

平成 30 年 6 月 18 日現在

機関番号：82401

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2015～2017

課題番号：15H02755

研究課題名(和文) 生命科学の計測・観察データ相互利用のための情報技術の高度化

研究課題名(英文) Expansion of the informational technologies for mutual use of measurement data in biological science

研究代表者

榎屋 啓志(MASUYA, Hiroshi)

国立研究開発法人理化学研究所・バイオリソースセンター・ユニットリーダー

研究者番号：40321814

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 12,400,000円

研究成果の概要(和文)：本研究では、コンテキスト依存性の記述や視点転換に対応するデータ構造に基づく大規模データを効率的に作成、編集、メンテナンスを効率的に行う目的で、オントロジーに基づいて構造化されたデータを表インターフェースで取り扱うデータ編集支援ツールを実現した。今後、オープンデータの大規模化・多様化が進み、多種多様なデータを用いた知識抽出のニーズが高まると考えられるが、本ツールは、異なる視点で作成されたデータを統合し、知識の相互利用をさらに推進するためのツールの一つとなると期待される。

研究成果の概要(英文)：We developed a software tool to support editing of large-sized data with highly structured data schema representing context dependency of ontology concepts. The software tool provides functions of bulk editing of Hozo-formatted ontology data with spreadsheet program like operation. This tool is also useful for ontology refinement to improve consistency of data structure from upper classes to instances. As the recent progress of open data activity, improvement of data access methodologies to extremely large-sized and variety of open data becomes expected. This study provides a methodology of the efficient construction of large-sized data with complicated structure such as context dependency and viewpoint conversion, which may contribute to improve utility of open data across domains.

研究分野：バイオインフォマティクス

キーワード：情報統合 オントロジー 相互利用 分野横断 オープンデータ

1. 研究開始当初の背景

近年、情報のオープン化、ビッグデータ化が進み、RDFやセマンティックWeb技術をはじめ、多種多様な情報へのアクセスを改善するための技術ニーズが高まっている。生命科学分野では、遺伝子オントロジー (Gene Ontology: GO) をはじめとして、概念を共通語彙として共通利用する仕組みを整えたことで、情報統合が大きく加速した。

一方で、分野を超えて知識を共有するためには、GOを含め、いわゆる「ライトウェイトオントロジー」の一義的なツリーによる知識の構造化では限界がある。例えば、生物体の中では、特定の分子が、細胞接着、シグナル伝達、ほかの分子活性の抑制、活性化など、様々な役割を担っている。このような分子を分類する際に、化合物の組成や分子構造に基づいた基本的な分類の他に、生体内の役割に基づいた分類 (あるいは役割の分類) を扱うことができなければ、生物内における分子機能の記述は難しい。他の例では、数値データを知識として共有化する際の定性値化において、目的設定に対応した (コントロールの違いによる) データ解釈の違いをどのように処理するかが課題となる。

このような処理は、「考え方や視点の違い」による分類の多重化や、知識表現の「視点転換」と呼べるであろう。今後、オープンデータの大規模化・多様化が進み、多種多様なデータを用いた知識抽出のニーズが高まると考えられるが、異なる視点で作成されたデータを統合することができれば、知識の相互利用をさらに進めることができると期待される。

2. 研究の目的

本研究は、生命科学で日々生産される様々な計測・観察データを、生物種、実験観察の方法論や視点、コントロール値の違いなどの壁を超えて、普遍的に取り扱うための相互利用技術の創出を目指している。先行研究で開発した、哺乳類表現型を対象とした表現型データの共有システムをさらに汎用化し、生命科学データ全般への対応を目指して、生物種や時系列データなど、さらに多様な生命計測データへの対応を可能にするためのデータ基盤の拡張や、データ規模を拡大する際の障壁となる暗黙知識および視点管理用データの構築支援方法を確立するとともに、オントロジーのグラフ型データからの知識抽出/提示技術の洗練化に取り組む。これらの技術開発を通じ、オープン/ビッグデータ時代の科学データ相互利用の道を切り拓く。

3. 研究の方法

上に述べた「考え方や視点の違い」による分類の多重化や、知識表現の「視点転換」この問題を解決するため、我々は「役割 (ロール概念)」をオントロジーに導入する溝口らの理論を応用した研究を行ってきた。ロール理論では、オントロジーの分類ツリーを利

用しながら、外的状況 (コンテキスト) と、コンテキスト内での役割概念の導入により、体系的な「視点の転換」によってオントロジー概念の再利用性を大きく高めることが可能である。ロール理論に基づくオントロジーは、オントロジーエディタである「法造」 (<http://www.hozo.jp>) を用いることで視覚的に確認しながら構築できるため、これまで我々はクラスレベルの構造の設計には法造を用いてきた。

また、先行研究では、性質値記述の理論に従って記述された計測データのインスタンスを対象にして、「考え方や視点の違い」に基づいた情報の提示方法を提案した。これは、上記のクラス構造に準じて記述されたインスタンスについて、法造におけるツリーを基盤とした概念表現を補完する意味で、表によるインスタンス表示を導入した。かつ、コンテキストを選択することで、そのコンテキストに依存する性質値のみを表示するアプリケーションを開発した。これにより、多様な視点に依存して作られた大規模データから、視点に応じたデータの選別の方法、およびデータの表現方法を提案した。

しかしながら、このような高度に構造化されたデータ記述における大きな問題は、視点依存のクラス構造を定義するプロセスよりも、複雑なクラス構造に準じたインスタンスを大規模に作成する煩雑さであった。実際に、H28年度は、多様な生命計測データの対応のためのデータ基盤拡張を試みたが、当初の想定に反し、H27年度開発のテストアプリケーションの不具合、関連して、計測データを柔軟に構築するためのデータの持たせ方が想定より複雑であることが判明した。よって、アプリ修正及び、複雑化問題を解決するアルゴリズム考案を行った上で再度データ基盤拡張アプリケーション設計を行う必要が生じた。そのため、予算の繰越申請を行うとともに、複雑化問題のアルゴリズム検討を行った。

H29年度は、1) H28年度の繰越作業として、H28年度の検討に基づいたデータ支援方法の確立、および提示技術の洗練化を目指して、測定データの構築/可視化ツールの基本設計および、それに基づく、多様な計測データの対応を可能にするためのデータ基盤アプリケーション開発を行った。この結果、本研究の成果は、生命科学の計測・観察データの相互利用と言う枠を超えて、視点依存など、高度に構造化されたオープンデータ全体に関して、大規模記述の支援ができる可能性が示唆された。

この成果に基づいて、本研究ではさらに、クラスレベルの修正と洗練化と、インスタンス作成を行き来しながら、大規模データを作成できるような支援ツールの開発を試みた。

本支援ツールの目的は、視点依存のデータ構造を、ロール概念を用いて記述できる法造形式のインスタンスデータを、バルクで効

率良く作成できることである。また、上記のクラス構造の洗練化を同時に行うことを考えると、法造アプリケーションとの連携が容易に行えることが望ましいと考えた。よって、本支援ツールは法造アプリケーションから呼び出して利用できるツールとし、法造のデータ編集を強化するような位置づけで開発することとした。

バルク編集機能は、いわゆる表計算ソフトのように、関連するデータ間の整合性を目で確認でき、ある程度の一括編集が可能になることを目指した。法造の概念は、概念と、“ロール概念”、“個数制約”、“クラス制約”、“ロールホルダー”などの「スロット」と呼ばれるフィールドの組み合わせで表現されるので、これらのスロット毎に個別の表を表示して編集するコンセプトとした。

本支援ツールにおいて、インスタンスのバルク編集と、クラス構造の洗練化を同じ操作感で扱えることを目指した。つまり、同じクラスに属するインスタンス間でのスロット内容の整合性をとる作業と、クラス階層におけるスロット内容の整合性をとる作業を、同じ感覚で同時に行えることを目指した。これにより、インスタンスデータ作成および編集と、クラス階層の洗練化を一度に行えることを目指した。

4. 研究成果

本支援ツールは、法造アプリケーションのディレクトリにインストールすることで、支援ツール呼び出しメニューを備えた法造アプリケーションが起動する仕組みとなっている。

ツールの呼び出しは、法造アプリケーションのオントロジーツリー画面より範囲を指定して行う。この「表画面を開く」メニューからは、ある階層より下のインスタンスレベルまでを編集する目的での「下位概念を全て開く」と、中間概念のクラス構造洗練化に用いるために、下位概念を指定してから上位概念を指定してその範囲を開く「上位概念を指定して開く」の2つが利用できる。

開発した支援ツールを用いて、先行研究で作成した、異なる実験動物であるマウス、ラットにおける表現型計測データ(8171データポイント)の読み込みおよび編集を試行した。本データでは、異なる動物種に属する多様な系統に対して、様々な計測データ(体長、体重、外見観察血液検査等)を行なっており、生物種、および測定方法というコンテキストの違いによる判定基準値の違いを、ロール概念を用いて明示的に表現することを目的に作成したものである。

このデータを本支援ツールで読み込んで表示させたところ、マウスとラットにおける測定項目の一致と不一致、また、各スロットに付与した文言の不一致等が容易に確認でき、表計算ソフトに近い操作によって、容易に整合性の高いデータを作成することができ

た。スロットの継承関係は先行研究において、注意深く確認を行っていたため不整合は見つからなかったが、もし不整合があったとしても、容易に修正が可能であったと思われる。

以上、本研究では、コンテキスト依存性の記述や視点転換に対応しうるデータ構造に基づく大規模データを効率的に作成、編集、メンテナンスを効率的に行う目的で、法造形式データを表インターフェースで取り扱うデータ編集支援ツールを実現した。

コンテキスト依存性の記述は、分野横断的に知識を扱う上で普遍的な課題であると考えられる。今後オープンデータの多様性や分野横断的な利用ニーズの高まりに伴い、このような複雑なデータをいかにハンドリングするかが課題になると考えられる。

今後、オープンデータの大規模化・多様化が進み、多種多様なデータを用いた知識抽出のニーズが高まると考えられるが、本ツールは、異なる視点で作成されたデータを統合し、知識の相互利用をさらに推進するためのツールの一つとなると期待される。

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11件)

1. Rozman J, Rathkolb B, Oestereich MA, Schütt C, Ravindranath AC, Leuchtenberger S, Sharma S, Kistler M, (他 56 名、Masuya H 40 番目), Identification of genetic elements in metabolism by high-throughput mouse phenotyping., Nat Commun. 2018: 288. 査読あり doi:10.1038/s41467-017-01995-2
2. Bowl MR, Simon MM, Ingham NJ, Greenaway S, Santos L, Cater H, 他 43 名 (Collaborators Masuya H 48 番目/152 人中), A large scale hearing loss screen reveals an extensive unexplored genetic landscape for auditory dysfunction, Nature Communications, 8, 2017: 886 査読あり doi:10.1038/s41467-017-00595-4
3. Karp NA, Mason J, Beaudet AL, Benjamini Y, Bower L, Braun RE, Brown SDM, Chesler EJ, 他 29 名 (Masuya H 24 番目), Prevalence of sexual dimorphism in mammalian phenotypic traits Nature Communications, 8, 2017: 15475 査読あり doi:10.1038/ncomms15475
4. Simecek P, Forejt J, Williams RW, Shiroishi T, Takada T, Lu L, Johnson TE, Bennett B, Deschepper CF, Scott-Boyer MP, Pardo-Manuel de

- Villena F, Churchill GA. High-Resolution Maps of Mouse Reference Populations., G3 (Bethesda) 7(10) 2017, 3427-3434 査読あり DOI: 10.1534/g3.117.300188
5. Kobayashi N, Lenz K, Masuya H., RIKEN MetaDatabase: A Database Platform as a Microcosm of Linked Open Data Cloud in the Life Sciences, Semantic Technology:JIST2016, 10055, 2016: 99-115 査読あり DOI: 10.1007/978-3-319-50112-3_8
 6. Yamaguchi A, Kozaki K, Lenz K, Yamamoto Y, Masuya H and Kobayashi N., Semantic Data Acquisition by Traversing Class-Class Relationships over the Linked Open Data, Semantic Technology:JIST2016, 10055, 2016: 136-151 査読あり DOI: 10.1007/978-3-319-50112-3_11
 7. 古崎晃司, 來村徳信, 溝口理一郎, 生物規範工学オントロジーと Linked Data に基づくキーワード探索, 人工知能学会論文誌, 31(1), p.LOD-D_1-12, 2016 査読あり <https://doi.org/10.1527/tjsai.LOD-214>
 8. Maier H, Schütt C, Steinkamp R, Hurt A, Schneltzer E, Gormanns P, Lengger C, Griffiths M, Melvin D, Agrawal N, (他 20 名 Masuya H 30 番目) Principles and application of LIMS in mouse clinics., Mamm Genome. 10, 2015: 467-481. 査読あり doi: 10.1007/s00335-015-9586-7
 9. Karp NA, Meehan TF, Morgan H, Mason JC, Blake A, Kurbatova N, Smedley D, Jacobsen J, Mott RF, Iyer V, Matthews P, Melvin DG, Wells S, (他 17 名 Masuya H 15 番目) Applying the ARRIVE Guidelines to an In Vivo Database., PLoS Biol. 20, 2015: e1002151. 査読あり <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1002151>
 10. Kyoda, K., Tohsato, Y., Ho, K. H. L., and Onami, S.: Biological Dynamics Markup Language (BDML): an open format for representing quantitative biological dynamics data. Bioinformatics 31, 2015, 1044-1052. 査読あり DOI: 10.1093/bioinformatics/btu767
 11. 溝口理一郎, 古崎晃司, 來村徳信, オントロジー強化型シソーラス 工学者のための発想支援型情報検索を目指して, 情報管理, 58, 361-371 査読あり <https://doi.org/10.1241/johokanri.58.361>
1. 榎屋啓志, 高月照江, 谷川紀子, 高山英紀, 佐藤道比古, 田中信彦 実験動物の表現型と疾患との関連性を示すデータベース 第64回日本実験動物学会総会 2017
 2. 高月照江, 高山英紀, 佐藤道比古, 谷川紀子, 高田豊行, 庫本高志, 成瀬清, 若菜茂晴, 田中信彦, 榎屋啓志 モデル生物表現型データポータルサイト J-phenome における情報統合の現状 第64回日本実験動物学会総会 2017
 3. 榎屋啓志, 高月照江, 高山英紀, 佐藤道比古, 谷川紀子, 田中信彦 モデル生物表現型の統合データベース J-Phenome 第30回モロシヌス研究会 2017
 4. Masuya H Integration of mouse phenotype data 2017 AMMRA & AMPC Meeting 2017
 5. Masuya H RDF-based integration of phenotype data of experimental animals in Japan NIX-odML Global Workshop & Hackathon 2017 in Japan 2017
 6. 榎屋啓志, 高月照江, 高山英紀, 佐藤道比古, 谷川紀子, 野村麻美, 田中信彦, 小林紀郎 モデル生物表現型の統合データベース J-Phenome トーゴの日シンポジウム 2017
 7. 小林紀郎, 久米慧嗣, 榎屋啓志 理研メタデータベース: 分野を超えたデータ駆動型研究を支えるメタデータ利活用基盤 トーゴの日シンポジウム 2017
 8. 榎屋啓志 表現型データ統合データベース J-Phenome における計測メタデータの整理統合 2017 年度生命科学系学会合同年次大会(ConBio2017) 2017
 9. 田中信彦, 榎屋啓志 マウス表現型間の関係性の全景 2017 年度生命科学系学会合同年次大会(ConBio2017) 2017
 10. 榎屋啓志 国内発表型情報の統合と利活用向上を目指す J-Phenome プロジェクト 第10回 NBRP データベース研究会 2017
 11. Masuya H RDF based integration of biological phenotype data produced in Japan International Symposium on Designing Semantics 2017
 12. Masuya H Data integration of phenotype data of disease model animals using Resource IMPC-INFRAFRONTIER Strasburg meeting 2016
 13. Masuya H Data integration of phenotype data of disease model animals using Resource Description Framework 2016 AMMRA&C Meeting

- 2016
14. Kobayashi N, Yamaguchi Y, Masuya H
RIKEN MetaDatabase: a
life-science database integration and
publication platform based on the
Semantic Web 4th INCF Japan Node
International Workshop and 14th INCF
Nodes Workshop 2016
 15. 榎屋啓志, 高月照江, 齋藤実香子, 高山
英紀, 大島和也, 田中信彦, 戀津魁, 小
林紀郎 実験動物の利用拡大に向
けたデータベース構築 第63回日本実験
動物学会総会 2016
 16. 高月照江, 齋藤実香子, 高田豊行, 庫本
高志, 成瀬清, 若菜茂晴, 田中信彦, 榎
屋啓志 実験動物の利用拡大に向
けたデータベース構築 第63回日本実験
動物学会総会 2016
 17. 榎屋啓志, 高月照江, 齋藤実香子, 高山
英紀, 大島和也, 田中信彦, 戀津魁, 小
林紀郎 RDF 技術を用いた疾患モ
デル動物の表現型データの統合と利用
拡大2016 年度 人工知能学会全国大会
2016
 18. 鳥村匠, 古崎晃司, 來村徳信, 溝口理
一郎, 駒谷和範, 生物規範工学オント
ロジーにおける記述の詳細度とキーワ
ード連想の関係の比較, 2016 年度 人工
知能学会全国大会 2016
 19. Masuya H J-phenome: a portal of
Japanese phenotype data
BioHackathon 2016 Symposium
2016
 20. 榎屋啓志, 高月照江, 齋藤実香子, 高山
英紀, 大島和也, 田中信彦 表現型
データ共有のためのデータベースポ
ータル: J-phenome 日本遺伝学会第
88 回大会 2016
 21. Masuya H A portal of biological
phenotype data of experimental
animals produced in Japan The
8th ANRRC International Meeting
2016
 22. 榎屋啓志 生物表現型の RDF データ
作成とそのメリット 第5回生命医薬
情報学連合大会 2016
 23. 戀津魁, 榎屋啓志, 小林紀郎 理研メ
タデータベースの運用とデータ統合の
実際 トーゴの日シンポジウム 2016
2016
 24. 山口敦子, 山本泰智, 古崎晃司, 戀津魁,
榎屋啓志, 小林紀郎 信頼性が確保さ
れた SPARQL エンドポイントでのクエリ
生成支援 トーゴの日シンポジウ
ム 2016 2016
 25. 熊谷禎洋, 高月照江, 齋藤実香子, 高山
英紀, 榎屋啓志 RDF を利用して
実験動物の表現型と疾患との関連性を
示すシステム トーゴの日シンポジウ
ム 2016 2016
 26. 高月照江, 齋藤実香子, 高山英紀, 大島
和也, 田中信彦, 熊谷禎洋, 榎屋啓志
生物種横断的な表現型データポ
ータルサイト J-phenome について トーゴ
の日シンポジウム 2016 2016
 27. 榎屋啓志 生物の表現型が研究コミ
ュニティをつなぐ トーゴの日シ
ンポジウム 2016 2016
 28. Lenz K, Masuya H, Kobayashi N
RIKEN MetaDatabase: a database
publication platform for RIKENs
life-science researchers that
promotes research collaborations over
different research area The
15th International Semantic Web
Conference (ISWC2016) 2016
 29. Yamaguchi A, Kozaki K, Lenz K,
Yamamoto Y, Masuya H, Kobayashi N
Data acquisition by traversing
Class-Class relationships over the
linked open data The 15th
International Semantic Web Conference
(ISWC2016) 2016
 30. Takatsuki T, Saito M, Kumagai S,
Takayama E, Ohshima K, Ohshiro N,
Lenz K, Tanaka N, Kobayashi N, Masuya
H A RDF-Based portal of biological
phenotype data created in Japan
The 15th International Semantic
Web Conference (ISWC2016) 2016
 31. Kobayashi N, Lenz K and Masuya H
RIKEN MetaDatabase: a database
platform as a microcosm of linked open
data cloud in the life sciences
Joint International Semantic
Technology Conference 2016 (JIST
2016) 2016
 32. Yamaguchi A, Kozaki K, Lenz K,
Yamamoto Y, Masuya H and Kobayashi N
Semantic Data Acquisition by
Traversing Class-Class Relationships
over the Linked Open Data Joint
International Semantic Technology
Conference 2016 (JIST 2016) 2016
 33. Masuya H RDF-Based data sharing
of phenotype data of experimental
animals produced from Japan The
4th International Conference on Rare
and Undiagnosed Diseases 2016
 34. 高月照江, 齋藤実香子, 高山英紀, 大島
和也, 田中信彦, 熊谷禎洋, 榎屋啓志
生物種横断的な表現型データポ
ータルサイト J-phenome について 第 39
回日本分子生物学会年会 2016
 35. 田中信彦, 榎屋啓志 網羅的マウス表
現型データのアソシエーション分析に
よる表現形質間の関係性の提示と予測
第 39 回日本分子生物学会年会
2016
 36. 榎屋 啓志, 高山 英起, 古崎 晃司, 今

- 井 健、大江 和彦、瀧口 理一郎, 生物表現型情報と、疾患情報をつなげるデータベース, 2015 年度人工知能学会全国大会(第29回), 2015年05月30日~2015年05月30日, 公立ほこだて未来大学(北海道函館市)
37. 多田 恭平 古崎 晃司 来村 徳信 瀧口 理一郎 駒谷 和範, 概念間の関係に注目した専門文書解析とLOD技術によるバイオメティクス・オントロジーの大規模化の試み, 2015 年度人工知能学会全国大会(第29回), 2015年05月30日~2015年05月30日, 公立ほこだて未来大学(北海道函館市)
38. 鳥村 匠 来村 徳信 古崎 晃司 瀧口 理一郎 駒谷 和範, 生物の機能実現方法に基づく発想支援のためのオントロジー構築とそのガイドラインの提案, 2015 年度人工知能学会全国大会(第29回), 2015年05月30日~2015年05月30日, 公立ほこだて未来大学(北海道函館市)
39. 来村 徳信 瀧口 理一郎, 目的指向性に基づく人工物・生体・社会的組織・行為・サービスの統合的モデル構築の試み, 2015 年度人工知能学会全国大会(第29回), 2015年05月30日~2015年05月30日, 公立ほこだて未来大学(北海道函館市)
40. 高月照江、矢田有加里、斎藤実香子、高田豊行、真下知士、成瀬清、若菜茂 晴、田中信彦、榎屋啓志, 生物種を超えた表現型情報統合のためのデータ作成, 第62回日本実験動物学会総会, 2015年06月08日~2015年06月08日, 京都テルサ(京都府京都市)
41. 榎屋啓志, セマンティック Web 技術を用いたバイオリソースデータの標準化と整備, 第1回理化学研究所・産業技術総合研究所 共同シンポジウム, 2015年06月29日~2015年06月29日, 産業技術総合研究所(東京都江東区)
42. 高月 照江、齋藤 実香子、大島 和也、高山 英紀、金子 裕代、成瀬 清、若菜 茂晴、田中 信彦、榎屋 啓志, 表現型情報統合データベースのためのデータ作成, 学会等名, 第38回分子生物学会年会・第88回生化学会大会合同大会(BMB2015: Biochemistry and Molecular Biology 2015)(国際学会, 2015年12月03日~2015年12月03日, 神戸ポートアイランド(兵庫県神戸市))
43. Hiroshi Masuya, Terue Takatsuki, Mikako Saito, Eiki Takayama, Kazuya Ohshima, Nozomu Ohshiro, Kai Lenz, Nobuhiko Tanaka, Hiroshi Mori, Shuichi Kawashima and Norio Kobayashi, RDF-based data sharing of bio-resource related information, SWAT4LS International Conference(国際学会), 2015年12月08日~2015年12月08日, Cambridge, United Kingdom
44. 榎屋啓志、小林紀郎, 生物表現型ビッグデータの形成に向けて:セマンティック Web 技術を用いた表現型データの統合, 第2回理化学研究所・産業技術総合研究所 共同シンポジウム, 2016年02月02日~2016年02月02日, 産業技術総合研究所(茨城県つくば市)
- 〔図書〕(計2件)
1. 榎屋啓志, バイオ分野におけるオントロジー, 人工知能学会編, 共立出版, 人工知能学大辞典 2017
 2. 榎屋啓志・若菜茂晴, マウスの解析に役立つデータベース・ウェブツール, 実験医学別冊マウス表現型解析スタンダード, 36-46, 2016, 羊土社
- 〔その他〕
- ホームページ等
<http://jphenome.info>
6. 研究組織
- (1)研究代表者
 榎屋啓志(MASUYA, Hiroshi)
 国立研究開発法人理化学研究所・バイオリソースセンター・ユニットリーダー
 研究者番号: 40321814
- (2)研究分担者
 瀧口理一郎(MIZOGUCHI, Riichiro)
 北陸先端科学技術大学院大学・サービスサイエンス研究センター・教授
 研究者番号: 20116106
- 古崎晃司(KOZAKI, Kouji)
 大阪大学・産業科学研究所・准教授
 研究者番号: 00362624
- (3)連携研究者
 大浪修一(ONAMI, Shuichi)
 国立研究開発法人理化学研究所・生命システム研究センター・チームリーダー
 研究者番号: 50348843
- 真下知士(MASHIMO, Tomoji)
 大阪大学・大学院医学系研究科附属動物実験施設・准教授
 研究者番号: 80397554
- 高田豊行(TAKADA, Toyoyuki)
 国立遺伝学研究所・哺乳動物遺伝研究室・助教
 研究者番号: 20356257