

機関番号：34204

研究種目：基盤研究 (C)

研究期間：2008～2010

課題番号：20510194

研究課題名 (和文) 高性能スーパーコンピュータによるタンパク質の機能推定と一般利用のための公開

研究課題名 (英文) Function prediction of poorly-characterized protein genes found in genome sequences with high-performance supercomputers and its publication

研究代表者

池村淑道 (IKEMURA TOSHIMICHI)

長浜バイオ大学・バイオサイエンス研究科・教授

研究者番号：50025475

研究成果の概要 (和文)：

データベース中の大量な機能未知なタンパク質について、機能既知の全タンパク質と混合し、3～5 連アミノ酸の BLSOM を作成して、機能既知タンパク質と共に自己組織化する機能未知のタンパク質を検索した。200 アミノ酸の window を設けて 50 アミノ酸の step で移動させることで、大型タンパク質も解析可能となった。スパコンで作成した大規模 BLSOM 上に、各研究者が PC レベルの計算機を用いて、着目する機能未知のタンパク質をマップして機能を推定する方法を確立した。

研究成果の概要 (英文)：

Using Batch-Learning Self-Organizing Map “BLSOM” for di-, tri- and tetrapeptide compositions, we developed a system to enable separation (self-organization) of proteins by function. Analyzing oligopeptide frequencies in proteins previously classified into COGs (clusters of orthologous groups of proteins), BLSOMs could faithfully reproduce the COG classifications. This indicated that proteins, whose functions are unknown because of lack of significant sequence homology with function-known proteins, can be related to function-known proteins based on similarity in oligopeptide composition. BLSOM was applied to predict functions of vast quantities of proteins derived from mixed genomes in environmental samples.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2008 年度	2,300,000	690,000	2,990,000
2009 年度	700,000	210,000	910,000
2010 年度	700,000	210,000	910,000
年度			
年度			
総計	3,700,000	1,110,000	4,810,000

研究分野：複合新領域

科研費の分科・細目：ゲノム科学・システムゲノム科学

キーワード：高性能スーパーコンピュータ、タンパク質機能推定、SOM、自己組織化マップ、地球シミュレータ、系統推定分子マーカー

1. 研究開始当初の背景

(1) 国内・国外の研究動向及び位置づけ

配列相同性検索は、新規にゲノムが解読された際のタンパク質遺伝子の機能を推定する基本技術として普及しているが、新規性の

高いゲノムが解読された際に、この方法で機能が推定できる遺伝子は半数程度にとどまる。タンパク質の機能については、機能部品類の 3 次元上での立体配置が重要であり、同一ないしは類似の機能を持つタンパク質間

でも、アミノ酸の1次元配列上での全域に渡る相同性を見付けられない例が多い。既に500万件を超える機能未知の遺伝子候補が、利用価値の低いままに公的データベースに集積されている。異なった原理に基づくタンパク質の機能推定法の確立はゲノム配列解読後のゲノム科学分野の一つである。

(2) これまでの研究成果を踏まえ着想に至った経緯

申請者らのグループは、コホネンが記憶の問題を情報学的に研究する目的で開発した「自己組織化マップ(SOM)」をゲノム配列解析に導入し、一括学習型(BLSOM: Batch Learning SOM)へと変更し、予想を遥かに超える有用性を見出してきた(*Genome Res.* 2003)。ゲノム配列解読の進んでいる広範な生物種を対象に、ゲノム配列中でのオリゴヌクレオチド頻度をBLSOM解析すると、これらの生物種由来のゲノム断片配列が、一枚のマップ上で生物種ごとに分離(自己組織化)を起こす。教師なしのアルゴリズムであり、生物種名に関する情報を計算途中で与えなくても、その分離を起こす。BLSOMは高度の並列化やベクトル化に適したアルゴリズムであり、地球シミュレータを含む高性能スーパーコンピュータでの大規模ゲノム配列解析を可能にした。(*Journal of the Earth Simulator* 2006)。

多種類の生物種のゲノム配列を断片化して(例えば10kbに)混合した場合、断片配列だけが与えられたのでは、個々の配列を生物種ごとに分類することは不可能に思える。しかしながら、オリゴヌクレオチドの出現頻度は生物種間で明瞭に異なっており、BLSOMを用いると計算途中で生物種に関する情報を与えなくても、断片配列の大半が生物種により高精度に分離(自己組織化)する。塩基配列が解読される以前には、GC%が各生物種のゲノムを特徴付ける基本的な量として用いられてきた。しかしながら、GC%はあまりにも単純化した量であり、同一のGC%を持つ生物種が多数存在する。それら生物種でも4連塩基のようなオリゴヌクレオチドの頻度に着目すれば、明瞭に区別できた。生物種に関する予備知識を与えることなく、ゲノム断片配列が生物系統ごとに分離(自己組織化)するので、環境試料を対象にしたメタゲノム解析に特に有用であり、難培養性微生物類の混合ゲノムに由来するゲノム断片配列の系統推定を可能にした(*Nature Biotechnology* 2005; *DNA Res.* 2005; *Polar Bioscience* 2006)。

(3) 今回発展させたこれまでの研究成果の内容

ゲノム配列の解析用に確立したBLSOMをタ

ンパク質のアミノ酸配列に応用し、タンパク質の構成部品であるオリゴペプチドの使用頻度の類似度を基礎にした機能推定法を確立する。

2. 研究の目的

機能が既知のタンパク質について地球シミュレータを用いてBLSOMの条件検討を行い、機能を反映して分離(自己組織化)する条件を確立する。特に、20のアミノ酸種を物理化学的な性質の類似性で11のカテゴリーにグループ化した、3連アミノ酸頻度のBLSOMでは、生物種を反映した分離の傾向を減らし、機能に基づく高い分離を表現している。この予備的な結果を基礎に、方法の確立と大規模な機能推定を行い、結果を公開する。

3. 研究の方法

(平成20年度)

機能既知のタンパク質の2連や3連アミノ酸頻度を対象にした、地球シミュレータによる予備的なBLSOM解析により、タンパク質が機能により分離(自己組織化)する傾向を持つことを見出していた。2連よりも3連アミノ酸頻度の方が高い分離能を示したが、いずれの場合でも機能以外に生物系統を反映した分離の傾向が混在していた。20のアミノ酸を物理化学的な類似度で11のカテゴリーに集約した上での3連アミノ酸頻度のBLSOMを試みたところ、生物系統よりも機能を反映した分離(自己組織化)がより顕著になった。200アミノ酸のwindowを設けて50アミノ酸のstepで移動させることで、通常の大さのタンパク質と大型タンパク質とを同時に解析できる。機能未知なタンパク質の機能推定として、データベースに収録された全てのタンパク質配列を対象にしたBLSOM解析を行った。機能既知と未知のタンパク質類を混ぜて、全タンパク質を一枚のBLSOM上で分離(自己組織化)し、機能未知なタンパク質がどの機能既知のタンパク質と自己組織化するのかわかることは、機能推定における重要な指針となる。具体的な研究課題として、約4900種類の機能カテゴリーCOG(Cluster of Orthologous Groups of proteins)に属する約20万件のタンパク質に、環境由来の機能未知なタンパク質を混ぜて、20種類のアミノ酸を11のカテゴリーに集約した上での3連アミノ酸頻度のBLSOMを作成した。

COGに分類されている約20万件のタンパク質が帰属している格子点にまず着目し、単一COGカテゴリーのタンパク質配列のみが複数件帰属する格子点(pureな格子点と呼ぶ)を調べたところ、1/3以上の格子点がpureな格子点であった。4900種類のCOGがあるので、同一COGの配列のみが偶然に選ばれる確率は現実的には極めて低い。タンパク質がCOGの

機能を反映して高い精度で分離（自己組織化）していることを示す。この pure な格子点へ、自然環境由来のタンパク質がアソシエート（一緒に自己組織化）している場合、これらのタンパク質は、対応 COG と同一ないしは類似した機能を持つ可能性が高い。同様な解析を、11 カテゴリーではなく物理化学的な類似性で 6 カテゴリーへ集約した際の 3 連や 4 連アミノ酸頻度の BLSOM や、200 アミノ酸の window と 50 アミノ酸の step を設けた BLSOM へと拡張した。

これらの諸条件の検討を組織的に行い、解析条件の変更依存せずに同一の機能が推定できたものを信頼性と高い結果として公開を行った。予備的解析では、機能カテゴリーとして COG を使用していたので、微生物のタンパク質遺伝子が主対象であったが、本研究開発では、高等真核生物の機能未知タンパク質の機能推定をも対象にしたので、約 24,000 種類の GO (Gene ontology) 機能カテゴリーを使用した。配列相同性検索や機能モチーフ検索を補完する、新規性の高い大量な遺伝子機能情報を提供できる。

(平成 21 年度)

地球シミュレータや同等に近いレベルの高性能スーパーコンピュータを用いれば、現時点で公的データベースに収録された全てのタンパク質を一枚の BLSOM 上に分類（自己組織化）しておくことが可能になる。3 連続アミノ酸頻度では $8000 (=20^3)$ の変数を対象にした解析であり、11 に集約化した 3 連続アミノ酸頻度でも $1331 (=11^3)$ の多変数に関する大量情報解析である。地球シミュレータを含む我が国の公的機関に設置された高性能スーパーコンピュータを用いて世界で追従を許さない大規模 BLSOM を作成した。大学や研究所の各研究者が着目している個々のタンパク質を、上記の大規模 BLSOM 上へマップすることで、各研究者の着目するタンパク質の機能を推定できる。この大規模 BLSOM 上へのマッピングは、PC レベルの計算機で可能である。目的の PC 用のプログラムとしては、塩基配列解析用の BLSOM についてはプロトタイプを作成済みであるが、(*BMC Bioinformatics* 2006)、タンパク質配列用の BLSOM に関しても完成させた。

(平成 22 年度)

メタゲノム解析を含む、広範囲生物種のゲノム解析により、機能既知ならびに未知のタンパク質配列は年々その量を大量化している。実験家が興味を持つタンパク質の機能推定を各自で行えるように、前年度に引き続いて、BLSOM の更新を行った。

機能未知なタンパク質の機能推定を目標にする場合、データベースに収録されている

全ての機能既知と未知のタンパク質配列に対する BLSOM 解析が望ましい。このような大量データの BLSOM 解析では、変数の数（ベクトル次元数）が計算時間へ最も大きな影響を与える。地球シミュレータをはじめとする、我が国の公的機関の高性能スーパーコンピュータを用いた多様な条件下での BLSOM 解析を行い、天然に存在するタンパク質のオリゴペプチド頻度の特徴を十分に把握すれば、天然タンパク質には存在しないオリゴペプチドを特定できる可能性が考えられる。天然タンパク質には存在しないオリゴペプチドを含む、自己組織化への寄与率の低いオリゴペプチド類を除外して数百次元程度に対象次元を下げ、解析するタンパク質数もある程度限定できれば、高機能ワークステーションによるタンパク質の機能推定も可能になる。この有効次元の特定を行うための条件検討を効率的に進めるために、高性能スーパーコンピュータによる組織的な解析を行った。解析に用いるタンパク質数を減らす方法としては、機能既知の大量なタンパク質の中で、配列相同性が相互に十分に高いグループについては、代表配列セットを選択する必要がある。機能推定能を落とさずに代表配列セットを選択するためにも、高性能スーパーコンピュータによる組織的な諸条件の検討が必要になる。

(平成 23 年度)

PC レベルの高機能ワークステーションの能力も飛躍的に向上した。従来はスーパーコンピュータでのみ可能であった多量の高次元データの解析も可能になってきた。高機能 PC によるタンパク質の機能推定法の開発を視点に入れた、BLSOM の効率化と高速化のためのアルゴリズム開発を行った。

4. 研究成果

(平成 20 年度)

地球シミュレータ (ES) は ES2 として機能がさらに高水準となり、ES1 では不可能であった大規模 BLSOM 解析も可能となった。20 のアミノ酸種を物理化学的な性質の類似性で 11 のカテゴリーにグループ化した 4 連アミノ酸頻度 (14,641 次元のベクトルデータ) の BLSOM が最も良い結果を与えたが、6 カテゴリーにグループ化した 5 連アミノ酸頻度から得られる推定結果も多重判定を行う上で有用であった。公的データベースに収録されている大量な機能未知なタンパク質について、機能既知の全タンパク質と混合し、3~5 連アミノ酸の BLSOM を作成して、機能既知なタンパク質と共に自己組織化する機能未知のタンパク質の検索を続けた。200 アミノ酸の window を設けて 50 アミノ酸の step で移動させることで、通常の大サイズのタンパク質と大

型タンパク質とが同時に解析可能となった。機能既知なタンパク質配列としては、原核と真核生物のタンパク質を収録している、eggNOG (約 250 万件のタンパク質) を対象にした。

(平成 21 年度)

ES2 を含む高性能スーパーコンピュータで作成した複数条件での大規模 BLSOM を提供すれば、各研究者が PC レベルの計算機を用いて、各自が着目する機能未知のタンパク質をその大規模 BLSOM 上へマップすることで機能推定が可能になる。大規模 BLSOM の成果公開並びに PC レベルでのマッピングに協力してくれる企業が現れたので、その企業と共同して公開体制の整備・更新と拡充を行った。

(平成 22 年度)

環境生物試料についてのメタゲノム解析で得られた大量ゲノム断片配列に由来するタンパク質の候補を大規模 BLSOM 上へマップして機能推定を行った。メタゲノム解析で得られた遺伝子候補の場合、その遺伝子候補の由来する生物系統推定の情報を付加することが重要になる。この情報付加のため、メタゲノムの塩基配列を対象にした BLSOM 解析で得られる生物系統情報を得て、機能情報と合わせて発表を行った。また、メタゲノム解析の混合ゲノム試料中の生物集団構造の推定においては、tRNA 遺伝子配列が良い分子系統マーカーである事が判明したので、tRNA 遺伝子配列による生物集団構造の推定も、tRNADB-CE のなかで公開を行った。

(平成 23 年度)

高機能 PC を用いて、エピゲノミクスに関係する酵素である、メチル化酵素やメチルトランスフェラーゼや脱メチル化酵素の網羅的な BLSOM 解析を行った。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 12 件)

- 1) T. Abe, S. Kanaya, H. Uehara, T. Ikemura: “A novel bioinformatics strategy for function prediction of poorly-characterized protein genes obtained from metagenome analyses” *DNA Research* 16 (2009) 287-298, Doi:10.1093/dnares/dsp018
- 2) T. Abe, S. Kanaya, T. Ikemura: “Batch-Learning Self-Organizing Map for Predicting Functions of Poorly-Characterized Proteins Massively Accumulated.”

Proceedings of Workshop 2009 on Self-Organizing Maps, Vol.5629 (2009) pp1-9, DOI: 10.1007/978-3-642-02397-2_1

- 3) T. Abe, Y. Hamano, S. Kanaya, K. Wada, T. Ikemura: “A Large-Scale Genomics Studies Conducted with Batch-Learning SOM Utilizing High-Performance Supercomputers.” *Proceedings of the 10th International Work Conference on Artificial Neural Networks*, Vol. 5517 (2009) pp829-836. DOI: 10.1007/978-3-642-02478-8_104
- 4) T. Kosaka, S. Kato, T. Shimoyama, S. Ishii, T. Abe, K. Watanabe: “The genome of *Pelotomaculum thermopropionicum* reveals niche-associated evolution in anaerobic microbiota” *Genome Res.* 18 (3) pp442-448 (2008) Doi: 10.1101/gr.7136508
- 5) T. Abe, T. Ikemura, Y. Ohara, H. Uehara, M. Kinouchi, S. Kanaya, Y. Yamada A. Muto, H. Inokuchi: “tRNADB-CE : tRNA gene database curated manually by experts”, *Nucleic Acids Research* Vol.37 (Databaseissue), D163-D168 (2009) Doi: 10.1093/nar/gkn692
- 6) T. Akagi, T. Fukagawa, Y. Kage, H. To, N. Matsunaga, S. Koyanagi, A. Uchida, A. Fujii, H. Iba, T. Ikemura, H. Aramaki, S. Higuchi, S. Ohdo; Role of glucocorticoid receptor in the regulation of cellular sensitivity to irinotecan hydrochloride., *J Pharmacol Sci.* 2009 Feb; 109 (2), pp265-74. PMID: 19234367, Doi: 10.1254/jphs.08219FP
- 7) 池村淑道, 上原啓史, 棚橋佳世, 阿部貴志: “公的データベースからの有用遺伝子の発掘 : 持続可能型社会への貢献遺伝子データベースの構築と世界最高水準スーパーコンピュータの利用” *日本化学会情報化学部会誌* Vol. 26. 40-44 (2008) http://www.jstage.jst.go.jp/article/cicsj/26/2/26_40/_article/-char/ja/
- 8) 阿部貴志, 金谷重彦, 池村淑道: “データベースに蓄積の著しい機能未知のタンパク質類の機能推定のための自己組織化マップ法による新規情報学的手法の開発” *日本化学会情報化学部会誌* Vol. 26. 31-33 (2008) http://www.jstage.jst.go.jp/article/cicsj/26/2/26_31/_article/-char/ja/
- 9) 阿部貴志, 金谷重彦, 池村淑道: “ゲノム配

列情報からの効率的な知識発見のための情報学的手法の確立”日本化学会情報化学部会誌 Vol. 26. 20-22 (2008), http://www.jstage.jst.go.jp/article/cicsj/26/1/26_20/_article/-char/ja/

- 10) 上原啓史, 棚橋佳世, 阿部貴志, 池村淑道:“持続可能型社会への貢献遺伝子データベース”日本化学会情報化学部会誌 Vol. 26. 17-19 (2008) http://www.jstage.jst.go.jp/article/cicsj/26/1/26_17/_article/-char/ja/
- 11) T. Abe, S. Kanaya, T. Ikemura:“Batch - Learning Self-Organizing Map for Predicting Functions of Poorly - Characterized Proteins Massively Accumulated” *J. C. Principe and R. Miikkulainen (Eds.): WSOM2009 LNCS5629* (2009) 1-9, DOI: 10.1007/978-3-642-02397-2_1
- 12) T. Abe, Y. Hamano, S. Kanaya, K. Wada, T. Ikemura:“A Large-Scale Genomics Studies Conducted with Batch-Learning SOM Utilizing High-Performance Supercomputers.” *J. Cabestany, et al. (Eds.): IWANN2009 Part I, LNCS 5517*. (2009) 829-836, DOI: 10.1007/978-3-642-02478-8_104

[学会発表] (計 23 件)

- 1) T. Abe, S. Kanaya, H. Uehara, T. Ikemura, "A novel bioinformatics strategy for prediction of functions of a massive amount of poorly-characterized protein genes obtained by metagenome studies", XX International Congress of Genetics (Berlin, Germany), July 17, 2008. (Oral)
- 2) H. Uehara, T. Ikemura, H. Inokuchi, C. Wada, Y. Yamada, A. Muto, Y. Ohara, T. Abe, "Knowledge discovery and database construction for Genes Contributing to "Sustainable World" and "Human Health", Biocuration 2010, August 12・13th, 2010 (Tokyo) (Poster).
- 3) T. Abe, S. Kanaya, T. Ikemura, "Unveiling microbial diversity of uncultured environmental microbe mixtures and functions of metagenome sequences using Batch Learning Self-Organizing Map (BLSOM)", International Symposium on Marine Genomics 2009 (Okinawa, Japan), Dec 15-18, 2009. (Oral)

- 4) T. Abe, S. Kanaya, T. Ikemura, "Unveiling microbial diversity of uncultured environmental microbe mixtures on the basis of Batch Learning Self-Organizing Map (BLSOM)", Xth SCAR International Biology Symposium, (Hokkaido Univ., Sapporo), July 26-31, 2009. (Poster)
- 5) R. Nakai, T. Abe, T. Baba, S. Imura, H. Kagoshima, H. Kanda, Y. Kohara, T. Naganuma, H. Niki, K. Yanagihara, "Diversity of green-like ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase (RuBisCO) Large-subunit genes in an Antarctic moss pillar ", Xth SCAR International Biology Symposium, (Hokkaido Univ., Sapporo), July 26-31, 2009. (Oral)
- 6) 阿部貴志、中田俊芳、佐藤修正、平川英樹、近藤昭宏、杉本千尋、池村淑道:“メタゲノム解析による活性汚泥中の微生物群集構造の解明”第 6 回日本ゲノム微生物学会年会, 2012 年 3 月 12 日 (口頭)
- 7) 阿部貴志、大井学、上原啓史、岩崎裕貴、和田健之介、池村淑道:“一括学習型自己組織化マップによるメタゲノム配列群を対象とした環境微生物群集構造推定法の開発”第 34 回日本分子生物学会年会(横浜), 2011 年 12 月 14 日 (口頭)
- 8) 阿部貴志:“全地球レベルの環境微生物多様性を把握・俯瞰するための新規情報学的手法の開発”, 静岡大学 GPL バイオサイエンスセミナー, 2011 年 6 月 24 日 (静岡大学) (招待講演).
- 9) 阿部貴志、上原啓史、金谷重彦、池村淑道:“新規情報学的手法を用いたヒト腸内ならびに環境メタゲノム配列群からの効率的な知識発見”第 151 回日本獣医学会学術集会 (東京) 2011 年 3 月 31 日 (口頭)
- 10) 大井学、岩崎裕貴、和田健之介、池村淑道、阿部貴志:“一括学習型自己組織化マップ (BLSOM) を用いた環境由来メタゲノム配列からの環境微生物群集構造の推定”第 5 回日本ゲノム微生物学会年会, 2011 年 3 月 16 日 (口頭)
- 11) 上原啓史, 和田千恵子, 中泉友紀, 古田亜耶乃, 岩崎裕貴, 池村淑道, 阿部貴志, “環境ゲノム資源からの環境改善に役立つ有用タンパク質遺伝子セットの新規情報学的手法による探索”, 第 33 回日本分子生

- 物学会年会(神戸), 2010年12月9日.(ポスタ)
- 12) 阿部貴志, 大井学, 伊藤輝二, 岡田和典, 岩崎裕貴, 和田健之介, 金谷重彦, 池村淑道。“一括学習型自己組織化マップ法によるメタゲノム配列解析を対象にした環境微生物群集構造の解明”第33回日本分子生物学会年会(神戸), 2010年12月8日。(口頭/ポスタ)
 - 13) 上原啓史, 和田千恵子, 中泉友紀, 岩崎裕貴, 池村淑道, 阿部貴志, “環境ゲノム資源からの環境改善に役立つ有用タンパク質遺伝子の新規情報学的手法による探索”, 日本遺伝学会 第82回大会(札幌), 2010年9月20日。(口頭)
 - 14) 上原啓史, 阿部貴志, 中泉友紀, 和田千恵子, 井口八郎, 池村淑道, “学部教育としての健康への貢献遺伝子データベース ~抗生物質生産遺伝子を中心とした遺伝子探索~”, 第4回日本ゲノム微生物学会(福岡), 2010年3月7日。(ポスタ)
 - 15) 阿部貴志, 上原啓史, 金谷重彦, 池村淑道 (2010)“オリゴペプチド組成に基づく一括学習型自己組織化マップ(BLSOM)法を用いた機能未知のタンパク質類の機能推定法の確立”第4回日本ゲノム微生物学会(博多) (ポスタ)
 - 16) 阿部貴志, 金谷重彦, 池村淑道, “データベースに蓄積の著しい機能未知のタンパク質類の機能推定のための一括学習型自己組織化マップ法”, 第32回日本分子生物学会年会, 2009年12月10日(横浜),(ポスタ).
 - 17) 阿部貴志, 金谷重彦, 池村淑道, “全地球レベルの環境微生物多様性を把握・俯瞰するための新規情報学手法の開発”, 第11回日本進化学会大会, 2009年9月2-4日(北海道), (ポスタ).
 - 18) 上原啓史, 阿部貴志, 中泉夕紀, 和田千恵子, 井口八郎, 池村淑道, “健康への貢献ならびに持続可能型社会への貢献遺伝子データベース”, 第3回微生物ゲノム学会, 2009年3月(東京), (ポスタ).
 - 19) 阿部貴志, 金谷重彦, 池村淑道, “一括学習型自己組織化地図法による全ゲノム・全タンパク質配列を対象にした大規模ポストゲノム解析”, 第3回微生物ゲノム学会, 2009年3月(東京), (口頭).
 - 20) 阿部貴志, 金谷重彦, 池村淑道, “世界最

高水準スーパーコンピュータで可能になる、全ゲノム・全タンパク質配列を対象にした大規模ポストゲノム解析”, バイオスーパーコンピューティング・シンポジウム (BSCS) 2008, 2008年12月(東京), (ポスタ).

- 21) 上原啓史, 阿部貴志, 棚橋佳世, 陳キン, 陸嘉俊, 田中秀和, 池村淑道, “持続可能型社会ならびに健康への貢献遺伝子データベース”, 第31回日本分子生物学会年会・第81回日本生化学会大会合同大会, 2008年12月(神戸), (ポスタ).
- 22) 阿部貴志, 金谷重彦, 池村淑道, “一括学習型自己組織化地図法 (Batch-Learning Self-Organizing Map: BLSOM)による環境生物ゲノム由来断片配列からの知識発見”, 第31回日本分子生物学会年会・第81回日本生化学会大会合同大会, 2008年12月(神戸), (ポスタ・口頭).
- 23) 池村淑道, “一括学習型自己組織化地図法 (Batch Learning Self-Organizing Map: SOM)による環境微生物ゲノム群集の解明”, 日本遺伝学会第80回大会, 2008年9月(名古屋), (口頭).

[その他]
ホームページ等

<http://trna.nagahama-i-bio.ac.jp/cgi-bin/trnadb/index.cgi>

6. 研究組織

(1)研究代表者

池村 淑道 (IKEMURA TOSHIMICHI)
長浜バイオ大学・バイオサイエンス研究科・教授
研究者番号： 50025475

(2)研究分担者

阿部 貴志 (ABE TAKASHI)
長浜バイオ大学・バイオサイエンス学部・助教
研究者番号： 30390628

(3)連携研究者

()

研究者番号：