

平成 22 年 5 月 31 日現在

研究種目：特定領域研究
 研究期間：2004 ～ 2009
 課題番号：16063101
 研究課題名（和文）ゲノム機能解析とインフォマティクスを駆使した生命システムの解明
 研究課題名（英文）Systems genomics towards system-level understanding of life
 研究代表者
 高木 利久（TAKAGI TOSHIHISA）
 東京大学・大学院新領域創成科学研究科・教授
 研究者番号：30110836

研究成果の概要（和文）：本総括班では、ゲノム特定4領域の一つである「生命システム情報」の4つの研究項目間の緊密な連携を図り、領域全体を有機的に円滑に運営し、研究を効率良く進める為の活動を行った。また、「生命システム情報」だけでなく、本領域と一体として設計・設定された3つの特定領域「比較ゲノム」、「応用ゲノム」、「基盤ゲノム」をあわせたゲノム特定4領域全体の有機的、効率的運営の為の活動もあわせて展開した。

研究成果の概要（英文）：The steering group promoted the cooperation among four different research groups in Systems Genomics, one of the four research areas of the new genome research project. We also performed a variety of activities to manage the whole research area (that is, not only Systems Genomics but other three areas: Comparative Genomics, Applied Genomics, and Comprehensive Genomics) organically and smoothly, so that they can promote their research effectively as an entire research area.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2004 年度	3,500,000	0	3,500,000
2005 年度	102,600,000	0	102,600,000
2006 年度	93,700,000	0	93,700,000
2007 年度	94,800,000	0	94,800,000
2008 年度	94,500,000	0	94,500,000
2009 年度	94,500,000	0	94,500,000
総計	483,600,000	0	483,600,000

研究分野：ゲノム情報科学

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：生命システム、ゲノム機能解析、生命シミュレーション、バイオインフォマティクス、遺伝子ネットワーク、表現型解析、ゲノムオントロジー、システム生物学

1. 研究開始当初の背景

ヒトの遺伝子数が予想よりも少なかったことはゲノム配列決定から得られた大きな発見であった。これはわれわれの遺伝子観を大きく転換させるものであった。ゲノムはわれわれの想像をはるかに超える巧妙な仕組

みを獲得して生命現象を司っているのである。このメカニズム、すなわち、素過程としての遺伝子ネットワークを解析し、それらを統合して生命のシステムを明らかにすることこそが新たな段階のゲノム研究に求められている。

そこで、本領域では、「ゲノム情報から生命をシステムとして理解するための方法論と技術(情報、計測、実験)の開発およびこれらを駆使した生命システムの新たな理解」を領域の目標に掲げて研究を展開する。より具体的には、ゲノム情報からの相互作用およびパスウェイやネットワークの予測、パスウェイやネットワークとの種々の生命現象との対応付けによるシステムの解明、システムの解析による高次機能(細胞や生体の振る舞い)の予測、およびこれらを可能とするための方法論や技術(情報、計測、実験)の開発や機能データの網羅的収集を行う。また、このようにして開発した技術やデータを駆使して種々のレベルの生命システムを計算機上に再構築するとともに、これらを解析することにより生命システム(細胞システム、多細胞システム)の振る舞いやシステムに内在する規則性(階層性、共通性、多様性、冗長性など)に関して新たな視点を提示したり、新たな概念を発見したりすることを目指す。

本領域は、ゲノム研究を基盤として、その上に生物、情報、計測の各分野を融合した新たな研究スタイルを確立し、生命のより深い理解を目指すものである。

2. 研究の目的

ゲノム特定4領域は、ゲノムから複雑で巧妙な生命システムの仕組みを解き明かす「生命システム情報」、比較ゲノムを通して生物の進化、多様化に迫る「比較ゲノム」、ゲノム研究の成果を人の健康問題や産業に役立てる「応用ゲノム」、および、これらの3つの領域の基盤を構築する「基盤ゲノム」からなる。本総括班は、この4つの領域の一つである「生命システム情報」を有機的かつ円滑に運営し、研究を効率良く進めるためのものである。生命システム情報は、生物系、情報系、計測系、物理系などさまざまな分野からの研究者が集結し融合して研究を進めることを大きな特徴としている。そのため、個々の研究を有機的に結合させるための場や機会をできるだけ提供することが本総括班の大きな目標となっている。一方、本総括班は、生命システム情報だけでなく、ゲノム特定の4領域全体の総括班としての機能、さらに言えば、わが国のゲノム研究全体の総括班的役割も担うことを目指している。

3. 研究の方法

このような研究を推進するにあたり、さまざまな分野の融合を図ることが本領域の目的ではあるが、対象とする研究領域の広がり、公募研究への応募のしやすさ、挑戦的な研究を受け入れやすくすること、などに配慮して、本領域では領域を以下の4つの研究項目に分けて、研究を展開することとした。

研究項目 A01：ゲノム機能に関する情報の収集と統合による生命システムの再構築
研究項目 A02：高度なデータ取得技術の開発とそれを用いた生命システムの解明
研究項目 A03：モデル化とシミュレーションによる生命システムの理解
研究項目 A04：生命システム解明のための革新的な情報解析技術の開発

これら4つの研究項目に、平成17年度は、計画研究16件、公募研究28件の合計44件、平成18年度は、計画研究18件、公募研究31件の合計49件、平成19年度は平成18年度の継続であるため、同じく、計画研究18件、公募研究31件の合計49件、平成20年度は、計画研究18件、公募研究30件の合計48件、平成21年度は、平成20年度の継続であるが、新学術領域研究に採択され抜けた公募研究が3課題あったため、計画研究18件、公募研究27件の合計45件の研究課題が設定され、活発な研究活動を展開してきた。

本領域では、上記4つの研究項目間の緊密な連携を図り、領域全体を有機的に円滑に運営し、研究を効率良く進めるために、総括班を設けた。この総括班は、「生命システム情報」だけでなく、本領域と一体として設計・設定された3つの特定領域「比較ゲノム」、「応用ゲノム」、「基盤ゲノム」を合わせた、ゲノム特定4領域全体の総括班的な機能も果たすように設計した。そのため、ゲノム特定4領域の有機的、効率的運営のための活動もあわせて展開してきた。具体的には、4領域合同班会議の開催、ホームページの構築維持管理、電子名簿の作成、情報交換のためのSNS(ソーシャルネットワーキングサービス)の構築や運営なども行った。この他にも、国内の関連プロジェクトやセンターとの連絡調整機能も果たしてきた。さらに、市民との交流イベントである「ゲノムひろば」や「ミニゲノムひろば」、公開シンポジウムの開催などの活動も行った。これらの活動を推進するために、総括班に、「広報委員会」と「社会との接点委員会」を設けた。

4. 研究成果

本領域の成果の概要を、以下に簡潔にまとめる。

<A01：ゲノム機能に関する情報の収集と統合による生命システムの再構築>

- ・文献からの知識抽出手法および抽出された知識の組み合わせによる新たな知識の発見手法の開発
- ・ゲノム配列情報と分子系統樹からの遺伝子セットの進化の再構築手法の開発
- ・9種類のメダカ変異体(初期発生や器官形成にかかわる)の原因遺伝子の解明とその機能解析
- ・シミュレーションと実験による周期性の創

出機構モデル（ゼブラフィッシュ胚の分節時計）の検証

- ・枯草菌・大腸菌の必須遺伝子の機能解析および核様蛋白質の機能解明
- ・タイリングアレイによる枯草菌・大腸菌の転写制御ネットワークの解明
- ・ゲノムの改変によるショウジョウバエ表現型情報の大規模な収集・解析とデータベース化
- ・ショウジョウバエの翅および胚発生の表現型解析と翅サイズ変化にかかわる遺伝子候補の同定
- ・線虫の表現型情報の収集と解析のための種々の技術開発
- ・大規模 RNAi による線虫の胚性致死表現型データベース構築

<A02：高度なデータ取得技術の開発とそれを用いた生命システムの解明>

- ・完全長 cDNA 解析による世界最大の酵母転写開始点データベースの構築
- ・PCS-MS による複合体・パスウェイの定量解析技術開発
- ・CFP から YFP への 98% の FRET 効率を達成する融合蛋白質の開発
- ・世界でも最も大きいストークスシフト（励起波長と蛍光波長の差）を示す蛍光蛋白質の開発
- ・高感度かつハイスループットなシグナリング分子の相互作用の動態定量化技術の開発
- ・上記の技術を用いた、神経細胞のカルシウムシグナルに関わる分子の新規パスウェイの同定
- ・網羅的な代謝物質の測定および代謝ネットワークの構築のための種々の技術開発
- ・上記を用いた大腸菌や種々のがんのメタボローム解析
- ・細胞間同調機構の再構築のための種々の基盤技術の開発
- ・30 年間未解決のシンギュラリティ現象（概日時計停止現象）のメカニズム解明

<A03：モデル化とシミュレーションによる生命システムの理解>

- ・シミュレーションと実験によるスパイクタイミング依存シナプス可塑性の機構解明
- ・アフリカツメガエルにおける視覚系ネットワークの方向選択性獲得機構の解明
- ・ゼブラフィッシュを用いた縞模様形成における細胞レベルの機構解明
- ・体節形成を制御する遺伝子発現の振動機構のモデル化
- ・上記モデルの、計算機シミュレーションと遺伝子改変マウスによる検証

<A04：生命システム解明のための革新的な情報解析技術の開発>

- ・表現型（ショウジョウバエの翅脈）のイメ

ージ処理技術の開発とそれによるデータベース化

- ・超高速ゲノム解読装置のための大量データ処理技術開発と転写開始点の網羅的収集等への応用
- ・ベイジアンネットワーク等による信頼性の高い遺伝子ネットワーク推定技術の開発
- ・生命ネットワーク情報の電子化整理技術（例：パスウェイの記述とシミュレーション）の開発
- ・代謝情報を Wiki 上で管理し共有する技術の開発
- ・植物二次代謝物フラボノイドの階層分類とデータベース化
- ・EST ライブラリ情報からの効率的解剖用語の収集と半自動分類
- ・生命科学の教科書を利用した専門用語の構造化手法の開発と遺伝子発現解析への応用

これらの研究成果を生み出す過程において、複数の分野にまたがるさまざまな共同研究が生まれ、その結果、理論（数理シミュレーションや情報解析）と実験を融合した新たな研究スタイルの創出、データ収集からデータ解析まで一貫した研究の設計と実行など、本領域はこれからの生命科学に必要とされる新しい研究スタイルや方法論の創出に大きく貢献してきた。また、これからの生命科学におけるシステム生物学的アプローチの重要性については論を待たないが、そのための人材育成や技術開発（定量計測技術など）についても大きな成果が得られた。また、研究基盤としてのデータベース構築や解析ソフトウェア開発にも多大な成果があった。なお、これらの成果に関して領域全体で 800 報ほどの論文、12 件の特許が出ている。さらに成果の一部はデータベースや解析ソフトウェアの形でインターネットを通じて世界中に公開されている。そのサイト数は 89 件のほり、世界中から日々多くのアクセスを集めている。

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 96 件）※すべて査読有
- (1) Iwasaki, W. and Takagi, T.: Rapid pathway evolution facilitated by horizontal gene transfers across prokaryotic lineages, PLoS Genetics, 5(3), e1000402 (2009).
 - (2) Rensing, SA., Lang, D., Zimmer, AD., Terry, A., Salamov, A., Shapiro, H., Nishiyama, T., Perroud, PF., Lindquist, EA., Kamisugi, Y., Tanahashi, T., Sakakibara, K., Fujita, T., Oishi, K.,

- Shin-I, T., Kuroki, Y., Toyoda, A., Suzuki, Y., Hashimoto, S., Yamaguchi, K., Sugano, S., Kohara, Y., Fujiyama, A., Anterola, A., Aoki, S., Ashton, N., Barbazuk, WB., Barker, E., Bennetzen, JL., Blankenship, R., Cho, SH., Dutcher, SK., Estelle, M., Fawcett, JA., Gundlach, H., Hanada, K., Heyl, A., Hicks, KA., Hughes, J., Lohr, M., Mayer, K., Melkozernov, A., Murata, T., Nelson, DR., Pils, B., Prigge, M., Reiss, B., Renner, T., Rombauts, S., Rushton, PJ., Sanderfoot, A., Schween, G., Shiu, SH., Stueber, K., Theodoulou, FL., Tu, H., Van de Peer Y., Verrier, PJ., Waters, E., Wood, A., Yang, L., Cove, D., Cuming, AC., Hasebe, M., Lucas, S., Mishler, BD., Reski, R., Grigoriev, IV., Quatrano, RS. and Boore, JL. : The Physcomitrella genome reveals evolutionary insights into the conquest of land by plants, *Science*, 319(5859), 64-69 (2008).
- (3) Takahashi, Y., Seki, N., Ishiura, H., Mitsui, J., Matsukawa, T., Kishino, A., Onodera, O., Aoki, M., Shimozawa, N., Murayama, S., Itoyama, Y., Suzuki, Y., Sobue, G., Nishizawa, M., Goto, J. and Tsuji, S. : Development of a high-throughput microarray-based resequencing system for neurological disorders and its application to molecular genetics of amyotrophic lateral sclerosis, *Arch Neurol*, 65(10), 1326-1332 (2008).
- (4) Iwasaki, W. and Takagi, T. : Reconstruction of highly heterogeneous gene-content evolution across the three domains of life, *Bioinformatics*, 23(13), i230-239 (2007).
- (5) 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(7145), 714-719 (2007).
- (6) Suzuki, S., Ono, R., Narita, T., Pask, AJ., Shaw, G., Wang, C., Kohda, T., Alsop, AE., Marshall, Graves, JA., Kohara, Y., Ishino, F., Renfree, MB. and Kaneko-Ishino, T. : Retrotransposon silencing by DNA methylation can drive mammalian genomic imprinting, *PLoS Genet.*, 3(4), e55 (2007).
- (7) Kagoshima, H., Nimmo, R., Saad, N., Tanaka, J., Miwa, Y., Mitani, S., Kohara, Y. and Woollard, A. : The *C. elegans* CBFbeta homologue BRO-1 interacts with the Runx factor, RNT-1, to promote stem cell proliferation and self-renewal, *Development*, 134(21), 3905-3915 (2007).
- (8) Kobayashi, H., Akitomi, J., Fujii, N., Kobayashi, K., Altaf-Ul-Amin, M., Kurokawa, K., Ogasawara, N. and Kanaya, S. : The entire organization of transcription units on the *Bacillus subtilis* genome, *BMC Genomics*, 8, 197 (2007).
- (9) Tsuritani, K., Irie, T., Yamashita, R., Sakakibara, Y., Wakaguri, H., Kanai, A., Mizushima-Sugano, J., Sugano, S., Nakai, K. and Suzuki, Y. : Distinct class of putative "non-conserved" promoters in humans: comparative studies of alternative promoters of human and mouse genes, *Genome Res.*, 17(7), 1005-1014 (2007).
- (10) Yu, JK., Satou, Y., Holland, ND., Shin-I, T., Kohara, Y., Satoh, N., Bronner-Fraser, M. and Holland, LZ. : Axial patterning in cephalochordates and the evolution of the organizer, *Nature*, 445(7128), 613-617 (2007).
- (11) Yamato, KT., Ishizaki, K., Fujisawa, M., Okada, S., Nakayama, S., Fujishita, M., Bando, H., Yodoya, K., Hayashi, K., Bando, T., Hasumi, A., Nishio, T., Sakata, R., Yamamoto, M., Yamaki, A., Kajikawa, M., Yamano, T., Nishide, T., Choi, SH., Shimizu-Ueda, Y., Hanajiri, T., Sakaida, M., Kono, K., Takenaka, M., Yamaoka, S., Kuriyama, C., Kohzu, Y., Nishida, H., Brennicke, A., Shin-I, T., Kohara, Y., Kohchi, T., Fukuzawa, H. and Ohyama, K. : Gene organization of the liverwort Y chromosome reveals distinct sex chromosome evolution in a haploid system, *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 104(15), 6472-6477 (2007).
- (12) Watanabe, J., Wakaguri, H., Sasaki, M., Suzuki, Y. and Sugano, S. : Comparasite: a database for comparative study of transcriptomes of parasites defined by full-length cDNAs, *Nucleic Acids Res.*, 35(Database issue), D431-438 (2007).
- (13) Wang, HY., Chien, HC., Osada, N.,

- Hashimoto, K., Sugano, S., Gojobori, T., Chou, CK., Tsai, SF., Wu, CI. and Shen, CK.: Rate of evolution in brain-expressed genes in humans and other primates, *PLoS Biol.*, 5(2), e13 (2007).
- (14)Noguchi, H., Park, J. and Takagi, T.: MetaGene: prokaryotic gene finding from environmental genome shotgun sequences, *Nucleic Acids Res.*, 34 (19), 5623-5630 (2006).
- (15)Taylor, TD., Noguchi, H., Totoki, Y., Toyoda, A., Kuroki, Y., Dewar, K., Lloyd, C., Itoh, T., Takeda, T., Kim, DW., She, X., Barlow, KF., Bloom, T., Bruford, E., Chang, JL., Cuomo, CA., Eichler, E., FitzGerald, MG., Jaffe, DB., LaButti, K., Nicol, R., Park, HS., Seaman, C., Sougnez, C., Yang, X., Zimmer, AR., Zody, MC., Birren, BW., Nusbaum, C., Fujiyama, A., Hattori, M., Rogers, J., Lander, ES. and Sakaki, Y.: Human chromosome 11 DNA sequence and analysis including novel gene identification, *Nature*, 440(7083), 497-500 (2006).
- (16)Kawai, Y. and Ogasawara, N.: *Bacillus subtilis* EzrA and FtsL synergistically regulate FtsZ ring dynamics during cell division, *Microbiology*, 152(Pt 4), 1129-1141 (2006).
- (17)Miura, F., Kawaguchi, N., Sese, J., Toyoda, A., Hattori, M., Morishita, S. and Ito, T.: A large-scale full-length cDNA analysis to explore the budding yeast transcriptome, *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 103(47), 17846-17851 (2006).
- (18)Kuroki, Y., Toyoda, A., Noguchi, H., Taylor, TD, Itoh, T., Kim, DS, Kim, DW, Choi, SH, Kim, IC, Choi, HH, Kim, YS, Satta, Y, Saitou N., Yamada, T., Morishita, S., Hattori, M., Sakaki, Y., Park, HS, and Fujiyama, A.: Comparative analysis of chimpanzee and human Y chromosomes unveils complex evolutionary pathway, *Nat. Genet.*, 38(2), 158-167 (2006).
- (19)Noirot-Gros, MF., Velten, M., Yoshimura, M., McGovern, S., Morimoto, T., Ehrlich, SD., Ogasawara, N., Polard, P. and Noirot, P.: Functional dissection of YabA, a negative regulator of DNA replication initiation in *Bacillus subtilis*, *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 103(7), 2368-2373 (2006).
- (20)Kimura, K., Wakamatsu, A., Suzuki, Y., Ota, T., Nishikawa, T., Yamashita, R., Yamamoto, J., Sekine, M., Tsuritani, K., Wakaguri, H., Ishii, S., Sugiyama, T., Saito, K., Isono, Y., Irie, R., Kushida, N., Yoneyama, T., Otsuka, R., Kanda, K., Yokoi, T., Kondo, H., Wagatsuma, M., Murakawa, K., Ishida, S., Ishibashi, T., Takahashi-Fujii, A., Tanase, T., Nagai, K., Kikuchi, H., Nakai, K., Isogai, T. and Sugano, S.: Diversification of transcriptional modulation: large-scale identification and characterization of putative alternative promoters of human genes, *Genome Res.*, 16(1), 55-65 (2006).
- (21)Nusbaum, C., Zody, MC., Borowsky, ML., Kamal, M., Kodira, CD., Taylor, TD., Whittaker, CA., Chang, JL., Cuomo, CA., Dewar, K., FitzGerald, MG., Yang, X., Abouelleil, A., Allen, NR., Anderson, S., Bloom, T., Bugalter, B., Butler, J., Cook, A., DeCaprio, D., Engels, R., Garber, M., Gnirke, A., Hafez, N., Hall, JL., Norman, CH., Itoh, T., Jaffe, DB., Kuroki, Y., Lehoczký, J., Lui, A., Macdonald, P., Mauceli, E., Mikkelsen, TS., Naylor, JW., Nicol, R., Nguyen, C., Noguchi, H., O'Leary, SB., O'Neill, K., Piquani, B., Smith, CL., Talamas, JA., Topham, K., Totoki, Y., Toyoda, A., Wain, HM., Young, SK., Zeng, Q., Zimmer, AR., Fujiyama, A., Hattori, M., Birren, BW., Sakaki, Y. and Lander, ES.: DNA sequence and analysis of human chromosome 18, *Nature*, 437(7058), 551-555 (2005).
- (22)Kasai, Y., Hashimoto, S., Yamada, T., Sese, J., Sugano, S., Matsushima, K. and Morishita, S.: 5' SAGE: 5'-end serial analysis of gene expression database, *Nucleic Acids Res.*, 33(Database issue), D550-552 (2005).
- (23)Miura, F., Uematsu, C., Sakaki, Y. and Ito, T.: A novel strategy to design highly specific PCR primers based on the stability and uniqueness of 3'-end subsequences, *Bioinformatics*, 21(24), 4363-4370 (2005).
- (24)Koike, A., Niwa, Y. and Takagi, T.: Automatic extraction of gene/protein biological functions from biomedical text, *Bioinformatics*, 21(7), 1227-1236 (2005).
- (25)Yamada, Y., Watanabe, H., Miura, F., Soejima, H., Uchiyama, M., Iwasaka, T., Mukai, T., Sakaki, Y., and Ito, T.: A comprehensive analysis of allelic methylation status of CpG islands on human chromosome 21q, *Genome Res.*, 14(2), 247-266 (2004).

- (26) Hashimoto, S., Suzuki, Y., Kasai, Y., Morohoshi, K., Yamada, T., Sese, J., Morishita, S., Sugano, S. and Matsushima, K.: 5'-end SAGE for the analysis of transcriptional start sites, *Nature Biotechnology*, 22(9), 1146-1149 (2004).
- (27) Watanabe, H., Fujiyama, A., Hattori, M., Taylor, TD, Toyoda, A., Kuroki, Y., Noguchi, H., BenKahla, A., Lehrach, H., Sudbrak, R., Kube, M., Taenzer, S., Galgoczy, P., Platzer, M., Scharfe, M., Nordsiek, G., Blöcker, H., Hellmann, I., Khaitovich, P., Pääbo, S., Reinhardt, R., Zheng, HJ, Zhang, XL, Zhu, GF, Wang, BF, Fu, G., Ren, SX, Zhao, GP, Chen, Z., Lee, YS, Cheong, JE, Choi, SH, Wu, KM, Liu, TT, Hsiao, KJ, Tsai, SF, Kim, CG, Oota, S., Kitano, T., Kohara, Y., Saitou, N., Park, HS, Wang, SY, Yaspo, ML and Sakaki, Y.: DNA sequence and comparative analysis of chimpanzee chromosome 22, *Nature*, 429(6990), 382-388 (2004).

[学会発表] (計 15 件)

- (1) Ito, T., Unexpected complexity of the budding yeast transcriptome: Yeast as a potential model organism for ncRNA research, The 7th International Workshop on Advanced Genomics, 2007/11/28, Tokyo
- (2) Kusuya, Y. (Ogasawara, N.), Distribution of transcription elongation factor NusA and GreA in *Bacillus subtilis*., 4th Conference on Functional Genomics of Gram-Positive Microorganisms, 2007/06/25, Pisa, Italy

[図書] (計 8 件)

- (1) 渡邊 日出海 (藤山 秋佐夫)、羊土社、ヒトへの進化のゲノム基盤、ヒト・霊長類の比較ゲノム解析(「実験医学」25, pp226-231)、2007、6
- (2) 黒木 陽子 (藤山 秋佐夫)、秀潤社、ヒトと霊長類の比較ゲノム: 近縁種との比較から見るヒトゲノムの特徴(「細胞工学別冊 比較ゲノム学から読み解く生命システム」pp43-49)、2007、7

[その他]

- (1) 特定領域ゲノム4領域ホームページ
<http://www.genome-sci.jp>
- (2) ゲノムひろば
<http://hiroba.genome-sci.jp/>
- (3) BioTermNet
<http://btn.ontology.ims.u-tokyo.ac.jp/>
- (4) OReFil
<http://orefil.dbcls.jp/>

- (5) 出芽酵母完全長 cDNA 解析プロジェクト HP
<http://itolab.cb.k.u-tokyo.ac.jp/GCap/>
- (6) UT Genome Browser for yeast
<http://yeast.utgenome.org/>

6. 研究組織

(1) 研究代表者

高木 利久 (TAKAGI TOSHIHISA)
東京大学・大学院新領域創成科学研究科・教授
研究者番号: 30110836

(2) 研究分担者

伊藤 隆司 (ITO TAKASHI)
東京大学・大学院新領域創成科学研究科・教授
研究者番号: 90201326
(H20 より連携研究者)

小笠原 直毅 (OGASAWARA NAOTAKE)
奈良先端科学技術大学院大学・情報科学研究科・教授
研究者番号: 10110553
(H16-H20)

藤山 秋佐夫 (FUJIYAMA ASAO)
国立情報学研究所・情報学フロンティア研究系・教授
研究者番号: 60142311
(H20 より連携研究者)

辻 省次 (TSUJI SHOJI)
東京大学・医学部附属病院・教授
研究者番号: 70150612
(H20 より連携研究者)

小原 雄治 (KOHARA YUJI)
国立遺伝学研究所・生物遺伝資源情報総合センター・教授
研究者番号: 70135292
(H20 より連携研究者)

菅野 純夫 (SUGANO SUMIO)
東京大学・大学院新領域創成科学研究科・教授
研究者番号: 60162848
(H20 より連携研究者)

久原 哲 (KUHARA SATORU)
九州大学・大学院農学研究院・教授
研究者番号: 00153320
(H21)

林 哲也 (HAYASHI TETSUYA)
宮崎大学・フロンティア科学実験総合センター・教授
研究者番号: 10173014
(H21)

加藤 和人 (KATO KAZUTO)
京都大学・人文科学研究所・准教授
研究者番号: 10202011
(H21)