

## 科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 27 年 6 月 15 日現在

機関番号：14401

研究種目：新学術領域研究（研究領域提案型）

研究期間：2010～2014

課題番号：22125001

研究課題名（和文）ゲノムアダプテーションのシステムの理解

研究課題名（英文）Systematic understanding of genome adaptation

研究代表者

篠原 彰（Shinohara, Akira）

大阪大学・たんぱく質研究所・教授

研究者番号：00252578

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 223,200,000 円

研究成果の概要（和文）：同じ生物種内ではほぼ均一のゲノムを有しているのにも関わらず、ある程度の変化を許容する現象、すなわち、同一種であることを確保しながら生物機能発現に多様的な変化を与える現象を“ゲノムアダプテーション”と定義する。本領域研究によりゲノムアダプテーションに関して新規の知見を得た。1) 染色体構造が形成・維持され、ゲノム変動により変化し、次世代へ継承されるメカニズムを解明し、2) 熱ショックなど外的、内的ストレスにより変化を受けた染色体構造が中長期的に伝播され、維持されることを見出した。また、3) 次世代DNAシーケンサを用いたゲノムワイドな染色体タンパク質の分布など解析をするための新規の解析方法を確立した。

研究成果の概要（英文）：Genome adaptation promotes the formation of new traits in next generation such as heterogeneity irrespective of homogenous genome. In this study, we revealed a new mechanism which facilitates genomic variation through chromosome structure or epi-genetic information. Moreover, we showed environmental stress such as heat shock or infection by pathogen as well as mind stress promotes a new trait in a few generation through the propagation and maintenance of specific chromosomal structures without change of DNA information. To promote more efficient analysis for data from chromatin-immunoprecipitation DNA sequence (ChIP-Seq) and genetic variation using next-generation sequencers (NGS), we have developed a new platform for annotation of the information. To facilitate the interaction with society, we carried out classes to high school students and public in 48 cases in past 5 years.

研究分野：分子生物学

キーワード：染色体適応 染色体 環境ストレス ゲノム 減数分裂 組換え

### 1. 研究開始当初の背景

“ゲノムアダプテーション”という切り口は生物学の様々な分野に新たな視点をもたらす。例えば、一遺伝子の変異に起因する疾病であってもその病態は多様性に富むことが知られているが、これはゲノムアダプテーションの考えなくして説明できない。また、ヒトや生物の多様性の原動力として近年認知されつつある CNV(Copy number variation) やエピゲノム変化がゲノムアダプテーションの推進力であるが、その誕生の仕組みや世代を超えた伝承に関してはほとんど分かっていない。ゲノムアダプテーションという角度で生命現象を理解することの重要性は、計画班員との頻繁な議論で強化され、新しい解析方法の開発を含めることで、これらの生物現象の革新的理解に繋がることを確信し、本応募領域の着想に至った。本研究領域の実施により、染色体機能を土台にした遺伝のメカニズムについて、多くの基本的かつ重要な知見が得られ、生物の個性、多様性獲得による環境適応戦略について包括的な知見を得る事が期待できる。また、将来的には生物多様性の誕生や、環境ストレスの遺伝的形質への影響等、社会問題にも迫ることも可能となる。本領域で構築される染色体情報解析システムは、生物種を問わず生命現象の全体像の理解に寄与する基盤技術となり、今後の生命科学の発展に大きく寄与出来るものである。また、本研究の成果はゲノム学と関連性の高い発生分化研究、再生医療研究、動植物の育種にも高い波及効果を及ぼすと考えられる。

### 2. 研究の目的

本領域研究は 1) 染色体構造が形成・維持され、ゲノム変動(組換えや変異)により変化し、次世代へ継承されるメカニズム、2) 外的、内的ストレスにより変化を受けた染色体構造が中長期的に伝播され、維持されるメカニズムを明らかにする。さらには、3) 細胞周期上で離散的に収集された観測データに基づく染色体動態の数理モデル化、種間比較という大きな時間軸での進化解析を行うことで、染色体動態およびゲノム構造変化の時間軸に沿った因果関係を明らかにし、染色体情報を統合的に理解するためのシステムの構築を図る。

### 3. 研究の方法

3つの研究領域を設定して、ゲノムアダプテーションを統合的に理解する。領域1では、配偶子形成に必要であり、染色体全体の構造変換や染色体運動と密接に関連している減数分裂期での組換えとゲノムアダプテーションとの関連を解明する(阪大、篠原)。また、ヘテロクロマチン構造とインプリンティ

ングが関与し、体細胞分裂期におけるゲノムアダプテーションの良いモデルとなる分裂酵母の接合型変換の分子レベルでの解明を目指す(東工大、岩崎)。さらに、動原体の欠落などのゲノム欠損リスクに適応する、染色体構造の大胆かつ柔軟な再編成能力の解明を目指す(阪大、石井)。領域2では、環境変化による熱ショックストレスなどによって、誘発されるゲノムアダプテーションを見付け、分子の仕組みを解明する。ショウジョウバエやマウスを用い、熱ストレスによって誘導される中、長期の染色体構造変化のメカニズムと生物学的意義を解明する(理研、石井)。また、約一万年前に始まったと考えられるイネの栽培化過程におけるゲノムアダプテーションの解明を目指す(農生資研、井澤)。加えて、遺伝情報のリプログラミングである受精卵や雌雄配偶子でのアダプテーション機構を明らかにする(東大、岡田)。領域3では、モデル生物として酵母を用いて、有糸分裂期と減数分裂期における染色体結合タンパク質の動態、修飾状態、転写産物の体系的解析を実施し、個々のタンパク質の染色体上の分布から、染色体動態の総合的、体系的な理解を目指す。また、はるかに巨大で、複雑な構造を持つハエ、マウス、ヒトなどの高等真核生物染色体を対象にした基盤技術(ChIP-seq; クロマチン免疫 DNA シークエンス法、等)を確立する(東工大、伊藤; 東大、白髭)。ゲノムアダプテーションの基盤となる DNA 変動を、急速に増大するゲノム情報を活用してデータマイニング法やその伝承形式のモデル化するプログラムを開発する(北大、渡邊)。

### 4. 研究成果

#### (A01 ゲノム変動の仕組みの解明)

篠原らは減数分裂期の染色体ダイナミックには、核膜のリモデリングが重要であり、核膜リモデリングが細胞周期によるリン酸化と染色体構成要素であるコヒーシンによって制御されることを明らかにした。減数分裂期のエピ情報の変化が組換えのパターン形成に影響を与えることを明らかにした。この結果は、子孫の中の遺伝情報のプールの多様性が環境などによって生じたエピ情報の変化に繋がることを示唆している。また、染色体適応の原動力となる相同組換えに関わる新規の複合体を同定し、その構造を決定し、新規の組換え制御の仕組みを提唱した。

石井らは新しい動原体の形成はシード過程と言った不安定な状態から、安定なネオセントロメアに移行するといったゲノムのアダプテーションの中間体を同定し、新規セントロメア形成にはヒストンバリエント、H2AZ が重要な役割を果たすことを明らかに

した。また、この新規セントロメアの維持には隣接するヘテロクロマチン構造が重要であることを示した。この結果は染色体適応過程の中での染色体の形態変化を知る上では興味深い知見といえる。

岩崎らは、分裂酵母の染色体適応現象の1つ、接合型変換の仕組みを解析した結果、2つの性では組換えに関わるタンパク質の空間的な配置を変化させることで性の変換の方向性を決めていたことを明らかにしたばかりでなく、組換えに関わるタンパク質の生化学的解析、構造生物学的解析でも新規の活性、構造を同定した。

公募の中では作野らは染色体適応の原動力とも言える減数分裂期組換えが染色体構造の軸タンパク質であるコヒーシン因子がリン酸化されることで、減数分裂期特異的な組換え分子装置を作り上げる足場になることを示した。

#### A02 ストレスとゲノムアダプテーション

石井らは、染色体適応の典型と言われる現象をショウジョウバエで見出し、その分子メカニズムを解析した。その結果、環境ストレスによりエピ情報が世代を超えた伝達されること、その仕組みには転写因子 ATF-2 のリン酸化によるヒストン修飾の変化が必要であることを明らかにした。また、飢餓ストレスや精神ストレスも同様に次世代に伝わることを見出しており、今後の発展が期待できる。熱や高浸透圧などの環境ストレスが、ATF-2 ファミリー転写因子を介して、固いヘテロクロマチン構造を壊し、そのエピジェネティック変化が次世代に遺伝することを明らかにした (Cell, 2011)。これはストレスの影響が DNA 配列の変化なしに遺伝するメカニズムを初めて明らかにしたものである。

このような遺伝のメカニズムを明らかにするためには、受精卵でのクロマチンダイナミクスを理解する必要がある。岡田ら (東大) は、質量分析法を用いてマウス成熟精子中のヒストンを解析し、多数のヒストンバリエーションとその修飾を同定した。受精卵のクロマチンリモデリングを明らかにするため、クロマチン免疫沈降法の改良を行い、100 個程度の受精卵から再現性良くクロマチン免疫沈降法によりヒストンなどの分布を調べる解析方法を確立した。その方法を使い、オスの精子におけるヒストンのメチル化状態が次世代の受精卵の発生に影響を与えることを見出した。

また、井澤ら (農生資研) は、イネの栽培化過程におけるゲノムアダプテーションを解析した。野生稲は果皮にタンニン蓄積し、赤米となる。一方、我々が主に食しているのはタンニン合成系酵素の発現を制御する転写因子の DNA 欠失変異が品種内に広がったも

のである。一方、品種の一部にみられる黒米 (果皮にアントシアニンが蓄積する) では、アントシアニン合成系酵素を制御する転写因子 (レトロ因子) の DNA メチル化を介した異所発現が、交配遺伝で広範に広がったことを明らかにした。

#### A03 染色体情報解析法の開発

本研究項目では、新学術研究領域全般の基盤となる次世代シーケンサーを用いた新規ゲノム配列決定、RNA-seq 解析、ChIP-seq 解析法を実験的・情報科学的に確立することをまずは目指し、現在までにプロトタイプのほぼ全ての系が稼働し始めている。これらの成果は現在論文等にまとめている最中であり、またその技術は一部の研究者との共同研究という形で供与され始めている。伊藤らは、染色体適応の仕組みを知る上で重要な技術開発、特に次世代シーケンサーの解析方法を確立した。具体的には、次世代シーケンサーによる測定結果に基づいた、ChIP-seq データ解析アルゴリズム、ゲノムアセンブル解析アルゴリズム、点変異解析アルゴリズムを中心とした各種プログラムを整備し、最終的なパイプラインとしてまとめあげることに成功した。渡邊ら (北大) は、まずウィルスをモデルとして次世代シーケンサーデータからのゲノム配列決定を行い、その手法を応用することでヒトアデノウイルス 8 型株 (HAdV-8p) が、HAdV-8 と HAdV-10 の混合株であることを発見した。さらに、HAdV-8 と HAdV-10 の間の組換え体が同株内に存在することを明らかにした上で、組換え点のゲノム配列レベルでの特定に成功した。また、伊藤-白髭ら (東工大、東大) は染色体動態解析の一つとして、ChIP-seq の系を立ち上げ酵母を中心として種々のクロマチンタンパクの局在解析を行った。特筆すべき業績としては、コヒーシンローダーである Scc2 の局在がセントロメアおよび転写活性の高い遺伝子に普遍的に見られ、このセントロメアに置ける局在がキネトコア構成タンパクに依存していることを示したこと、Camilla Sj 中心として (カロリンスカ研究所) のグループとの共同研究で、染色体の長さが、複製時の立体的ストレスに影響することが示された。白髭さらには、小頭症などを誘発するコーネリアデラング症候群の新規原因遺伝子として、コヒーシンのアセチル化に関わる HDAC8 を同定して、今後この病気の治療に繋がる発見と言える。

総括班では次世代 DNA シーケンサーを用いたゲノム解析方法やデータ解析プラットフォームの開発にも取り組んで、新規の解析ソフ

ト Platanus として論文化およびホームページから公開している (東工大、伊藤ら、下記)

#### 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 185 件)

計画代表者の代表的な論文を 2-3 報以下に挙げた。

篠原 彰

1. Shinohara, M, Hayashihara, K., Grubb, J.T., Bishop, D.K., and A. Shinohara. DNA damage response clamp contributes to chromosomal assembly of ZMM-SIC pro-crossover factors during meiosis. **J. Cell. Sci.** 128(8):1494-506. DOI: 10.1242/jcs.161554.
2. Sasanuma, H. Tawramoto, M.S., Lao, J., Hosaka, H., Sanda, E., Suzuki, M., Yamashita, E., Hunter, N., Shinohara M. Nakagawa, A. and A. Shinohara. A new protein complex promoting the assembly of Rad51 filaments. **Nature Comms.** 4, 1676, 2013, doi: 10.1038/ncomms2678.CI=8
3. Sasanuma, H. Furihata Y., Shinohara M. and A. Shinohara. *Saccharomyces cerevisiae* Srs2 helicase disassembles Rad51 from meiotic chromosomes. **Genetics**, 194, 859-872, 2013, doi: 10.1534/genetics.113.150615.

岩崎 博史

4. Murayama Y, Tsutui, Y & \*Iwasaki H: The fission yeast meiosis-specific Dmc1 recombinase mediates formation and branch migration of Holliday junctions by preferentially promoting strand-exchange in a direction opposite to that of Rad51. **Genes Dev.** 25, 516-527 (2011). doi: 10.1101/gad.1997511.
5. Murayama Y, Kurokawa Y, Tsutsui Y & \*Iwasaki H. Dual regulation of Dmc1-driven DNA strand exchange by Swi5-Sfr1 activation and Rad22 inhibition. **Genes Dev.** 27, 2299-2304 (2013). doi: 10.1101/gad.218693.113.
6. \*Tsutsui Y, Kurokawa Y, Ito K, Siddique MS, Kawano Y, Yamao F & \*Iwasaki H: Multiple regulation of rad51-mediated homologous recombination by fission yeast fbh1. **PLoS Genet.** 28, e1004542, (2014) doi: 10.1371/journal.pgen.1004542.

石井浩二郎

7. Ogiyama Y, Ohno Y, Kubota Y & \*Ishii K: Epigenetically induced paucity of histone H2A.Z stabilizes fission-yeast ectopic centromeres. **Nature Structural & Molecular Biology** 20, 1397-1406 (2013). doi: 10.1038/nsmb.2697
8. Kitagawa T, Ishii K, Takeda, K &

\*Matsumoto T: The 19S proteasome subunit Rpt3 regulates distribution of CENP-A by associating with centromeric chromatin. **Nature Communications** 5, 3597 (2014). doi: 10.1038/nsmb.2697t

石井俊輔

9. Seong KH, Li D, Shimizu H, Nakamura R & \*Ishii S: Inheritance of stress-induced, ATF-2-dependent epigenetic change. **Cell** 145, 1049-1061 (2011). doi: 10.1016/j.cell.2011.05.029.
10. Staton TL, Lazarevic V, Jones DC, Lanser AJ, Takagi T, Ishii S & \*Glimcher LH: Dampening of death pathways by Schnurri-2 is essential for T cell development. **Nature** 472, 105-109 (2011). doi: 10.1038/nature09848.
11. Shinagawa T, Huynh LM, Takagi T, Tsukamoto D, Tomaru C, Kwak HG, Dohmae N, Noguchi J & \*Ishii S: Disruption of Th2a and Th2b genes causes defects in spermatogenesis. **Development** 142, 1287-1292 (2015). doi: 10.1242/dev.121830.

岡田由紀

12. Aoshima K, Baba A, Makino Y, & Okada Y: Establishment of Alternative Culture Method for Spermatogonial Stem Cells Using Knockout Serum Replacement". **PLoS ONE** 8(10):e77715. doi:
13. Aoshima K, Inoue E, Sawa H, & Okada Y: Paternal H3K4 methylation is required for minor zygotic gene activation and early mouse embryonic development. **EMBO Rep.** 2015, pii: e201439700

井澤 毅

14. Itoh H, Nonoue Y, Yano M, Izawa T\*. (2010) A pair of floral regulators sets critical day length for *Hd3a* florigen expression in rice. **Nat Genet.** 42:635-638. doi: 10.1038/ng.606.
15. Izawa T\*, Mihara M, Suzuki Y, Gupta M, Itoh H, Nagano AJ, Motoyama R, Sawada Y, Yano M, Hirai MY, Makino A, Nagamura Y. (2011) *Os-GIGANTEA* confers robust diurnal rhythms on the global transcriptome of rice in the field. **Plant Cell** 23:1741-1755. doi: 10.1105/tpc.111.083238.
16. Nagano AJ, Sato Y, Mihara M, Antonio BA, Motoyama R, Itoh H, Nagamura Y\*, Izawa T\*. (2012) Deciphering and prediction of transcriptome dynamics under fluctuating field conditions. **Cell** 151(6):1358-1369. doi: 10.1016/j.cell.2012.10.048.

伊藤武彦・白髭克彦

17. Hattori Y, Usui T, Satoh D, Moriyama S, Shimono K, Itoh T, Shirahige K, Uemura T.: Sensory-neuron subtype-specific transcriptional programs controlling dendrite morphogenesis: genome-wide analysis of Abrupt and Knot/Collier. **Dev Cell.** 27, 530-44, (2013). doi: 10.1016/j.devcel.2013.10.024.

18. Deardorff MA, Bando M, Nakato R, Watrin E, Itoh T, Minamino M, Saitoh K, Komata M, Katou Y, Clark D, Cole KE, De Baere E, Decroos C, Di Donato N, Ernst S, Francey LJ, Gyftodimou Y, Hirashima K, Hullings M, Ishikawa Y, Jaulin C, Kaur M, Kiyono T, Lombardi PM, Magnaghi-Jaulin L, Mortier GR, Nozaki N, Petersen MB, Seimiya H, Siu VM, Suzuki Y, Takagaki K, Wilde JJ, Willems PJ, Prigent C, Gillissen-Kaesbach G, Christianson DW, Kaiser FJ, Jackson LG, Hirota T, Krantz ID, Shirahige K\*: HDAC8 mutations in Cornelia de Lange syndrome affect the cohesin acetylation cycle. *Nature*. 489, 313-7, (2012). doi: 10.1038/nature11316.
  19. Kegel A, Betts-Lindroos H, Kanno T, Jeppsson K, Ström L, Katou Y, Itoh T, Shirahige K, Sjögren C.: Chromosome length influences replication-induced topological stress. *Nature*. 471, 392-6, (2011). doi: 10.1038/nature09791.
- 渡邊日出海
20. Yamada A, Koyanagi OK, \*Watanabe H: *In silico* and *in vivo* identification of the intermediate filament vimentin that is downregulated downstream of Brachyury during *Xenopus* embryogenesis. *Gene* 491, 232-236 (2012).
  21. Gonzalez, G., K.O. Koyanagi, K.Aoki and \*Watanabe H: Interregional coevolution analysis revealing functional/structural interrelatedness between different genomic regions in Human mastadenovirus D. *J. Virol.* (in press, in press. doi:10.1128/JVI.00515-15
  22. Gonzalez, G. K. O. Koyanagi, K. Aoki, N. Kitaichi, S. Ohno, H.Kaneko,d, S. Ishida, \*Watanabe H: Intertypic modular exchanges of genomic segments by homologous recombination at universally conserved segments in human adenovirus species. *Gene*, 547, 10-17, 2014 doi:10.1016/j.gene.2014.04.018

〔学会発表〕(計 280 件)

招待講演(海外)-(計 25 件) 以下抜粋

1. A. Shinohara, Abacam meeting on Mechanism of recombination, Control of Rad51 filament formation. アリカンテ(スペイン) 2014 年 5 月 19-23 日
2. Iwasaki H: Activation of Rad51-driven DNA strand exchange reaction by the Swi5-Sfr1 complex. Mechanisms of Recombination conference. アリカンテ(スペイン) 2014 年 5 月 19-23 日
3. A. Shinohara, Control of meiotic recombination by chromosome dynamics Gordon Research Conference on Meiosis, ニューロンドン(米国) 2014 年 6 月 3-8 日
4. A. Shinohara, Control of meiotic

- recombination by chromosome dynamics Gordon Research Conference on Genome Instability, Control of Rad51 filament formation. 香港(中国) 2014 年 7 月 6-11 日
5. A. Shinohara, International conference on Chromosome Stability. Control mechanism of chromosome motion during meiosis バンガロール(インド), 2014 年 12 月 14-17 日
6. A. Shinohara, Control of meiotic recombination by chromosome dynamics" FASEB Science Research Conferences Genetic Recombination & Genome Rearrangement デンバー(米国) 2013 年 7 月 21 日-26 日
7. Ito K, Tsutsui Y & Iwasaki H: Functional interactions between Rad51 recombinase and its activator Swi5-Sfr1 complex in fission yeast. The 7th International Fission Yeast Meeting. University of London, UK. ロンドン(英国) 2013年6月24日-29日
8. A. Shinohara, Roles of cohesin and CDK,DDK-dependent phosphorylation of SUN protein Mps3 in meiosis-specific nuclear envelope remodeling, Akira Shionhara, Gordon Research Conferences, Colby-Sawyer College ニューロンドン(米国) 2012 年 6 月 3 日-8 日
9. Iwasaki H: Structure and Functions of the Fission Yeast Swi5-Sfr1 Complex, an Activator of Rad51 Presynaptic Filaments. EMBO workshop: Recombination Mechanisms and Genome Instability (EMBO workshop). ヘレス(スペイン) May 21-25 (2012) 2012年5月21日-25日
10. A. Shinohara, Mediators of two RecA homologs, Rad51 and Dmc1, FASEB SUMMER RESEARCH CONFERENCES, Steamboat Springs, デンバー(米国) 2011 年 7 月 24 日-29 日
11. Iwasaki H: Regulation of Rad51 and Dmc1 recombinases in fission yeast. New frontier of the research in Rad51 recombinase and its accessory proteins. Institut de Biologie Physico Chimique. パリ(フランス) 2011 年 9 月 28 日-29 日

国内,海外(口頭、ポスター発表)

〔学会発表〕(計 255 件) 具体例は省略

〔その他〕

ホームページ等

(1) ホームページ等

<http://genome-adaptation.bio.titech.ac.jp/>

<http://platanus.bio.titech.ac.jp/>

<http://www.bio.titech.ac.jp/laboratory/iwasaki-n>



akatogawa/iwasaki/index.html  
<http://www.protein.osaka-u.ac.jp/genome/Shinohara-HP-index.html>

(2) 高校の出前講義 (アウトリーチ活動)

総計 48 件、以下抜粋

1. 出前講義-篠原彰: 大阪府立住吉高校(2011年11月14日)
2. 出前講義-篠原彰: 茨城県立水戸第一高校(2011年11月4日, 阪大の派遣事業を兼ねる)
3. 出前講義-岡田由紀: 私のエピジェネティック就職、参加者: 山梨大学医学部特進コース1-6年生および医学部教員有志 約50名、2011年12月22日、山梨大学医学部
4. 出前講義-私立和歌山信愛女子学院(2012年5月2日, 6月20日, 7月20日)
5. 体験実習-私立和歌山信愛女子学院(2012年8月31日)
6. 出前講義-篠原彰: 茨城県立水戸第一高校(2012年10月18日, 阪大の派遣事業を兼ねる)
7. 出前講義-篠原彰: 大阪府立住吉高校(2013年1月9日)
8. 講演-篠原彰: 茨城県高等学校教頭、副校長会(2013年5月2日)
9. 講演-篠原彰: 大阪府立高等学校生物教育研究総会(2013年6月5日)
10. 出前講義-篠原彰: 神戸海星女子高校(2013年6月13日)
11. 出前講義-篠原彰: 大阪府立枚方高校(2013年6月14、28日)
12. 出前講義-篠原彰: 大阪府立住吉高校(2013年9月30日)
13. 講演-サイエンスカフェ-大阪市立科学館(2013年10月5日)(大阪大学学術機構)
14. 出前講義-篠原彰: 大阪府立生野高校(2013年11月12日)
15. 出前講義-篠原彰: 京都府立嵯峨野高校(2013年11月27日)
16. 出前講義-篠原彰: 大阪府立住吉高校(2014年10月20日)
17. 出前講義-篠原彰: 福岡県立東筑高校(2014年10月22日)
18. 出前講義-篠原彰: 大阪府立春日丘高校(2014年10月27日)
19. 出前講義-篠原彰: 大阪府立生野高校(2014年10月30日)
20. 出前講義-京都府立嵯峨野高校(2014年11月6日)

放送 (研究代表者)

1. 城石俊彦: 小説家との対話: 文学と科学表現における文体、エフエムみしま・かなみ 番組名「サイエンス・ナウ」  
2010年10月2日

2. 城石俊彦: 俚約遺伝子、エフエムみしま・かなみ 番組名「サイエンス・ナウ」  
2010年12月11日
3. 渡邊日出海: NHK「ネットワークニュース北海道」  
2012年1月23日
4. 城石俊彦: 疾患と遺伝要因、エフエムみしま・かなみ 番組名「サイエンス・ナウ」  
2012年3月4日

6. 研究組織

(1) 研究代表者

篠原 彰 (SHINOHARA AKIRA)  
大阪大学・蛋白質研究所・教授  
研究者番号: 00252578

(2) 計画研究

岩崎博史 (IWASAKI HIROSHI)  
東京工業大学・生命理学研究科・教授  
研究者番号: 60232659

(3) 計画研究

石井 浩二郎 (ISHII KOJIRO)  
大阪大学・生命機能研究科・招へい准教授  
研究者番号: 40360276

(4) 計画研究

石井 俊輔 (ISHII SHUNSUKE)  
理化学研究所・上席研究員  
研究者番号: 00124785

(5) 計画研究

井澤 毅 (IZAWA TUYOSHI)  
農業生物資源研究所・上級研究員  
研究者番号: 00252578

(6) 計画研究

岡田 由紀 (OKADA YUKI)  
東京大学・分子細胞生物学研究所・特任准教授  
研究者番号: 60546036

(7) 計画研究

伊藤 武彦 (ITOH TAKEHIKO)  
東京工業大学・生命理学研究科・教授  
研究者番号: 90501106

(8) 計画研究

渡邊日出海 (WATANABE HIDE MI)  
北海道大学・情報科学研究科・教授  
研究者番号: 30322754

(9) 計画研究(分担)

白髭 克彦 (SHIRAHIGE KATSUHIKO)  
東京大学・分子細胞生物学研究所・教授  
研究者番号: 90273854