

情報解析および成果公開のための支援活動

●高木 利久¹⁾ ◇森下 真一¹⁾ ◇久原 哲²⁾ ◇松田 秀雄³⁾ ◇金久 實⁴⁾

1) 東京大学大学院新領域創成科学研究科 2) 九州大学大学院農学研究院 3) 大阪大学大学院情報科学研究科
4) 京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター

<研究の目的と進め方>

ゲノム特定4領域の目的は、ゲノムを単位として研究を進めることにより、生命を形づくり働かせる仕組みや生物個体、環境との相互作用により進化・多様性を生み出す仕組みの解明を図ること、および、その成果を健康問題や地球環境問題等の社会的に重要な諸課題の解決に機動的に還元することにある。このような研究プロジェクトにおいては、その成果を論文や特許の形で公表するだけでは十分ではない。成果をデータベースや解析ソフトウェアの形で素早く公開し、我が国の生命科学やバイオ産業にその成果を広く役立てられるようにすることが必要である。その際、生の実験データを単にデータベースとして公開するだけではやはり十分ではない。いろいろな観点から情報解析を行い、データに生物学的医学的な意味付けをして、すなわち、データの付加価値を高めて公開することが欠かせない。これまでの10年を越えるゲノム研究の歴史の中で、データベースの形でその成果を公表することの重要性はゲノム研究者の間で広く認識されるようになり、実行に移されてきた。この意味において、本特定領域研究においても、これまでに引き続きそのような努力が行われるものと期待されるが、以下に述べるような理由から、個々の班員の努力に任せておくだけでは必ずしも十分な成果が得られるとは限らない。

- ・ゲノム配列のアノテーションなどの配列解析は、そのための情報技術や方法論がある程度確立しつつあるが、それ以外の新しい種類のデータ、例えば、分子間相互作用、パスウェイ、ネットワーク、種々の表現型などのデータについては、まだまだ解析技術や方法論が未成熟である。
- ・配列解析においても、大規模ゲノム比較、配列の大規模アセンブル、メタゲノム解析などは、高速な計算機とそれを使いこなすための専門的な技術が必要である。また、プロモーター予測などもまだ解析技術が確立していない。
- ・実験データの情報解析においては、さまざまな観点からデータに解析や解釈を加えることが不可欠である。そのためには、さまざまな分野の専門家集団による総合的な支援が必要である。
- ・公開に際しては、使いやすい利用者インタフェースやデータの流通性を高めるための標準化などにも充分配慮すべきである。

本支援班は、情報処理やデータ公開の専門家集団による技術的支援を行うことにより、また、データベースの公開や維持のための人的・資金的支援を行うことにより、上に述べたような問題点を解決し、ゲノム特定4領域の研究の成果を素早く、また、十分に利用価値を高めた形で公開するために設けられた。

支援班そのものは、その名の通り、自立的な研究活動を展開するものではないが、ゲノム特定4領域の各研究課題の情報解析、データ公開を支援することにより、また、実験系と情報系の連携を促進・強化することにより、研究成果の価値および国際的な情報発信力を飛躍的に高めるものと期待される。

<研究開始時の研究計画>

ゲノム関連の4つの特定領域研究には、60件ほどの計画研究課題が設定されており、その中でいわゆる実験系の研究課題は50件弱である。公募班を入れるとその数は軽く100を越え、本支援班でこれらの研究課題すべての情報解析やデータ公開を支援することは、人的にも資金的にも困難である。

そこで、「基盤ゲノム」総括班に設置された情報解析・成果公開支援委員会が、ゲノム特定4領域を統括する領域である「生命システム情報」の総括班の監督のもとに、支援希望課題を募るとともに、それらに対して、国際的な競争の観点からの緊急度、データ公開の波及効果の重要度、支援の必要性などの視点からその優先順位付けを行い、それに従い、支援を実施する。なお、これまで応募された課題の中には各領域の運営方針と必ずしも合致しないものやまとめて開発すれば効率のあがるものなどが見受けられた。そこで、平成19年度より、領域代表の意向をより強く反映させるように配慮することとし、また、必要に応じて、複数の支援希望を一つにまとめるなどの調整を行うこととした。これにより、年度あたりの支援件数は10件程度を目安とする。

上記の支援委員会で、支援の方針が決定すると、本支援班において、各分野の専門家の意見や判断も仰ぎながら、どのような方針で情報解析を進めればよいか、企業に外注する必要があるか、その場合どの程度の費用が必要か、また、どのような情報系研究者の協力を仰げばよいか、などの助言を行う。また、(外注する場合その)仕様書作成の支援、研究支援者の派遣、ソフトウェア会社の斡旋、必要な資金的援助、なども併せて行う。

なお、本特定で扱うデータの種類や解析手法は多岐にわたる。そのため、本支援班の代表者、分担者だけでは、多様な需要すべてに適切な対応や助言ができないことが予想される。そのため、各分野の専門家からなる研究協力者を組織し、随時協力を仰ぎながら、本支援班を運営する。

<研究期間の成果>

5年間の期間中、毎年前期と後期の2回支援課題の募集を行い、基盤ゲノムの総括班会議の下に設けられた情報解析・成果公開支援委員会で審査を行い、支援課題と支援内容を決定し支援を行った。

平成17年度：

4月応募8件、10月応募16件(領域代表推薦8件含む)
支援実施16件(ソフト開発10件、計算機等購入3件、共同研究先紹介2件、データ入力謝金1件)

平成18年度：

7月応募15件、11月応募6件(領域代表推薦2件含む)
支援実施18件(ソフト開発14件、計算機等購入2件、共同研究先紹介2件)

平成19年度：

6月応募12件、10月応募6件
支援実施12件(ソフト開発9件、計算機等購入2件、情報管

理支援 1 件)

平成20年度:

5 月応募 7 件、9 月応募 9 件

支援実施 14 件 (ソフト開発 12 件、計算機等購入 2 件)

平成21年度:

4 月応募 6 件、8 月応募 9 件

支援実施 15 件 (ソフト開発 13 件、共同研究先紹介 1 件、パソコン利用負担 1 件)

本支援により開発したデータベースは、順次その成果を公開している。また、平成 19 年度には、生命システム情報総括班、比較ゲノム支援班で導入した新型シーケンサのデータ解析用計算機を購入し、特定領域全体へのシーケンス情報解析支援を行った。

<国内外での成果の位置づけ>

本稿の冒頭にも述べたように、ゲノム研究においては、その成果をデータベースや解析ソフトウェアの形で広く公開することに大きな意義がある。本支援班はこれをまさに支援するためのものである。国外においては、データの解析や公開の支援の体制が各研究機関において充実しているが、我が国ではそうではない。そこで本支援班が設けられた。このような試みは、知る限りにおいて、科学研究費において、はじめての試みであり、実際に動き出すまでどこまで有効に機能するか不明な点もあったが、後述の全成果公表リストに示すように、データ公開、データ共有、世界への情報発信において大きな効果があった。情報解析やデータ公開・共有がますます重要性を増す生命科学において、今後の研究費のあり方の一つのモデルとなるものであると思われる。

<達成できなかったこと、予想外の困難、その理由>

支援した課題の中には実験データを解析して公開するためのものもあったが、予定したデータが期待した精度でスケジュール通りに産出されない場合があり、このことが適切な支援をタイムリーに実施することを困難にしたケースがあった。

データ公開の経験がない、あるいは情報系の知識に疎い班員への支援が本支援班の役割の一つである。しかし、そういった班員の中には、どのようにデータを公開したいのかということについて、システム化の検討に必要な具体的なイメージをもっていないケースが多々あった。こういう支援依頼については支援内容の決定やコストの見積に多くの困難を伴った。

<今後の課題、展望>

前にも述べたが、今後は情報解析やデータ公開・共有の重要性がますます高まることが予想され、そのためには本支援班のような活動がさらに重要になると考えられる。

このような機能を研究費の中で、あるいは、各研究機関の中でどのように実現して行くか、また、それを担う人材をどう育てるかが、我が国の生命科学の発展の鍵を握っている。そのための体制の整備をお願いしたい。

<研究期間の全成果公表リスト>

1) データベース

●相垣 敏郎 (首都大学東京大学院理工学研究科)

・ ショウジョウバエゲノムブラウザー (UTGB Drosophila)

URL: <http://machibase.gi.k.u-tokyo.ac.jp/>

●有田 正規 (東京大学大学院新領域創成科学研究科)

・ 0701262353

LipidBank

<http://lipidbank.jp/>

・ 0911241228

Metabolomics.JP

<http://metabolomics.jp/>

・ 0701262355

Metabolome.JP

<http://www.metabolome.jp/>

・ MassBank

<http://www.massbank.jp/>

●伊藤 隆司 (東京大学大学院理学系研究科)

・ 0911131949

Gene function HOmology Search Tool(GHOST)

<http://itolab.cb.k.u-tokyo.ac.jp/GHOST/GHOST.pl>

・ 0911131947

Annotation Rating Tool (ART)

<http://itolab.cb.k.u-tokyo.ac.jp/ART/ART.pl>

●漆原 秀子 (筑波大学大学院生命環境科学研究科)

・ 0901141228

Acytostelium Gene Database (AcytoDB)

<http://acyto.sequence.info/>

●大川 恭行 (九州大学高等研究機構)

・ 3C browser (公開準備中)

●大野 欽司 (名古屋大学大学院医学系研究科)

・ 0911131255

SD-Score algorithm

http://www.med.nagoya-u.ac.jp/neurogenetics/SD_Score/sd_score.html

・ 0911131256

siRNA designer

http://www.med.nagoya-u.ac.jp/neurogenetics/i_Score/i_score.html

●大橋 順 (筑波大学大学院人間総合科学研究科)

・ 0911251658

Association Test for CNV ver.1

<http://210.188.217.208:8081/cnv/jsp/index.jsp>

●小保方 潤一 (名古屋大学遺伝子実験施設)

・ 0707251539

ppdb: Plant Promoter Database

<http://ppdb.gene.nagoya-u.ac.jp/>

●金子 周司 (京都大学薬学研究科)

・ 0602211137

Firefox3 マウスオーバー辞書

<http://lsd.pharm.kyoto-u.ac.jp/ja/download/>

●川上 浩一 (国立遺伝学研究所)

・ 0701160221

zTrap:Zebrafish Gene Trap and Enhancer Trap Database

<http://kawakami.lab.nig.ac.jp/ztrap/>

●久原 哲 (九州大学大学院農学研究院)

・ 0911201336

Ortholog Group Management System

<http://jamboree.grt.kyushu-u.ac.jp:9001/>

●桑野 良三 (新潟大学脳研究所)

・ STR 検索ソフト

<http://ocean.cb.k.u-tokyo.ac.jp/str21/index.cgi>

・ pub marker

<http://ocean.cb.k.u-tokyo.ac.jp/homocontig1/>

- test.cgi
- 小原 雄治 (国立遺伝学研究所)
 - ・ ゲノムフィンッシングプラットフォーム
http://dolphin.lab.nig.ac.jp
 - 佐藤 直樹 (東京大学大学院総合文化研究科)
 - ・ 0901152201
CyanoClust サーバー
http://cyanoclust.c.u-tokyo.ac.jp/
 - ・ 0606210932
Gclust サーバー
http://gclust.c.u-tokyo.ac.jp/
 - 城石 俊彦 (国立遺伝学研究所)
 - ・ 0911161320
NIG Mouse Phenotype Database
http://molossinus.lab.nig.ac.jp/phenotype/index.html
 - ・ 0911161331
NIG Mouse Genome Database
http://molossinus.lab.nig.ac.jp/msmdb/
 - 新屋 みのり (国立遺伝学研究所系統生物研究センター)
 - ・ 0901161637
MCTDB
http://medaka.cb.k.u-tokyo.ac.jp/mctdb/
 - 菅野 純夫 (東京大学大学院新領域創成科学研究科)
 - ・ DBTSS
http://dbtss.hgc.jp/
 - 鈴木 徹 (岐阜大学生命科学総合研究支援センター)
 - ・ 701151547
BifidoBase
http://gib.genes.nig.ac.jp/single/index.php?spid=Bado_ATCC15703
http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=genomeprj&cmd=Retrieve&dopt=Overview&list_uids=16321
 - 園池 公毅 (東京大学大学院新領域創成科学研究科)
 - ・ 0708080823
シアノバクテリア蛍光挙動データベース Fluorome
http://www.photosynthesis.jp/fluorome/
 - 高木 利久 (東京大学大学院新領域創成科学研究科)
 - ・ 0911201511
proGENA
http://gena.ontology.ims.u-tokyo.ac.jp:8081/progena/progena.php
 - ・ 0602082058
MOV (Multi Ontology Viewer)
http://gena.ontology.ims.u-tokyo.ac.jp:8081/mov/
 - ・ 0602082046
BioTermNet
http://btn.ontology.ims.u-tokyo.ac.jp/
 - ・ 0606271310
PRIME
http://prime.ontology.ims.u-tokyo.ac.jp:8081/
 - 津田 雅孝 (東北大学大学院生命科学研究科)
 - ・ Data Collector for Auto Annotation on Microbial Genomes
http://www.burkholderia.net/
 - 中村 邦明 (大阪大学微生物病研究所)
 - ・ 0801281653
 - WorTS (Worm TS Mutant Database)
http://wort.s.biken.osaka-u.ac.jp/
 - 服部 正平 (東京大学大学院新領域創成科学研究科)
 - ・ 0911231813
ヒト腸内細菌叢メタゲノムデータ
http://metagenome.jp/
 - 藤山 秋佐夫 (国立情報学研究所)
 - ・ 0602221243
Kyoto Chlamydomonas Genome Database (KCGD)
http://chlamy.pmb.lif.kyoto-u.ac.jp/chlamybase/
 - ・ Acytosterium Genome Database
http://acyto.sequence.info/
 - 松田 秀雄 (大阪大学大学院情報科学研究科)
 - ・ 0911240821
Chemical Compound Classification Database: Sclion
http://sclion.ics.es.osaka-u.ac.jp
 - 森下 真一 (東京大学大学院新領域創成科学研究科)
 - ・ 0911241510
MuSICA2
http://musica.gi.k.u-tokyo.ac.jp/
 - ・ 0911241516
Efficient frequency-based de novo short-read clustering for error trimming in next-generation sequencing
http://mlab.cb.k.u-tokyo.ac.jp/~quwei/DeNovoShortReadClustering/
 - ・ 0507070222
UTGB medaka
http://utgenome.org/UTGBMedaka/
 - ・ 0901131451
MachiBase
http://machibase.gi.k.u-tokyo.ac.jp/
 - ・ 0612221516
UTGB (yeast)
http://yeast.utgenome.org/
 - ・ 0606191356
PrimerStation
http://ps.cb.k.u-tokyo.ac.jp/
 - ・ 0911241513
dsCheck
http://dscheck.rnai.jp/
 - ・ 0507070216
siDirect
http://design.rnai.jp/
 - 渡辺 純一 (東京大学医科学研究所)
 - ・ 0912021050
Full-Malaria/Parasites and Full-Arthropods: databases of full-length cDNAs of parasites and arthropods, update 2009
http://fullmal.hgc.jp/
 - ・ 0901141703
Full-Malaria: an enlarged database for comparative studies of full-length cDNAs of malaria parasites, Plasmodium species
http://fullmal.ims.u-tokyo.ac.jp/
 - ・ 0707230837
Comparasite: a database for comparative study of transcriptomes of parasites defined by full-length cDNAs
http://fullmal.hgc.jp/comp_index.html

2) 論文等

●相垣 敏郎 (首都大学東京大学院理工学研究科)

・ 0901131436

Ahsan, B., Saito, T.L., Hashimoto, S.I., Muramatsu, K., Tsuda, M., Sasaki, A., Matsushima, K., Aigaki, T. and Morishita, S.: MachiBase: a *Drosophila melanogaster* 5'-end mRNA transcription database, *Nucleic Acids Research*, 37, Database issue D49-D53 (2009).

●漆原 秀子 (筑波大学大学院生命環境科学研究科)

・ 0911241306

細胞性粘菌の多細胞化と遺伝情報、漆原 秀子 (著者)、
学術月報、60 卷 11 号、912-917、2007

●大川 恭行 (九州大学高等研究機構)

・ Harada, A., Okada, S., Saiwai, H., Aoki, M., Nakamura, M. and Ohkawa, Y. : Generation of a Rat Monoclonal Antibody Specific for Pax7 Hybridoma. 2009 In press

・ Yoshimura, S., Yoshimi, T., Ohkawa, Y., Azuma, M. and Tachibana, T. : A Rat Monoclonal Antibody against the Chromatin Remodeling Factor, CHD5 Hybridoma. 2009 In press

・ Okada, S., Maeda, T., Ohkawa, Y., et al.: Does ossification of the posterior longitudinal ligament affect the neurological outcome following traumatic cervical cord injury? *Spine*. 2009 In press

・ Ohkawa, Y.#, Harada, A., Nakamura, M., Yoshimura, S. and Tachibana, T.#: Production of a Rat Monoclonal Antibody against BRG1 Hybridoma. 2009 In press (#=equal corresponding author)

・ Harada, A., Azuma, M., Tachibana, T. and Ohkawa, Y.: Generation of a Rat Monoclonal Antibody Specific for CHD2 Hybridoma. 2009 In press

・ Okada, S., Harada, A., Saiwai, H., Nakamura, M. and Ohkawa, Y.: Generation of a Rat Monoclonal Antibody Specific for Brm Hybridoma. 2009 In press

・ Harada, A., Yoshimura, S., Azuma, M., Mako, Nakamura., Tachibana, T. and Ohkawa, Y.: Generation of a Rat Monoclonal Antibody Specific for CHD1 Hybridoma. 2009 In press

・ Harada, A., Okada, S., Kumamaru, H., Saiwai, H., Aoki, M., Nakamura, M., Nishiyama, Y. and Ohkawa, Y.: Production of a Rat Monoclonal Antibody Specific for Myf5 Hybridoma. 2009 In press

●大橋 順 (筑波大学大学院人間総合科学研究科)

・ 0901120251

Ohashi J.: A practical case-control association test for detecting a susceptibility allele at a copy number variation locus, *Journal of Human Genetics*, 54, 169-173 (2009).

●小保方 潤一 (名古屋大学遺伝子実験施設)

・ 0911201113

Yamamoto, YY., Yoshitsugu, T., Sakurai, T., Seki, M., Shinozaki, K. and Obokata, J.: Heterogeneity of Arabidopsis core promoters revealed by high density TSS analysis, *Plant J.* 60, 350-362 (2009).

・ 0801292027

Yamamoto, YY. and Obokata, J.: ppdb, a plant promoter database, *Nucleic Acids Res.*, 36, D977-D981 (2008).

・ 0708161237

新聞記事 : イネ品種改良が加速 名大がプロモーターをデータベース化、*中日新聞朝刊*、2007 年 8 月 10 日

・ 0708161233

新聞記事 : シロイヌナズナやイネのプロモーター 名大が機能配列 DB 化、*日刊工業新聞*、2007 年 8 月 10 日

●川上 浩一 (国立遺伝学研究所)

・ 0911252125

Koide, T., Miyasaka, N., Morimoto, K., Asakawa, K., Urasaki, A., Kawakami, K. and Yoshihara, Y. : Olfactory neural circuitry for attraction to amino acids revealed by transposon-mediated gene trap approach in zebrafish, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 106, 9884-9889 (2009).

・ 0911252116

Suster, M.L., Kikuta, H., Urasaki, A., Asakawa, K. and Kawakami, K.: Transgenesis in zebrafish with the tol2 transposon system, *Methods in Molecular Biology*, Humana Press (2009).

・ 0911252106

Kitaguchi, T., Kawakami, K. and Kawahara, A.: Transcriptional regulation of a myeloid-lineage specific gene lysozyme C during zebrafish myelopoiesis, *Mechanisms of Development*, 126, 314-323 (2009).

・ 0911252100

Kim, D.J., Seok, S.H., Baek, M.W., Lee, H.Y., Na, Y.R., Park, S.H., Lee, H.K., Dutta, N.K., Kawakami, K. and Park, J.H.: Benomyl induction of brain aromatase and toxic effects in the zebrafish embryo, *Journal of Applied Toxicology*, 29(4), 289-294 (2009).

・ 0911252053

Urasaki, A. and Kawakami, K.: Analysis of genes and genome by the Tol2-mediated gene and enhancer trap methods, *Methods in Molecular Biology*, Humana Press (2009).

・ 0911252043

Kikuta, H. and Kawakami, K.: Transient and stable transgenesis using Tol2 transposon vectors, *Methods in Molecular Biology*, Humana Press (2009).

・ 0911252034

Esaki, M., Hoshijima, K., Nakamura, N., Munakata, K., Tanaka, M., Ookata, K., Asakawa, K., Kawakami, K., Wang, W., Weinberg, E.S. and Hirose, S.: Mechanism of development of ionocytes rich in vacuolar-type H(+)-ATPase in the skin of zebrafish larvae, *Developmental Biology*, 329, 116-129 (2009).

・ 0903111753

Chen, YC., Cheng, CH., Chen, GD., Hung, CC., Yang, CH., Hwang, SP., Kawakami, K., Wu, BK., and Huang, CJ.: Recapitulation of zebrafish *snca* expression pattern and labeling the habenular complex in transgenic zebrafish using green fluorescent protein reporter gene, *Developmental Dynamics*, 238, 746-754 (2009).

・ 0903111744

Faucherre, A., Pujol-Martí, J., Kawakami, K. and López-Schier, H.: Afferent neurons of the zebrafish lateral line are strict selectors of hair-cell orientation, *PLoS ONE*, 4, e4477 (2009).

・ 0903111728

Suster, M.L., Kania, A., Liao, M., Asakawa, K., Charron, F., Kawakami, K. and Drapeau, P.: A novel conserved *evx1*

- enhancer links spinal interneuron morphology and cis-regulation from fish to mammals, *Developmental Biology*, 325, 422-433 (2009).
- 0901131727
Santoriello, C., Deflorian, G., Pezzimenti, F., Kawakami, K., Lanfranccone, L., d'Adda di Fagagna, F. and Mione, M.: Expression of H-RASV12 in a zebrafish model of Costello syndrome causes cellular senescence in adult proliferating cells, *Disease models & Mechanisms*, 2, 56-57 (2009).
 - 0901131709, 0901131703, 0901131652, 0901131619, 0801281902, 0806242304, 0801281855, 0801281822, 0801281850, 0801281843, 0801281834, 0705082041, 0705082037, 0702141416, 0702141411
 - 桑野 良三 (新潟大学脳研究所)
 - Fukuda, Y., Nakahara, Y., Date, H., Takahashi, Goto, J., Miyashita, A., Kuwano, R., Adachi, H., Nakamura, E. and Tsuji, S.: SNP HiTLink: a high-throughput linkage analysis system employing dense SNP data, *BMC Bioinformatics*, 10, 121 (2009).
 - Hara, K., Shiga, A., Fukutake, T., Nozaki, H., Miyashita, A., Yokoseki, A., Kawata, H., Koyama, A., Arima, K., Takahashi, T., Ikeda, M., Shiota, H., Tamura, M., Shimoe, Y., Hirayama, M., Arisato, T., Yanagawa, S., Tanaka, A., Nakano, I., Ikeda, S., Yoshida, Y., Yamamoto, T., Ikeuchi, T., Kuwano, R., Nishizawa, M., Tsuji, S. and Onodera, O.: Association of HTRA1 mutations and familial ischemic cerebral small-vessel disease, *N Engl J Med.*, 360, 1729-1739 (2009).
 - 佐藤 直樹 (東京大学大学院総合文化研究科)
 - 0903102249
Sato, N.: Gelust: trans-kingdom classification of proteins using automatic individual threshold setting, *Bioinformatics*, 25, 599-605 (2009).
 - 0903102238
Ishikawa, M., Fujiwara, M., Sonoike, K. and Sato, N.: Orthogenomics of photosynthetic organisms: Bioinformatic and experimental analysis of chloroplast proteins of endosymbiotic origin in Arabidopsis and their counterparts in Synechocystis, *Plant & Cell Physiology*, doi:10.1093/pcp/pcp027 (2009).
 - 柴田 弘紀 (九州大学 生体防御医学研究所)
 - 0911161917
Goto, H., Watanabe, K., Araragi, N., Kageyama, R., Tanaka, K., Kuroki, Y., Toyoda, A., Hattori, M., Sakaki, Y., Fujiyama, A., Fukumaki, Y. and Shibata, H.: The identification and functional implications of human-specific "fixed" amino acid substitutions in the glutamate receptor family, *BMC Evol Biol.* 9:224 (2009).
 - 0801232014
Shibata, H., Tani, A., Chikuhara, T., Kikuta, R., Sakai, M., Ninomiya, H., Tashiro, N., Iwata, N., Ozaki, N. and Fukumaki, Y.: Association study of polymorphisms in the group III metabotropic glutamate receptor genes, GRM4 and GRM7, with schizophrenia, *Psychiatric Res.*, 167(1-2), 88-96 (2009).
 - 0806251934
Arai, S., Shibata, H., Sakai, M., Ninomiya, H., Iwata, N., Ozaki, N. and Fukumaki, Y.: Association analysis of the glutamic acid decarboxylase 2 and the glutamine synthetase genes (GAD2, GLUL) with schizophrenia, *Psychiatric Genet.*, 19(1), 6-13 (2009).
 - 0806261720
Miura, S., Shibata, H., Kida, H., Noda, K., Yamamoto, K., Iwaki, A., Ayabe, M., Aizawa, H., Taniwaki, T. and Fukumaki, Y.: Hereditary motor and sensory neuropathy with proximal dominance in the lower extremities, urinary disturbance, and paroxysmal dry cough, *Journal of the Neurological Sciences*, 273(1-2), 88-92 (2008).
 - 0806251922
Deng, X., Sagata, N., Takeuchi, N., Tanaka, M., Ninomiya, H., Iwata, N., Ozaki, N., Shibata, H. and Fukumaki, Y.: Association study of polymorphisms in the neutral amino acid transporter genes SLC1A4, SLC1A5 and the glycine transporter genes SLC6A5, SLC6A9 with schizophrenia, *BMC Psychiatry*, 8(1), 58 (2008).
 - 0801231954
Iwaki, A., Kawano, Y., Miura, S., Shibata, H., Matsuse, D., Li, W., Furuya, H., Ohyagi, Y., Taniwaki, T., Kira, J. and Fukumaki, Y.: Heterozygous deletion of ITPR1, but not SUMF1 in spinocerebellar ataxia type 16, *J Med Genet*, 45(1), 32-5 (2008).
 - 0606281711
Deng, X., Shibata, H., Takeuchi, N., Rachi, S., Sakai, M., Ninomiya, H., Iwata, N., Ozaki, N. and Fukumaki, Y.: Association study of polymorphisms in the glutamate transporter genes SLC1A1, SLC1A3 and SLC1A6 with schizophrenia, *Am J Med Genet Neuropsychiatr Genet*, 144(3), 271-8 (2007).
 - 0606281802
Miura, S., Shibata, H., Furuya, H., Ohyagi, Y., Osoegawa, M., Miyoshi, Y., Matsunaga, Y., Shibata, A., Matsumoto, N., Iwaki, Taniwaki, T., Kikuchi, H., Kira, J. and Fukumaki, Y.: The CNTN4 locus at 3p26 is a candidate gene of SCA16, *Neurology*, 67(7), 1236-41 (2006).
 - 0601301719
Shibata, H., Aramaki, T., Sakai, M., Ninomiya, H., Tashiro, N., Iwata, N., Ozaki, N. and Fukumaki, Y.: Association study of polymorphisms in the GluR7, KA1 and KA2 kainate receptor genes (GRIK3, GRIK4, GRIK5) with schizophrenia, *Psychiatry Res.*, 141, 39-51 (2006).
 - 0601301728
The Japanese Schizophrenia Sib-Pair Linkage Group (JSSLG): Genome-wide high-density SNP linkage analysis of 236 Japanese families supports the existence of schizophrenia loci on chromosomes 1p, 14q and 20p, *Am J Hum Genet.*, 77(6), 937-944 (2005).
 - 0601301723
Makino, C., Shibata, H., Ninomiya, H., Tashiro, N. and Fukumaki, Y.: Identification of single-nucleotide polymorphisms in the human N-methyl-D-aspartate receptor subunit NR2D gene, GRIN2D, and association study with schizophrenia, *Psychiatric Genet.*, 15(3), 215-221 (2005).
 - 0601301732
Lee, H.J., Song, J.Y., Kim, J.W., Jin, S.-Y., Hong, M.S., Park, J.K., Chung, J.-H., Shibata, H. and Fukumaki, Y.: Association Study of polymorphisms in synaptic vesicle-associated genes,

- SYN2 and CPLX2, with schizophrenia, *Behav Brain Funct*, 1:15 (2005).
- 新屋 みのり (国立遺伝学研究所系統生物研究センター)
 - ・ 0801251546
Kimura, T., Shimada, A., Sakai, N., Mitani, H., Naruse, K., Takeda, H., Inoko, H., Tamiya, G. and Shinya, M.: Genetic analysis of craniofacial traits in the medaka, *Genetics*, 177, 2379-88 (2007).
 - 菅野 純夫 (東京大学大学院新領域創成科学研究科)
 - ・ 0801232028
Wakaguri, H., Yamashita, R., Suzuki, Y., Sugano, S. and Nakai, K.: DBTSS: database of transcription start sites, progress report 2008, *Nucleic Acids Res.*, 36(Database issue), D97-101 (2008).
 - 津田 雅孝 (東北大学大学院生命科学研究所)
 - ・ 0806191459
Yuhara, S., Komatsu, H., Goto, H., Ohtsubo, Y., Nagata, Y. and Tsuda, M.: Pleiotropic roles of iron-responsive transcriptional regulator Fur in *Burkholderia multivorans*, *Microbiology*, 154(6), 1763-1774 (2008).
 - 服部 正平 (東京大学大学院新領域創成科学研究科)
 - ・ 0801251406
Kurokawa, K., Itoh, T., Kuwahara, T., Oshima, K., Toh, H., Toyoda, A., Takami, H., Morita, H., Sharma, V.K., Srivastava, T.P., Taylor, T.D., Noguchi, H., Mori, H., Ogura, Y., Ehrlich, D.S., Itoh, K., Takagi, T., Sakaki, Y., Hayashi, T. and Hattori, M.: Comparative metagenomics revealed commonly enriched gene sets in human gut microbiomes, *DNA Res.*, 14(4), 169-181 (2007).
 - 松田 秀雄 (大阪大学大学院情報科学研究科)
 - ・ 0911240815
Kawamura, G., Seno, S., Takenaka, Y. and Matsuda, H.: A combination method of the tanimoto coefficient and proximity measure of random forest for compound activity prediction, *IPSJ Transactions on Bioinformatics*, 49(4), 46-57 (2008).
 - ・ 0911240806
Shimizu, T., Kido, Y., Seno, S., Takenaka, T. and Matsuda, H.: A Method for Reducing Bounds of Compound Search by Dividing Structure Key, *Proc. 2008 Annual Conference of JSBi*, T01 (2008).
 - 森下 真一 (東京大学大学院新領域創成科学研究科)
 - ・ 0910131130
Hatsuda, H., Muramatsu, K., Aigaki, T. and Morishita, S.: Robust and Accurate Recognition of Veins in Fruit Fly Wings, *Proceedings of the 6th International Symposium on Image and Signal Processing and Analysis*, 146-151 (2009).
 - ・ 0909041119
Qu, W., Hashimoto, S. and Morishita, S.: Efficient frequency-based de novo short read clustering for error trimming in next-generation sequencing, *Genome Research*, 19(7), 1309-1315 (2009).
 - ・ 0901131406
Sasaki, S., Mello, C., Shimada, A., Nakatani, Y., Hashimoto, S., Ogawa, M., Matsushima, K., Gu, S. G., Kasahara, M., Ahsan, B., Sasaki, A., Saito, T., Suzuki, Y., Sugano, S., Kohara, Y., Takeda, H., Fire, A. and Morishita, S.: Chromatin-Associated Periodicity in Genetic Variation Downstream of Transcriptional Start Sites, *Science*, 323(5912):401-4 (2009).
 - ・ 0901131436
Ahsan, B., Saito, T., Hashimoto, S., Muramatsu, K., Tsuda, M., Sasaki, A., Matsushima, K., Aigaki, T., and Morishita, S.: MachiBase: a *Drosophila melanogaster* 5'-end mRNA transcription database, *Nucleic Acids Research*, 37, Database issue D49-D53 (2009).
 - ・ 0901221628
Hashimoto, S., Qu, W., Ahsan, B., Ogoshi, K., Sasaki, A., Nakatani, Y., Lee, Y., Ogawa, M., Ametani, A., Suzuki, Y., Sugano, S., Lee, C. C., Nutter, R. C., Morishita, S. and Matsushima, K.: High-resolution analysis of the 5'-end transcriptome using a next generation DNA sequencer, *PLoS One*, 4(1):e4108. Epub (2009).
 - ・ 0901161248
Miyagawa, T., Kawashima, M., Nishida, N., Ohashi, J., Kimura, R., Fujimoto, A., Shimada, M., Morishita, S., Shigeta, T., Lin, L., Hong, S.-C., Faraco, J., Shin, Y.-K., Jeong, J.-H., Okazaki, Y., Tsuji, S., Honda, M., Honda, Y., Mignot, E. and Tokunaga, K.: Variant between CPT1B and CHKB associated with susceptibility to narcolepsy, *Nature Genetics*, 40(11), 1324-8 (2008).
 - ・ 0901131410
The International Silkworm Genome Consortium (Morishita, S. is one of the corresponding authors): The genome of a lepidopteran model insect, the silkworm *Bombyx mori*, *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 38, Issue 12, 1036-1045 (2008).
 - ・ 0801270044
Ahsan, B., Kobayashi, D., Yamada, T., Kasahara, M., Sasaki, S., Saito, T.L., Nagayasu, Y., Doi, K., Nakatani, Y., Qu, W., Jindo, T., Shimada, A., Naruse, K., Toyoda, A., Kuroki, Y., Fujiyama, A., Sasaki, T., Shimizu, A., Asakawa, S., Shimizu, N., Hashimoto, S., Yang, J., Lee, Y., Matsushima, K., Sugano, S., Sakaizumi, M., Narita, T., Ohishi, K., Haga, S., Ohta, F., Nomoto, H., Nogata, K., Morishita, T., Endo, T., Shin-I, T., Takeda, H., Kohara, Y. and Morishita S.: UTGB/medaka: genomic resource database for medaka biology, *Nucleic Acids Res.*, 36(Database issue), D747-52 (2008).
 - ・ 0801270031
Kasahara, M., Naruse, K., Sasaki, S., Nakatani, Y., Qu, W., Ahsan, B., Yamada, T., Nagayasu, Y., Doi, K., Kasai, Y., Jindo, T., Kobayashi, D., Shimada, A., Toyoda, A., Kuroki, Y., Fujiyama, A., Sasaki, T., Shimizu, A., Asakawa, S., Shimizu, N., Hashimoto, S., Yang, J., Lee, Y., Matsushima, K., Sugano, S., Sakaizumi, M., Narita, T., Ohishi, K., Haga, S., Ohta, F., Nomoto, H., Nogata, K., Morishita, T., Endo, T., Shin-I, T., Takeda, H., Morishita, S. and Kohara, Y.: The medaka draft genome and insights into vertebrate genome evolution, *Nature*, 447, 714-719 (2007).
 - ・ 0801270040
Nakatani, Y., Takeda, H., Kohara, Y. and Morishita, S.: Reconstruction of the Vertebrate Ancestral Genome Reveals Dynamic Genome Reorganization in Early Vertebrates, *Genome Research*, 17(9), 1254-1265 (2007).