to be published. It consists of five reactions: dephosphorylation, decapping, ligation, reverse-transcription, and amplification. The amplified material will then be handled with the existing CAGE protocol.

We have also developed a system which allows dramatically improved collection of living cells from tissue such as the adult brain. Harvesting living cells has been easy for young tissues, but has traditionally being limited for the harvesting of adult nervous tissue.

We are further planning to adapt the above methodologies to single cells. In this step, the fate of low-expressed transcripts will be carefully followed. In contrary to in homogeneous extracts of 100–1,000 cells, the loss of material followed by amplification results in the total disappearance of low-copy transcripts. Thus, the pre-amplification steps will be tuned to minimize the loss of material.

The single cells will be lysed in the same tube as the subsequent reactions, again to ensure that low-copy transcripts will be kept. Thus, we will develop lysis conditions which do not inhibit the subsequent enzymatic reactions. We are in the development step in which we have the buffer condition which are compatible to let all the enzymes work in the same tube.

The CAGE technology allows the study of the promoter usage, and to correlate expression level to promoter elements. This level of description is one step deeper than the traditional transcriptome studies in particular when single cell types out of a complex cell mixture are tested. In parallel to the protocol development, we are acquiring knowledge and experience on “promotome” analysis through the exploration of the data from tissue-wide experiments. Three main approaches are used:

(1) Unsupervised clustering

Transcription start site usage clustering is more precise than gene expression level clustering, and is the tool of choice for subsequent transcription factor binding site prediction near covariant promoters.

(2) Learning algorithms

This is a complementary approach to unsupervised clustering: learning algorithms are trained with a data set defined by the researcher, and used to retrieve genes which fit a particular time-course, or whose expression is similar to given components of a molecular pathway.

(3) Networks

Network modeling is an increasingly important tool to interface the complex data with physiological questions. By analyzing the dynamics of the transcriptional network

in a single cell, we will determine the sub-network of genes implicated in the studied process.

With the single-cell libraries, probes and CAGE technology, and advanced data mining, our aim is to understand the molecular basis of single-cell participation in physiological processes.

Currently, we are gaining experience in both the transcriptional factor binding site/network analysis and making the bioinformatical tools for the analysis, and progressing towards the construction of single cell CAGE libraries.

In parallel with the new approach, we are also testing the same cell type, and the whole brain tissues (visual cortex) on normal arrays and have a handful of candidate genes that are candidate to be responsible for the brain plasticity.

2. DNA polymerase library construction

There are many kinds of DNA polymerases from various organisms. Some of them would be applicable for the researches and/or industries. This study is to construct the library of DNA polymerase genes and enzymes by cloning and expression of DNA polymerases from the bacterial storage of the Microbe Division, Department of Biological Systems, RIKEN Bioresource Center. The characteristic thermophilic and mesophilic DNA polymerases were cloned from some bacteria. One of them showed particular activities, so that it is now analyzed in detail. Such a systematic analysis of DNA polymerases of some genus would show the position of bacterial classification and evolution.

3. NanoLEGO Project

In the NanoLEGO project, we develop new functional molecules (NanoLEGO) by combining several biological molecules qualified for self-assembly in nano-scale.

(1) Creation of the NanoLEGO structure

We conceive that establishment of the NanoLEGO structure with orderly form has need of two elements; i) the binding element for connecting between NanoLEGO molecules, ii) the structural elements as the backbone of the figuration.

First, we constructed the pGvH plasmid, an expression vector fused GST- and His-tag to target protein. Candidates of 30 pairs of interacting proteins from mouse cDNA selected by the mammalian 2-hybrid assay were introduced to this vector, and we checked the expression and solubility of the fusion proteins. Then, an interaction protein pair, TIP-1 and β -catenin C-terminal domain was selected and used as binding elements for developing of NanoLEGO. TIP-1 is a protein consisted of a PDZ domain only, and interact with β -catenin C-terminal peptide sequences. In this study, we constructed a peptide of the β -catenin C-terminal amino acids of 10 residues, and demonstrated an interaction between TIP-1 and this peptide with 10^{-7} order K_D value assayed by BIAcore.

Second, CutA protein, a homo-tetramer protein of *Pyrococcus horikoshii* OT3, was applied as the candidate for structural elements. We constructed a CutA-fusion protein conjugated binding elements of TIP-1 or the β -catenin C-terminal peptide. These fusion proteins were expressed in *E. coli* transformants and purified as soluble proteins that formed a homo-trimer, and we expected the fusion proteins had three directional binding sites. Then, we examined the behavior of the two mixed CutA fusion proteins in solution. Unfortunately, the mixture of two CutA-fusion formed hetero-dimer only. Currently, we try to construct several new NanoLEGO fusion proteins with homo-dimer

and tetramers as the structural elements, and also consider the environmental conditions to build NanoLEGO structure with objective form, linear, flat, or three dimensional.

(2) Analysis of the supramolecule using PPI assay

To understand the alignment control by self-assemble capacity of biological molecule, we analyzed the supramolecule using several PPI assays. The SMN (Survival Motor neuron) complex, a supramolecule related to the splicing of RNA, consists of the SMN protein and six Gemin (Gemin2, 3, 4, 5, 6 and 7). First, we analyzed the PPI for these components of the SMN complex by M2H method. The results were two novel interactions, a hetero-interaction of Gemin2-Gemin7 and a self-interaction of Gemin2. Next, we developed a novel *in vitro* pull-down assay using Streptavidin beads, with the coprecipitation of a biotinyl protein and ³⁵S-labeled protein produced by *in vitro* transcription/translation system. Using this method, we also detected two novel interactions identified in our M2H assay. Furthermore, we noticed that the complex with three molecules, SMN, Gemin2 and Gemin7, presented higher stability than the complex with two components, SMN-Gemin2 or SMN-Gemin7. This result suggests that the higher order interaction of three components included the Gemin2-Gemin7 interaction contribute to the stabilization of the SMN complex.

4. Research on alternative splicing

Through genome analyses, it has been shown that more than half of the human/mouse genes are alternatively spliced, resulting in producing many diverse proteins from a single gene. Although it has been known that the resulting splice variants play pivotal roles biologically, the detail of splice variants mapped on the same loci was not investigated in recent genome-wide analyses focusing on discovery of new genes. To understand the biological significance of splice variants and utilize biological resource more efficiently, we are developing a system which allows us to specifically enrich splice variants and to detect alternative exons.

We carried out preliminary experiments by using the RIKEN mouse full-length cDNAs and annotation results of the FANTOM consortium. We tried to optimize the conditions under which the cDNAs harboring target exons are efficiently collected using biotinated DNA. In addition, we modified the Rolling Circle Amplification method and investigated optimal conditions to detect alternative exons.

Staff

Head

Dr. Yoshihide HAYASHIZAKI

Members

Dr. Piero CARNINCI
Dr. Masayoshi ITOH
Dr. Jun KAWAI
Dr. Norihiro MAEDA
Dr. Yasumasa MITANI
Dr. Kazuhiro SHIBATA

in collaboration with

Dr. Junichi AKIYAMA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Mr. Takahiro ARAKAWA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Ms. Hiromi FUJITA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Mr. Shiro FUKUDA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Dr. Julian GOUGH (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Dr. Takeshi HANAMI (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Mr. Akira HASEGAWA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Mr. Kengo HAYASHIDA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Dr. Takao K. HENSCH (Hum. Learn. Res. Group, BSI)
Ms. Hiroko HIMEI (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Ms. Fumi HORI (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Mr. Kengo IMAMURA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Mr. Chikatoshi KAI (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Mr. Shintaro KATAYAMA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Dr. Toshiyuki KATO (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Ms. Tsugumi KAWASHIMA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Ms. Yayoi KITAZUME (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Ms. Miki KOJIMA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Dr. Shinji KONODO (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Mr. Hideaki KONNO (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Ms. Kayoko MURAKAMI (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Mr. Mitsuyoshi MURATA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Ms. Mari NAKAMURA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Ms. Yuriko NAKAMURA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Ms. Noriko NINOMIYA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Dr. Hiromi NISHIDA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Ms. Miki NISHIKAWA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Dr. Mizuki NISHIMURA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
Ms. Hiromi NISHIYORI (Genome Resour. Explor.

Team, GSC)
 Mr. Kazuhito NOMURA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Dr. Hiroshi ODA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Ms. Mariko OHNO (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Dr. Yuko OHO (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Dr. Rieko OYAMA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Dr. Kodzius RIMANTAS (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Dr. Albin SANDELIN (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Ms. Hiromi SANO (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Mr. Daisuke SASAKI (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Dr. Kazuro SHIMOKAWA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Dr. Masanori SUZUKI (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Mr. Michihira TAGAMI (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Ms. Yoshiko TAGAMI (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Dr. Shiro TOCHITANI (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Dr. Yasuhiro TOMARU (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Ms. Akiko TSUCHIDA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Ms. Yuki TSUJIMURA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Ms. Yoko UEDA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Mr. Kazunori WAKI (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Mr. Kiyoshi YOSHIDA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)
 Mr. Shigeyasu YOSHIDA (Genome Resour. Explor. Team, GSC)

Visiting Members

Mr. Toshizo HAYASHI (Dnaform Int. Inc.)
 Ms. Yuuka HODOYAMA (Dnaform Int. Inc.)
 Ms. Chitose KURIHARA (Dnaform Int. Inc.)
 Dr. Alexander LEZHAVA (Dnaform Int. Inc.)
 Dr. Charles PLESSY (Sixth Framework Prog. from Eur. Com.)
 Ms. Yuko SHIBATA (Dnaform Int. Inc.)
 Dr. Kengo USUI (JST)
 Ms. Ayako YASUNISHI (JST)

Trainees

Ms. Yuko HANADA (Grad. Sch. Compr. Hum. Sci., Univ. Tsukuba)

Ms. Yuki HASEGAWA (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
 Mr. Kenjiro SATO (Grad. Sch. Compr. Hum. Sci., Univ. Tsukuba)
 Mr. Akira WATAHIKI (Grad. Sch. Compr. Hum. Sci., Univ. Tsukuba)

誌 上 発 表 Publications

[雑誌]

(原著論文) *印は査読制度がある論文

- Suzuki Y., Yamashita R., Shiota M., Sakakibara Y., Chiba J., Mizushima-Sugano J., Kel A. E., Arakawa T., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., Takagi T., Nakai K., and Sugano S.: "Large-scale collection and characterization of promoters of human and mouse genes", *In Silico Biol. (Web)* (<http://www.bioinfo.de/isb/>) **4**, 0036-1-0036-16 (2004). *
- Kanamori M., Konno H., Osato N., Kawai J., Hayashizaki Y., and Suzuki H.: "A genome-wide and nonredundant mouse transcription factor database", *Biochem. Biophys. Res. Commun.* **322**, 787-793 (2004). *
- Mitani Y., Nakayama T., Harbers M., and Hayashizaki Y.: "Aptamer-dependent full-length cDNA synthesis by overlap extension PCR", *BioTechniques* **37**, 124-129 (2004). *
- Suzuki H., Ogawa T., Usui K., and Hayashizaki Y.: "In vitro pull-down assay without expression constructs", *BioTechniques* **37**, 918-920 (2004). *
- Fukuda K., Sakakura C., Miyagawa K., Kuriu Y., Kin S., Nakase Y., Hagiwara A., Mitsufuji S., Okazaki Y., Hayashizaki Y., and Yamagishi H.: "Differential gene expression profiles of radioresistant oesophageal cancer cell lines established by continuous fractionated irradiation", *Br. J. Cancer* **91**, 1543-1550 (2004). *
- Hou Y., Yashiro K., Okazaki Y., Saijoh Y., Hayashizaki Y., and Hamada H.: "Identification of a novel left-right asymmetrically expressed gene in the mouse belonging to the BPI/PLUNC superfamily", *Dev. Dyn.* **229**, 373-379 (2004). *
- Kodzius R., Matsumura Y., Kasukawa T., Shimokawa K., Fukuda S., Shiraki T., Nakamura M., Arakawa T., Sasaki D., Kawai J., Harbers M., Carninci P., and Hayashizaki Y.: "Absolute expression values for mouse transcripts: re-annotation of the READ expression database by the use of CAGE and EST sequence tags", *FEBS Lett.* **559**, 22-26 (2004). *
- Suzuki H., Okunishi R., Hashidume W., Katayama S., Ninomiya N., Osato N., Sato K., Nakamura M., Iida-Takahashi J., Kanamori M., and Hayashizaki Y.: "Identification of region-specific transcription factor genes in the adult mouse brain by medium-scale real-time RT-PCR", *FEBS Lett.* **573**, 214-218 (2004). *
- Ogihara Y., Mochida K., Kawaura K., Murai K., Seki M., Kamiya A., Shinozaki K., Carninci P., Hayashizaki Y.,

- Shin-I T., Kohara Y., and Yamazaki Y.: “Construction of a full-length cDNA library from young spikelets of hexaploid wheat and its characterization by large-scale sequencing of expressed sequence tags”, *Genes Genet. Syst.* **79**, 227–232 (2004). *
- Beisel K. W., Siraki T., Morris K. A., Pompeia C., Kachar B., Arakawa T., Bono H., Kawai J., Hayashizaki Y., and Carninci P.: “Identification of unique transcripts from a mouse full-length, subtracted inner ear cDNA library”, *Genomics* **83**, 1012–1023 (2004). *
- Kasukawa T., Katayama S., Kawaji H., Suzuki H., Hume D. A., and Hayashizaki Y.: “Construction of representative transcript and protein sets of human, mouse, and rat as a platform for their transcriptome and proteome analysis”, *Genomics* **84**, 913–921 (2004). *
- Tanaka T., Tanimoto K., Otani K., Satoh K., Ohtaki M., Yoshida K., Toge T., Yahata H., Tanaka S., Chayama K., Okazaki Y., Hayashizaki Y., Hiyama K., and Nishiyama M.: “Concise prediction models of anti-cancer efficacy of 8 drugs using expression data from 12 selected genes”, *Int. J. Cancer* **111**, 617–626 (2004). *
- Kiyosawa H., Kawashima T., Silva D., Petrovsky N., Hasegawa Y., Sakai K., and Hayashizaki Y.: “A systematic genome-wide approach to positional candidate cloning for identification of novel human disease genes”, *Intern. Med. J.* **34**, 79–90 (2004). *
- Fujita H., Umezaki Y., Imamura K., Ishikawa D., Uchimura S., Nara A., Yoshimori T., Hayashizaki Y., Kawai J., Ishidoh K., Tanaka Y., and Himeno M.: “Mammalian class E Vps proteins, SBP1 and mVps2/CHMP2A, interact with and regulate the function of an AAA-ATPase SKD1/Vps4B”, *J. Cell Sci.* **117**, 2997–3009 (2004). *
- Togo S., Makino H., Kobayashi T., Morita T., Shimizu T., Kubota T., Ichikawa Y., Ishikawa T., Okazaki Y., Hayashizaki Y., and Shimada H.: “Mechanism of liver regeneration after partial hepatectomy using mouse cDNA microarray”, *J. Hepatol.* **40**, 464–471 (2004). *
- Nagano Y., Nagahori K., Fujii Y., Hamaguchi Y., Ishikawa T., Ichikawa Y., Togo S., Okazaki Y., Hayashizaki Y., and Shimada H.: “Gene expression profile analysis of regenerating liver after portal vein ligation in rats by a cDNA microarray system”, *Liver Int.* **24**, 253–258 (2004). *
- Sasazuki T., Okazaki T., Tada K., Sakon-Komazawa S., Katano M., Tanaka M., Yagita H., Okumura K., Tominaga N., Hayashizaki Y., Okazaki Y., and Nakano H.: “Genome wide analysis of TNF-inducible genes reveals that antioxidant enzymes are induced by TNF and responsible for elimination of ROS”, *Mol. Immunol.* **41**, 547–551 (2004). *
- Watahiki A., Waki K., Hayatsu N., Shiraki T., Kondo S., Nakamura M., Sasaki D., Arakawa T., Kawai J., Harbers M., Hayashizaki Y., and Carninci P.: “Libraries enriched for alternatively spliced exons reveal splicing patterns in melanocytes and melanomas”, *Nat. Methods* **1**, 233–239 (2004). *
- Tanaka T., Tomaru Y., Nomura Y., Miura H., Suzuki M., and Hayashizaki Y.: “Comprehensive search for HNF-1 β -regulated genes in mouse hepatoma cells perturbed by transcription regulatory factor-targeted RNAi”, *Nucleic Acids Res.* **32**, 2740–2750 (2004). *
- Pang K. C., Stephen S., Engstrom P. G., Tajul-Arifin K., Chen W., Wahlestedt C., Lenhard B., Hayashizaki Y., and Mattick J. S.: “RNAdb: a comprehensive mammalian noncoding RNA database”, *Nucleic Acids Res.* **33**, D125–D130 (2004). *
- Imanishi T., Bono H., Carninci P., Kobayashi K. F., Kasukawa T., Oota S., Taylor T., Sakaki Y., Okazaki Y., Hayashizaki Y., and others: “Integrative annotation of 21,037 human genes validated by full-length cDNA clones”, *PLoS Biol.* **2**, 856–875 (2004). *
- Gustincich S., Contini M., Gariboldi M., Puopolo M., Kadota K., Bono H., LeMieux J., Walsh P., Carninci P., Hayashizaki Y., Okazaki Y., and Raviola E.: “Gene discovery in genetically labeled single dopaminergic neurons of the retina”, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **101**, 5069–5074 (2004). *
- Lin D. M., Yang Y. H., Scolnick J. A., Brunet L. J., Marsh H., Peng V., Okazaki Y., Hayashizaki Y., Speed T. P., and Ngai J.: “Spatial patterns of gene expression in the olfactory bulb”, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **101**, 12718–12723 (2004). *
- Nameki N., Yoneyama M., Koshiba S., Tochio N., Inoue M., Seki E., Matsuda T., Tomo Y., Harada T., Saito K., Kobayashi N., Yabuki T., Aoki M., Nunokawa E., Matsuda N., Sakagami N., Terada T., Shirouzu M., Yoshida M., Hirota H., Osanai T., Tanaka A., Arakawa T., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., Kinoshita K., Guentert P., Kigawa T., and Yokoyama S.: “Solution structure of the RWD domain of the mouse GCN2 protein”, *Protein Sci.* **13**, 2089–2100 (2004). *
- Nishida H., Suzuki T., Tomaru Y., and Hayashizaki Y.: “A novel replication-independent histone H2a gene in mouse”, *BMC Genom. (Web)* (<http://www.biomedcentral.com/bmcgenomics/>) **6**, 10 (2005). *
- (総説)
- Suzuki M. and Hayashizaki Y.: “Mouse-centered comparative transcriptomics of protein coding and non-coding RNAs”, *BioEssays* **26**, 833–843 (2004).
- Katayama S., Kanamori M., and Hayashizaki Y.: “Integrated analysis of the genome and the transcriptome by FANTOM”, *Brief. Bioinf.* **5**, 249–258 (2004).
- Yuille M., Korn B., Moore T., Farmer A. A., Carrino J., Prange C., and Hayashizaki Y.: “The responsibility to share: sharing the responsibility”, *Genome Res.* **14**, 2015–2019 (2004).
- Hayashizaki Y. and Kawai J.: “A new approach to the distribution and storage of genomic resources”, *Nature Rev. Genet.* **5**, 223–228 (2004).

- Weaver T., Maurer J., and Hayashizaki Y.: “Sharing genomes: an integrated approach to funding, managing and distributing genomic clone resources”, *Nature Rev. Genet.* **5**, 861–866 (2004).
- Hayashizaki Y. and Kanamori M.: “Dynamic transcriptome of mice”, *Trends Biotechnol.* **22**, 161–167 (2004).
- 金森睦, 片山慎太郎, 林崎良英: “マウスゲノム”, *Molecular Medicine Vol. 41 臨時増刊号: ヒトゲノム*, pp. 154–161 (2004).
- 林崎良英: “巻頭緒言: ゲノムネットワークとは”, *蛋白質 核酸 酵素* **49**, 2617–2619 (2004).
- 佐々木大輔, 河合純: “トランスクリプトーム: 完全長 cDNA プロジェクト”, *蛋白質 核酸 酵素* **49**, 2627–2634 (2004).
- 花田優子, 柴田一浩, 伊藤昌可: “抗体とアプタマー”, *蛋白質 核酸 酵素* **49**, 2671–2677 (2004).
- 中村真理, Carninci P.: “CAGE: シークエンススペースの発現解析”, *蛋白質 核酸 酵素* **49**, 2688–2693 (2004).
- 柴田一浩: “その他の発現解析法”, *蛋白質 核酸 酵素* **49**, 2694–2700 (2004).
- 青木誠, 伊藤昌可: “生体分子相互作用の動的解析: BIA-CORE, 原子間力顕微鏡”, *蛋白質 核酸 酵素* **49**, 2780–2785 (2004).
- 前田倫広: “プロテインチップ”, *蛋白質 核酸 酵素* **49**, 2786–2791 (2004).
- 西川実希, 林崎良英: “RNAi の意義”, *蛋白質 核酸 酵素* **49**, 2832–2836 (2004).
- 林崎良英, 生沼寿彦, 香月祥太郎: “ゲノムネットワークと知的所有権”, *蛋白質 核酸 酵素* **49**, 3001–3016 (2004).
- 林崎良英: “将来展望”, *蛋白質 核酸 酵素* **49**, 3017–3017 (2004).
- 林崎良英: “RNA 研究の最前線: ゲノムトランスクリプトーム情報を基盤とする新しいライフサイエンス”, *日本産科婦人科学会雑誌* **56**, 503–504 (2004).
- 林崎良英, 金森睦: “解読されたゲノム・トランスクリプトーム情報と新しい医学研究の展望”, *脈管学* **44**, 53–57 (2004).
- 渡辺幸彦, 河合純, 林崎良英: “DNA ブック: ゲノムリソースの新規流通媒体”, *バイオインダストリー* **22**, 76–84 (2005).
- 小川ちひろ, 鈴木治和, 林崎良英: “発現ネットワーク”, *実験医学* **23**, 85–91 (2005).
- (その他)
- Hayashizaki Y.: “Mouse transcriptome: Neutral evolution of ‘non-coding’ complementary DNAs (reply)”, *Nature* **431**, 757–756 (2004).
- [単行本・Proc.]
- (総説)
- Hayashizaki Y.: “Mouse genome encyclopedia project”, *Cold Spring Harbor Laboratory Symp. on Quantitative Biology Vol. 68: The Genome of Homo Sapiens*, Cold Spring Harbor, USA, 2003–5~6, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, pp. 195–204 (2004).
- Okuiizumi H., Matsuyama T., and Hayashizaki Y.: “Genome scanning method; restriction landmark genomic scanning (RLGS)”, *Encyclopedia of Molecular Cell Biology and Molecular Medicine*, 2nd ed., Vol. 5, edited by Meyers R. A. and others, Wiley-VCH, Weinheim, pp. 413–439 (2004).
- 岡崎康司, 坊農秀雅, 林崎良英: “マウスゲノムとトランスクリプトーム”, *ゲノミクス・プロテオミクスの新展開: 生物情報の解析と応用*, 株式会社エヌ・ティー・エス, 東京, pp. 385–398 (2004).

口頭発表 Oral Presentations

(国際会議等)

- Moriya S., Saita K., Kiuchi I., Ohkuma M., Carninci P., Hayashizaki Y., and Kudo T.: “Environmental cDNA library: A new concept for acquiring of genetic resource from an eco-system”, *Int. Symp. on Bio-recycle Research*, (JST, RIKEN and others), Wako, Feb. (2004).
- Hayashizaki Y.: “Mouse genome encyclopedia and technologies for transcriptome”, *1st MolTools Symposium on Molecular Tools for the Genome*, Uppsala, Sweden, Mar.–Apr. (2004).
- Nameki N., Yoneyama M., Koshiba S., Tochio N., Inoue M., Seki E., Matsuda T., Tomo Y., Saito K., Kobayashi N., Yabuki T., Aoki M., Nunokawa E., Matsuda N., Sakagami N., Terada T., Shirouzu M., Yoshida M., Hirota H., Osanai T., Tanaka A., Arakawa T., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., Kinoshita K., Guentert P., Kigawa T., and Yokoyama S.: “Solution structure of the RWD domain of the mouse GCN2 protein”, *1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004)*, (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Hayashizaki Y.: “From whole transcriptome analysis to future systematic system biology”, *9th Int. Human Genome Meet. (HGM2004)*, (HUGO), Berlin, Germany, Apr. (2004).
- Carninci P., Shiraki T., Kondo S., Katayama S., Waki K., Kasukawa T., Kawaji H., Kodzius R., Watahiki A., Nakamura M., Arakawa T., Fukuda S., Sasaki D., Podhajski A., Harbers M. T., Kawai J., and Hayashizaki Y.: “Cap analysis gene expression for high-throughput analysis of transcriptional starting point and identification of promoter usage”, *Cold Spring Harbor Meet. on the Biology of Genomes*, (Cold Spring Harbor Laboratory), New York, USA, May (2004).
- Seki M., Ishida J., Nakajima M., Enju A., Sakurai T., Iida K., Satoh M., Akiyama K., Oono Y., Fujita M., Mizukado S., Kamei A., Narusaka M., Narusaka Y., Yamaguchi-Shinozaki K., Ichikawa T., Matsui M., Ecker J. R., Davis R. W., Theologis A., Carninci P., Kawai J., Yamasaki K., Sawasaki T., Hayashizaki Y., Yokoyama S., Toyoda T., Endo Y., and Shinozaki K.: “Arabidopsis encyclopedia using full-length cDNAs and its application for FUNCTIONAL GENOMICS”, *URGV-RIKEN Genome Sciences Center Meet*, Evry, France, May (2004).

- Mizuno Y., Thonberg H., Engstrom P., Mottagui-Tabar S., Faghihi M. A., Liang Z., Lenhard B., Kiyosawa H., Hayashizaki Y., and Wahlestedt C.: "Natural sense-antisense transcript pairs in mouse", 69th Cold Spring Harbor Symp. on Quantitative Biology: Epigenetics, Cold Spring Harbor, USA, June (2004).
- Hayashizaki Y.: "From dynamic transcriptome analysis to future life science", 29th Int. Conf. on Animal Genetics (ISAG 2004), Tokyo, Sept. (2004).
- Kodzius R.: "Deciphering transcriptional network using CAGE", SAGE 2004, (Johns Hopkins Oncology Center), Boston, USA, Sept.-Oct. (2004).
- Hayashizaki Y.: "From dynamic transcriptome analysis to future life science", US-Japan Brain Research Collaborative Program (BRCP) Workshop on Bioinformatic Analysis of Brain Function, Hawaii, USA, Sept.-Oct. (2004).
- Wells C. A., Aung H., Himes R., Forrest A., Ravasi T., Grimmond S., Kasukawa T., Carninci P., Hayashizaki Y., and Hume D.: "Epigenetic events influence the variation in inbred mouse strain innate immune responses", 18th Int. Mouse Genome Conf., Seattle, USA, Oct. (2004).
- Suzuki H., Okunishi R., Hashidume W., Katayama S., Ninomiya N., Osato N., Sato K., Nakamura M., Iida J., Kanamori M., and Hayashizaki Y.: "Identification of region-specific transcription factor genes in the adult mouse brain by medium-scale real-time RT-PCR", 18th Int. Mouse Genome Conf., Seattle, USA, Oct. (2004).
- Hayashizaki Y.: "Dynamic transcriptome analysis in FANTOM3", Kazusa Int. Workshop: Beyond the Identification of Transcribed Sequences: Functional, Expression and Evolutionary Analysis (BITS2004), Chiba, Oct. (2004).
- Zhao C., Saito K., Koshiba S., Suzuki S., Muto Y., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Tomo Y., Seki E., Terada T., Shirouzu M., Tanaka A., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S.: "NMR structure of a novel ubiquitin-like protein, mouse UBL3", 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Hayashizaki Y.: "The new generation of transcriptomics and its application to medical science", 5th HUGO Pacific Meet. and 6th Asia-Pacific Conf. on Human Genetics, Biopolis, Singapore, Nov. (2004).
- Hayashizaki Y., Carninci P., and International FANTOM3 Consortium: "Complexity of mammalian transcription analyzed by FANTOM3", Cold Spring Harbor Laboratory 2004 Genomics Workshop on Identification of Functional Elements in Mammalian Genomes, New York, USA, Nov. (2004).
- Hayashizaki Y.: "Ethical aspects of science and technology", Science and Technology in Society forum: Inaugural Meeting of the STS forum, Kyoto, Nov. (2004).
- Hayashizaki Y.: "The complexity and dynamic nature of the human and mouse transcriptome analyzed in FANTOM3", 7th NIH symp. on therapeutic oligonucleotides, Bethesda, USA, Dec. (2004).
- Seki M., Ishida J., Nakajima M., Enju A., Sakurai T., Iida K., Satou M., Akiyama K., Oono Y., Fujita M., Mizukado S., Kamei A., Narusaka M., Narusaka Y., Yamaguchi-Shinozaki K., Ecker J. R., Kobayashi M., Kohara Y., Sawasaki T., Hayashizaki Y., Yokoyama S., Toyoda T., Endo Y., and Shinozaki K.: "Functional genomics using RIKEN Arabidopsis Full-length (RAFL) cDNAs", Cold Spring Harbor Laboratory Meet. on Plant Genomes: From Sequence to Phenome, Cold Spring Harbor, USA, Dec. (2004).
- Hayashizaki Y.: "Complexity of mammalian transcription analyzed by FANTOM3", Int. Workshop on Encoding Information in DNA Sequences, (Cabinet Office, Government of Japan), Okinawa, Feb. (2005).
- Ecker J. R., Chen H., Sundarasan A., Borevitz J., Cheuk R., Kim C. J., Lim J., Ecker J. J., Mockler T., Shinn P., Meyers C., Karnes M., Koesema E., Ansari Y., Choy N., Yamada K., Dale J. M., Wu H. C., Liu S. X., Sakano H., Yu G., Chang C. H., Pham P., Hsuan V. W., Quach H. L., Jiang P. X., Lee J. M., Toriumi M., Chan M. M., Tang C. C., Onodera C. S., Deng J. M., Goldsmith A. D., Vaysberg M., Wallender E. K., Wong C., Yamamura Y., Yuan S., Banh J., Banno F., Palm C. J., Southwick A. M., Jones T., Nguyen M., Karlin-Newmann G., Lam B., Miranda M., Gurjal M., Hansen N. F., Bowser L., Wu T., Tripp M., Tamse R., Seki M., Sakurai T., Satou M., Akiyama K., Carninci P., Enju A., Hayashizaki Y., Iida K., Ishida J., Arakawa T., Kawai J., Kamiya A., Nakajima M., Narusaka M., Chan S., Zhang X., Shinozaki K., Jacobsen S., Davis R. W., and Theologis A.: "Genome-wide discovery of transcription units and functional elements in Arabidopsis", Keystone Symp. on Plant Cell Signaling: In vivo and Omics Approaches, Santa Fe, USA, Feb. (2005).
- (国内会議)
- 於保祐子, 市川学, 奥西理絵, 金森睦, 鈴木治和, Moessner R., Lesch K.-P, 林崎良英: "セロトニントランスポーターノックアウトに伴う遺伝子発現変動の網羅的検討", 第27回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2003).
- 鈴木治和, 小川ちひろ, 臼井健悟, 林崎良英: "超迅速 *in vitro* プルダウンアッセイ法の開発", 第27回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2003).
- 林崎良英, 鈴木治和, 伊藤昌可, Carninci P., 金森睦, 柴田一浩, 臼井健悟, 安西亜矢子, 青木誠, 片山慎太郎, 松田武久, 木戸秋悟, Alimjan I., 井原真紀, 林利蔵, 神谷守: "ゲノムレベルの生体分子相互作用探索と医療に向けたナノレグ開発", 科学技術振興機構 戦略的創造研究推進事業「ナノテクノロジー分野別バーチャルラボ」全体発表会, 東京, 2月(2004).
- 林崎良英: "RNA研究の最前線: ゲノムトランスクリプトーム情報を基盤とする新しいライフサイエンス", 第56回日本産科婦人科学会総会・学術講演会, 東京, 4月(2004).

- 林崎良英: “動的なトランスクリプトーム解析とゲノムネットワーク”, バイオ研究発表会, (岡崎統合バイオサイエンスセンター), 岡崎, 4月(2004).
- 真鍋理一郎, 山田登美子, 中野伊津子, 木村美奈, 河合純, 筒井仰, 下野知性, 三千典子, 長田亜樹, 浄住大慈, 福田友彦, 福田史朗, 杉浦信夫, 木全弘治, 林崎良英, 関口清俊: “新規細胞外マトリックス因子群の蛋白質局在性プロファイリング”, 第51回マトリックス研究会大会, 京都, 4月(2004).
- 林崎良英: “動的なトランスクリプトーム解析とゲノムネットワーク”, 福岡歯科大学・学術フロンティア研究シンポジウム「ゲノムから医科学への展開」, 福岡, 5月(2004).
- 林崎良英: ゲノム科学総合研究センター5周年記念講演会「ゲノム科学の今後の展望」, 東京, 6月(2004).
- 林崎良英: “人間一人分の遺伝子情報が1冊の本になった”, 第47回21世紀構想研究会, 東京, 6月(2004).
- 林崎良英: “ゲノム科学における戦略, 今後の展望”, 立命館大学MOT研究会, 京都, 6月(2004).
- 何発虎, 武藤裕, 中山亮子, 小柴生造, 白水美香子, 寺田貴帆, 木川隆則, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 関英子, 松田貴意, 廣田洋, 好田真由美, 小林直宏, 田仲昭子, 長内隆, 松尾洋, 荒川貴博, Carninci P., 河合純, 林崎良英, 横山茂之: “スプライシング因子SF4蛋白質のSURPドメインの立体構造解析”, 日本RNA学会年会第6回RNAミーティング, 熊本, 8月(2004).
- 関原明, 石田順子, 中嶋舞子, 槐亜希子, 藤田美紀, 水門佐保, 亀井綾子, 大野陽子, 櫻井哲也, 佐藤将一, 秋山顕治, 飯田慶, 篠崎(山口)和子, 豊田哲郎, 小長谷明彦, 鳴坂真理, Ecker J. R., Davis R. W., Theologis A., Carninci P., 河合純, 林崎良英, 横山茂之, 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植物ゲノムの発現・機能解析への利用”, 日本植物学会第68回大会, 藤沢, 9月(2004).
- 真鍋理一, 中野伊都子, 下野知性, 福田友彦, 木村美奈, 山田登美子, 三千典子, 古谷裕, 長田亜樹, 浄住大慈, 福田史朗, 河合純, 杉浦信夫, 木全弘治, 林崎良英, 関口清俊: “基底膜タンパク質局在性データベースの作成”, 第77回日本生化学会大会, 横浜, 10月(2004).
- 鈴木治和, 林崎良英: “ゲノムネットワークプロジェクトとインタラクトーム解析”, 第77回日本生化学会大会, 横浜, 10月(2004).
- 阿部孝政, 廣田洋, 安室憲一, 富澤忠, 小柴生造, 寺田貴帆, 白水美香子, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 松田貴意, 関英子, 木川隆則, 好田真由美, 田仲昭子, 松尾洋, 荒川貴博, Carninci P., 河合純, 林崎良英, Guentert P., 横山茂之: “マウス構造プロテオミクス: SNAREタンパク質 Vti1a N末端ドメインの構造と機能”, 第43回NMR討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11月(2004).
- Frith M. C., Pang K., Engstrom P., 粕川雄也, Lenhard B., Mattick J. S., 林崎良英: “A survey of the mammalian non-protein coding RNome”, 第27回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2004).
- 小川ちひろ, 白井健悟, 鈴木治和, 青木誠, 伊藤昌可, 金森睦, 甲斐誓利, 岡田真紀子, 林崎良英: “タンパク質間相互作用を利用したSMN複合体の解析”, 第27回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2004).
- 芋谷弘一, 福田史朗, 川島麗, 外丸靖浩, 金森睦, 鈴木治和, 林崎良英: “転写因子 cDNA クローンの収集”, 第27回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2004).
- 近藤伸二, 林崎良英: “Computational analysis of the unannotated regions of human chromosomes 21 and 22 that show high level of expression in affymetrix tiling chip arrays”, 第27回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2004).
- 今野英明, 金森睦, 河合純, 鈴木治和, 林崎良英: “ヒト・マウス・ラット転写因子・転写制御因子データベースの開発”, 第27回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2004).
- 青木誠, 白井健悟, 鈴木治和, 金森睦, 伊藤昌可, 片山慎太郎, 柴田一浩, 安西亜矢子, Carninci P., 河合純, 牧禎, 木戸秋悟, 松田武久, 林崎良英: “自己組織化能を有するナノレゴ(NanoLEGO)素子の探索及び評価”, 第27回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2004).
- 片山慎太郎, Ravasi T., 鈴木治和, Pang K., 古野正朗, 奥西理絵, 福田史朗, Ru K., Hume D., 林崎良英, Mattick J. S.: “マウス非コードRNAの解析と被発現制御に関する実験的検証”, 第27回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2004).
- 市川学, 於保祐子, 奥西理絵, 金森睦, 鈴木治和, 利谷明繁, 新田博明, 江口直美, 裏出義博, 林崎良英: “セロトニンシグナルに関連する遺伝子の脳内発現解析”, 第27回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2004).
- 渡部奈緒, 鈴木正則, 林崎良英: “FOX転写調節因子DNA結合ドメインの発現と発現クローンのスクリーニング方法の開発”, 第27回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2004).
- 奥西理絵, 鈴木治和, 橋詰航, 片山慎太郎, 二宮紀子, 大里直樹, 佐藤健二郎, 中村真理, 飯田・高橋樹理, 金森睦, 林崎良英: “中規模リアルタイムRT-PCRシステムによる転写制御因子群の発現プロファイリング”, 第27回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2004).
- Kodzius R., 甲斐誓利, 田上道平, 福田史朗, 片山慎太郎, 川路英哉, Carninci P., 林崎良英: “Insight into complex network of transcriptional start sites”, 第27回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2004).
- 下川和郎, 松村米浩, 片山慎太郎, Kodzius R., 粕川雄也, Carninci P., 鈴木治和, 河合純, 池尾一穂, 館野義男, 五條掘孝, 林崎良英: “複数の異なる遺伝子発現情報を統一的に扱う方法”, 第27回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2004).
- 下川和郎, Kodzius R., 粕川雄也, Carninci P., 河合純, 林崎良英: “遺伝子発現解析のための多次元情報解析ツール”, 第27回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2004).
- 白井健悟, 鈴木治和, 片山慎太郎, 金森睦, 甲斐誓利, 岡田真紀子, 河合純, 荒川貴博, 林崎良英: “Mammalian 2-hybrid法による超好熱古細菌 *Pyrococcus horikoshii* OT3のタンパク質間相互作用解析”, 第27回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2004).
- 河合純, Carninci P., 鈴木治和, 金森睦, 鈴木正則, 伊藤昌可, 於保祐子, 西田洋巳, Kodzius R., 外丸靖浩, 近藤伸二, Frith M. C., Gough J. J., 下川和郎, 粕川雄也, 片山慎太郎, 甲斐誓利, 佐々木大輔, 福田史朗, 林崎良英: “ゲ

- ノムネットワークプロジェクトにおける理研の取り組み”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 松村米浩, 下川和郎, 河合純, 池尾一穂, 舘野義男, 五條掘孝, 林崎良英: “DNA マイクロアレイデータに対するスポット単位の信頼性指標の開発と、READ データへの信頼性指標の付与”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 葛西卓磨, 木川隆則, 林崎良英, 横山茂之: “BoLA タンパク質の立体構造とそれに基づく機能部位の予測”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 井上匡子, 林文晶, 白水美香子, 寺田貴帆, 木川隆則, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 関英子, 松田貴意, 廣田洋, 好田真由美, 田仲昭子, 林崎良英, 小原収, 横山茂之: “NMR により構造決定した SH3 domain 構造の比較”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 林崎良英: “トランスクリプトミクスの新しい展開”, 聖マリアンナ医科大学難病治療センターハイテクリサーチフォーラム, 東京, 1 月 (2005).
- 林崎良英: “急発展をとげるトランスクリプトーム解析と医学応用への展望”, 神奈川麻酔医会平成 16 年度学術集会, 横浜, 2 月 (2005).
- 林崎良英: “自己組織化の本質”, 戦略的研究推進事業ナノテクノロジーバーチャルラボ「医療に向けた自己組織化等の分子配列制御による機能性材料・システムの創製」第 1 回公開シンポジウム「自己組織化の本質」, 東京, 2 月 (2005).