

平成 22 年 3 月 31 日現在

研究種目：特定領域研究

研究期間：2005～2009

課題番号：17018029

研究課題名（和文） 比較ゲノム解析のための情報変換モデルの構築と計算手法の開発

研究課題名（英文） Development of computational methods for comparing a large scale multiple genome sequences

研究代表者

榊原 康文 (SAKAKIBARA YASUBUMI)

慶應義塾大学・理工学部・教授

研究者番号：10287427

研究成果の概要（和文）：

複数種のゲノム配列から保存領域を高速に検出するシステム Murasaki を開発した。次に Murasaki を並列化するために、クラスターマシンと呼ばれる数十から数百、数千の CPU を並列に同時に動かすことのできる計算機を用いて、ヒトゲノム比較などの非常に大きな仕事を多数の CPU に分散して手分けして処理する仕組みを開発した。その結果、ヒト、チンパンジー、アカゲザル、マウス、ラット、ドッグなどを含む哺乳類 8 種のゲノムを丸ごと比較解析することが達成された。

研究成果の概要（英文）：

We have developed a genome comparison algorithm, named Murasaki, makes it possible to identify well-conserved regions within multiple large sequences on the scale of several hundred megabases in few minutes using a single CPU. Murasaki can perform a sensitive alignment of eight mammalian genomes (human, chimp, rhesus, orangutan, mouse, rat, dog, and cow) in 21 hours CPU time (42 minutes wall time). This is the first single-pass comparison algorithm for multiple mammalian genomes.

交付決定額

（金額単位：円）

	直接経費	間接経費	合計
2005 年度	14,500,000	0	14,500,000
2006 年度	13,300,000	0	13,300,000
2007 年度	13,300,000	0	13,300,000
2008 年度	14,500,000	0	14,500,000
2009 年度	14,500,000	0	14,500,000
総計	70,100,000	0	70,100,000

研究分野：生命情報科学

科研費の分科・細目：ゲノム科学・ゲノム情報科学

キーワード：比較ゲノム，マルチプルアライメント，ゲノム再編成，2次構造予測，機能性 RNA，アセンブリ

1. 研究開始当初の背景

大規模シーケンス時代をむかえて、ゲノム再編成操作（逆位，転位，重複など）を考慮した複数種ゲノム配列のマルチプルアライメントを計算する手法の開発が求められていた．ヒトなどの高等生物のゲノム比較を多種間で計算できる既存のシステムは存在しなかった．多種間ゲノム比較の代表的既存手法である Mauve は微生物ゲノムの大きさまでが適用の限界である．また，Pattern Hunter や BLASTZ などは2種間のゲノム比較のみ適用可能である．そこで，霊長類ゲノムを全染色体丸ごとで多種間比較ができるシステムの開発を目指した．

2. 研究の目的

複数種のゲノム配列の比較解析を行うアルゴリズムを開発して，多種ゲノム間における信頼性の高いシテニー領域の同定と，ゲノム再編成などに見られる転移や逆位などのゲノム構造の変化を計算するシステムを構築する．また，開発されたシステムを用いて，遺伝子グループの再編成や進化などを解析することを目指す．さらに，ゲノム比較から同定された保存領域の出現頻度情報に基づくゲノム配列の統計言語的解析を試みる．比較ゲノムシステムの開発と解析を行うときの基本的な考え方として，「情報変換モデル」という，1つの生物種のゲノムを1つの言語と見なして，比較ゲノムはゲノム言語からゲノム言語への変換（翻訳）であるという新しい考え方を提案する．応用の具体例として，ヒトゲノムにおけるサブテロメア解析を試みる．さらに，新世代シーケンサーを用いた比較ゲノムアセンブリに本開発手法を応用する試みも実施する．一方，比較ゲノム手法を用いて，同定が難しい機能性 RNA 領域をゲノムから探索・発見するアルゴリズムの開発も行う．

3. 研究の方法

次のように定義される情報システムの開発手順を用いて，大規模比較ゲノムシステムの開発を行った．

比較ゲノムの配列解析およびゲノム再編成の計算手順は，(i) 保存性の高い相同性領域を検索してアンカーを決定，(ii) アンカーからクラスターを計算して，シテニーブロックを同定する，(iii) シテニーブロックを単位として，ゲノム再編成の距離とシナリオを求める，となる．次に，(1) 多種間ゲノム配列比較を利用して，遺伝子，偽遺伝子，機能性 RNA のコーディング領域とその機能を効率よく正確に予測する比較ゲノムを用いた遺伝子発見システムを開発する，(2)ゲノム

再編成などに見られる転移や逆位などのゲノム構造の変化を計算して，遺伝子グループの再編成や進化などを解析する，ことを目指した．また，システム開発にはクラスターマシンを用いた．

4. 研究成果

2006年度までに逐次型の Murasaki を開発した．その性能評価を行った結果，マイコバクテリア5種のゲノム比較において，複数種のゲノム比較が可能な唯一の既存システムである Mauve と同精度のアンカーを検出することができた．さらに，酵母と糸状菌のゲノム比較，ヒト，マウス，ラットの3種のすべての染色体のゲノム比較を行ない，有意な結果を得ることができた．各計算時間は，マイコバクテリアの比較において2種で22秒，3種で42秒，5種で3時間，酵母と糸状菌で90秒，ヒト，マウス，ラットの染色体の比較で12分，という結果が得られた．ヒトなどの高等生物の複数種のゲノム比較を計算できる既存のシステムは存在しないため（Mauve は微生物ゲノムの大きさまでが適用の限界である．また，Pattern Hunter や BLASTZ などは2種間のゲノム比較のみ適用可能である．），Murasaki の性能評価結果は非常によいものと言える．

次に，2008年度までの開発により，比較ゲノムシステム Murasaki の並列化とそれによってヒトを含む霊長類ゲノムの3種比較を全染色体丸ごと比較することが可能になった．比較ゲノムシステム Murasaki は従来のシステムに比べて優れた性能を発揮したが，1CPUを使った計算では残念ながらヒトの一本の染色体の大きさまでが比較の限界であった．そこで，24本の染色体全部を丸ごと比較することができるようにするために，クラスターマシンと呼ばれる数十から数百，数千のCPUを並列に同時に動かすことのできる計算機を用いて，ヒトゲノム比較などの非常に大きな仕事を多数のCPUに分散して手分けして処理する仕組みを開発した．多数のCPUを用いることにより高速化されると同時に，使用できるメモリの容量が増えることにより高スケール化できたことが最大のポイントである．霊長類ゲノムを多種で比較するときの問題点は膨大なデータ量を格納するメモリの容量不足であった．そこで仕事を多数のCPUに分散すると同時にデータの記憶も多数のCPUとそのメモリに手分けすることによりこの難題を解決した．その仕分けの方法に独自の巧妙な仕組みを開発した．この並列化された Murasaki を以後，並列化 Murasaki と呼ぶことにする．並列化 Murasaki により，ヒト，チンパンジー，アカゲザル，マウス，ラットの5種を丸ごと比較解析した結果を図

1 に示す .

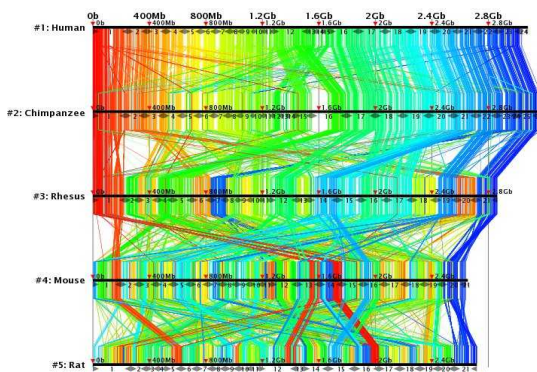


図 1 : 哺乳類 5 種ゲノムの全染色体比較

また, Murasaki の並列化が機能していることを示すために, 計算時間に関する並列度の検証実験を行なった . 図 2 に示されるように, 計算ノードの数が増えるにしたがって, wall time が短くなり, CPUtime/Walltime が表す並列度が線形に上がっていることが分かる .

	8x2 nodes		4x4 nodes		8x4 nodes		9x4 nodes	
MX	687	84	627	58	645	47	610	39
CPU /Wall	8.18		10.81		13.72		15.64	



図 2 : ヒト, マウス, ラットの X 染色体を用いたゲノム比較における並列度の検証実験

Murasaki によって計算したアンカーを可視化するためのインタラクティブなツール GMV (GTK+ Murasaki Viewer) の開発も行った . GMV は, 配列およびアンカーの情報に加えて, GenBank や GFF (Gene Feature Format) といったファイルからのアノテーション情報や発現プロファイルを重ねて表示することができる . GTK+ をベースにした実装のため移植性に優れており, Unix, Macintosh, Windows といった多くのプラットフォームで動作する . Murasaki の出力結果を可視化して効率的に利用可能にするために, GMV は, (1) 表示されているアンカーや遺伝子をマウスで操作することでアンカーによって対応付けられている遺伝子の一覧を表示する, (2) アノテーション情報をもとにして, 注目している遺伝子に関するデータベースエントリをウェブブラウザ上で表示する, (3) アノテーション情報に対して文字列検索を行い, 該当する遺伝子をハイライト表示する, (4) Murasaki によって計算された統計値 $tf \cdot idf$ score や, 発現プロファイルの値によって, アンカーや遺伝子をフィルタリングして表

示する, という機能を持っている .

このように開発された Murasaki は, ゲノム特定の領域内や領域間でゲノム比較解析ツールとして使用されている . 応用ゲノム K16 鈴木班との共同研究で, Murasaki と GMV を用いて, 数種のマイコバクテリアゲノムと *M. leprae* (らい菌) ゲノムを比較してタイリングアレイデータを組み合わせることで, *M. leprae* の偽遺伝子の探索を行った . ミヤコグサ根粒菌の共生アイランドの比較解析 (佐伯 (比較ゲノム B04 田畑班)), 霊長類ゲノムのテロメア解析 (藤山 (比較ゲノム B02 班)), マイコプラズマ 10 種の比較ゲノム解析 (佐々木 (応用ゲノム C04 見理班)), 魚ゲノムマーカーの予測 (成瀬 (比較ゲノム B03 班)), 粘菌ゲノムの比較解析 (漆原 (比較ゲノム B01 班)), などの共同研究を実施した .

一方, 機能性 RNA 領域の発見やファミリー分類をするために, 既存手法の RNAz や Infernal に代わるより精度の高いアルゴリズムの開発も行った . 新しいアルゴリズムの開発では, RNA 配列の潜在的な 2 次構造を考慮してアラインメントを行うアルゴリズムとして, 固定長ステム表現を用いた RNA の構造アラインメントシステム Scarna を開発した . また, グラフマイニングの手法を応用し, RNA 配列群から二次構造モチーフを抽出する手法を提案した . さらに, 個々の塩基配列の塩基対確率行列を用いて, RNA 配列のマルチプルアラインメントから共通二次構造を精度良く抽出する手法を開発した .

さらに, RNA 2 次構造の与えられたエネルギーモデルと, 予測に適した評価尺度に対して, 理論的に予測精度が最大となる予測手法を開発した . 構造既知の RNA による計算機実験では, 1 本の RNA 配列からの 2 次構造予測, RNA 配列群からの 2 次構造予測のどちらにおいても, 既存のどの手法よりも精度が高いことが実証された .

また, 機能性 RNA をゲノムから発見するための新たなアルゴリズムやシステムの開発も積極的に行った . その一つは, サポートベクターマシンを用いて機能性 RNA 配列の識別と探索を行うために, 新しくカーネル関数を設計して, RNA ファミリーの識別に関する計算機実験を行い, さらにこの手法を適用して線虫ゲノム上の snoRNA を網羅的に予測した . 次に, その予測候補に対して, 既知 snoRNA には含まれないが確率値の高いものを新規 snoRNA 候補として, 上位からプライマー設計を行い, 50 個の候補に対して定量的 RT-PCR 実験を行った . その結果, Ct 値が 40 以下で発現しているという基準で評価した場合, プライマーを設計した 50 個の候補の内 33 個の発現を確認することが出来た .

次の Murasaki の応用として, 最新のヒトゲノムのリファレンス配列を用いて, 網羅的

に全ゲノム規模でのサブテロメアのパッチワーク構造を解明した。全ゲノムにおけるパッチワーク構造の存在を観察し、サブテロメアがゲノム内で非常に柔軟性が高く、急速な進化を遂げる領域であることを確認した。また、本研究で同定された染色体間で重複した配列のブロックを調べることで、遺伝子ファミリーの多様化との関連性を明らかにした。その結果、嗅覚受容体 olfactory receptor (OR) 遺伝子ファミリーの多様化に寄与していることや、FRG2 (疾患 Facioscapulohumeral Dystrophy (FSHD) に関与する遺伝子の一つ) のような疾患関連遺伝子がサブテロメア領域内には多数存在することが確認された。

さらに、次世代シーケンサーを用いたショートリードからの微生物ゲノムの比較ゲノムアセンブリに Murasaki を適用する実験を行った。対象としたのは、まだゲノムが未解読である納豆菌ゲノムの配列決定で、枯草菌ゲノム配列をテンプレートとした。解析の手順は、Solexa を用いた納豆菌ゲノムのショートリードから、既存のアセンブリプログラム Velvet によりコンティグを生成して、Murasaki によりコンティグを枯草菌ゲノムに整列させた。さらに制限酵素の物理地図を用いた調整と残ったギャップ領域をサンガーシーケンサーを用いて埋めることにより、最終のドラフト配列を決定した。

最後に、Murasaki が出力するアンカーを用いて、多種間に保存されるシンテニー領域を同定するシステム OSfinder と、遺伝子間のオルソログとパラログの関係を求めるシステム OASYS の開発を行なった。生物配列間の進化的な関係は、オルソロジーとパラロジーという2つの関係に分類することができる。オルソロジーの関係にある生物配列は祖先配列と同一の機能を保持しており、パラロジーの関係にある生物配列は系統特異的な新たな機能を獲得している、と広く受け入れられている。そのため、配列間のオルソロジー関係を同定することにより、配列の機能を類推することができる。近年の急速なゲノム配列の蓄積を背景に、オルソロジーの類推に関して、2つの新たな課題が提起されている。第1の課題は、染色体間のオルソロジー関係（すなわち、シンテニー領域）を同定することであり、第2の課題は、遺伝子間のオルソロジー関係を同定することである。

既存アルゴリズムにおいては、染色体間のオルソロジー関係を同定するために重要な役割を果たすパラメータの値を、ユーザが経験的に決定しなければならない。OSfinder は確率モデルに基づいたスコア体系を定義することにより、パラメータ値を自動的に最適化することを可能にした。この最適化により、OSfinder は既存アルゴリズムよりも高精度に染色体間のオルソロジー関係を同定

できると、哺乳類ゲノム比較及びバクテリアゲノム比較において示された。さらに、OSfinder のパラメータ値を自動的に決定できる機能は、比較ゲノム解析のスループットを大幅に向上させると期待できる。

一方、近隣種ゲノム比較において遺伝子間のオルソロジー関係を同定するためには、タンパク質配列の相同性情報だけでは不十分であることが知られている。そこで OASYS は、タンパク質配列相同性と遺伝子の並びの保存情報を統合することにより、近隣種ゲノム比較においても遺伝子間のオルソロジー関係を高精度に同定することを可能にした。OASYS は異なるデータに基づく情報を統合するため、確率モデルのアプローチを活用している。原核生物ゲノムを用いた精度評価実験により、遺伝子の並びの保存情報は遺伝子間のオルソロジー関係を同定するために有用であることが示された。また、遺伝子の並びが種間で完全に保存されている“conserved gene cluster”の同定においても OASYS アルゴリズムは有用であることが示された。さらに、101 種の原核生物ゲノム比較及び 15 種の菌類界ゲノム比較に OASYS を適用することにより、ゲノム進化の過程において、遺伝子の並びの進化とタンパク質配列の進化の間に相関があることを明らかにした。

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35件)

1. Morita, M., Saito, Y., Sato, K., Oka, K., Hotta, K., and Sakakibara, Y., Genome-wide searching with base pairing kernel functions for non-coding RNAs: computational and expression analysis of snoRNA families in *Caenorhabditis elegans*, *Nucleic Acids Research*, 査読有, 37(3), 999-1009 (2009).
2. Hachiya, T., Osana, Y., Pependorf, K., and Sakakibara, Y., Accurate identification of orthologous segments among multiple genomes, *Bioinformatics*, 査読有, 25(7), 853-860 (2009).
3. Nagamine, N., Shirakawa, T., Minato, Y., Torii, K., Kobayashi, H., Imoto, M., and Sakakibara, Y., Integrating statistical predictions and experimental verifications for enhancing protein-chemical interaction predictions in virtual screening, *PLoS Computational Biology*, 査読有, 5(6), e1000397 (2009).
4. Akama, T., Suzuki, K., Tanigawa, T., Kawashima, A., Wu, H., Nakata, N., Osana, Y., Sakakibara, Y., and Ishii, N., Whole genome tiling array analysis of *Mycobacterium leprae* RNA reveals high expression of pseudogenes and noncoding

- regions, *Journal of Bacteriology*, 査読有, 191, 3321-3327 (2009).
5. Hamada, M., Sato, K., Kiryu, H., Mituyama, T., and Asai, K., Prediction of RNA secondary structure by combining homologous sequence information, *Bioinformatics*, 査読有, 25(12), i330-i338 (2009).
 6. Sato, K., Hamada, M., Asai, K., and Mituyama, T., CENTROIDFOLD: a web server for RNA secondary structure prediction, *Nucleic Acids Res.*, 査読有, 37(Web Server issue) W277 -W280 (2009).
 7. Tabei, Y., and Asai, K., A local multiple alignment method for detection of non-coding RNA sequences, *Bioinformatics*, 査読有, 25(12), 1498-1505 (2009).
 8. Saito, K., Inagaki, S., Mituyama, T., Kawamura, Y., Ono, Y., Sakota, E., Kotani, H., Asai, K., Siomi, H., Siomi, M.C., A regulatory circuit for piwi by the large Maf gene traffic jam in *Drosophila*, *Nature*, 査読有, 461(7268), 1296-1299 (2009).
 9. Hamada, M., Sato, K., Kiryu, H., Mituyama, T., Asai, K., CentroidAlign: Fast and accurate aligner for structured RNAs by maximizing expected sum-of-pairs score, *Bioinformatics*, 査読有, *Advance Access*, Oct 6, 2009; doi: 10.1093/bioinformatics/btp580
 10. Kikuchi, K., Fukuda, M., Ito, T., Inoue, M., Yokoi, T., Chiku, S., Mitsuyama, T., Asai, K., Hirose, T., Aizawa, Y., Transcripts of unknown function in multiple signaling pathways involved in human stem cell differentiation, *Nucleic Acids Res.*, 査読有, 35(15), 4987-5000 (2009).
 11. Sato, K., Morita, K., and Sakakibara, Y., PSSMTS: position specific scoring matrices on tree structures, *Journal of Mathematical Biology*, 査読有, 56, 201-214 (2008).
 12. Sato, K., Mituyama, T., Asai, K., and Sakakibara, Y., Directed acyclic graph kernels for structural RNA analysis, *BMC Bioinformatics*, 査読有, 9:318 (2008).
 13. Kiryu, H., Kin, T., and Asai, K., Rfold: An exact algorithm for computing local base pairing probabilities, *Bioinformatics*, 査読有, 24(3), 367-373 (2008).
 14. Tabei, Y., Kiryu, H., Kin, T., and Asai, K., A fast structural multiple alignment method for long RNA sequences, *BMC Bioinformatics*, 査読有, 9:33 (2008).
 15. Okada, K., and Asai, K., Retention of genes involved in the adenohypophysis mediated endocrine system in early vertebrates, *Gene*, 査読有, 412 (1-2), 71-83 (2008).
 16. Asai, K., Kiryu, H., Hamada, M., Tabei, Y., Sato, K., Matsui, H., Sakakibara, Y., Terai, G., and Mituyama, T., Software.ncrna.org: web servers for analyses of RNA sequences, *Nucleic Acids Res.*, 査読有, 36, W75-8 (2008).
 17. Kawamura, Y., Saito, K., Kin, T., Ono, Y., Asai, K., Sunohara, T., Okada, T.N., Siomi, M.C., and Siomi, H., *Drosophila* endogenous small RNAs bind to Argonaute 2 in somatic cells, *Nature*, 査読有, 453(7196), 793-797 (2008).
 18. Okada, K., and Asai, K., Expansion of signaling genes for adaptive immune system evolution in early vertebrates, *BMC Genomics*, 査読有, 9:218 (2008).
 19. Azuma-Mukai, A., Oguri, H., Mituyama, T., Qian, Z.R., Asai, K., Siomi, H., and Siomi, M.C., Characterization of endogenous human Argonautes and their miRNA partners in RNA silencing, *PNAS*, 査読有, 105(23), 7964-7969 (2008).
 20. Hamada, M., Kiryu, H., Sato, K., Mituyama, T., and Asai, K., Prediction of RNA secondary structure using generalized centroid estimators, *Bioinformatics*, 査読有, 25(4), 465-73 (2008).
 21. Sakakibara, Y., Ogawa, N., Popendorf, K., Asai, K., and K. Sato, Stem kernels for RNA sequence analyses, *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, 査読有, 5(6), 1103-1122 (2007).
 22. Nagamine, N. and Sakakibara, Y., Statistical prediction of protein-chemical interactions based on chemical structure and mass spectrometry data, *Bioinformatics*, 査読有, 23(15), 2004-2012 (2007).
 23. Kiryu, H., Kin, T., and Asai, K., Robust prediction of consensus secondary structures using averaged base pairing probability matrices, *Bioinformatics*, 査読有, 23(13), 1588-1598 (2007).
 24. Kiryu, H., Tabei, Y., Kin, T., and Asai, K., Murllet: A practical multiple alignment tool for structural RNA sequences, *Bioinformatics*, 査読有, 23(13), 1588-1598 (2007).
 25. Terai, G., Komori, T., Asai, K., and Kin, T., miRRim: A novel system to find conserved miRNAs with high sensitivity and specificity, *RNA*, 査読有, 13, 2081-2090 (2007).
 26. Tabei, Y., Tsuda, K., Kin, T., and Asai, K., SCARNA: fast and accurate structural alignment of RNA sequences by matching fixed-length stem fragments, *Bioinformatics*, 査読有, 22(14), 1723-1729 (2006).
 27. Hamada, M., Tsuda, K., Kudo, T., Kin, T. and Asai, K., Mining frequent stem patterns from unaligned RNA sequences, *Bioinformatics*, 査読有, 22(20), 2480-2487 (2006).
 28. Sakakibara, Y., Grammatical Inference in *Bioinformatics*, *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 査読有, 27 (7), 1051-1062 (2005).
 29. Matsui, H., Sato, K., and Sakakibara, Y., Pair stochastic tree adjoining grammars for aligning and predicting pseudoknot RNA structures, *Bioinformatics*, 査読有, 21(11), 2611-2617 (2005).
 30. Sato, K. and Sakakibara, Y., RNA secondary structural alignment with conditional random fields, *Bioinformatics*, 査読有, 21(Suppl.2), ii237-ii242 (2005).

31. Nagamine, N., Kawada, Y., and Sakakibara, Y., Identifying cooperative transcriptional regulations using protein-protein interactions, Nucleic Acids Research, 査読有, 33(15), 4828-4837 (2005).

32. Machida M, Asai K, Sano M, Tanaka T, Kumagai T, Terai G, Kusumoto K, Arima T, Akita O, Kashiwagi Y, et al., Genome sequencing and analysis of *Aspergillus oryzae*, Nature, 査読有, 438(7071), 1057-1161 (2005).

〔学会発表〕(計7件)

1. Sato, K., Hamada, M., Mituyama, T., Asai, K., Sakakibara, Y., A non-parametric Bayesian approach for predicting RNA secondary structures, Proceedings of 9th Workshop on Algorithms in Bioinformatics (WABI 2009), Philadelphia, USA. (Sep.12, 2009).

2. Sato, K., Saito, Y., Sakakibara, Y., Gradient based optimization of hyperparameters for base pairing profile local alignment kernels, Genome Informatics, 23, 128-138, Yokohama, Japan (Dec.14, 2009).

3. Saito, Y., Sato, K., and Sakakibara, Y., Detection of Secondary Structure Conserved Regions by Genome Comparison, The 2008 Annual Conference of Japanese Society for Bioinformatics (JSBi 2008), T11 (口頭発表), Osaka, Japan (Dec.16, 2008).

4. Hachiya, T., Osana, Y., Popenorf, K., and Sakakibara, Y., OSfinder: an accurate orthology mapping program and its application to placental mammalian genomes, Proc. 2007 Annual Conference of Japanese Society for Bioinformatics (JSBi 2007), Tokyo, Japan (Dec.18, 2007).

5. Sakakibara, Y., Asai, K., and Sato, K., Stem Kernels for RNA Sequence Analyses, Proc. 1st International Conference on Bioinformatics Research and Development, Berlin, Germany (Mar.13, 2007).

6. Kawada, Y., and Sakakibara, Y., Detection of Cis-Acting Regulatory Variation from Location Data, Proceedings of the 4th Asia Pacific Bioinformatics Conference (APBC 2006), 89-98, Taiwan, China (Feb.14, 2006).

7. Hachiya, T. and Sakakibara, Y., Searching biologically plausible syntenic blocks among multiple genomes, BIOINFO 2005 (proceedings of 2005 International Joint Conference of InCoB, AASBi and KSBI), 113-117, Busan, Korea (2005, Sep.22).

〔その他〕

ホームページ等

1. Popenorf, K., Osana, Y., and Sakakibara, Y., 比較ゲノム解析システム Murasaki, ソフトウェア (バージョン 1.35),

<http://murasaki.dna.bio.keio.ac.jp/>

2. Asai, K., Kiryu, H., Hamada, M., Tabei, Y., Sato, K., Matsui, H., Sakakibara, Y.,

Terai, G., and Mituyama, T., RNA配列解析統合ウェブサーバ software.ncrna.org <http://software.ncrna.org/>

6. 研究組織

(1) 研究代表者

榊原 康文 (SAKAKIBARA YASUBUMI)

慶應義塾大学・理工学部・教授

研究者番号: 10287427

(2) 研究分担者

浅井 潔 (ASAI KIYOSHI)

東京大学・新学術領域創成科学研究科・教授

研究者番号: 30356537

(3) 連携研究者

該当なし