

Dr. Shigeo YOSHIDA (Plant Functions Lab.)  
Dr. Tomoko ABE (Plant Functions Lab.)  
Dr. Yasushige YANO (Cyclotron Center)  
Dr. Nobuhisa FUKUNISHI (RIBF Project Office)  
Mr. Masayuki KASE (Beam Technology Div.)  
Dr. Fumio YATAGAI (Radioisotope Technology Div.)

#### Visiting Members

Dr. Yukihiko AKAO (Gifu Int. Inst. Biotech.)  
Ms. Mio FURUTSU (Sch. Pharmacy, Nihon Univ.)  
Dr. Hisashi HASHIMOTO (Sch. Med., Jikei Univ.)  
Dr. Yasuaki ICHIKAWA (Nippon Med. Sch.)  
Ms. Mitsuko INOSE (Japan Sci. Tech. Corp.)  
Dr. Tomohiro KONO (NRI, Tokyo Univ. Agr.)

Dr. Yoh-ichi KOYAMA (Nippi Res. Inst. Biomatrix)  
Dr. Akira MATSUDA (Sch. Med., Hokkaido Univ.)  
Mr. Kenji MATSUMOTO (Kyoto Pref. Univ.)  
Dr. Naoyuki NAKAO (Kimitsu Hosp.)  
Dr. Noboru SUZUKI (Sch. Med., Mie Univ.)  
Dr. Hideki TANIGUCHI (Sch. Med., Univ. Tsukuba)  
Ms. Yoshika YODA (Jpn. Sci. Tech. Corp.)

#### Trainees

Ms. Akiko KOBAYASHI (Tokyo Col. Med.-Pharm. Tech)  
Ms. Rika NISHIKO (Tokyo Col. Med.-Pharm. Tech)  
Mr. Keiichiro TANAKA (Sch. Med., Jikei Univ.)

## 遺伝子材料室

### Gene Engineering Research Division

理事  
(兼)室長 宮林正恭  
MIYABAYASHI, Masayasu

近年の遺伝子工学の進歩発展により、ヒトやマウスをはじめとする各種モデル動植物のゲノム一次構造が明らかとなり、そこから生み出される遺伝子材料、およびその関連情報は増加の一途をたどっている。当室はゲノムDNA、cDNA、遺伝子導入ベクターなどの遺伝子材料の収集、検査、解析、

標準化、保存および提供を目的としている。さらに時代にマッチした新しい材料や関連技術の開発を自らも行い、国内外の研究者に広く提供することにより、ライフサイエンス研究の基盤形成を推進することも目指す。(本年度より、室名を遺伝子材料開発室から遺伝子材料室へ変更)

## 細胞材料室

### Gene Bank

室長大野忠夫  
OHNO, Tadao

当室は、我が国の官・学・民におけるライフサイエンス研究の発展を広く促進することを目的としたパブリックバンクを運営している。昭和62年6月の設置以来、広範な細胞材料、遺伝子材料、遺伝情報の収集、保存と分譲等の基本業務のみならず、新しい生物材料・情報の研究開発、それらの利用技術の普及にも邁進してきた。これらの事業は平成5年度より、それぞれ「細胞開発銀行」、「DNA開発銀行」と改称し発展している。また「遺伝情報銀行」も、効率的な遺伝子配列解析方法を提供している。平成8年度からは「植物細胞開発銀行」を開設した。当室の各銀行は豊富な研究資源に基盤をおく独自の基礎研究・応用研究を積極的に展開している。また、当室にはゲノム解析を独自に行っている研究グループもあり、ヒトゲノム詳細マッピングに貢献している。(本年度より、室名を細胞材料開発室から細胞材料室に変更)

#### I. 細胞開発銀行

1. 分譲業務ならびに細胞材料のバンキング技術の改良(大野, 西條, 青木(尚)<sup>\*1</sup>, 戸塚<sup>\*1</sup>, 飯村<sup>\*2</sup>, 加藤<sup>\*2</sup>, 渡辺<sup>\*2</sup>)

次世代型分譲業務システムの開発第II期に入った。これはインターネットを基本とするシステムである。また、ウイルス組換え体細胞のバンキング技術開発も行っている。

2. ヒトキラーリンパ球の培養法の研究(大野, 西條, 坪井<sup>\*3</sup>, 河合<sup>\*4</sup>, 青木(尚)<sup>\*2</sup>, 戸塚<sup>\*2</sup>, 飯村<sup>\*2</sup>, 加藤<sup>\*2</sup>, 渡辺<sup>\*2</sup>, 内村<sup>\*5</sup>, 丁<sup>\*5</sup>, 原田<sup>\*5</sup>, 村松<sup>\*5</sup>)

腫瘍細胞を特異的に殺す患者自己キラーT(CTL)細胞の誘導培養を行い、養子免疫療法の臨床研究を継続している。すでに、再発脳腫瘍末期患者で1年半以上の生存症例も出た。現在、腎がんにも適用を拡大しつつある。また、ヒ

トナチュラルキラー細胞の増殖培養研究も行っている。

3. ヒト腎がん細胞の培養系の研究(河合<sup>\*4</sup>,西條,大野)  
継続して、腎がん手術組織より、がん細胞と正常腎細胞の同時分別培養を行い、初代培養細胞群を蓄積している。

4. ヒト胆管がん細胞の培養系の研究(轟<sup>\*3</sup>,江村<sup>\*6</sup>,飯村<sup>\*2</sup>,加藤<sup>\*2</sup>,西條,大野)

継続して、希少なヒト胆管がん手術組織からがん細胞を培養し、細胞株化のため蓄積している。株により放射線感受性に差があることを見いだした。

5. ヒト婦人科がん細胞の培養系の開発(沖<sup>\*4</sup>,西條,大野)

継続して産婦人科がん手術組織よりがん細胞培養を行い、初代培養細胞群を蓄積している。

6. 腫瘍ワクチンの開発(大野,戸塚<sup>\*1</sup>,内村<sup>\*5</sup>,丁<sup>\*5</sup>)

上記研究成果により、必要なヒト腫瘍細胞群が蓄積されてきたため、これらを有効利用することを目的に腫瘍ワクチンの開発研究を行っている。

7. 凍結細胞プレートの開発(加藤<sup>\*2</sup>,西條,大野)

細胞を凍結保存するに当たって、培養用プレートの有効利用を図るべく、研究を行っている。

<sup>\*1</sup> 研究協力員, <sup>\*2</sup> 業務委託, <sup>\*3</sup> 研究嘱託, <sup>\*4</sup> 研究生, <sup>\*5</sup> 協力研究員, <sup>\*6</sup> 研修生(筑大大学院)

## II. 植物細胞開発銀行

1. バンキング技術の改良および植物培養細胞株の開発(寺田<sup>\*</sup>,菅原<sup>\*</sup>,大野)

(1) 植物培養細胞における二次代謝産物の生合成経路研究に有用な細胞株の新規誘導を行い、細胞株の樹立について継続的に研究している。

(2) 培養細胞の維持管理の省力化のため、培養法を懸濁培養から寒天培養に切り替えるための検討を行っている。

<sup>\*</sup> 業務委託

## III. DNA 開発銀行

1. 遺伝子材料の開発およびバンキング技術の改良

遺伝子に関する研究材料および関連情報を収集・保存・提供を行うとともに、新しい研究材料および関連技術の開発に努め、わが国のライフサイエンス研究の能率化、質の向上に貢献する。

(1) 宿主,ベクター,組換え DNA クローン, YAC クローンライブラリー等の遺伝子材料のバンキング技術の開発(横山,村田,筒井,鶴飼<sup>\*1</sup>,久次米<sup>\*2</sup>,渡辺<sup>\*2</sup>,広瀬<sup>\*2</sup>)

宿主 73 株,ベクター 339 株, DNA クローン 979 株, 中村 & White RFLP マーカークローン 123 株, YAC クローン 35712 株, マウス cDNA クローンライブラリー 45216 株の複製および保存, 検定, 管理技術の開発を行い, 遺伝

子材料を整備し, ジーンバンクカタログ No.5 およびニュースレター 13 版を発行した。次世代型分譲業務システムの開発を継続して行っている。

2. マウス胚発生の各ステージに特異的な整列クローン化 cDNA ライブラリーの保存, 検定, 管理技術の開発研究(横山, 村田, 筒井, 鶴飼<sup>\*1</sup>, 久次米<sup>\*2</sup>)

マウス胚発生の各ステージに特異的な独立の整列化クローン化 cDNA ライブラリー 15000 株を米国 NIH, NIA より受け入れ, これらのライブラリーの品質, 検査, レプリカ作成, さらに整列化を継続中である。これらの cDNA クローンは, EST が決定しており, これらの遺伝子材料を使用した DNA チップおよびマイクロアレー化の研究開発を行う予定である。

3. 組換えウイルス, コアバンク創設のための組換えウイルス作成と高感度検出法の研究開発(横山, 村田, 筒井, 鈴木<sup>\*3</sup>, 鶴飼<sup>\*1</sup>, 渡辺<sup>\*2</sup>, 福田<sup>\*4</sup>)

DNA バンク寄託完全長 cDNA クローンの組換えウイルス化を行い, 現在までに 130 株を作成, 管理, 保存した。現在もこの作業を継続中である。組換えウイルスのプロモーターの改変, キメラ組換えウイルスの作成, ヒト p53 組換えウイルス変異部位の検出を DNA フィンガー法で解析し, その変異部位の決定を行った。

4. 遺伝子材料 DNA 大量調製業務に関する共同研究開発(横山, 宋<sup>\*5</sup>, 金<sup>\*5</sup>)

寄託遺伝子材料の大量調製業務の一部を中国瀋陽市, 中国医科大学に依頼し, その評価を行った。中国上海市の復旦大学・遺伝学研究所や中国科学院・生化学研究所にも試験的に依頼し, その評価を行い, 現在も継続している。

5. 核酸・スモール分子を用いた遺伝子治療法の技術開発と医薬品開発のための基礎研究(横山, 村田, 筒井, 鈴木<sup>\*1</sup>, 鶴飼<sup>\*1</sup>, 久次米<sup>\*2</sup>, 渡辺<sup>\*2</sup>, 広瀬<sup>\*2</sup>)

アンチセンスオリゴマー, リボザイムベクターを用いた遺伝子の機能研究および医薬品開発の基礎研究のために, その作用機序の解析とレセプタータンパク質の同定を行った。

6. 三重鎖ゲノム DNA 結合性転写因子 MAZ による E3 細胞の神経分化に至るシグナルカスケードの解析(横山, 筒井, 鶴飼<sup>\*1</sup>, 宋<sup>\*5</sup>, 岸川<sup>\*6</sup>)

Zinc finger 転写因子で三重鎖 DNA に結合する MAZ の DNA 結合能の解析とゲノム解析およびプロモーター解析を行った。更にごん抑制遺伝子 DCC(軸索誘因遺伝子 Netrin-1 のレセプター)との分子会合について解析した。MAZ と Sp1 の作用機序を比較した。

7. コアクチベーター p300/CBP による c-jun のトランス活性化と胚性細胞分化誘導(横山, 村田, 川崎<sup>\*5</sup>, 金<sup>\*5</sup>)

アデノウイルス E1A 結合タンパク質 p300/CBP による c-jun のトランス活性化に ATF-2 が必要であり, これが胚性腫瘍細胞 F9 の分化誘導の引き金を引くことを明らかにした。また, ATF-2 の機能解析を行い, ATF-2 が新規の HAT

活性を有する転写因子であることを証明した。

#### 8. ショウジョウバエの形態形成と Notch カスケードの遺伝学的解析 (横山, 村田, 長曾<sup>\*3</sup>)

ショウジョウバエの羽の形態形成変異体 *hiiragi* の責任遺伝子の同定とその構造解析を行った。遺伝学的解析より, *hiiragi* は Notch シグナルのある subset のみに限定され, Poly A ポリメラーゼであることを明らかにした。

#### 9. 糖脂質によるメラニン色素細胞分化経路の解析 (横山, 村田, 趙<sup>\*3</sup>, Day<sup>\*4</sup>)

微生物産生糖脂質による細胞分化のシグナルカスケードを明らかにした。

<sup>\*1</sup> 研究協力員, <sup>\*2</sup> 業務委託, <sup>\*3</sup> 協力研究員, <sup>\*4</sup> 研修生, <sup>\*5</sup> 共同研究員, <sup>\*6</sup> ジュニア・リサーチ・アソシエイト

### IV. 遺伝情報銀行

#### 1. 遺伝情報に関するデータおよび解析ツールの収集 (渡辺, 野口, 皿井)

DNA, タンパク質等の生体分子の一次配列データ, 構造データ, 機能データ, 物性データ等の一次情報の収集を行った。また, それらを解析するソフトウェアの収集, 整備を行った。

#### 2. 統合データベースの開発

増大する遺伝情報の一次データを整理統合し, 付加価値を与え研究に有効に利用できるようにするため, 以下のようなさまざまなデータの統合化を行った。

(1) 生体分子の構造, 機能, 物性統合データベース, 3Din-Sight (安<sup>\*1</sup>, 窪田<sup>\*2</sup>, 皿井)

生体分子の構造, 機能, 物性との関係を明らかにする目的で, これらのデータを関係データベース上に統合し, それらの関係を検索・可視化できるシステムを開発した。インターネット上に公開している。

(2) タンパク質熱力学データベース: ProTherm (Gromiha<sup>\*1</sup>, 上平<sup>\*2</sup>, 大畠<sup>\*2</sup>, 安<sup>\*1</sup>, 皿井)

物性データの1つとして, タンパク質の熱力学データベースを世界に先駆けて開発し, すでに 8500 件以上のデータを集録した。インターネット上に公開している。

(3) タンパク質・核酸複合体構造データベース (王<sup>\*2</sup>, 安<sup>\*1</sup>, 皿井)

タンパク質と核酸の複合体構造を集めたデータベース。インターネット上に公開している。

(4) アミノ酸・塩基相互作用データベース (安<sup>\*1</sup>, 皿井)

アミノ酸と塩基の特異的相互作用を検索するためのデータベース。インターネット上に公開している。

(5) タンパク質・核酸相互作用熱力学データベース: ProNIT (Prabakaran<sup>\*3</sup>, Gromiha<sup>\*1</sup>, 上平<sup>\*2</sup>, 安<sup>\*1</sup>, 皿井)

タンパク質と核酸の相互作用に関する熱力学データを収集しデータベース化した。すでに 2000 件以上のデータを収集した。インターネット上に公開している。

(6) タンパク質・リガンド相互作用データベース:

ProLINT (Selvaraj<sup>\*2</sup>, Prabakaran<sup>\*3</sup>, Gromiha<sup>\*1</sup>, 上平<sup>\*2</sup>, 安<sup>\*1</sup>, 皿井)

創薬などにとって重要なタンパク質とリガンドの相互作用に関するデータを収集し, データベース化した。これまでに, 12000 件以上のデータを収集した。NEDO による三菱化学との共同プロジェクト。

(7) 生体分子構造の三次元画像データベース (王<sup>\*2</sup>, 安<sup>\*1</sup>, 皿井)

種々の生体分子の画像データを作成しデータベース化した。インターネット上に公開している。

(8) 遺伝子多型データベース, rSNP (皿井)

転写因子のターゲット結合に影響を与える SNP のデータベースと結合活性への影響を予測するシステム。分子生物, 遺伝子工学, 創薬などに有用。ロシアとの共同開発。

(9) ACTIVITY (皿井)

タンパク質と核酸の結合データと核酸上の結合配列をデータベース化し, 配列と結合能の関係を解析するとともに, 結合の予測を行うシステム。分子生物, 遺伝子工学, 創薬などに有用。ロシアとの共同開発。

(10) 翻訳シグナルデータベース (皿井)

mRNA の翻訳レベルでのシグナル配列と機能活性データを集めたデータベース。現在は, 植物のさまざまなストレス応答シグナルに関するデータを収集している。植物の分子生物, 遺伝子工学, 創薬などに有用。ロシアとの共同開発。

#### 3. 遺伝情報解析ツールの開発

膨大な遺伝情報を研究に有効に利用するため, 以下のような解析ツールを開発した。

(1) Genome Information Analysis System (GIAS) の開発 (窪田<sup>\*2</sup>, 皿井)

核酸, タンパク質の配列, 構造を解析するためのパッケージツールで WWW 化を進めた。これまでに, 5 個以上のモジュールの WWW 化を行った。

(2) ホモロジーモデリングによる構造予測プログラムの開発 (窪田<sup>\*2</sup>, 皿井)

ホモロジーモデリング法によりタンパク質の立体構造を予測するプログラムの開発を進めた。

(3) 転写因子のターゲット予測ツールの開発 (王<sup>\*2</sup>, 安<sup>\*1</sup>, 皿井)

いくつかの方法論を組み合わせる転写因子のターゲット部位や遺伝子を予測するツールの開発を進めた。WWW を用いた検索インターフェイスの開発も行った。

(4) タンパク質・DNA ドッキングプログラム (Siebers<sup>\*1</sup>, 皿井)

機能未知のタンパク質が DNA と結合するかどうか, また, どの部分が DNA に結合するかを予測する。シミュレーションにより複合体構造も予測する。

#### 4. 遺伝情報解析技術の研究開発

高度な情報解析ツールを開発するため, 以下のような遺伝情報に関する基礎研究を行った。

(1) 転写因子のターゲット遺伝子の予測法の研究 (王<sup>\*2</sup>, 皿井)

(2) タンパク質および核酸の構造に関する計算機シミュレーション (斎藤<sup>\*2</sup>, 皿井)

(3) タンパク質と核酸相互作用の計算機シミュレーション  
(佐谷野<sup>\*2</sup>, Gromiha<sup>\*1</sup>, Prabakaran<sup>\*3</sup>, Siebers<sup>\*1</sup>, 大島<sup>\*2</sup>, 相田<sup>\*2</sup>, 皿井)

(4) 配列情報から高次構造や安定性を予測する手法の研究  
(Gromiha<sup>\*1</sup>, 大島<sup>\*2</sup>, 上平<sup>\*2</sup>, 窪田<sup>\*2</sup>, 皿井)

(5) タンパク質の構造モチーフに関する研究(安<sup>\*1</sup>, 皿井)

(6) 生体分子の高次構造, 機能と物性に関する物理化学的研究  
(鳥越, Selvaraj<sup>\*1</sup>, Prabakaran<sup>\*3</sup>, Gromiha<sup>\*1</sup>, 大島<sup>\*2</sup>, 上平<sup>\*2</sup>, 皿井)

(7) シグナル伝達に関わる分子およびそれらの相互作用に関する研究(渡辺, 皿井)

(8) 自然言語処理技術を用いた情報抽出法の研究(安<sup>\*1</sup>, 皿井)

5. 遺伝情報オンラインサービス(野口, 鳥越, 皿井)  
遺伝情報およびその利用技術をライフサイエンス研究に有効に役立てるため, 遺伝情報オンラインサービスを実施し, データベース, 解析技術などをネットワークを通して所内外の研究者に提供した。

6. 遺伝情報 WWW サービス(皿井, Gromiha<sup>\*1</sup>, 王<sup>\*2</sup>, 渡辺, 安<sup>\*1</sup>)

WWW インターフェイスを通してインターネット上で以下のようなデータベース, ツールの公開を行った。

(1) エントリー・キーワード検索  
(<http://www.rtc.riken.go.jp/jouhou/SIMPLESEARCH/search.html>)

(2) ホモロジー検索  
(<http://www.rtc.riken.go.jp/jouhou/HOMOLOGY/homosearch.html>)

(3) モチーフ検索  
([http://www.rtc.riken.go.jp/jouhou/HOMOLOGY/dbsearch/pdb/pdb\\_seq.html](http://www.rtc.riken.go.jp/jouhou/HOMOLOGY/dbsearch/pdb/pdb_seq.html))

(4) 生体分子統合データベース・検索システム: 3DinSight  
(<http://www.rtc.riken.go.jp/jouhou/3dinsight/3DinSight.html>)

(5) タンパク質熱力学データベース: ProTherm  
(<http://www.rtc.riken.go.jp/jouhou/Protherm/protherm.html>)

(6) タンパク質・核酸認識データベース  
(<http://www.rtc.riken.go.jp/jouhou/3dinsight/recognition.html>)

(7) タンパク質・核酸複合体構造データベース  
(<http://www.rtc.riken.go.jp/jouhou/3dinsight/complexdb.html>)

(8) アミノ酸と塩基の相互作用データベース  
(<http://www.rtc.riken.go.jp/jouhou/3dinsight/distance.html>)

(9) タンパク質・核酸相互作用熱力学データベース  
(<http://www.rtc.riken.go.jp/jouhou/pronit/pronit.html>)

(10) Gallery of Biomolecules  
(<http://www.rtc.riken.go.jp/jouhou/image/gallery.html>)

(11) GCG  
(<http://www.rtc.riken.go.jp/jouhou/gcgmanual/gcg.html>)

(12) 遺伝子多型データベース, rSNP

(<http://www.mgs.bionet.nsc.ru/mgs/systems/rsnp/>)

(13) ACTIVITY

(<http://www.mgs.bionet.nsc.ru/systems/Activity/>)

<sup>\*1</sup> 協力研究員, <sup>\*2</sup> 共同研究員, <sup>\*3</sup> 訪問研究員

## V. ヒトゲノム解析研究グループ

1. ヒト 1 番染色体短腕領域の染色体地図の作成とがん抑制遺伝子の単離(添田, 陳<sup>\*1</sup>)

染色体 1 番 p35-36 領域には神経芽腫, 大腸がんなど多数のがんに染色体変異が見られ, がん抑制遺伝子が存在が示唆されていた。そこで, 我々は, 本領域約 35 メガベースの高密度 STS 含有地図を作成し, STS で神経芽腫細胞 25 株を検索し, 480 kb のホモ接合体欠失をもつ神経芽腫細胞 1 株を検出した。BAC ドラフトシーケンスから欠失領域に 7 つの既知遺伝子, コピキチン経路の遺伝子 (E4), キネシン family 遺伝子 (KIF1B), アポトーシス関連遺伝子 (DF45), ペルオキシゾーム膜タンパク質遺伝子 (PEX14), 解糖系の酵素遺伝子 (PGD) が同定された。これらはがん関連遺伝子であるががん抑制との関係は明らかでない。

2. スクリーニングの自動化と BAC の整列化(添田, 陳<sup>\*1</sup>)

目的とする BAC クローンを迅速かつ効率良く選択し, ゲノムへ整列化するために PCR による 2 段階スクリーニング法を開発した。大規模化のためにスクリーニングキットを作成し, 実用化した。

3. ヒト染色体 10p15 のシーケンス用物理地図の作成(原田<sup>\*2</sup>, 添田, 大野)

ヒト染色体 10p15 領域は, 神経芽腫細胞 34 株で共通にヘテロ接合が見られたため, がん抑制遺伝子の存在が示唆された。この領域の全シーケンスを可能にするために BAC ライブラリーを整列化し, 28 の発現遺伝子をマップした。

<sup>\*1</sup> 研修生, <sup>\*2</sup> 共同研究員

## 誌上発表 Publications

(原著論文) \*印は査読制度がある論文誌

Imoto I., Pimkhaokham A., Watanabe T., Saito-Ohara F., Soeda E., and Inazawa J.: "Amplification and overexpression of TGIF2, a novel homeobox gene of the TALE superclass, in ovarian cancer cell lines", *Biochem. Biophys. Res. Commun.* **276**, 264–270 (2000). \*

Torigoe H.: "Thermodynamic and kinetic effects of N3'→P5' phosphoramidate modification on pyrimidine motif triplex DNA formation", *Biochemistry* **40**, 1063–1069 (2001). \*

Mizuno H., Tanaka Y., Nakai K., and Sarai A.: "ORIGENE: Gene classification based on the evolutionary tree", *Bioinformatics* **17**, 167–173 (2001). \*

Zhang B., Watanabe S., Kohyama M., Saijo-Kurita K., Kusakabe M., and Ohno T.: "Tumor formation suppressed in  $\gamma\delta$ T knock-out mice", *Cancer Lett.* **153**, 63–

- 66 (2000). \*
- Pichierri F. and Sarai A.: “Elastic properties of the poly-L-glycine  $\alpha$ -helix from periodic SCF-LMO calculations”, *Chem. Phys. Lett.* **322**, 536–542 (2000). \*
- Song J., Tsutsui H., Jin C., Ugai H., and Yokoyama K. K.: “The multiple roles of the transcription factors MAZ and Pur-1, two proteins encoded by housekeeping genes”, *Current Genomics* **1**, 175–187 (2000). \*
- Shibahara M., Zhao X., Wakamatsu Y., Nomura N., Nakahara T., Jin C., Nagaso H., Murata T., and Yokoyama K. K.: “Mannosylerythritol lipid increases levels of galactoceramide and neurite outgrowth from PC12 pheochromocytoma cells”, *Cytotechnology* **31**, 247–251 (2000). \*
- Sudo T., Zhao X., Wakamatsu Y., Shibahara M., Nomura N., Nakahara T., Suzuki A., Kobayashi Y., Jin C., Murata T., and Yokoyama K. K.: “Induction of differentiation of human HL-60 promyelocytic leukemia cell lines by succinoyl trehalose lipids”, *Cytotechnology* **31**, 259–264 (2000). \*
- Zhao X., Geltinger C., Kishikawa S., Oshima K., Murata T., Nomura N., Nakahara T., and Yokoyama K. K.: “Treatment of mouse melanoma cells with phorbol 12-myristate 13-acetate counteracts mannosylerythritol lipid-induced growth arrest and apoptosis”, *Cytotechnology* **33**, 123–130 (2000). \*
- Saijo-Kurita K., Tsurushima H., Tsuboi K., Nose T., Oki A., and Ohno T.: “Recycled addition of CD4<sup>+</sup> T cell-rich population for induction of human autologous cytotoxic T lymphocytes: A practically efficient method”, *Cytotechnology* **34**, 101–110 (2000). \*
- Ding L.-H., Iimura E., Saijo-Kurita K., Hamada H., and Ohno T.: “A speedy method to detect inserted DNA fragment in cell lines transfected with retroviral vectors”, *Cytotechnology* **34**, 243–252 (2000). \*
- Yamada M., Murata T., Hirose S., Lavorgna G., Suzuki E., and Ueda H.: “Temporally restricted expression of transcription factor  $\beta$ FTZ-F1: Significance for embryogenesis, molting and metamorphosis in *Drosophila melanogaster*”, *Development* **127**, 5083–5092 (2000). \*
- Watanabe N., Yamaguchi T., Akimoto Y., Rattner J. B., Hirano H., and Nakauchi H.: “Induction of M-Phase arrest and apoptosis after HIV-1 Vpr expression through uncoupling of nuclear and centrosomal cycle in HeLa cells”, *Exp. Cell Res.* **258**, 261–269 (2000). \*
- Nakanishi M., Ando H., Watanabe N., Kitamura K., Ito K., Okayama H., Miyamoto T., Agui T., and Sasaki M.: “Identification and characterization of human Wee1B, a new member of the Wee1 family of Cdk-inhibitory kinases”, *Genes Cells* **5**, 839–847 (2000). \*
- Hayashida S., Yamasaki K., Asada Y., Soeda E., Niikawa N., and Kishino T.: “Construction of a physical and transcript map flanking the imprinted *MEST/PEG1* region at 7q32”, *Genomics* **66**, 221–225 (2000). \*
- Harada K., Nishida T., Maekawa K., Kubota H., Harada K., Suzuki M., Ohno T., Sasaki K., and Soeda E.: “A sequence-ready BAC clone contig of human chromosome 10p15 spanning the loss of heterozygosity region in glioma”, *Genomics* **67**, 268–272 (2000). \*
- Liao C., Zhao M., Song H., Uchida K., Yokoyama K. K., and Li T.: “Identification of the gene for a novel liver-related putative tumor suppressor at a high-frequency loss of heterozygosity region of chromosome 8p23 in human hepatocellular carcinoma”, *Hepatology* **32**, 721–727 (2000). \*
- Moon Y., Todoroki T., Ohno T., Fukao K., and Little J.: “Enhanced radiation killing by 5-fluorouracil of biliary tract cancer cell lines”, *Int. J. Oncol.* **16**, 987–994 (2000). \*
- Ono T., Kitaura H., Ugai H., Murata T., Yokoyama K. K., Iguchi-Ariga S. M. M., and Ariga H.: “TOK-1, a novel p21<sup>Cip1</sup>-binding protein that cooperatively enhances p21-dependent inhibitory activity toward CDK2 kinase”, *J. Biol. Chem.* **275**, 31145–31154 (2000). \*
- Torigoe H., Hari Y., Sekiguchi M., Obika S., and Imanishi T.: “2'-O,4'-C-methylene bridged nucleic acid modification promotes pyrimidine motif triplex DNA formation at physiological pH: Thermodynamic and kinetic studies”, *J. Biol. Chem.* **276**, 2354–2360 (2001). \*
- Gromiha M. M., Oobatake M., Kono H., Uedaira H., and Sarai A.: “Importance of surrounding residues for protein stability of partially buried mutations”, *J. Biomol. Struct. & Dyn.* **18**, 281–295 (2000). \*
- Kim C.-H., Todoroki T., Matsumura M., and Ohno T.: “Eligibility of antigenic-peptide-pre-loaded and fixed adhesive peripheral blood cells for induction of cytotoxic T lymphocytes from cancer patients with elevated serum levels of carcinoembryonic antigen”, *J. Cancer Res. Clin. Oncol.* **126**, 383–390 (2000). \*
- Sayano K., Kono H., Gromiha M. M., and Sarai A.: “Multicanonical Monte Carlo calculation of free-energy map for base-amino acid interaction”, *J. Comput. Chem.* **21**, 954–962 (2000). \*
- Kaku Y., Sarai A., and Murakami Y.: “Genetic reclassification of porcine enteroviruses”, *J. Gen. Virol.* **82**, 417–424 (2001). \*
- Saito M., Kono H., Morii H., Uedaira H., Tahir H. T., Ogata K., and Sarai A.: “Cavity-filling mutations enhance protein stability by lowering the free energy of native state”, *J. Phys. Chem. B* **104**, 3705–3711 (2000). \*
- Uchida S., Tanaka Y., Ito H., Saito-Ohara F., Inazawa J., Yokoyama K. K., Sasaki S., and Maruno F.: “Transcriptional regulation of the *CLC-K1* promoter by myc-associated zinc finger protein and kidney-enriched Krüppel-like factor, a novel zinc finger repressor”, *Mol. Cell. Biol.* **20**, 7319–7331 (2000). \*
- Kawasaki H., Schiltz L., Chiu R., Itakura K., Taira K., Nakatani Y., and Yokoyama K. K.: “ATF-2 has intrinsic histone acetyltransferase activity which is modulated

- by phosphorylation”, *Nature* **405**, 195–200 (2000). \*
- Ponomarenko J. V., Furman D., Frolov A. S., Podkolodny N., Orlova G. V., Ponomarenko M. P., Kolchanov N. A., and Sarai A.: “ACTIVITY: A database on DNA/RNA sites activity adapted to apply sequence-activity relationships from one system to another”, *Nucleic Acids Res.* **29**, 284–287 (2001). \*
- Ponomarenko J. V., Merkulova G. V., Vasiliev G. V., Levashova Z. B., Orlova G. V., Lavryushev S. V., Fokin O. N., Ponomarenko M. P., Frolov A. S., and Sarai A.: “rSNP\_Guide, a database system for analysis of transcription factor binding to target sequences: Application to SNPs and site-directed mutations”, *Nucleic Acids Res.* **29**, 312–316 (2001). \*
- Torigoe H. and Shimizume R.: “Thermodynamic analyses of triplex formation with homopurine oligonucleotide”, *Nucleic Acids Symp. Ser.*, No. 44, pp. 61–62 (2000). \*
- Torigoe H., Obika S., and Imanishi T.: “Promotion of triplex formation by a fixed *N*-form sugar puckering: Thermodynamic and kinetic studies”, *Nucleic Acids Symp. Ser.*, No. 44, pp. 241–242 (2000). \*
- Kawasaki H., Taira K., and Yokoyama K. K.: “Histone acetyltransferase (HAT) activity of ATF-2 is necessary for the CRE-dependent transcription”, *Nucleic Acids Symp. Ser.*, No. 44, pp. 259–260 (2000). \*
- Ohira M., Kageyama H., Mihara M., Furuta S., Machida T., Shishikura T., Takayasu H., Islam A., Nakamura Y., Takahashi M., Tomioka N., Sakiyama S., Kaneko Y., Toyoda A., Hattori M., Sakaki Y., Ohki M., Horii A., Soeda E., Inazawa J., Seki N., Kuma H., Nozawa I., and Nakagawara A.: “Identification and characterization of a 500-kb homozygously deleted region at 1p36.2-p36.3 in a neuroblastoma cell line”, *Oncogene* **19**, 4302–4307 (2000). \*
- Higo J., Kono H., Nakamura H., and Sarai A.: “Solvent density and long-range dipole field around a DNA-binding protein studied by molecular dynamics”, *Proteins: Struct., Funct., Genet.* **40**, 193–206 (2000). \*
- Kawasaki H., Koseki S., Ohkawa J., Yokoyama K. K., and Taira K.: “Parameters governing in vivo activities of hammerhead ribozymes: Construction of intracellularly active ribozyme expression systems”, *Ribozyme Biochemistry and Biotechnology*, edited by Guido Krupp and Rajesh K. Gaur, Eaton Publishing, Natick, pp. 457–482 (2000). \*
- ( 総 説 )
- 皿井明倫: “遺伝情報銀行”, 細胞バンク・遺伝子バンク, 日本組織培養学会 ( 編 ), 共立出版, 東京, p. 42 (1998).
- 鳥越秀峰: “抗原抗体反応の熱量測定”, 熱量測定・熱分析ハンドブック, 日本熱測定学会 ( 編 ), 丸善, 東京, p. 270 (1998).
- 大野忠夫, 飯村恵美: “細胞株 DNA に潜在する可能性のある HIV-I 由来 DNA の PCR による検出”, 組織培養研究 **18**, 177–179 (1999).
- Maruyama A., Kim W.-J., Ishihara T., Ueda M., Torigoe H., Ferdous A., and Akaike T.: “Regulation of DNA functions by cationic graft copolymers”, *Biomaterials and Drug Delivery toward New Millennium*, edited by K. D. Park, I. C. Kwon, N. Yui, S. Y. Jeong, and K. Park, Ham Rim Won Publishing, Seoul, pp. 175–181 (2000).
- 大野忠夫: “高活性 CTL 誘導法とその脳腫瘍治療への応用”, *Biotherapy* **14**, 1153–1159 (2000).
- 大野忠夫: “理研ジーンバンク”, ライフサイエンスのための系統保存とデータバンク, 中辻憲夫 ( 編 ), 共立出版, 東京, pp. 145–149 (2000).
- 大野忠夫: “細胞・遺伝子バンク”, 遺伝子医学 **5**, 126–129 (2001).
- 大野忠夫: “最新国際学会情報 2000 インビトロ生物学世界会議-2000年6月10日~15日アメリカ合衆国サンディエゴ”, 現代医療 **32**, 2708–2709 (2000).
- 古賀千恵, 足立直樹, 横山和尚: “アフリカツメガエル FGF 研究の進展”, 細胞工学 **19**, 902–912 (2000).
- 川崎広明, 多比良和誠, 横山和尚: “新規 DNA 結合型ヒストンアセチル化酵素 ATF-2 のリン酸化による制御”, 細胞工学 **19**, 1673–1675 (2000).
- 添田栄一: “ヒトゲノム・プロジェクトの意義と現況”, 小児外科 **32**, 1025–1029 (2000).
- 張本寧: “最新的话题を招致せよ!”, 内藤財団時報, No. 67, p. 38 (2001).
- ( その他 )
- Wang X.-H., Sasaki T., Matsudo T., Saijo-Kurita K., and Ohno T.: “The MEIC in vitro database Part 1~3”, NICA (Web), (2000).
- 大野忠夫: “細胞医薬—生きている細胞を用いる癌の免疫療法”, *ファルマシア* **36**, 683–687 (2000).
- 大野忠夫: “第3章 細胞を観察・撮影する: 3 培養細胞”, 細胞工学別冊: 目で見る実験ノートシリーズ「顕微鏡フル活用術イラストレイテッド」, 秀潤社, 東京, pp. 135–136 (2000).
- 宋軍, 横山和尚: “プラスミド DNA からのエチジウムブロマイドおよび塩化セシウムの簡便な除去法”, *実験医学* **18**, 504 (2000).
- 鳥越秀峰: “第4回けいはんな分子生物物理学国際会議 “Structural biology of proteins and nucleic acids: Molecular basis of noncanonical structures” 報告”, *生化学* **72**, 397–400 (2000).
- 大野忠夫: “1 動物細胞培養の基礎 20: 細胞株の入手法”, 動物細胞工学ハンドブック, 日本動物細胞工学会 ( 編 ), 朝倉書店, 東京, pp. 41–43 (2000).
- 大野忠夫: “2 機能性細胞培養法 4: ヒト細胞傷害性 T リンパ球の誘導培養法”, 動物細胞工学ハンドブック, 日本動物細胞工学会 ( 編 ), 朝倉書店, 東京, pp. 50–51 (2000).
- 大野忠夫: “付録 2: 細胞銀行の有効利用法”, 動物細胞工学ハンドブック, 日本動物細胞工学会 ( 編 ), 朝倉書店, pp. 309–310 (2000).
- 頭 発 表 Oral Presentations  
( 国際会議等 )
- Murata T., Okano H., and Yokoyama K. K.: “*hiiragi* is required during the information of the ectopic wing margin

- induced by a constitutive active form of Notch”, 40th Ann. Drosophila Research Conf., Bellevue, USA, May (1999).
- Yokoyama K. K.: “Regulation of DNA-binding and expression of a triple helix binding protein, THZif-1 by casein kinase II(ckII)-dependent phosphorylation”, IBC’s 6th Int. Conf. on Oligo-Therapeutics, La Jolla, USA, May (1999).
- Kawasaki H., Taira K., and Yokoyama K. K.: “Functional analysis of the transcriptional activators p300/CBP”, 5th Ann. Meet. 1999 of the Japan Soc. of Gene Therapy, Tokyo, June (1999).
- Yokoyama K. K.: “DNA-binding & transcriptional activation of THZif-1 (Triple helix binding zinc finger protein-1) during macrophage differentiation”, 8th Int. Symp. on the Molecular Cell Biology of Macrophage, Tokyo, June (1999).
- Ugai H., Kawasaki H., Song J., Tsutsui H., Murata T., and Yokoyama K. K.: “p300 and CBP play a distinct function during retinoic acid-induced differentiation in F9 cells”, Cold Spring Harbor Laboratory Meet. on Mechanism of Eukaryotic Transcription, New York, USA, Sept. (1999).
- Ohno T., Kudo T., Takeuchi M., and Mizusawa H.: “Mycoplasma control in biopharmaceutical processing: Experiences of public cell banks in Japan”, 13th Int. Congr. of IOM: Int. Organization for Mycoplasma, Fukuoka, Jan. (2000).
- Chen Y.-Z., Nonaka T., and Soeda E.: “Rapid conversion of radiation hybrid panels to BAC contigs”, Advances in Genome Biology & Technology, Marco Island, USA, Feb. (2000).
- Soeda E., Hayashi Y., and Chen Y.-Z.: “Search for tumor suppressor genes in homozygously deleted regions in 1p36/35 in neuroblastoma”, Advances in Genome Biology & Technology, Marco Island, USA, Feb. (2000).
- Sarai A. and Kono H.: “Structure-based target prediction of transcription factors”, 4th Ann. Int. Conf. on Computational Molecular Biology (RECOMB 2000), Tokyo, Apr. (2000).
- Tsuboi K.: “Merits and demerits of CTL therapy for malignant gliomas”, Neurotumor Club 2000, San Francisco, USA, Apr. (2000).
- Sarai A., Selvaraj S., Prabakaran P., and Kono H.: “Structure-specificity relationship in protein-DNA recognition”, 3rd East Asian Biophysics Symp. (EABS2000), Kyongju, Korea, May (2000).
- Soeda E., Chen Y.-Z., Wu J.-G., Maekawa K., Hayashi Y., Inazawa J., Nakagawara A., Ohki M., and Horii A.: “A 30-Mb sequence-ready map with BAC contigs spanning chromosome 1p35-36”, 13th Ann. Cold Spring Harbor Meet. on Genome Sequencing & Biology, New York, USA, May (2000).
- Maekawa K., Nishimura Y., Sakaki Y., and Soeda E.: “Contig assembly from 21q21.1-22.1 by STS-content mapping”, 13th Ann. Cold Spring Harbor Meet. on Genome Sequencing & Biology, New York, USA, May (2000).
- Ohno T. and Mizusawa H.: “Animal alternatives and potential viral contamination in cell line”, 2000 World Congr. on In Vitro Biology, San Diego, USA, June (2000).
- Watanabe S., Harada H., Saijo-Kurita K., and Ohno T.: “Selective expansion and non-radioisotopic assay of human natural killer cells”, 2000 World Congr. on In Vitro Biology, San Diego, USA, June (2000).
- Yokoyama K. K.: “Transcriptional regulation of c-JUN gene in chromatin context during differentiation of embryonal stem cells/embryonal carcinoma cells”, 9th Int. Symp. on Molecular Cell Biology of Macrophages 2000, Kyoto, June (2000).
- Song J., Ugai H., and Yokoyama K. K.: “Negative regulation of the expression of the gene MAZ by transcription factors SP1 and MAZ involve the same DNA-binding sites”, Molecular Genetics Gordon Conf., New London, USA, July (2000).
- Ponomarenko J., Furman D., Ponomarenko M. P., Orlova G. V., Anatoly F., Podkolodny N., and Sarai A.: “Activity: A database on DNA regulatory sites activity, adapted for analysis of DNA-protein interactions”, 2nd Int. Conf. on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, Novosibirsk, Russia, Aug. (2000).
- An J., Wako H., and Sarai A.: “Analysis of structural motifs in proteins”, 2nd Int. Conf. on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, Novosibirsk, Russia, Aug. (2000).
- Ponomarenko M. P., Ponomarenko J., Goryachkovskaya T. N., Orlova G. V., and Sarai A.: “B-DNA features correlating with point mutations that influence DNA/protein-binding free energy”, 2nd Int. Conf. on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, Novosibirsk, Russia, Aug. (2000).
- Prabakaran P., An J., Gromiha M. M., Selvaraj S., Uedaira H., Kono H., and Sarai A.: “Desing implementation of thermodynamic database for protein-nucleic acid interactions”, 2nd Int. Conf. on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, Novosibirsk, Russia, Aug. (2000).
- Sarai A., Selvaraj S., Prabakaran P., and Kono H.: “Structure-based target prediction of transcription factors”, 2nd Int. Conf. on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, Novosibirsk, Russia, Aug. (2000).
- Soeda E., Chen Y.-Z., Wu J.-G., Maekawa K., Hayashi Y., Inazawa J., Ohki M., Nakagawara A., Oguchi S., and Horii A.: “A BAC-based STS content map spanning 1p35-36 and expression profiles altered by chromosome imbalances in tumors”, Cold Spring Harbor Laboratory Meet. on Cancer Genetics & Tumor Suppressor Gene, New York, USA, Aug. (2000).
- Kawasaki H., Ugai H., Jin C., and Yokoyama K. K.: “p300

- and ATF-2 facilitate transcription of c-JUN GENE through chromatin remodeling distinct HATs”, Cold Spring Harbor Laboratory Meet. on Cancer Genetics & Tumor Suppressor Gene, New York, USA, Aug. (2000).
- Chen Y.-Z., Hayashi Y., Yang H., Takita J., Oguchi S., and Soeda E.: “Search for tumor suppressor genes in homozygously deleted regions in 1p36/35 in neuroblastoma and the expression profiles”, Cold Spring Harbor Laboratory Meet. on Cancer Genetics & Tumor Suppressor Gene, New York, USA, Aug. (2000).
- Sarai A., Selvaraj S., and Prabakaran P.: “Structure-specificity relationship and target prediction of transcription factors”, 8th Int. Conf. Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB 2000), San Diego, USA, Aug. (2000).
- Uedaira H., Gromiha M. M., An J., Kono H., Oobatake M., Prabakaran P., and Sarai A.: “ProTherm: Thermodynamic database for proteins and mutants”, 12th Int. Congr. on Thermal Analysis and Calorimetry, Copenhagen, Denmark, Aug. (2000).
- Sasaki S., Shibata T., Torigoe H., Shibata Y., and Maeda M.: “Bistetrahydrofuran and bisfuran derivatives with long alkyl chains as new DNA binders”, 14th Int. Round Table Meet.: Nucleosides, Nucleotides, and Their Biological Applications, San Francisco, USA, Sept. (2000).
- Torigoe H., Obika S., and Imanishi T.: “Promotion of triplex formation by a fixed N-form sugar puckering: Thermodynamic and kinetic studies”, 14th Int. Round Table Meet.: Nucleosides, Nucleotides, and Their Biological Applications, San Francisco, USA, Sept. (2000).
- Yokoyama K. K.: “Distinct coactivator network of p300 and CBP”, 5th World Congr. on Advances in Oncology and 3rd Int. Symp. on Molecular Medicine, Crete, Greece, Oct. (2000).
- Ohira M., Kageyama H., Mihara M., Furuta S., Machida T., Takayasu H., Islam A., Nakamura Y., Takahashi M., Shishikura T., Sakiyama S., Kaneko Y., Toyoda A., Hattori M., Sakaki Y., Ohki M., Horii A., Chen Y.-Z., Soeda E., Hayashi Y., Inazawa J., Seki N., Kuma H., Nozawa I., and Nakagawara A.: “Identification and characterization of a 500-kb homozygously deleted region at chromosome 1p36.2 in neuroblastoma”, 3rd Int. Workshop on Advanced Genomics, (164th Committee on Genome Technology, Japan Society for the Promotion of Science), Yokohama, Nov. (2000).
- Sarai A., Selvaraj S., Prabakaran P., and Kono H.: “Structure-specificity relationship and target prediction of transcription factors”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Selvaraj S., Prabakaran P., Kono H., and Sarai A.: “Protein-DNA recognition studied by structure-base potentials”, IUBMB Symp. on DNA Enzymes: Structures & Mechanisms, (Department of Biochemistry and Microbiology and Cell Biology), Bangalore, India, Dec. (2000).
- An J., Nakama T., and Prabakaran P.: “Automatic construction of search condition for making an exhaustive list of similar papers”, 11th Workshop on Genome Informatics (GIW 2000), Tokyo, Dec. (2000).
- Ponomarenko M. P., Ponomarenko J., Galina O., Anatoly F., Kolchanov N. A., and Sarai A.: “DNA properties specific for protein/DNA free energy changes caused by single nucleotide substitutions”, 11th Workshop on Genome Informatics (GIW 2000), Tokyo, Dec. (2000).
- Ponomarenko J., Merkulova T., Vasiliev G. V., Levashova Z. B., Fokin O. N., Lavryushev S. V., Ponomarenko M. P., Anatoly F., Galina O., and Sarai A.: “Predicting protein binding site presence/absence in SNP-related alleles by accounting gel mobility shift assay”, 11th Workshop on Genome Informatics (GIW 2000), Tokyo, Dec. (2000).
- Prabakaran P., An J., Gromiha M. M., Selvaraj S., Uedaira H., Kono H., and Sarai A.: “ProNIT: Thermodynamic database for protein-nucleic acid interactions”, 11th Workshop on Genome Informatics (GIW 2000), Tokyo, Dec. (2000).
- Gromiha M. M., An J., Kono H., Prabakaran P., Selvaraj S., and Sarai A.: “Recent developments of ProTherm: Thermodynamic database for proteins and mutants”, 11th Workshop on Genome Informatics (GIW 2000), Tokyo, Dec. (2000).
- Sarai A., Selvaraj S., Wang Y., An J., Prabaarav P., and Kono H.: “Target prediction of transcription factors and its application to genome analysis”, 11th Workshop on Genome Informatics (GIW 2000), Tokyo, Dec. (2000).
- Aida M., Yoshida T., Nishimura T., Pichierri F., Gromiha M. M., and Sarai A.: “Free energy maps of DNA base pair-amino acid side chain interactions”, 4th Int. Symp. on InterMaterials (IMA4), (ISIR, Osaka University), Suita, Feb. (2001).
- Titov I., Kochetov A., Kolchanov N., and Sarai A.: “Computer analysis of mRNA translational signals: Application of genetic algorithm”, Computational Science Workshop (CSW2000), Tsukuba, Mar. (2001).
- Gromiha M. M., Aida M., Sayano K., Kono H., Pichierri F., and Sarai A.: “Computer simulation on the specificity of base-amino acid interactions in protein-DNA recognition”, Computational Science Workshop (CSW2000), Tsukuba, Mar. (2001).
- Sarai A., Kono H., Gromiha M. M., Sayano K., Pichierri F., and Aida M.: “Free-energy landscape of base-amino acid interactions in protein-DNA recognition”, Computational Science Workshop (CSW2000), Tsukuba, Mar. (2001).
- Torigoe H.: “Promotion of triplex DNA formation under physiological condition: Toward the application of the antigene strategy *in vivo*”, 6th Int. Symp. on Genome Science in the 21st Century: Information of the Higher-Order Structure beyond the Primary Sequence, (The Graduate University for Advanced Studies), Hayama,

- Mar. (2001).
- Aida M., Yoshida T., Nishimura T., Pichierri F., Gromiha M. M., and Sarai A.: "DNA base pair-amino acid side chain interactions: Enthalpy, entropy and free energy maps", Symp. on Frontiers of Theoretical Chemistry, (University of Tokyo), Tokyo, Mar. (2001).
- (国内会議)
- 柴田孝之, 佐々木茂貴, 鳥越秀峰, 前田稔: "疎水性相互作用を主な結合力とした新規 DNA 結合分子の開発", 日本薬学会第 120 年会, 岐阜, 3 月 (2000).
- Gramiha M. M., 河野秀俊, 佐谷野健二, Pichierri F., 相田美砂子, 皿井明倫: "Free-energy landscape of interaction between base pairs and amino acids: Toward the specificity of DNA-Protein recognition", 理研シンポジウム「スーパーコンピュータと専用計算機における計算科学」, 和光, 3 月 (2000).
- 皿井明倫: "Multicanonical Monte Carlo calculations for the landscape of interaction between base pairs and amino acids", 理研シンポジウム「スーパーコンピュータと専用計算機における計算科学」, 和光, 3 月 (2000).
- 大野忠夫: "抗腫瘍 CTL 療法と小規模細胞プロセッシングの実際", 第 8 回細胞療法研究会, 京都, 4 月 (2000).
- 長曽秀幸, 村田武英, 小川健司, 横山和尚: "*Drosophila* poly(A) polymerase hiiragi induce apoptotic cell death", 第 33 回日本発生物学会大会, 高知, 5 月 (2000).
- 古賀千恵, 足立直樹, 長曽秀幸, 横山和尚: "アフリカツメガエル XFGF-20 による頭部欠損胚の形成", 第 33 回日本発生物学会大会, 高知, 5 月 (2000).
- 皿井明倫: "生体分子統合データベースの開発とゲノム情報解析", ゲノム情報科学オープンフォーラム, 和光, 6 月 (2000).
- 鳥越秀峰: "創薬の基礎となる熱測定: 抗原抗体反応と人工的遺伝子発現制御を例にして", 第 3 回マイクロカロリメトリー技術セミナー, (シーベルヘグナー), 東京, 6 月 (2000).
- 横山和尚, 川崎広明, 筒井初美: "アンチセンス核酸を用いた p300/CBP コアクチベーターネットワークの解析", 第 4 回がん分子標的治療研究会総会, 名古屋, 6 月 (2000).
- 川崎広明, 多比良和誠, 横山和尚: "癌分子標的治療や細胞内機能解析に応用できるリボザイム技術の開発", 第 4 回がん分子標的治療研究会総会, 名古屋, 6 月 (2000).
- 皿井明倫, Selvaraj S., Prabakaran P., 河野秀俊: "蛋白質・DNA 認識における構造と特異性の関係", 第 5 回構造生物学シンポジウム, (日本化学会), 東京, 6 月 (2000).
- 大島玄久, 王翼飛, 河野秀俊, 皿井明倫: "Anatomy of specific interactions between Cro repressor and operator DNA", 蛋白合同年会東京 2000: 第 51 回タンパク質構造討論会, 第 12 回日本蛋白質工学会, 第 7 回タンパク質立体構造の構築原理ワークショップ, 東京, 6 月 (2000).
- Gramiha M. M., 大島玄久, 河野秀俊, 上平初穂, 皿井明倫: "Relationship between amino acid properties and protein stability upon surface mutations", 蛋白合同年会東京 2000: 第 51 回タンパク質構造討論会, 第 12 回日本蛋白質工学会, 第 7 回タンパク質立体構造の構築原理ワークショップ, 東京, 6 月 (2000).
- Pichierri F., 皿井明倫: "SCF-LMO calculations for the elastic properties of alpha helix", 蛋白合同年会東京 2000: 第 51 回タンパク質構造討論会, 第 12 回日本蛋白質工学会, 第 7 回タンパク質立体構造の構築原理ワークショップ, 東京, 6 月 (2000).
- 上平初穂, Gramiha M. M., 安江虹, 河野秀俊, 大島玄久, Prabakaran P., Selvaraj S., 皿井明倫: "Thermodynamic database for proteins and mutants: ProTherm version 2.0", 蛋白合同年会東京 2000: 第 51 回タンパク質構造討論会, 第 12 回日本蛋白質工学会, 第 7 回タンパク質立体構造の構築原理ワークショップ, 東京, 6 月 (2000).
- 森井尚之, 斎藤稔, 河野秀俊, 緒方一博, 織田昌幸, 上平初穂, 皿井明倫: "Thermodynamic stability of point mutants at core region of c-Myb DNA-binding domain", 蛋白合同年会東京 2000: 第 51 回タンパク質構造討論会, 第 12 回日本蛋白質工学会, 第 7 回タンパク質立体構造の構築原理ワークショップ, 東京, 6 月 (2000).
- Prabakaran P., 安江虹, Gramiha M. M., Selvaraj S., 上平初穂, 河野秀俊, 皿井明倫: "Thermodynamic database for protein-nucleic acid interactions", 蛋白合同年会東京 2000: 第 51 回タンパク質構造討論会, 第 12 回日本蛋白質工学会, 第 7 回タンパク質立体構造の構築原理ワークショップ, 東京, 6 月 (2000).
- 皿井明倫, 河野秀俊, Gramiha M. M., 佐谷野健二, Pichierri F.: "塩基・アミノ酸相互作用の自由エネルギーランドスケープ: 蛋白質による DNA 認識における特異性", 蛋白合同年会東京 2000: 第 51 回タンパク質構造討論会, 第 12 回日本蛋白質工学会, 第 7 回タンパク質立体構造の構築原理ワークショップ, 東京, 6 月 (2000).
- Selvaraj S., Prabakaran P., 河野秀俊, 皿井明倫: "蛋白質・DNA 認識における構造と特異性の相関", 蛋白合同年会東京 2000: 第 51 回タンパク質構造討論会, 第 12 回日本蛋白質工学会, 第 7 回タンパク質立体構造の構築原理ワークショップ, 東京, 6 月 (2000).
- 久保寺英夫, 上野裕明, 上園みちる, 岡本雅子, 安江虹, Selvaraj S., Prabakaran P., 皿井明倫: "蛋白質・リガンド相互作用データベースの構築", 蛋白合同年会東京 2000: 第 51 回タンパク質構造討論会, 第 12 回日本蛋白質工学会, 第 7 回タンパク質立体構造の構築原理ワークショップ, 東京, 6 月 (2000).
- 安江虹, 輪湖博, 皿井明倫: "蛋白質立体構造モチーフ解析", 蛋白合同年会東京 2000: 第 51 回タンパク質構造討論会, 第 12 回日本蛋白質工学会, 第 7 回タンパク質立体構造の構築原理ワークショップ, 東京, 6 月 (2000).
- 皿井明倫: "蛋白質・DNA 認識における構造・特異性相関の研究", 高次ゲノム研究会, (文部省科研費特定領域研究 C「ゲノム情報科学」), 静岡, 7 月 (2000).
- Selvaraj S., 久保寺英夫, 上野弘明, 上園みちる, 岡本雅子, 安江虹, Prabakaran P., 皿井明倫: "Development of a thermodynamic database for protein-ligand interactions", 情報計算化学生物学会, 東京, 7 月 (2000).
- Gramiha M. M., 安江虹, 河野秀俊, 大島玄久, 上平初穂, Prabakaran P., Selvaraj S., 皿井明倫: "Recent development of ProTherm: Thermodynamic database for proteins and mutants", 情報計算化学生物学会, 東京, 7 月

- (2000).
- 安江虹, 輪湖博, 皿井明倫: “Representation and detection of structural motifs”, 情報計算化学生物学会, 東京, 7月(2000).
- Prabakaran P., 安江虹, Gramiha M. M., Selvaraj S., 上平初穂, 河野秀俊, 皿井明倫: “Thermodynamic database for protein-nucleic acid interactions”, 情報計算化学生物学会, 東京, 7月(2000).
- 村田武英, 渡辺早苗, 久次米由佳里, 鷓飼英世, 筒井初美, 趙孝先, 横山和尚: “Adenovirus vector stability during transport and delivery by the manufacturer”, 第6回日本遺伝子治療学会総会, 東京, 7月(2000).
- 鷓飼英世, 大島清, 渡辺早苗, 久次米由佳里, 趙孝先, 筒井初美, 村田武英, 濱田洋文, 横山和尚: “A novel function of mutated human p53-recombinant adenovirus in 293 cells produced by repeated infection”, 第6回日本遺伝子治療学会総会, 東京, 7月(2000).
- 村田武英, 長曾秀幸, 柏原真一, 馬場忠, 小川健司, 横山和尚: “Poly(A) polymerase と細胞死”, 日本 RNA 学会年会第2回 RNA ミーティング, 東京, 7月(2000).
- 皿井明倫: “転写因子の配列認識における構造・機能相関とゲノム解析への応用”, CBI 学会第197回研究講演会, 東京, 9月(2000).
- 藤澤哲郎, 鳥越秀峰, 武田壮一, 前田雄一郎: “トロポニン CI 複合体の  $Ca^{2+}$  応答の溶液構造及び熱力学的評価”, 第38回日本生物物理学会年会, 仙台, 9月(2000).
- 森井尚之, 斎藤稔, 河野秀俊, 緒方一博, 織田昌幸, 上平初穂, 皿井明倫: “DNA 結合タンパク質 C-MYB の熱力学的安定性解析: キャピティでの非炭素原子を含む側鎖置換の効果”, 第38回日本生物物理学会回年会, 仙台, 9月(2000).
- 相田美砂子, 河野秀俊, Gromiha M. M., 佐谷野健二: “核酸塩基・アミノ酸相互作用の自由エネルギーランドスケープ: タンパク質による DNA 認識における特異性”, 第38回日本生物物理学会回年会, 仙台, 9月(2000).
- 皿井明倫, Selvaraj S., Prabakaran P., 河野秀俊: “構造情報に基づく蛋白質・DNA 認識特異性の定量化とターゲット予測への応用”, 第38回日本生物物理学会回年会, 仙台, 9月(2000).
- Prabakaran P., 安江虹, Gromiha M. M., Selvaraj S., 上平初穂, 河野秀俊, 皿井明倫: “蛋白質-核酸相互作用の熱力学データベース”, 第38回日本生物物理学会回年会, 仙台, 9月(2000).
- 上平初穂, Gromiha M. M., 安江虹, 河野秀俊, 大畠玄久, Prabakaran P., Selvaraj S., 皿井明倫: “蛋白質とその変異体の熱力学データベース: ProTherm 第2版”, 第38回日本生物物理学会回年会, 仙台, 9月(2000).
- 大畠玄久, 王翼飛, 河野秀俊, 皿井明倫: “蛋白質・DNA 認識における塩基置換効果の予測 (V)Cro リプレッサーと核酸の特異的相互作用の解析”, 第38回日本生物物理学会回年会, 仙台, 9月(2000).
- Selvaraj S., 久保寺英夫, 上野裕明, 上園みちる, 岡本雅子, 安江虹, Prabakaran P., 皿井明倫: “蛋白質・リガンド相互作用データベースの構築”, 第38回日本生物物理学会回年会, 仙台, 9月(2000).
- Gramiha M. M., 大畠玄久, 河野秀俊, 上平初穂, 皿井明倫: “蛋白質表面の変異による安定性変化の予測における Ramachandran plot 上の変異位置の重要性”, 第38回日本生物物理学会回年会, 仙台, 9月(2000).
- 王翼飛, 皿井明倫: “転写因子のターゲット予測のための統合ツール”, 第38回日本生物物理学会回年会, 仙台, 9月(2000).
- 安江虹, 輪湖博, 皿井明倫: “立体構造モチーフの表現と探索”, 第38回日本生物物理学会回年会, 仙台, 9月(2000).
- 吉田智喜, 西村友宏, 相田美砂子, Gromiha M. M., Pichierrri F., 皿井明倫: “アミノ酸側鎖-核酸塩基対間の相互作用自由エネルギーマップ計算”, 第23回情報化学討論会, (日本化学会情報化学部会), 京都, 10月(2000).
- 陳迎章, 林泰秀, 楊宏偉, 滝田順子, 添田栄一: “1p35-36 に想定される神経芽腫抑制遺伝子のホモ接合体欠失の同定とその発現解析”, 第59回日本癌学会総会, 横浜, 10月(2000).
- 横山和尚, 鷓飼英世, 趙孝先, 筒井初美, 濱田洋文, 村田武英: “293 細胞への繰り返し感染による p53 組換えアデノウイルスからの変異体の産生”, 第59回日本癌学会総会, 横浜, 10月(2000).
- 坂本裕彦, 原栄一, 関根毅, 田中洋一, 大野忠夫: “CTL 療法を施行した再発大腸癌の2例”, 第59回日本癌学会総会, 横浜, 10月(2000).
- 鷓飼英世, 村田武英, 横山和尚: “DCC (Deleted in Colorectal Cancer) 細胞膜内領域に存在する高度に保存された領域 (P3 domain) と転写因子 MAZ の結合反応の解析”, 第59回日本癌学会総会, 横浜, 10月(2000).
- 宋軍, 鷓飼英世, 横山和尚: “Sp1 と MAZ による MAZ 遺伝子の制御”, 第59回日本癌学会総会, 横浜, 10月(2000).
- 堀井明, 林泰秀, 稲澤譲治, 中川原章, 添田栄一: “がん関連遺伝子の単離・解析を目指した 1p36-p35 のコンテイングの作成”, 第59回日本癌学会総会, 横浜, 10月(2000).
- 原田英樹, 渡辺哲, 西條(栗田)薫, 大野忠夫: “ヒト NK 細胞を選択的に誘導する標的細胞の検索と non-RI 細胞傷害活性測定法の確立”, 第59回日本癌学会総会, 横浜, 10月(2000).
- 荒井康仁, 久保崇, 細田文恵, 豊田敦, 服部正平, 神佳之, 添田栄一, 中川原章, 大木操: “ヒト 11 番染色体 q23 がん抑制遺伝子領域のゲノム解析”, 第59回日本癌学会総会, 横浜, 10月(2000).
- 坪井康次, 大野忠夫, 西條(栗田)薫, 鶴嶋英夫, 石川栄一, 高野晋吾, 能勢忠男: “再発悪性神経膠腫に対する自家 CTL による免疫的細胞療法”, 第59回日本癌学会総会, 横浜, 10月(2000).
- 西條(栗田)薫, 渡辺哲, 飯村恵美, 加藤麻矢子, 青木尚子, 及川剛宏, 河合弘二, 赤座英之, 谷英徳, 谷憲三朗, 浅野英隆, 大野忠夫: “自己由来 CTL 養子免疫療法が著効を示した腎癌症例における免疫学的モニタリング”, 第59回日本癌学会総会, 横浜, 10月(2000).
- 安居幸一郎, 井本逸勢, 成戸卓也, Pimkhaokham A., 福田陽司, 嶋田裕, 今村正之, 添田栄一, 中村祐輔, 稲澤譲治: “食道癌における新規遺伝子増幅領域 14q12-21 の解析”, 第59回日本癌学会総会, 横浜, 10月(2000).
- 金春元, 宋軍, 鷓飼英世, 筒井初美, 村田武英, 横山和尚:

- “新規 ATF-2 抑制因子の同定”, 第 59 回日本癌学会総会, 横浜, 10 月 (2000).
- 村田武英, 筒井初美, 鶴飼英世, 趙孝先, 横山和尚: “組換えアデノウイルスの保存及び輸送時の安定性”, 第 59 回日本癌学会総会, 横浜, 10 月 (2000).
- 河合弘二, 西條 (栗田) 薫, 及川剛宏, 渡辺哲, 大野忠夫, 赤座英之: “転移巣の特異性退縮を来した腎細胞癌症例における免疫学的解析”, 第 59 回日本癌学会総会, 横浜, 10 月 (2000).
- 川崎広明, 横山和尚: “転写コアクチベーター p300 と ATF-2 のヒストンアセチル化による転写制御”, 第 59 回日本癌学会総会, 横浜, 10 月 (2000).
- 筒井初美, 横山和尚: “発癌遺伝子 c-myc の転写調節因子 Myc-associated zinc finger protein (MAZ) の細胞内局在と機能ドメインの解析”, 第 59 回日本癌学会総会, 横浜, 10 月 (2000).
- 久次米由佳里, 鶴飼英世, 大島清, 渡辺早苗, 趙孝先, 筒井初美, 濱田洋文, 村田武英, 横山和尚: “293 細胞への繰り返し感染による野生型 p53 組換えアデノウイルスから変異型 p53 組換えアデノウイルスの産生”, 第 73 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2000).
- 金春元, 鶴飼英世, 宋軍, 筒井初美, 村田武英, 横山和尚: “Cloning and characterization of an ATF-2 repressor”, 第 73 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2000).
- 鶴飼英世, 筒井初美, 村田武英, 横山和尚: “DCC (Deleted in colorectal cancer) 細胞膜内領域に存在する DCC family に高度に保存された領域 (P3 domain) と転写因子 MAZ の結合領域の解析”, 第 73 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2000).
- 岸川昭太郎, 木村博道, 服部中, 塩田邦郎, 横山和尚: “Dnmt1 遺伝子の転写調節エレメントの解析”, 第 73 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2000).
- 長曾秀幸, 村田武英, 小川健司, 横山和尚: “*In vivo* analysis of *Drosophila* poly(A) polymerase *hiiragi* function”, 第 73 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2000).
- 宋軍, 鶴飼英世, 金澤一郎, 横山和尚: “Two consecutive zinc finger of Sp1 and MAZ are required for the interaction with DNA-binding sites that are shared one another”, 第 73 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2000).
- 渡辺早苗, 久次米由佳里, 鶴飼英世, 筒井初美, 趙孝先, 村田武英, 横山和尚: “ポストゲノム時代に向けた組換えウイルスベクターの収集と保存技術に関する研究”, 第 73 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2000).
- 鳥越秀峰, 小比賀聡, 今西武: “人工的遺伝子発現制御を指向した 3 重鎖 DNA 形成の促進: 糖部コンフォメーションを N 型に固定化した効果”, 第 73 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2000).
- 川崎広明, 多比良和誠, 横山和尚: “転写コアクチベーター p300 と ATF-2 によるヒストンアセチル化”, 第 73 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2000).
- 宋軍, 筒井初美, 鶴飼英世, 村田武英, 横山和尚: “転写因子 MAZ による c-myc 遺伝子の発現制御”, 第 73 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2000).
- 筒井初美, 横山和尚: “転写因子 Myc-associated zinc finger protein (MAZ) の細胞内局在と機能ドメインの解析”, 第 73 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2000).
- 堀井明, 林泰秀, 稲澤譲治, 中川原章, 添田栄一: “がん関連遺伝子の単離・解析を目指した 1p36-p35 のコンテイングの作成”, 日本人類遺伝学会第 45 回大会, 福岡, 10 月 (2000).
- 井本逸勢, Pimkhaokham A., 渡辺尚文, 斎藤深美子, 添田栄一, 稲澤譲治: “新規 TALE-superclass homeodomain 遺伝子 TGIF2 の卵巣癌細胞株における増幅”, 日本人類遺伝学会第 45 回大会, 福岡, 10 月 (2000).
- 川崎広明, 多比良和誠, 横山和尚: “Histone acetyltransferase (TAT) activity of ATF-2 is necessary for the CRE-dependent transcription”, 第 27 回核酸化学シンポジウム, 岡山, 10-11 月 (2000).
- 清水目龍侍, 鳥越秀峰: “プリン型 3 重鎖形成反応の熱力学的解析”, 第 27 回核酸化学シンポジウム, 岡山, 10-11 月 (2000).
- 鳥越秀峰, 小比賀聡, 今西武: “糖部コンフォメーションを N 型に固定化したことによる 3 重鎖 DNA 形成の促進: 熱力学および速度論的解析”, 第 27 回核酸化学シンポジウム, 岡山, 10-11 月 (2000).
- 皿井明倫: “Structure-specificity relationship and genome-level target prediction of transcription factors”, コンピューテーショナル構造ゲノミクス, (文部省科研費特定領域研究 C「ゲノム情報科学」), 大阪, 11 月 (2000).
- 張本寧, 渡辺哲, 香山雅子, 西條 (栗田) 薫, 日下部守昭, 大野忠夫: “Role of gamma delta T cells in tumor immunity”, 第 10 回内藤コンファレンス「難病の分子生物学 (I)」, 葉山, 11 月 (2000).
- 陳迎章, 添田栄一, 楊宏偉, 滝田順子, 成田雅美, 滝智彦, 林泰秀: “1p35-36 のコンテイングマップを用いた神経芽腫のホモ接合体欠失領域と候補がん抑制遺伝子の同定”, 第 16 回日本小児がん学会, 大宮, 11 月 (2000).
- 柴田孝之, 柴田憲宏, 前田稔, 佐々木茂貴, 鳥越秀峰: “塩基配列選択的な DNA 結合を目指したらせん様構造をとる低分子化合物の開発”, 第 26 回反応と合成の進歩シンポジウム, (日本薬学会), 大阪, 11 月 (2000).
- Day N., Gerard D., Baker E., Ichiki A., 横山和尚: “Mononuclear cell-derived factors induce homotypic aggregation of K-562 cells”, 第 30 回日本免疫学会総会, 仙台, 11 月 (2000).
- 張本寧, 香山雅子, 日下部守昭, 大野忠夫: “マウス  $\gamma \delta$ T 細胞は Hepa 1-6 肝癌組織形成抑制反応を阻害する”, 第 30 回日本免疫学会総会, 仙台, 11 月 (2000).
- 横山和尚: “胚性腫瘍細胞のアデノウイルス E1A 及びレチノイン酸による分化誘導とヒストンアセチル化”, 第 30 回日本免疫学会総会, 仙台, 11 月 (2000).
- 上平初穂, 皿井明倫: “蛋白質と変異体の熱力学データベース (PorTherm)”, 第 36 回熱測定討論会, 大阪, 11 月 (2000).
- 鳥越秀峰: “N3' P5' ホスホロアミダートリン酸骨格による 3 重鎖 DNA 形成の促進機構: アンチセンス法の生理的条件下での適用を目指して”, 第 10 回アンチセンスシンポジウム, (アンチセンス DNA/RNA 研究会), 京都, 12 月 (2000).
- 鳥越秀峰, 小比賀聡, 今西武: “糖部コンホメーションを N 型に固定化した BNA (Bridged Nucleic Acid) による 3 重

- 鎖 DNA 形成の促進: アンチジーン法の生理的条件での適用を目指して”, 第 10 回アンチセンスシンポジウム, (アンチセンス DNA/RNA 研究会), 京都, 12 月 (2000).
- 及川剛宏, 西條(栗田)薫, 河合弘二, 大野忠夫, 赤座英之: “転移性腎癌患者における CTL の *in vitro* 誘導効率”, 第 13 回日本バイオセラピー学会学術集会総会, 京都, 12 月 (2000).
- 大野忠夫: “高活性キラーリンパ球の誘導培養法と脳腫瘍の細胞療法の試み”, 第 20 回ニューロ・オンコロジーの会, 東京, 12 月 (2000).
- 高尾英子, 片根真澄, 久保嘉直, 王翼飛, 皿井明倫, 天沼宏: “CXCR4 標的化マウスレトロウイルス (RV) ベクターの作製”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 鶴飼英世, 筒井初美, 村田武英, 横山和尚: “DCC( Deleted in Colorectal Cancer ) 細胞膜内領域に存在する MAZ 結合領域( P3ドメイン ) の同定とその保存領域の解析”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 甲斐恵子, 横山和尚, 藤井信, 侯徳興: “Delphinidin による細胞形質転換抑制の分子機構の解析”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 岸川昭太郎, 木村博道, 塩田邦郎, 横山和尚: “DNA メチル酵素 Dmmt1 遺伝子の転写活性化エレメントの解析”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 長曾秀幸, 村田武英, 小川健司, 横山和尚: “*Drosophila* poly(A) polymerase *hiiragi* play a critical role for wing margin specification”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- Day N., Ichiki A., 横山和尚: “HLA-DR and HLA-DM promoter assembly occurs in MHC class II negative, K-562 cells”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 宋軍, 鶴飼英世, 横山和尚: “Negative regulation of the expression of MAZ by transcriptional factors Sp1 and MAZ involve the same DNA-binding sites”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 北浦廣剛, 小野貴士, 鶴飼英世, 村田武英, 横山和尚, 有賀早苗, 有賀寛芳: “P21cip1/waf2/Sdi2 の CDK2 抑制活性を増強する新規 P21 結合蛋白質の解析”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 川崎広明, 多比良和誠, 横山和尚: “p300 と ATF-2 による c-jun プロモーターのクロマチンリモデリング”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 村田武英, 長曾秀幸, 柏原真一, 馬場忠, 小川健司, 横山和尚: “Wing phenotype of *hiiragi* was affected by expression of baculovirus p35”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 堀井明, 林泰秀, 稲澤譲治, 中川原章, 添田栄一: “がん関連遺伝子の単離・解析を目指した 1p36-p35 のコンテイングの作成”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 渡辺信元, 谷口誠, 安田秀世: “ヒト Wee1 タンパク質のプロテアソーム依存分解の分子機構”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 添田栄一: “ヒトゲノム解析計画はいかなる終末を迎えるか?”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 皿井明倫: “構造情報に基づく転写因子のターゲット予測とゲノム解析への応用”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 大平美紀, 影山肇, 三原基弘, 古田繁行, 町田泰一, 服部正平, 榊佳之, 添田栄一, 隈秀和, 中川原章: “神経芽腫細胞株における 1p36 ホモ欠失領域の同定とそのゲノム解析”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 鳥越秀峰, 小比賀聡, 今西武: “人工的遺伝子発現制御を指向した生理的条件における 3 重鎖 DNA 形成の促進: 糖部コンフォメーションを N 型に固定した効果”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 渡辺早苗, 久次米由佳里, 鶴飼英世, 筒井初美, 長曾秀幸, 村田武英, 横山和尚: “組換えアデノウイルスの輸送技術に関する技術研究”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 陳迎章, 林泰秀, 大木操, 稲澤譲治, 堀井明, 添田栄一: “第一染色体短腕への BAC の整列化とガン抑制遺伝子の探索”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 久次米由佳里, 鶴飼英世, 渡辺早苗, 筒井初美, 村田武英, 濱田洋文, 横山和尚: “野生型 p53 組換えアデノウイルスの 293 細胞繰り返し感染による変異型 p53 組換えアデノウイルスのスクリーニングとその解析”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 鳥越秀峰: “N3' → P5' ホスホロアミダートリン酸骨格による 3 重鎖 DNA 形成の促進機構: 熱力学的および速度論的解析”, 第 3 回生命化学研究会シンポジウム, 神戸, 1 月 (2001).
- 鳥越秀峰, 小比賀聡, 今西武: “糖部コンフォメーションを N 型に固定化した BNA (Bridged Nucleic Acid) による 3 重鎖 DNA 形成の促進機構: 熱力学および速度論的解析”, 第 3 回生命化学研究会シンポジウム, 神戸, 1 月 (2001).
- 鳥越秀峰: “アンチジーン医薬品を指向した生理的条件における 3 重鎖 DNA 形成の促進: 物理化学的解析に基づいて”, 日本薬学会第 121 年会ミニシンポジウム「ポストゲノム時代の核酸医薬品」, 札幌, 3 月 (2001).

---

## Research and Development Subjects and Members of Gene Bank

### Head

Dr. Tadao OHNO

### Cell Bank

1. Development of Cell Banking Technology
2. Generation of Human Autologous Cytotoxic T Lymphocytes and Natural Killer Cells
3. Primary and Long-term Culture of Human Renal Cancer and Normal Cells
4. Establishment of Bile Duct Tumor Cell Lines
5. Establishment of Human Gynecological Cancer Cell Lines
6. Tumor Vaccine Development

## 7. Development of Frozen-cell Culture Plates

### *Members*

Ms. Kaoru SAIJO  
Dr. Lianghao DING\*  
Dr. Hideki HARADA\*  
Dr. Mutsumi MURAMATSU\*  
Dr. Eiji UCHIMURA\*  
Ms. Naoko AOKI\*  
Ms. Saeri TOTSUKA\*

---

\* Contract Researcher

### *Visiting Members*

Ms. Emi IIMURA  
Ms. Mayako KATO  
Mr. Satoru WATANABE  
Dr. Ken TODOROKI (Univ. Tsukuba)  
Dr. Koji TSUBOI (Univ. Tsukuba)

### *Trainees*

Dr. Akinori OKI (Med. Sch., Univ. Tsukuba)  
Dr. Koji KAWAI (Med. Sch., Univ. Tsukuba)  
Mr. Fabian EMURA (Univ. Tsukuba)

## Plant Cell Bank

1. Development of Banking Technology and New Plant Cell Lines

### *Visiting Members*

Dr. Kinuko TERADA  
Ms. Mayumi SUGAWARA

## DNA Bank

1. Development of Banking System of DNA Recombinant Resources
2. Banking System of Mouse cDNA Recombinant Library
3. Construction of New Recombinant Virus and Its Detection System
4. Collaborative Work for Large-Scale Preparation of Genetic DNA Resources
5. Therapeutic Use of Antisense and Ribozyme Technologies
6. Structure and Function of MAZ/THZif-1 During Cells Differentiation
7. Transactivation of c-jun by p300/CBP and Differentiation of EC Cells
8. Morphogenesis of *Drosophila hiraagi* mutant
9. Neural Differentiation by Glycolipids

### *Members*

Dr. Kazunari K. YOKOYAMA

Dr. Takehide MURATA  
Ms. Hatsumi TSUTSUI  
Dr. Hideyuki NAGASO\*  
Dr. Xiaoxian ZHAO\*  
Dr. Erika SUZUKI\*

---

\* Contract Researcher

### *Visiting Members*

Mr. Song JUN (China Med. Univ., China)  
Mr. Chunyuan JIN (China Med. Univ., China)  
Dr. Hiroaki KAWASAKI (Univ. Tokyo)  
Mr. Shotaro KISHIKAWA (Univ. Tokyo)  
Dr. Shigeo SAITOU (Saitou Cell Technology Co.)

### *Trainees*

Mr. Kuniaki FUKUDA (Univ. Tsukuba)  
Ms. Noel DAY (Univ. Tennessee, USA)

### *Others*

Mr. Hideyo UGAI  
Ms. Yukari KUJIME  
Ms. Sanae WATANABE  
Ms. Megumi HIROSE

## BioInfo Bank

1. Collections of Data and Softwares
2. Development of Integrated Databases
3. Development of Analysis Tools
4. Basic Research for the Development of Analysis Tools
5. Online Service for Bioinformatics
6. WWW Service for Bioinformatics

### *Members*

Dr. Akinori SARAI  
Mr. Mamoru NOGUCHI  
Dr. Nobumoto WATANABE  
Dr. Hidetaka TORIGOE  
Dr. Jianghon AN\*  
Dr. Michael GROMIHA\*  
Dr. Joerg SIEBERS\*  
Dr. Samuel SELVARAJ\*

---

\* Contract Researcher

### *Visiting Members*

Dr. Ponraj PRABAKARAN  
Dr. Misako AIDA (Hiroshima Univ.)  
Dr. Yasushi KUBOTA (Adv. Technol. Inst.)  
Dr. Motohisa OOBATAKE (Meijo Univ.)  
Dr. Minoru SAITO (Hirosaki Univ.)  
Dr. Kenji SAYANO (Electrotechn. Lab.)  
Dr. Hatsuho UEDAIRA  
Dr. Yifei WANG (Shanghai Univ., China)

## Human Genome Mapping Research Group

1. A BAC-Based STS-Content Map Spanning Human Chromosome 1p35-36 and Search of Tumor Suppressor Genes
2. An Automated Screening for Large-Scale Map with BAC Contigs
3. A Sequence-Ready Map of Human Chromosome 10p15 Spanning the Loss of Heterozygosity Region in Glioma

## Members

Dr. Eiichi SOEDA

## Visiting Members

Mr. Kei HARADA

## Trainees

Mr. Miho AKIMOTO (Fac. Sci., Univ. Toho)

Mr. Yingzhang CHEN (Med. Sch., Univ. Tokyo)

## 実験植物室

### Experimental Plant Research Division

理事  
(兼)室長 宮林正恭  
MIYABAYASHI, Masayasu

当室では、新規実験植物とその利用技術の開発研究を行うとともに、栽培管理、植物実験に関する業務、実験植物

の収集、検査および解析、系統保存、分譲ならびに情報提供に関する業務を遂行する。

## 情報解析技術室

### Bioinformatics and Computing Science Division

理事  
(兼)室長 宮林正恭  
MIYABAYASHI, Masayasu

最近のゲノム解析の進展により、遺伝子、タンパク質、細胞、個体にいたるさまざまな研究材料とそれに付随する情報が急速に増加している。当室では、理研筑波研究所が取り扱うバイオリソースを中心に、国内外の関連機関が保有するリソースに関する所在情報ならびにそれらの特性情報を収集し、研究者に提供することにより、ライフサイエン

ス研究の基盤形成を促進することを目指している。また国内外のデータベースとも連携し、ネットワークを構築することを予定している。また、多くのバイオリソースに関する情報の中から生物的に有意義な情報を抽出するための新しい情報解析技術の開発を計画している。