

平成22年 6月 1日現在

研究種目：特定領域研究

研究期間：2005～2009

課題番号：17018032

研究課題名（和文）比較ゲノム解析に基づく進化メカニズム研究

研究課題名（英文）Study of evolutionary mechanism based on comparative genome analysis

研究代表者

齋藤 成也 (SAITOU NARUYA)

国立遺伝学研究所・集団遺伝研究系・教授

研究者番号：30192587

研究成果の概要（和文）：

本研究では以下に示す一連の成果をあげた：哺乳類ゲノムの直列重複遺伝子間で遺伝子変換が高頻度で生じていることの発見；大規模塩基配列の高速多重整列システム MISHIMA の開発；系統ネットワーク解析による数百万年前の遺伝子内組換えの発見；短塩基配列の頻度パターンに基づいて推定した近縁な細菌の系統関係が比較的正しく復元されることを発見；ヒトの精神疾患にかかわる遺伝子についての分子進化的解析。

研究成果の概要（英文）：

We obtained series of results shown as follows: discovery of gene conversion with high frequency on tandem duplicate genes of mammalian genomes; development of rapid multiple alignment system MISHIMA for large scale nucleotide sequences; discovery of intragenic recombination occurred million years ago through phylogenetic network analysis; discovery of high rate of reconstruction of closely related bacterial phylogeny based on frequency pattern of oligonucleotides; molecular evolutionary analyses on genes involved in human mental diseases.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2005年度	20,900,000	0	20,900,000
2006年度	18,400,000	0	18,400,000
2007年度	18,400,000	0	18,400,000
2008年度	15,000,000	0	15,000,000
2009年度	15,000,000	0	15,000,000
総計	87,700,000	0	87,700,000

研究分野：複合新領域

科研費の分科・細目：ゲノム科学・ゲノム生物学

キーワード：遺伝学・遺伝子・ゲノム・進化・人類学

1. 研究開始当初の背景

この研究課題の準備状況等

- ・研究代表者の齋藤は、比較ゲノム解析のた

めのリソース整備をするために、藤山秋佐夫（国立情報学研究所）と共同で、ゴリラのフォスミドライブラリーとPCRを用いたそのスクリーニングシステムを完成させた。ま

た現在ニホンザルのBACライブラリーも構築中である。これらのクローンライブラリーをスクリーニングして、チンパンジーとゴリラのHoxAクラスター全体およびRh式血液型クラスターの配列決定と比較ゲノム解析を行っている。また、理化学研究所を中心としたチンパンジー22番染色体ゲノム配列決定の国際コンソーシウムにも参加した。このような先行研究によって、大規模なゲノムの部分配列を複数の生物種で比較する実験技法およびコンピュータ解析技術をすでに身につけている。

・研究代表者の斎藤は、自分たち自身で塩基配列を決定した遺伝子を含めて、ヒト、チンパンジー、ゴリラ、オランウータンの103個について詳細な分子進化的解析を行い、ヒトの系統でアミノ酸置換が有意に高くなっている遺伝子数個を同定した。また、これらヒト上科に加えて旧世界猿におけるABO式血液型遺伝子および他のいくつかの遺伝子の塩基配列を決定し、分子進化的解析を行った。一方、大部分のゲノム配列が決定されたマウス、ラット、ヒトゲノムを大規模比較する研究を現在進めている。このように、多数の遺伝子を複数種について大規模に比較する技術をすでに有している。

・研究代表者・斎藤の研究協力者である隅山健太（国立遺伝学研究所・集団遺伝研究系・助手）は、米国イェール大学Frank Ruddle研究室でトランスジェニック・マウス解析技法を身につけており、すでに予備実験を始めている。

・研究分担者の颯田は、X染色体とY染色体上にある相同領域の大規模比較を行い、性染色体上の遺伝子の分子進化的解析を行っている。また、X染色体上の遺伝子に挿入した転移因子による偽遺伝子化についての解析を行っている。

2. 研究の目的

哺乳類、特に霊長類のゲノム配列を大規模に比較し、哺乳類、霊長類、ヒトという3段階での、遺伝子の発現様式の独自性を明らかにする。これらの知見から、ゲノムのDNA変化と表現型の変化をつなげることを目的とする。

・颯田班では、ヒトゲノムでの、偽遺伝子の網羅的探索を行い、個々の偽遺伝子が、他の霊長類でも偽遺伝子化しているかどうか、また偽遺伝子化とゲノムの高次構造とに関連がないかを、ヒトを含めた霊長類のゲノム比較で明らかにしようとしている。

・ヒト、マウス、ラットなどの哺乳類の異なる目のゲノムを大規模同時比較することにより、限定された長さの塩基配列について、全哺乳類で進化的に保存された領域を網羅的に抽出する。これらの領域について転写因

子が結合する可能性のあるものを選び出し、生物種群ごとの進化を考察する。霊長類については、既知の哺乳類ゲノムの解析から特定された領域のゲノム配列を決定し、霊長類に特徴的に保存されている領域（コード・非コード領域とも）を検索する。

・哺乳類全般で進化的に保存されている非コード領域を一連の方法により絞り込む。これらの領域がどのような遺伝子の発現をになっているのか、トランスジェニックマウスを用いて解析する。

・以上の解析で明らかになったヒト特異的ゲノム変化の全体像を、従来的人类進化の研究で知られているヒト特異的形質の獲得と対応させることによって、ヒト特異的、ヒト上科（ヒトと類人猿）特異的、狭鼻猿（ヒト上科と旧世界猿）特異的、真猿（狭鼻猿と新世界猿）特異的、霊長類特異的、哺乳類特異的な遺伝子変化と表現型の変化との対応を発見する。

・進化的に近縁な複数のゲノム配列の比較解析結果を効率よくしかも使用者にわかりやすく図示できるシステムを開発し、それを用いて霊長類を中心とする哺乳類ゲノムの比較ゲノム解析を行う。

3. 研究の方法

(1) ヒト特異的偽遺伝子の網羅的解析：ヒト、マウス、チンパンジーゲノムの配列情報とEST情報を組み合わせることにより、ヒト特異的偽遺伝子の候補を網羅的に探索する。これによって見いだされた一連の候補遺伝子の塩基配列を、ヒト以外の霊長類で決定し、ヒトと比較してどの進化段階で機能を失ったのかを明らかにする。常染色体上の遺伝子を研究代表者の斎藤が、X染色体上の遺伝子を研究分担者の颯田が担当する。

(2) 比較ゲノム解析による生物群特異的遺伝子調節領域の発見：ヒト、マウス、ラット、イヌ、ウシ、ウマなどの哺乳類の異なる目のゲノムを大規模同時比較することにより、限定された長さの塩基配列について、全哺乳類で進化的に保存された領域を網羅的に抽出する。これらの領域について転写因子が結合する可能性のあるものを選び出し、生物種群ごとの進化を考察する。研究代表者の斎藤が担当する。

(3) ヒトが属する霊長類については、既知の哺乳類ゲノムの解析から特定された領域のゲノム配列を決定し、霊長類に特徴的に保存されている領域（コード・非コード領域とも）を検索する。常染色体上の遺伝子を研究代表者の斎藤が、X染色体上の遺伝子を研究分担者の颯田が担当する。

上記の研究を遂行するために必要な設備として、遠心分離機、PCR装置、シーケンサー、クローンピッカー、アレイ作成機など

(4) トランスジェニックマウスを用いたヒト特異的変化の発見：哺乳類全般で進化的に保存されている非コード領域の中で、特にヒトの系統でのみ変化が生じている部分を持つ領域を一連の方法により絞り込む。これらの領域がどのような遺伝子の発現をになっているのか、トランスジェニックマウスを用いて解析する。研究代表者の齋藤が担当する。

(5) 以上の解析で明らかになったヒト特異的ゲノム変化の全体像を、従来の人類進化の研究で知られているヒト特異的形質の獲得と対応させることによって、ヒト特異的、ヒト上科（ヒトと類人猿）特異的、狭鼻猿（ヒト上科と旧世界猿）特異的、真猿（狭鼻猿と新世界猿）特異的、霊長類特異的な遺伝子変化と表現型の変化との対応を発見する。常染色体上の遺伝子を研究代表者の齋藤が、X染色体上の遺伝子を研究分担者の颯田が担当する。

(6) ソフト開発と大規模データ解析：進化的に近縁な複数のゲノム配列の比較解析結果を効率よくしかも使用者にわかりやすく図示できるシステムを開発し、それを用いて霊長類を中心とする哺乳類ゲノムの比較ゲノム解析を行う。研究代表者の齋藤が担当する。

4. 研究成果

(1) 新しいアルゴリズムに基づくバクテリアゲノム規模の塩基配列データを高速に多重整列できるシステム MISHIMA を開発し、サーバーを公開するとともに論文を発表した（齋藤）。

(2) ヒトとアカゲザルのゲノムおよびマウスとラットのゲノムのタンパク質コード領域を詳細に比較し、霊長類と齧歯類の共通祖先から、霊長類、齧歯類特異的に生じた重複遺伝子が、種分化後に均一化してゆく過程を解析した。その結果、霊長類よりも齧歯類でより均一化が活発に生じており、大部分は遺伝子変換によるものだと考えられた（齋藤）。

(3) クジラ、ゾウ、ジュゴン、アザラシ、アシカ、コウモリ、ツチブタ、トドの哺乳類8種について、ヒト・マウス・ラットのゲノム比較から同定された極保存配列200余の塩基配列を決定し、既知の他の哺乳類のゲノム配列と詳細に比較した結果、一部の枝で進化速度がいったん高くなることを発見した（齋藤）。

(4) バクテリアゲノムの塩基配列データから、2~10塩基長の塩基パターンの頻度にもとづく進化距離を定義し、それらから系統樹を作成したところ、近縁なバクテリアでは系統樹が正しく復元される割合が高いことがわかった（齋藤）。

(5) テナガザル3種23個体について、A

B O式血液型遺伝子の部分配列を決定し、それらの系統ネットワークを作成したところ、過去数百万年のあいだに少なくとも5回の遺伝子内組換えが生じていることがわかった（齋藤）。

(6) 哺乳類の進化においてタンパク質のドメイン組み合わせの変化が生じてきた様子をデータベースの比較から抽出し、哺乳類特異的、齧歯類特異的、霊長類特異的な変化をそれぞれ見いだした。（齋藤）。

(7) 哺乳類、魚類、ショウジョウバエそれぞれのゲノム中のタンパク質コード遺伝子を構成するそれぞれのドメインにおいて、同義置換速度が極端に低いものを抽出し、それらの特性を調べたところ、明確な傾向が見られた。これは、コード領域の一部には塩基配列になんらかの機能が存在することを示唆する（齋藤）。

(8) 哺乳類を中心とするゲノムデータを解析し、非コード領域の中に、哺乳類特異的、齧歯類特異的、霊長類特異的な高度に保存されているDNA配列を多数発見した。これらの領域が持つ機能の可能性を調べ、また染色体での分布を調べたところ、各生物群によって著しい差が見いだされた（齋藤）。

(9) ヒトを含む様々な脊椎動物ゲノム配列の比較から、進化的に高度に保存しているパラボックス遺伝子クラスター内の非コード領域を抽出し、実際にそれらがエンハンサー活性を示すかどうかを検証するために、トランスジェニックマウスの作成を行い、エンハンサー活性のあることを確認した（齋藤）。

(10) 哺乳類のDlx遺伝子クラスターにおけるタンパク質非コード領域で進化的に保存されている領域を分析してエンハンサーの候補領域を特定し、それらについてトランスジェネティックマウス実験を用いて、エンハンサー活性を一部のものについて特定できた（齋藤）。

(11) ヒトゲノム上のさまざまな構造について、1 Mbを単位として、その中に含まれる、繰り返し等の構造を明らかにするためDotterを用いた解析を行った。この構造中には、ゲノムの平均像よりも多くの遺伝子が含まれていることが明らかになった。また、このような繰り返し構造をもつ配列間では、遺伝子変換が頻繁におきており、この遺伝子変換が構造中にある、遺伝子ファミリーの寿命と関係する可能性を示した（颯田）。

(12) ヒトX染色体上のゲノム構造を調べている。なかでも、MAGE-Aという癌免疫の際のエピトープをコードしている領域を含む構造の解析から、エピトープの多様性を保つことと、領域の構造が原因となる遺伝子変換との相反する力が、この構造の進化には重要な働きをしていることを示した。また、霊長類の

性染色体間での遺伝子変換について解析を行い、領域の不安定性に起因する遺伝子変換がヒトのみでなく、狭鼻猿類が分岐して以降、頻繁に起きていることを明らかにした(颯田)。

(13) SEC22Bの偽遺伝子は、チンパンジー、ゴリラでも同定された。同時に、それぞれの種に、SEC22BBの機能遺伝子が存在することも明らかになった。ヒトとチンパンジーのデータベースではいずれも、第1染色体上には1コピーしか報告されていない。他に、霊長類MHCの偽遺伝子化の生物学的意義について、および、ASAHIというスフィンゴリピド代謝に関与する遺伝子の進化についての解析結果を論文として発表した(颯田)。

(14) ヒトのY染色体上の雄性特異的遺伝子群について、常染色体上、X染色体上、他の哺乳類での相同遺伝子などの塩基配列とともに、これらの遺伝子群の起源と進化の過程を明らかにした(颯田)。

(15) ヒトの脂質蓄積症(LDS)関連の遺伝子近傍200kbのSNPを利用したハプロタイプ解析から、この遺伝子について正の自然選択が働いている可能性を示す結果を得た(颯田)

(16) Vertebrate Genome Annotation (VEGA) データベースにはヒトゲノム中の 710 の非プロセスド偽遺伝子が同定、登録されている。これらの偽遺伝子のうちアノテーションがついている 393 個の偽遺伝子についてホモローガスな遺伝子の機能をNCBIのデータベースから調べた(颯田)

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 18 件)

1. Ezawa K., Ikee K., Gojobori T., and Saitou N. (2010) Evolutionary Pattern of Gene Homogenization between Primate-Specific Paralogs after Human and Macaque Speciation using the 4-2-4 method. *Molecular Biology and Evolution* (in press) 査読有
2. Kryukov K. and Saitou N. (2010) MISHIMA - a new method for high speed multiple alignment of nucleotide sequences of bacterial genome scale data. *BMC Bioinformatics*, vol. 11, 142. 査読有
3. Kitano T., Noda R., Takenaka O., and Saitou N. (2009) Relic of ancient recombinations in gibbon ABO blood group genes deciphered through phylogenetic network analysis. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, vol. 51, pp. 465-471. 査読有
4. Takahashi M., Kryukov K., and Saitou N. (2009) Estimation of bacterial species phylogeny through oligonucleotide

frequency distances. *Genomics*, vol. 93, pp. 525-533. 査読有

5. Shimada M. K., Hayakawa S., Fujita S., Sugiyama Y., and Saitou N. (2009) Skewed Matrilineal Genetic Composition in a Small Wild Chimpanzee Community. *Folia Primatologica*, vol. 80, no. 1, pp. 19-32. 査読有

6. Hattori E., Nakajima M., Yamada K., Iwayama Y., Toyota T., Saitou N. and Yoshikawa T. (2009) Variable number of tandem repeat polymorphisms of DRD4: re-evaluation of selection hypothesis and analysis of association with schizophrenia. *European Journal of Human Genetics*, vol. 17, pp. 793-801. 査読有

7. Sasaki T., Nishihara H., Hirakawa M., Fujimura K., Tanaka M., Kokubo N., Kimura-Yoshida C., Matsuo I., Sumiyama K., Saitou N. Shimogori T. and Okada N. (2008) Possible involvement of SINEs in mammalian-specific brain formation. *Proceedings of the National Academy of Sciences of U.S.A.*, vol. 105, no. 11, pp. 4220-4225. 査読有

8. Liu Y.-H., Takahashi A., Kitano T., Koide T., Shiroishi T., Moriwaki K., and Saitou N. (2008) Mosaic genealogy of the *Mus musculus* genome revealed by 21 nuclear genes from its three subspecies. *Genes and Genetic Systems*, vol. 83, pp. 77-88. 査読有

9. Sawai H., Go Y., and Satta Y. (2008) Biological implication for loss of function at major histocompatibility complex loci. *Immunogenetics*, vol. 60 no. 6 pp. 295-302. 査読有

10. Kim H. L. and Satta Y. (2008) Population genetic analysis of the N-acylsphingosine amidohydrolase gene associated with mental activity in humans. *Genetics*, vol. 178, no. 3, pp. 1505-1515. 査読有

11. Nishioka T., Kamruzzaman M., Nishibuchi M. and Satta Y. (2008) On the origin and function of an insertion element VPai-1 specific to post-1995 pandemic *Vibrio parahaemolyticus* strains. *Genes Genetic Syst.* Vol. 83 no. 2 pp. 101-110 査読有

12. Bhomick, B. K., Satta, Y., Takahata, N. (2007) The origin and evolution of human ampliconic gene families and ampliconic. *Genome Res.*, vol. 17 pp. 441-450 査読有

13. Ezawa K., Oota S., and Saitou N. (2006) Genomewide search of gene conversions in duplicated genes of mouse and rat. *Molecular Biology and Evolution*, vol. 23, no. 5, pp. 927-940. 査読有

14. Kuroki Y., Toyoda A., Noguchi H., Taylor T.D., Itoh T., Kim D.S., Kim D.W., Choi S.H., Kim I.C., Choi H.H., Kim Y.S., Satta Y., Saitou N., Yamada T., Morishita S., Hattori M., Sakaki Y., Park H.S., and Fujiyama A. (2006) Comparative analysis of chimpanzee and human Y chromosomes unveils complex evolutionary pathway. *Nature Genetics*, vol. 38, no. 2, pp. 158-167. 査読有
15. Kitano T., Tian W., Umetsu K., Yuasa I., Yamazaki K., Saitou N., and Osawa M. (2006) Origin and evolution of gene for prolactin-induced protein. *Gene*, vol. 383, pp. 64-70. 査読有
16. Kaneko S., Aki I., Tsuda K., Mekada K., Moriwaki K., Takahata N., and Satta Y. (2006) Origin and evolution of processed pseudogenes that stabilize functional Makorin1 mRNAs in mice, primates and other mammals. *Genetics*, vol. 172, no. 4, pp. 2421-2429. 査読有
17. Bhowmick B.K., Satta Y., and Takahata N. (2006) The origin and evolution of human ampliconic gene families and ampliconic structure. *Genome Research*, vol. 17, no. 4, pp. 441-450. 査読有
18. Kitano T. and Saitou N. (2005) Evolutionary conservation of 5' upstream sequence of nine genes between human and great apes. *Genes and Genetic Systems*, vol. 80, No. 3, pp. 225-232. 査読有

[学会発表] (計 21 件)

1. Saitou N. Evolution of primate-specific highly conserved non-coding regions. An International Conference on Mathematics, Evolution, and Development. CAS-MPG Partner Institute for Computational Biology, Shanghai, China. 3. 22. 2010
2. Saitou N. MISHIMA - a new method for rapid construction of multiple alignments for large number of sequences up to bacterial genome size. Japan-Korea-China Bioinformatics Symposium. ANA Intercontinental Hotel Tokyo, Tokyo 3. 1. 2010
3. 齋藤成也. 自然淘汰論から中立進化論へ。日本人類学会公開講演会「ダーウィンと人類進化」, 2009年11月3日. 東京大学
4. Saitou N. Evolutionary patterns of gene homogenization between primate-specific paralogs after human and macaque speciation. PICB Workshop on Comparative Sequence Analysis 2009. CAS-MPG Partner Institute for Computational Biology, Shanghai, China. 10. 22. 2009
5. Saitou N. MISHIMA - Method for Inferring Sequence History In terms of Multiple Alignment. PICB Minisymposium on Current Challenges in Computational Biology. CAS-MPG Partner Institute for Computational Biology, Shanghai, China. 9. 12. 2009
6. Saitou N., Ezawa K., Ikeo K. and Gojobori T. Evolutionary Pattern of Gene Homogenization between Primate-Specific Paralogs after Human and Macaque Speciation. SBE Annual Meeting 2009, Iowa City, USA. 6. 5. 2009
7. Saitou N. Evolution of vertebrate-specific, primate-specific and mammalian-specific highly conserved non-coding genomic region. Japan-Germany Colloquium 2009 "Evolutionary Genomics", 3. 10. 2009. Bonn, Germany.
8. Saitou N. Evolution of protein non-coding DNA region in vertebrates. Japan-Korea-China Bioinformatics Symposium, 2. 28. 2009. Kyoto, Japan.
9. 颯田葉子. Molecular Evolutionary and Population Genetics of Human Mental Related Genes. Symposium 『Darwinian selection identified from comparative genomics』第31回日本分子生物学会年会、第81回日本生化学会大会、2008年12月10日, 神戸ポートピアホテル, 神戸
10. 齋藤成也. 哺乳類および霊長類に特有な高度に保存されている塩基配列の進化. 日本分子生物学会・日本生化学合同大会, 2008年12月9日, 神戸ポートピアホテル, 神戸
11. 齋藤成也. MISHIMA: 新しいアルゴリズムに基づく大規模塩基配列を高速に多重整理するシステム。日本遺伝学会第80回大会, 2008年9月4日, 名古屋大学, 名古屋市
12. Saitou N. Welcome to world of phylogenetic networks! Symposium S3: Phylogenetic Networks for Evolutionary Studies. SESJ annual meeting, University of Tokyo, Komaba Campus, Tokyo. 8. 22. 2008
13. Saitou N. Utility of phylogenetic network for deciphering nucleotide sequence history. NIG International Symposium. National Institute of Informatics, 3. 28. 2008. Tokyo.
14. 齋藤成也. 遺伝子変換による重複遺伝子の均質化。日本分子生物学会・日本生化学合同大会 シンポジウム、2007年12月14日, パシフィコ横浜、横浜市
15. Saitou N. Evolutionary analysis on primates. 79th Annual Meeting of the Genetics Society of Japan, 9. 21. 2007. Okayama, Japan.
16. Saitou N. Evolution of ultra-conserved

- elements in mammals. SMBE Annual Meeting 2007, Halifax, Canada. 6.27.2007
17. Saitou N. Relic of ancient recombinations in gibbon ABO blood group genes suggests transspecific polymorphism. GlycoT2006, 6.28.2006. Tsukuba, Japan.
18. Saitou N. Necessity of Non-Tree Structure in Nuclear DNA Phylogeny. A tree of life constructed by genome-wide information, Tibet, China. 6.8.2007
19. 齋藤成也. 霊長類ゲノムにひそむ網状の系統関係. 特定領域研究「ゲノム」4領域一般公開講演会. 2006年1月29日, 朝日ホール, 東京.
20. Saitou N. What kind of information can we extract from evolutionary genome sequence analysis? KOGO meeting, Symposium 10, Comparative Genomics. 9.9.2005. Seoul, Korea.
21. 齋藤成也. 哺乳類ゲノムの比較解析ー系統樹では表現できない進化関係の探索ー. シンポジウム『ゲノム比較から見えてきたゲノムと生命の進化の全貌』. 日本進化学会大会, 2005年8月27日, 東北大学, 仙台.

[図書] (計10件)

1. 齋藤成也. NTT出版, 自然淘汰論から中立進化論へー進化学のパラダイム転換ー, (2009). 228頁
2. 齋藤成也(編). 講談社サイエンティフィック, 絵でわかる人類の進化 (2009)192頁
3. 郷康広・颯田葉子. 岩波書店, 環境をく感じる>生物センサーの進化, (2009)114頁
4. 齋藤成也. 共立出版, ゲノム進化学入門, (2007)257頁
5. 齋藤成也. サイエンス社, ゲノム進化を考える, (2007)120頁
6. 齋藤成也(編). ウェッジ, ゲノムはここまで解明された, (2007)179頁
7. 齋藤成也. クバプロ, 霊長類ゲノムにひそむ網状の系統関係. 『ゲノムは何をどのように決めているのか』, (2007) 198-1208頁.
8. 隅山健太・齋藤成也. 秀潤社, 脊椎動物の比較ゲノム: 遺伝子間領域の比較解析. 細胞工学別冊『比較ゲノム学から読み解く生命システム』, (2007) 50-53頁.
9. 颯田葉子・齋藤成也. 岩波書店, 遺伝子からみたヒトの進化, シリーズ進化学第5巻『ヒトの進化』, (2006)65-108頁
10. 齋藤成也. 岩波書店, 類人猿と人類はどれほど近いのか. シリーズ ヒトの科学第1巻『ヒトはどのようにしてつくられたか』, (2006) 81-93頁.

[その他]

1. データベース/ソフトウェア
MISHIMA
(<http://sayer.lab.nig.ac.jp/~saitou/MISHIMA.html>)
2. ホームページ等
<http://sayer.lab.nig.ac.jp/index-j.html>
6. 研究組織
 - (1) 研究代表者
齋藤 成也 (SAITOU NARUYA)
国立遺伝学研究所・集団遺伝研究系・教授
研究者番号: 30192587
 - (2) 研究分担者
颯田 葉子 (SATA YOKO)
総合研究大学院大学・先端科学研究科・教授
研究者番号: 20222010
 - (3) 連携研究者
なし