

一般講演 ポスター発表 プログラム

第1日・2日(12月7日(火)・8日(水))

福岡ドーム

1a ゲノム、ゲノム構造

1P- 腸管出血性大腸菌 O157:H7 (堺株)のゲノム解析

0001 大西 真¹,田中千穂²,久原 哲²,石井一夫³,服部正平^{3,6},黒川 顕⁴,安永照男⁴,牧野耕三⁵,品川日出夫⁵,村田敬寛¹,中山恵介¹,寺脇良郎¹,林 哲也¹(¹信州大・医,²九大・院農,³理研・ゲノム科学総研セ,⁴阪大・遺情研,⁵同・微研,⁶東大・医科研)

1P- VT2 ファージのゲノム構造

0002 °宮本裕史,中井 渉,矢島直人,藤林明美,樋口智紀,佐藤弘毅,松代愛三(近畿大・生物理工)

1P- プリンヌクレオチド生合成系遺伝子群の編成

0003 °三瓶嚴一,芝 清隆*,溝渕 潔(電通大・量子物質工,*癌研・細生)

1P- 好アルカリ性 *Bacillus halodurans* C-125株の rrn オペロンの構造解析

0004 °仲宗根薰,高見英人,益井宣明,高木善弘,佐々木るみゑ,前野 剛,崎山徳起,平間千恵,藤富美枝,掘越弘毅(海洋科技セ・深海微生物)

1P- イオウ依存好酸性好熱古細菌ゲノムの解析手法

0005 山崎 純¹,°山崎秀司¹,堀川博司¹,照井保幸¹,神野浩二¹,日野由美¹,馬場新一¹,安海明白¹,西嶋桂子¹,関根光雄¹,大塚理絵¹,中澤秀和¹,加藤裕美子¹,河原林裕^{1,2},菊池 久¹(¹通産省・製品評価技セ・バイテクセ,²工技院・生命工技研)

1P- 好熱古細菌ゲノムの比較解析

0006 高橋幹男¹,°河原林裕^{1,2},田中敏広¹,工藤 裕¹,櫛田憲弘¹,青木建一¹,増田さやか¹,澤野寿彦¹,細山哲¹,小杉大樹¹,福井重広¹,小口晃央¹,永井芳美¹,高宮美奈子¹,菊池 久¹(¹通産省・製品評価技セ・バイテクセ,²工技院・生命工技研)

1P- *Bacteroides fragilis* のノイラミニダーゼ遺伝子の下流に存在する糖鎖分解遺伝子クラスターの解析

0007 °岩沙朋哉,桑原知巳,中山治之,片岡佳子,有持秀喜,大西克成(徳島大・医・細菌)

1P- *Bacteroides fragilis* のロイシン生合成遺伝子領域の解析

0008 °桑原知巳,秋本 茂*,片岡佳子,中山治之,有持秀喜,大西克成(徳島大・医・細菌,*和歌山県医大・微生物)

1P- 乳酸菌ファージ PL-1 のゲノム構造の解析

0009 °中島幸彦,高橋克史,山羽英子,相良康弘*,中村文子,見明史雄,渡邊健治(福岡大・薬,*高知医大・生物)

1P- プラスミド Rts1 の全塩基配列の決定とその解析

0010 °村田敬寛¹,林 哲也¹,大西 真¹,中山恵介¹,寺脇良郎¹,金子 淳²,神尾好是²,高島佳代子³,森 浩禎³,三木健良⁴,韓 昌均⁵,大坪栄一⁵(¹信州大・医・細菌,²東北大・院農・応生科,³奈良先端大,⁴九大・薬,⁵東大・分生研)

1P- 広宿主域伝達性の IncW プラスミド R388の全塩基配列

0011 °安佛尚志,源河浩之,澤田宏之*,津田雅孝(東北大・遺生研,*農水省・農環研)

1P- 分裂酵母第 3 染色体ゲノム解析

0012 °本郷悦子,三田和英,東 智康,平岡秀一,味村正博,齊藤俊行,山内正剛,辻さつき,伊藤綽子,笹沼俊一,

野畠順子,後藤美也子,服部 篤,林 昭子,石原よし枝,城間悦子,森明充興(放医研・ゲノム)

1P- バキュロウイルスのゲノム情報を利用した柞蚕核多角体病ウイルスゲノムのマッピング

0013 °黄 元●,小林 淳,吉村哲郎(三重大・工)

1P- BAC ライブラリーを活用したカイコの遺伝子発現地図の作成

0014 °安河内祐二,L. Ashakumary,呉 成倉,川崎信二*(農水省・蚕糸昆虫研,*同・農生資研)

1P- タンデムリピート TREST1 とレトロトランスポゾン STERT1 の分布と染色体サブテロメア領域の解析

0015 °橋戸和夫,前川秀彰(国立感染研・放射能)

1P- ブタ 4 番染色体のヒト 1 番染色体に対応する境界領域の FISH による解析

0016 °沢崎哲哉,鈴木恒平,平岩秀樹,藤島奈保恵,伊藤嘉保*,栗田 崇*(STAFF 研,*農水省・畜試)

1P- コアラミトコンドリアゲノム全塩基配列の決定と亜種間における塩基変異の解析

0017 °山本義弘¹,高見一利²,村田浩一³,松田秀雄⁴,Aaron J. Stokes⁵,田村和朗⁶,古山順一¹(¹兵庫医大・遺伝,²天王寺動物園,³王子動物園,⁴阪大・院基礎工・情報数理,⁵科技団・CREST,⁶兵庫医大・先端研)

1P- Sequence analysis of microsatellites from enrichment library of equine genome

0018 °Teruaki Tozaki^{1,2},Suguru Mashima²,Kei-ichi Hirota²,Nobuyoshi Miura²,Nam-Ho Choi-Miura¹,Motowo Tomita¹(¹Dept. Physiol. Chem., Sch. Pharm. Sci., Showa Univ., ²Dept. Mol. Genet., Lab. Racing Chem.)

1P- ニワトリプロラクチン遺伝子のクローニング及び転写調節領域の解析

0019 °大久保武,田中 実*,中島邦夫*(三重大・遺伝子,*同・医・生化)

1P- メダカの性決定遺伝子の探索

0020 °近藤真理子¹,深町昌司²,成瀬 清²,三谷啓志¹,和田浩則³,浅川修一⁴,清水信義⁴,嶋 昭紘¹(¹東大・院新領域・先端生命,²同・院理・生物科学,³理研・脳科学総研七,⁴慶應大・医・分子生物)

1P- メダカ系統間に見られる18S rRNA 遺伝子領域の多型

0021 °兵頭昌雄,岩澤宏哲,大岩忠彦,清水英寿,中山一大,藤江康光(東海大・開発工・生物工)

1P- テンサイミトコンドリアゲノムにみられるミニサテライト配列

0022 西澤さつき,°久保友彦,三上哲夫(北大・院農)

1P- *Arabidopsis thaliana* 5 番染色体の全体構造

0023 °小谷博一,細内 敦,雀岡久乃,田中綾子(かずさ DNA 研・構造解析)

1P- シロイヌナズナ,ミヤコグサ,クラミドモナス,スサビノリの EST 解析

0024 °浅水恵理香¹,中村保一¹,佐藤修正¹,渡邊安希子¹,福澤秀哉²,中嶋舞子³,田畠哲之¹(¹かずさ DNA 研,²京大・院生科,³東海大・海洋研)

1P- シロイヌナズナゲノムプロジェクトIX.ゲノム塩基配列解析の進行状況

0025 °中村保一,金子貴一,加藤友彦,佐藤修正,小谷博一,浅水恵理香,田畠哲之(かずさ DNA 研)

1P- ラン藻(*Anabaena* sp. PCC7120) ゲノムの構造解析

0026 °金子貴一,中村保一,笹本茂美,C. Peter Wolk*,田畠哲之(かずさ DNA 研,*Michigan State Univ., USA)

1P- イネゲノムにおける CpG メチル化の保存性・多型性

0027 °芦川育夫,三上周子,八木忠之(農水省・北陸農試)

1P- イネ AA ゲノム種間に見出されたコピー数変動領域の解析

0028 °長野宏則,Khin Thidar,岡 篤史,貴島祐治,佐野芳雄(北大・農)

1P- イネのレトロポゾン p-SINE1 の転写産物の解析

0029 °大沢勇久,土本 卓,大坪久子,大坪栄一(東大・分生研・生物物理)

- 1P- 高能率 AFLP によるイネトビイロウンカ抵抗性遺伝子 *bph2* 近傍の連鎖地図の作製
0030 °村井洋志,橋本善太郎,宅見薰雄,森 直樹,川崎信二*,中村千春(神戸大・農,*生物研)
- 1P- イネ高密度発現遺伝子地図:その特徴とゲノム解析への応用
0031 °吳 健忠,前原智子,山本伸一,原田千津子,下川尊巧,藤井文子,高崎夕嫁,小野 望,小池一宏,正村純彦,安藤 露,河野いづみ,矢崎潤史,矢野昌裕,松本 隆,佐々木卓治(農水省・農生資研,STAFF 研・イネゲノム研)
- 1P- 解析ソフトウェア ``SEGMAP'' を用いたイネ高密度発現遺伝子地図の作製
0032 °小池一宏,吳 健忠,前原智子,山本伸一,原田千津子,下川尊巧,小野 望,高崎夕嫁,藤井文子,矢崎潤史,坂田克己,松本 隆,佐々木卓治(農水省・農生資研,STAFF 研・イネゲノム研)
- 1P- YAC 物理地図を利用したイネゲノム構造の解析
0033 °佐治章子,馬場知哉,正村純彦,安藤 露,岡本雅子,有田耕平,松本 隆,佐々木卓治(農水省・農生資研,STAFF 研・イネゲノム研)
- 1P- イネ PAC 物理地図の作成状況
0034 °馬場知哉,林 美佳,千傳吉濃,池野真依子,本多美紀子,吳 健忠,松本 隆,佐々木卓治(農水省・農生資研,STAFF 研・イネゲノム研)
- 1P- イネ BAC ライブラーの作製
0035 片桐 敏,馬場知哉,°田中亮一,唐澤 涉,吉木昭二,松本 隆,佐々木卓治(農水省・農生資研,STAFF 研・イネゲノム研)
- 1P- イネ物理地図の精密化のための戦略
0036 中島麻里奈,馬場知哉,°濱田昌雄,正村純彦,市川洋子,太田智弥,小池一宏,矢野昌裕,松本 隆,佐々木卓治(農水省・農生資研,STAFF 研・イネゲノム研)
- 1P- イネ塩基配列解析における PAC クローンからのショットガンライブラーの作製とその評価
0037 °山根弘子,青木弘良,飯嶋益巳,伊藤友子,寺沢公宏,長村吉晃,松本 隆,山本公子,片寄裕一,佐々木卓治(農水省・農生資研,STAFF 研・イネゲノム研)
- 1P- イネ第 1 染色体のゲノム塩基配列解析
0038 °湯川和子,山本公子,宋 健瑜,金森裕之,岩渕亜紀,小林のり子,細川聰美,柴田未知恵,小野瀬幸恵,山形晴美,中村まり,鍾 恵孫,池田道子,神谷 梢,菊田有里,中間裕子,仲道裕美,町田佳代,長村吉晃,松本 隆,佐々木卓治(農水省・農生資研,STAFF 研・イネゲノム研)
- 1P- イネ第 6 染色体のゲノム塩基配列解析
0039 °細川聰美,山本公子,金森裕之,宋 健瑜,岩渕亜紀,小林のり子,柴田未知恵,小野瀬幸恵,山形晴美,湯川和子,中村まり,鍾 恵孫,池田道子,神谷 梢,菊田有里,中間裕子,仲道裕美,町田佳代,長村吉晃,松本 隆,佐々木卓治(農水省・農生資研,STAFF 研・イネゲノム研)
- 1P- イネゲノム塩基配列のアノテーション
0040 °長崎英樹,井戸沼淳子,増川正敏,根岸真奈美,向井喜之,太田 勇,坂田克己,佐々木卓治(農水省・農生資研,STAFF 研・イネゲノム研)
- 1P- cDNA 配列の確率モデルに基づいたイネゲノム上の遺伝子領域予測
0041 °坂田克己,長崎英樹,井戸沼淳子,脇 和規,木瀬雅貴*,佐々木卓治(農水省・農生資研,STAFF 研・イネゲノム研,*三菱スペースソフト)

1b ゲノム, ゲノム機能

- 1P- ヒト完全長 cDNA バンク(ホモ・プロテインバンク)'99
0042 °木村知子,伏見典子,郡 美佳*,東原正明*,加藤誠志(相模中研,*北里大・医)

- 1P- ヒト完全長 cDNA-GFP 融合遺伝子発現による新規ヒト蛋白質の局在解析
0043 °佐伯美帆呂¹,會田理子¹,藤村尚子¹,江口睦志¹,長田直樹¹,伏見典子²,木村知子²,加藤誠志^{1,2}(¹科技団・ERATO・加藤たん白生態,²相模中研)
- 1P- 乾燥・低温ストレス処理したシロイヌナズナの完全長 cDNA ライブライマーの解析
0044 °鳴坂真理,関 原明,Piero Carninci*,林崎良英*,篠崎一雄(理研・筑波セ・植物分子生物,*同・生体分子機能)
- 1P- 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
0045 子 DREB1A の Target 遺伝子の解析
°関 原明¹,鳴坂真理¹,安部 洋²,篠崎和子²,Piero Carninci³,林崎良英³,篠崎一雄¹(¹理研・筑波セ・植物分子生物,²農水省・国際農水研セ・生物資源,³理研・筑波セ・生体分子機能)
- 1P- CpG アイランドを指標にしたマウス脳由来新規完全長 cDNA クローンの分離
0046 °長田直樹,楠田 潤*,田沼玲子*,伊藤亜紀子*,平田 誠*,平井百樹,橋本雄之*(東大・理・生物,*国立感染研・遺伝子資源)
- 1P- オリゴキャッピング法により作成した完全長および 5'端特異的 cDNA library を用いたヒト mRNA5'端
0047 非翻訳領域(5'UTR) の統計的解析
°鈴木 穂¹,秦 裕子¹,白井裕子¹,高橋由紀子¹,小松孝美¹,渡邊 学¹,菅野(水島)純子¹,太田紀夫²,磯貝隆夫³,菅野純夫¹(¹東大・医科研・癌ウイルス,²協和発酵,³ヘリックス研)
- 1P- Strategies for preparation of representative full-length cDNA libraries for high-e-ciency
0048 gene discovery by one-pass sequencing
Piero Carninci¹,°Yuko Shibata¹,Kazuhiro Shibata^{1,2},Masayoshi Itoh¹,Yasuhiro Ozawa¹, Hideaki Konno^{1,2,3},Yuichi Sugahara^{1,2},Yoshifumi Fukunishi^{1,2},Jun Kawai¹,Toshinori Endo¹,Masayasu Yoshino¹,Harukazu Suzuki¹,Masami Muramatsu^{1,2},Yasushi Okazaki¹, Yoshihide Hayashizaki^{1,2,3}(¹Genome Ctr., Genome Sci., RIKEN, ²CREST, JST, ³Dept. Med., Univ. Tsukuba)
- 1P- マウス完全長 cDNA の全長シーケンスプロジェクト
0049 °河合 純¹,福西快文^{1,2},吉野正康¹,小沢泰裕¹,柴田一浩^{1,2},伊藤昌可¹,Piero Carninci¹,今野英明^{1,2,3},遠藤俊徳¹,鈴木治和¹,岡崎康司¹,村松正實^{1,2},林崎良英^{1,2,4}(¹理研・ゲノム科学総研セ,同・筑波セ・生体分子,²科技団・CREST,³筑波大・バイオシステム,⁴同・医)
- 1P- cDNA マイクロアレイデータのクラスタリングのための効率的なフィルタリング方法の開発
0050 °門田幸二^{1,2},岡崎康司^{1,3},清水謙多郎²,林崎良英^{1,3,4}(¹理研・ゲノム科学総研セ,同・筑波セ・生体分子,²東大・院農,³科技団・CREST,⁴筑波大・医)
- 1P- マウス cDNA Microarray を用いた組織特異的発現プロフィールの解析
0051 岡崎康司^{1,2},°三木理雅^{1,2,3},今野英明^{1,2},外丸靖浩¹,水野洋介^{1,2,3},門田幸二^{1,4},Piero Carninci¹, 小澤泰裕¹,伊藤昌可¹,柴田一浩^{1,2},河合 純¹,福西快文^{1,2},遠藤俊徳¹,吉野正康¹,後藤 均^{1,5},二反田博之^{1,5},浜口洋平^{1,6},西塚 至^{1,6},Michael B. Eisen⁷,Joseph DeRisi⁸,Patric O. Brown⁷,村松正實^{1,2},林崎良英^{1,2,3}(¹理研・ゲノム科学総研セ,同・筑波セ・生体分子,²科技団・CREST,³筑波大,⁴東大,⁵東北大,⁶横浜市大,⁷Stanford Univ., USA, ⁸Univ. Calif., USA)
- 1P- cDNA マイクロアレイを用いた Parthenogenote における遺伝子発現量の大規模解析とインプリント
0052 遺伝子の探索
°水野洋介^{1,2,5},岡崎康司^{1,2},外丸祐介³,河野友宏³,天沼 宏^{4,5},村松正實^{1,2},林崎良英^{1,2,6}(¹科技団・CREST, ²理研・ゲノム科学総研セ,同・筑波セ・生体分子,³東京農大・農,⁴理研・筑波セ・分子細胞生物学,⁵筑波大・生物科学,⁶同・医)

- 1P- cDNA マイクロアレイを用いた抗癌剤感受性乳癌細胞株及び,耐性変異株の遺伝子発現プロファイル
0053 の比較
°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
(横浜市大・医・2 外,*理研・ゲノム科学総研セ,同・筑波セ・生体分子)
- 1P- 無細胞系を用いたタンパク質間相互作用を簡便かつ迅速に調べる手法の開発
0054 °鈴木治和¹,小田浩史¹,福西快文^{1,2},遠藤俊徳¹,岡崎康司¹,村松正實^{1,2},林崎良英^{1,2,3}(¹理研・ゲノム科学総研セ,同・筑波セ・生体分子,²科技団・CREST, ³筑波大・医)
- 1P- Generalized Adaptor-tagged Competitive (GATC) PCR を用いた酵母遺伝子発現プロファイリング
0055 グ:DNA chip との比較
°三浦史仁,榎 佳之,伊藤隆司(東大・医科研・ヒトゲノムセ)
- 1P- 細胞性粘菌 cDNA の大規模解析:移動体期 cDNA 解析の総括と今後の展望
0056 °森尾貴広¹,漆原秀子¹,斎藤玉緒²,竹本経緯子³,吉田元信⁴,水野英明¹,鶴川義弘⁵,安川洋生⁶,Jerey Williams⁷,前田ミネ子⁸,竹内郁夫⁹,落合 廣²,田仲可昌¹(¹筑波大・生物科学, ²北大・院理, ³京大・ウイルス研, ⁴近畿大・農総研, ⁵宮城教大・環境教育実践セ, ⁶富山大・工, ⁷Univ. Dundee, UK, ⁸阪大・院理, ⁹ノバルティス科学振興財団)
- 1P- 高速 EST シーケンスシステムの確立と,ウシにおける30,000 EST の同定
0057 °広常真治,高須賀晶子,伊藤礼子,地頭園綾子,鈴木春美,杉本喜憲(動物遺伝研)
- 1P- ウシ EST の大量塩基配列決定—ウシ/ヒト比較地図の作成に向けて—
0058 °高須賀晶子,広常真治,伊藤智仁,伊藤礼子,地頭園綾子,鈴木春美,二瓶里恵,杉本喜憲(動物遺伝研)
- 1P- マイクロアレイによる発現データを基にしたパスウェイ解析
0059 °奥地秀則,中尾光輝,坊農秀雅,五斗 進,金久 實(京大・化研)
- 1P- ゲノム比較による細胞周期制御パスウェイとウイルスの相関解析
0060 °片山俊明,金久 實(京大・化研)
- 1P- 全ゲノムが決定された生物種の分子ネットワーク再構築
0061 °五斗 進,金久 實(京大・化研)
- 1P- RXR リガンド作用機構のプロテインチップによる解析
0062 °斎藤賢治^{1,2},鈴木仁美²,有國 尚²,田村学造³,大橋 彰^{1,4},内田隆史¹(¹早大・理工総研, ²サイファージエン・バイオシステムズ, ³東大, ⁴ファルマシア・アップジョン)
- 1P- 構造および機能類似のモジュールより導出した 3D キーノートにもとづくゲノム機能の予測
0063 °由良 敬,藤 博幸*,郷 通子(名大・院理・生命理,*生物分子工研)
- 1P- ゲノム配列におけるカルシウムイオン配位機能の予測
0064 °松井信彰,由良 敬,郷 通子(名大・院理・生命理)
- 1P- モチーフとモジュールの関係を見るツールの開発
0065 °山口晶大^{1,2},由良 敬¹,郷 通子¹(¹名大・院理・生命理, ²科技団)
- 1P- 大きなタンパク質のドメイン同定法
0066 °塩生真史,郷 通子(名大・院理・生命理)
- 1P- ゲノム機能予測を目指したホモロジーモデリング法とその評価
0067 °土方敦司¹,山口晶大^{1,2},塩生真史¹,郷 通子¹(¹名大・院理・生命理, ²科技団)
- 1P- DNA チップ技術を用いた高速大量遺伝子発現解析—抗発がんプロモーター作用における発現遺伝子群の検討—
°一石英一郎,吉川敏一,徳田春邦*,近藤元治,西野輔翼*(京都府医大・1 内,*同・生化)

- 1P- 放射線照射によって誘導される新しい遺伝子群の解析
- 0069 °相良雅史¹,木村 智^{1,2},二宮康晴¹,高沢昌樹³,宮嶋伸行³,山崎正明⁴,田代弘行⁴,内海俊策²,今井高志¹(¹放医研・ゲノム,²千葉大・教育,³かずさ DNA 研・情報,⁴不二家・バイオ)
- 1P- コムギのゲノム科学II.コムギ幼穂で発現される cDNA の大量解析
- 0070 °荻原保成¹,藤田雅子¹,川浦香奈子¹,大澤智子¹,村井耕二²,松岡由浩²,布藤 聰³,佐藤恵美³,早川克志⁴,野田和彦⁵,宇都木繁子⁵,力石和英⁵,Ahmed Nisar⁵,半田裕一⁶,村山誠治⁶,小林 愛⁶,下坂悦生⁶,栗原志保⁶,富田因則⁷,寺地 徹⁸,山崎由紀子⁹(¹横浜市大・木原生研,²福井県大・生物資源,³日本製粉,⁴日清製粉,⁵岡山大・資生研,⁶農水省・北海道農試,⁷鳥取大・農,⁸京都産大・工,⁹国立遺伝研)
- 1P- 分裂酵母 cDNA 解析とストレス応答遺伝子の同定
- 0071 °森明充興,平岡秀一,本郷悦子,東 智康,味村正博(放医研・ゲノム)
- 1P- シロイヌナズナ・サーダディアンクロック制御遺伝子の Fluorescent Differential Display 法による探索
- 0072 °村松高道,Joel A. Kreps*,Steve A. Kay*,古谷雅樹(日立・基礎研,*Scripps Res. Inst., USA)
- 1P- シロイヌナズナ黄化植物組織におけるフィトクロム初期応答遺伝子の Fluorescent Differential Display 法を用いた大規模探索
- 0073 °久野範人,古谷雅樹(日立・基礎研)
- 1P- ホウライシダ胞子における初期光応答遺伝子の Fluorescent Differential Display 法による大規模探索
- 0074 °内田憲孝,古谷雅樹(日立・基礎研)
- 1P- 大腸菌全 ORF のクローニングと新しい発現調節株作成法
- 0075 °北川正成¹,中道朋子²,稻本英次²,豊永宏美²,荒 武²,森 浩禎^{1,2}(¹奈良先端大・遺伝子教育研セ,²科技団・CREST)
- 1P- 大腸菌ゲノムの RFHR 二次元電気泳動によるプロテオーム解析:1. 熱ショックによって変動する大腸菌蛋白質の同定
- 0076 °前田真希¹,和田 明²,森 浩禎^{1,3},和田千恵子^{1,4}(¹科技団・CREST,²大阪医大・物理,³奈良先端大・遺伝子,⁴京大・ウイルス研)

1c ゲノム, ゲノム情報

- 1P- AFLP マーカーを用いたアサガオの連鎖地図の作製
- 0077 仁田坂英二(九大・理・生物,科技団・PRESTO)
- 1P- ホールゲノムショットガン法におけるアセンブルサポートシステムに関する研究
- 0078 °前野 剛,高見英人,仲宗根薰,崎山徳起,益井宣明,高木善弘,佐々木るみゑ,平間千恵,藤富美枝,掘越弘毅(海洋科技セ・深海微生物)
- 1P- ショットガンシークエンスのためのアセンブルシステムの開発
- 0079 °田中千穂¹,久原 哲¹,大山 彰²,高見英人³(¹九大・院生資環・遺資工,²三井情報開発,³海洋科技セ)
- 1P- ALIS によるゲノム解析のための計算解析ツール開発
- 0080 竹鼻和夫,山口博子,°平川美夏,松邑勝治,島田純子,伊藤武彦,黒田雅子(科技団・生命科学)
- 1P- コドン-アンチコドン相互作用エネルギーに基づく同義コドンの使用法
- 0081 °加藤 譲,陶山 明*(東大・院理・物理,*同・院総文化・生命環境)
- 1P- ゲノム塩基配列は生物種特有の塩基組成を持っている
- 0082 °中島広志,西川 建*(金沢大・医・保健,*国立遺伝研・生命情報)

- 1P- マイコプラズマ 2 種間のオルソガス遺伝子の解析
0083 °山下紗代¹,中島広志²,西川 建³(¹科技団,²金沢大・医,³国立遺伝研)
- 1P- 微生物ゲノムにおける HTH 型転写因子様 ORF の分布
0084 °野嶋秀明¹,荒 武³,森 浩禎^{2,3}(¹奈良先端大・バイオ,²同・遺伝子教育研セ,³科技団・CREST)
- 1P- 大腸菌ゲノムデータベースの構築
0085 °旭 弘子¹,竹村明美¹,荒 武¹,森 浩禎^{1,2}(¹科技団・CREST,²奈良先端大・遺伝子教育研セ)
- 1P- クラスター分析を用いた微生物ゲノム ORF の機能ドメインの抽出
0086 °荒 武¹,鈴木健二²,松田秀雄^{1,3},森 浩禎^{1,4}(¹科技団・CREST,²京大・化研,³阪大・基礎工,⁴奈良先端大・遺伝子教育研セ)
- 1P- SINE 配列の挿入に関する 5'外側における特徴的配列パターン
0087 °戸田好美^{1,2},斎藤輪太郎^{1,2},富田 勝^{1,3}(¹慶應大・生命情報研,²同・政策メディア,³同・環境情報)
- 1P- 大腸菌 × 配列の遺伝子分布に関するコンピュータ解析
0088 °鶴野れいな^{1,2},四津谷健志^{1,3},最上丈仁^{1,3},中山洋一^{1,3},森 浩禎⁴,富田 勝^{1,3}(¹慶應大・生命情報研,²同・政策メディア,³同・環境情報,⁴奈良先端大・遺伝子教育研セ)
- 1P- Pyrococcus 属の近縁 3 種古細菌のゲノム DNA 配列の比較
0089 °天野直己^{1,2,3},飯島一行⁴,鈴木 理^{1,2,5}(¹工技院・生命工技研・構造生物,²科技団・CREST,³筑波大・医,⁴日立サイエンスシステムズ,⁵東大・総文化)
- 1P- 好気/嫌気両環境下で生育可能な古細菌 *Thermoplasma volcanium* GSS1 の全ゲノム DNA 塩基配列の決定過程の解析
0090 °川嶋 剛^{1,2},山本義弘³,荒牧弘範⁴,河本 健⁵,布柴達男⁶,渡辺幸治⁷,山崎正明⁷,大宅芳枝^{1,2},天野直己^{1,2,8},牧野耕三⁹,鈴木 理^{1,2,10}(¹工技院・生命工技研・構造生物,²科技団・CREST,³兵庫医大・遺伝,⁴第一薬大・分子生命科学,⁵広島大・歯,⁶東北大・院理・生物,⁷不二家・バイオ研,⁸筑波大・医,⁹阪大・微研,¹⁰東大・総文化)
- 1P- 古細菌の翻訳開始メカニズムが真核細胞と真正細菌の機構を併せ持つ可能性:ゲノムのコンピュータ解析による予測
0091 °斎藤輪太郎^{1,2},富田 勝^{1,3}(¹慶應大・生命情報研,²同・政策メディア,³同・環境情報)
- 1P- 原核生物の終止コドン周辺の翻訳終結シグナルについて
0092 °小澤陽介^{1,2},花岡悟史^{1,2},斎藤輪太郎^{1,3},富田 勝^{1,2}(¹慶應大・生命情報研,²同・環境情報,³同・政策メディア)
- 1P- mRNA 5'UTR-16S rRNA 3'末端間の自由エネルギーに基づく *E. coli* 遺伝子のクラスター分析
0093 °長田木綿子^{1,2},斎藤輪太郎^{1,2},富田 勝^{1,3}(¹慶應大・生命情報研,²同・政策メディア,³同・環境情報)
- 1P- 枯草菌におけるローフォン非依存性ターミネーターの配列解析
0094 °鷲尾尊規¹,朝井 計²,小林和夫²,小笠原直毅²,山本博規³,関口順一³,吉田健一⁴,藤田泰太郎⁴,富田 勝¹(¹慶應大・生命情報研,²奈良先端大・バイオ,³信州大・繊維,⁴福山大・生物工)
- 1P- コード領域における第一イントロンの相対位置の解析
0095 °櫻井 敦^{1,3},藤森茂雄^{1,3},小知和裕美^{1,4},鷲尾尊規^{1,2},富田 勝^{1,3}(¹慶應大・生命情報研,²同・政策メディア,³同・総政策,⁴同・環境情報)
- 1P- 高度好熱菌 *Pyrococcus horikoshii* のアミノ酸組成についての解析
0096 °山下智也^{1,3},鷲尾尊規^{1,2},富田 勝^{1,3}(¹慶應大・生命情報研,²同・政策メディア,³同・環境情報)
- 1P- バクテリアゲノムにおける CpG ジヌクレオチドの頻度低下に関する領域別・コドンポジション別解析
0097 °後藤マミ^{1,2},鷲尾尊規^{1,2},富田 勝^{1,3}(¹慶應大・生命情報研,²同・政策メディア,³同・環境情報)

- 1P- Fop 値,開始コドン,SD 配列保存性と遺伝子発現量との関係
- 0098 °坂井寛章^{1,2},今村千秋^{1,3},大野 浩^{1,3},鷲尾尊規^{1,2},富田 勝^{1,3}(¹慶應大・生命情報研,²同・政策メディア,³同・環境情報)
- 1P- An automated system for large-scale sequence analysis, comparison and annotation
- 0099 °Todd D. Taylor¹,Hidemi Watanabe¹,Eiji Takahashi³,Masahira Hattori¹,Yoshiyuki Sakaki^{1,2}
(¹Human Genome Res. Group, GSC, RIKEN, ²Human Genome Ctr., Univ. Tokyo, ³Hitachi, Ltd.)
- 1P- 比較ゲノム解析に基づいたゲノム領域の機能推定
- 0100 °渡邊日出海¹,Todd D. Taylor¹,矢田哲士¹,十時 泰¹,高木利久²,榎 佳之^{1,2}(¹理研・ゲノム科学総研セ,²東大・医科研・ヒトゲノムセ)
- 1P- ヒトゲノムシーケンシング総合支援システム
- 0101 °矢田哲士¹,Todd D. Taylor¹,渡邊日出海¹,十時 泰¹,朴 洪石¹,豊田 敦¹,石井一夫¹,藤山秋佐夫¹,服部正平¹,伊藤武彦²,川越千晴³,高木利久⁴,榎 佳之^{1,4}(¹理研・ゲノム科学総研セ,²三菱総研,³日立製作所,⁴東大・医科研・ヒトゲノムセ)
- 1P- 生物配列解析プログラム YEBISEN
- 0102 °十時 泰¹,矢田哲士¹,Todd D. Taylor¹,渡邊日出海¹,高木利久²,榎 佳之^{1,2}(¹理研・ゲノム科学総研セ,²東大・医科研・ヒトゲノムセ)

1d ゲノム、その他

- 1P- HLA クラスIII領域のマイクロサテライトマーカー
- 0103 °中島憲史¹,牧野悟士¹,田宮 元¹,岡 晃¹,富澤麻衣子¹,松坂恭成¹,太田正穂²,勝山善彦³,椎名 隆¹,猪子英俊¹(¹東海大・医・分子生命,²信州大・医・法医,³同・病院・薬剤)
- 1P- common disease のマイクロサテライトおよび SNP マーカーを用いた連鎖不平衡マッピングに関するシミュレーション解析
- 0104 °田宮 元,猪子英俊(東海大・医・2 分子生命科学)
- 1P- けいれん関連遺伝子のマッピングとマウス PTZ 誘発感受性遺伝子の探索
- 0105 °若菜茂晴¹,横井紀和²,植本史生²,梶原景正³,津田 整²,大口広美²,菅谷愛子²,丸山千佳¹,野村達次¹,菅谷英一⁴(¹実中研,²城西大・薬,³東海大・医・総医研,⁴同・東京病院)
- 1P- FAP モデルマウスの消化管腫瘍数に影響を与える modi·er 因子の遺伝学的解析
- 0106 °伊藤正紀^{1,2,4},前野哲輝^{1,4},田利あゆみ^{1,4},伊藤志帆子^{1,4},川上晶子^{1,4},澤田正義^{1,4},野田哲生^{1,3,4}(¹癌研・細胞生物,²慈恵医大・悪性腫瘍,³東北大・医・分子遺伝,⁴科技団・CREST)
- 1P- Noggin/Bmp4 下流遺伝子の探索—誘導型ジントラップ法による同定
- 0107 °唐沢美香,加賀美智子,谷口 克(科技団・CREST,千葉大・院医・免疫発生)
- 1P- ブタゲノム BAC クローンの末端配列を利用したマーカーの開発
- 0108 °木内幸子,上西博英,野村 修,美川 智,安江 博(農水省・畜試)
- 1P- メダカ背腹構造突然変異体 Da の責任遺伝子のポジショナルクローニングの試み
- 0109 °大塚正人^{1,2},牧野悟士²,野上正弘²,猪子英俊²,尾里建二郎³,木村 穣²(¹名大・理・生命理,²東海大・医・分子生命科学,³名大・生物応答セ)
- 1P- RDA 法により雌性生殖 3 倍性フナから単離した DNA マーカー
- 0110 °村上 賢,松葉周子,藤谷英男(麻布大・獣医・分子生物)

- 1P- イネ白葉枯病罹病性品種「日本晴」における白葉枯病抵抗性遺伝子 Xa1 homolog の塩基配列と機能解析の試み
0111 °吉村智美,加藤 晃,宮尾安藝雄*,廣近洋彦*,新名惇彦(奈良先端大・バイオ,*農水省・農生資研・分子遺伝)
- 1P- Streptomyces 属に広く存在している遺伝子の検索
0112 °村上健太郎¹,伊藤弓弦^{1,2},牟田 滋¹,田代康介¹,久原 哲¹(¹九大・院生資環・遺資工,²東大・院理・生物科学)