

令和 5 年 6 月 6 日現在

機関番号：82401

研究種目：新学術領域研究（研究領域提案型）

研究期間：2018～2022

課題番号：18H05431

研究課題名（和文）精神病態の分子基盤解明を可能にする次世代トランスオミクス技術の開発

研究課題名（英文）Development of next-generation trans-omics technologies for multi-timescale metabolic regulation in psychiatric disorders

研究代表者

柚木 克之（Yugi, Katsuyuki）

国立研究開発法人理化学研究所・生命医科学研究センター・チームリーダー

研究者番号：70433745

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 47,550,000円

研究成果の概要（和文）：精神疾患の分子基盤を多階層ネットワークとして解明するうえで必要となる次世代統合オミクス解析（トランスオミクス）の技術基盤を開発した。結果として、*in vivo*の動物臓器サンプル(Kokaji et al. 2020, Science Signaling)や公共オミクスデータの統合解析(Okamoto et al. 2022, Neuroscience Research)が可能となったほか、従来は時系列データを必要としていたところを定常状態（データポイントは1つ）のオミクスデータでもトランスオミクス解析を可能とした(Egami et al. 2021, iScience)。

研究成果の学術的意義や社会的意義

従来のトランスオミクス解析の応用範囲は代謝などの「速い」分子基盤を持つ生命現象に限定されていた。本研究により、遺伝子発現関連の比較的「遅い」オミクス階層を取り扱えるようになったほか、データ点数の少ないオミクスデータや公共データも利用可能になった。これにより、本領域のテーマである精神疾患をはじめとする多様な生命現象や疾患の分子基盤解明に対してトランスオミクス解析を適用することが可能になった。

研究成果の概要（英文）：We have developed a 'trans-omic' data integration technologies that allows elucidating the molecular basis of psychiatric disorders as multi-layered molecular networks. These technologies enable data integration of multiple omics data *in vivo* (Kokaji et al. 2020, Science Signaling) and public omics data (Okamoto et al. 2022, Neuroscience Research). Furthermore, trans-omics analysis is now applicable to steady-state (one data point) omics data (Egami et al. 2021, iScience), whereas previous framework required time-series omics data.

研究分野：システム生物学

キーワード：トランスオミクス 代謝 システム生物学

1. 研究開始当初の背景  
細胞における生命現象は、ゲノム (DNA)、トランスクリプトーム (RNA)、プロテオーム (タンパク質)、メタボローム (代謝物質) など、複数のオミクス階層にまたがる生化学ネットワークによって実現されている。我々は多階層オミクスデータと情報科学的・統計学的手法を用いて階層縦断的にネットワークを再構築する「トランスオミクス解析」の方法論を世界にさきがけて開発した。

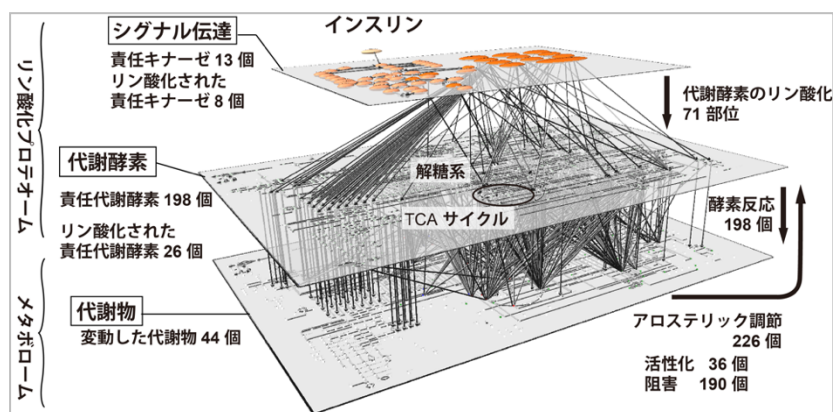


図 1. 柚木らが開発したトランスオミクス解析手法により再構築したインスリンによる糖代謝制御の多階層ネットワーク[Yugi et al. 2014, *Cell Rep.*]

方法論の概念実証として、肝細胞のモデル細胞であるラット肝がん由来 FAO 細胞におけるインスリン作用に着目し、トランスオミクス解析を適用した。結果、インスリン刺激後 60 分以内に応答するメタボロームとリン酸化プロテオームにまたがる多階層代謝制御ネットワークを再構築することに成功している (図 1)。得られたネットワークからは、代謝酵素 26 個のリン酸化部位全 71 個のうち、48 個が新規調節経路であることを見出した。

これまでのトランスオミクス解析でメタボロームとリン酸化プロテオームの統合が成功したのは、両者の変動がほぼ同じ minutes スケールであり (図 2)、時系列データから因果関係を比較的容易に同定できたことによる。この 2 階層で対応できる「速い」分子基盤を持つ生命現象には糖代謝恒常性や自然免疫応答の一部などがあり、前述のトランスオミクス解析の応用もほぼこの範囲で行われている。一方、本領域が対象とする精神疾患 (マイクロエンドフェノタイプ) の分子基盤は、RNA 量やタンパク質量、クロマチン凝縮・脱凝縮など hours または days よりも長い時間スケールの「遅い」過程に立脚している。現状では、長時間にわたって代謝物質の濃度変動を計測する場合、時系列の終盤になるほど、当該代謝物質の変動が「速い」階層と「遅い」階層のどちらの寄与によって起きたのか識別することは難しい。このため、「遅い」遺伝子発現関連階層と「速い」代謝変動との間の因果関係を同定し、両者をメカニスティックなネットワークとしてつなぐ方法論はまだ確立されていない。そこで本計画研究では、精神疾患の分子基盤解明を可能にする次世代トランスオミクス技術として、「遅い」オミクス階層と「速い」オミクス階層とを統合する方法論を開発する。

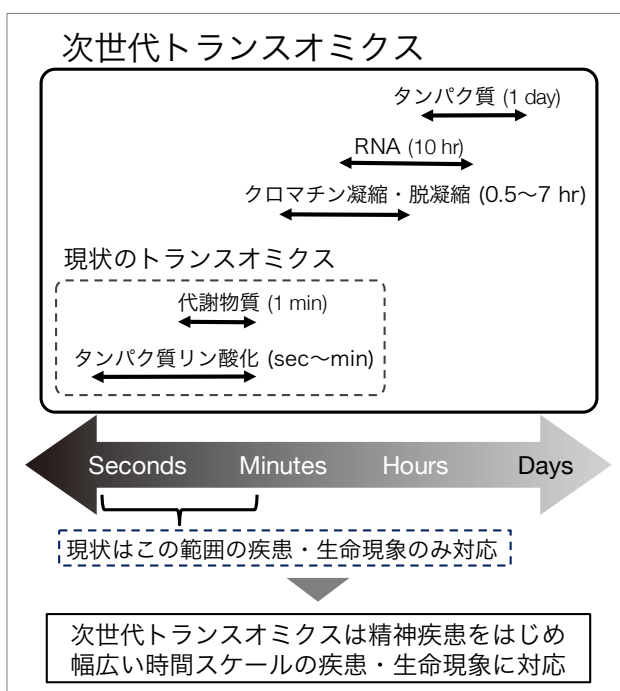


図 2. 各オミクス階層に固有な時間スケールおよびトランスオミクス技術の対応範囲 [Yugi and Kuroda 2018, *Curr. Opin. Syst. Biol.*]. 現状では、ともに変動が速いタンパク質リン酸化 (リン酸化プロテオーム) と代謝物質 (メタボローム) の 2 階層のトランスオミクスが確立されている。次世代トランスオミクス技術では、変動が遅い遺伝子発現関連の階層もあわせて統合し、精神疾患をはじめとする幅広い疾患・生命現象の解析に対応する。

## 2. 研究の目的

精神疾患の分子基盤を多階層ネットワークとして解明するうえで必要となる次世代トランスオミクス技術を開発する。現状のトランスオミクス技術は minutes スケールで変動するメタボロームやリン酸化プロテオームなど「速い」オミクス階層を縦断するネットワーク再構築には対応している。しかし精神疾患の分子基盤が従うと考えられるトランスクリプトーム、発現プロテオーム、エピゲノムなどのオミクス階層は hours あるいは days スケールであり、現行のトランスオ

ミクス技術では対応できない。本計画研究では、幅広い時間スケールに対応する次世代トランスオミクス技術を開発する。当該次世代技術により、現在のトランスオミクス技術では扱えない精神疾患をはじめとする様々な疾患や生命現象の解析が可能になる。さらに他班と連携して当該次世代技術を神経系細胞のトランスオミクス解析に適用し、精神疾患の分子基盤をネットワークとして解明する。これにより、本領域の主要目標である「精神病態の階層縦断的な構成的理解」のうち、ナノ（遺伝子・分子）からマイクロ（シナプス・細胞）のスケールに至る階層間連結を実現する。

### 3. 研究の方法

時間スケールの違いをこえて代謝と遺伝子発現のオミクス階層間をつなぐ次世代トランスオミクス技術を開発する。酵素反応速度式の性質に着目し、酵素反応速度式を代謝流束に対する「遅い」階層の寄与度の項と、「速い」階層の寄与度の項の和に分解する。「遅い」階層由来の変数（例えば酵素タンパク質量）と代謝流束との間に一定の相関がみられた代謝酵素は、主として酵素タンパク質量により代謝流束が調節されていると判断できるので、発現プロテオーム階層の当該酵素と対応する代謝流束をつなぐ。一方、「速い」階層由来の変数と代謝流束との間に相関がみられなかった代謝酵素については、酵素タンパク質リン酸化など「速い」階層による調節が主であると考えられるので、開発済みの既存トランスオミクス技術を適用する。上記の手法開発が当初想定した通りに進行しなかった場合の代替策としては、制御工学の一分野であるシステム同定に基づいて時間スケールを分離する手法を併せて検討する。

他班と連携し、統合失調症患者由来 iPS 細胞から分化させた神経系細胞や、内側前頭前皮質のストレス応答を模倣する培養細胞等を用いて多階層ネットワークを再構築する。数理モデル解析によりネットワークの中心的部分を同定し、責任分子候補を *in silico* 操作する。さらに、マウス反復社会挫折ストレスや精神疾患モデル動物からレーザーキャプチャーマイクロダイセクションにより採取した特定細胞種が多階層ネットワークを再構築する。

上記の班間連携により、遺伝的バックグラウンドやストレスによる神経系細胞の機能変質の背後にある分子基盤についての仮説（e.g. 新規経路の予測）を多階層ネットワークとして他班に提供し、トランスオミクス・システム生物学によるナノ（遺伝子・分子）からマイクロ（シナプス・細胞）のスケールに至る階層間連結を実現する。

### 4. 研究成果

精神病態の分子基盤解明を可能にする次世代トランスオミクス技術開発の一環として、グルコースを経口投与したマウスの肝臓からメタボローム、トランスクリプトーム、シグナル分子のリン酸化(Western blot)の時系列データを取得し、リン酸化、トランスクリプトーム、メタボロームの3つのオミクス階層にまたがる多階層代謝制御ネットワークを再構築することに成功した[Kokaji *et al.* 2020, *Sci. Signal.*]. 再構築したネットワークを解析した結果、健常マウスでは AKT シグナリングや代謝物-代謝酵素相互作用など「速い」生化学過程によって代謝系が制御されている一方で、肥満マウスでは対照的に「遅い」過程である遺伝子発現によって代謝系が制御されていることを見出した。あわせて、次世代トランスオミクス解析手法が *in vivo* の動物臓器サンプルにも適用できることを実証した。

また、時系列の多階層オミクスデータから数理モデル(微分方程式モデル)を構築し、当該数理モデルを用いて各生化学過程がどの程度の大きさの制御を担っているかを定量化した。結果、代謝制御の大部分を担う生化学過程を特定することに成功した[Ohno *et al.* 2020, *iScience*]. 数理モデルに関連する技術開発としてはこれに加えて、動的な代謝流束変化を数理モデルにより予測する新規トランスオミクス解析手法を開発した。培養細胞から得たリン酸化プロテオームデータおよび炭素 13 標識メタボロームデータを用いて、非定常状態における代謝流束の経時的変動を予測することに成功した[Quek *et al.* 2020, *iScience*].

時系列データ(複数のデータポイント)を必要としていたトランスオミクス解析の限界を克服し、定常状態(データポイントは1つ)のオミクスデータでもトランスオミクス解析を可能とする新技術を開発した[Egami *et al.* 2021, *iScience*]. また、リン酸化プロテオームを「リン酸化する側(kinase 側)」と「リン酸化される側(substrate 側)」に分けて両者をつなぐネットワークを再構築する技術を開発し、インスリンで刺激したラット肝がん由来 Fao 細胞から取得したリン酸化プロテオームデータに応用した[Kawata *et al.* 2019, *Genes to Cells*]. これらの技術を応用して筋肉細胞に電気刺激を与えた場合に応答する多階層代謝制御ネットワークを再構築し、運動に応答する分子基盤を大規模に同定した[Hoshino *et al.* 2020, *iScience*].

上記の次世代トランスオミクス技術をさらに発展させ、精神疾患関連データに初めて適用した。当該データを用いるにあたっては「公開情報に基づくインテリジェンス (OSINT; open source intelligence)」に着想を得て、公共のトランスクリプトームデータと eQTL(発現量の形質遺伝子座)データ、SNPs データを転写制御ネットワーク上で統合する技術を新たに開発した。この技術を統合失調症患者由来の神経系細胞から得られた 15 件の既報トランスクリプトームデータに応用し、複数の患者集団の神経系細胞に共通して出現する転写制御ネットワークの同定に成功した(図 3, [Okamoto *et al.* 2022, *Neurosci. Res.*]). さらに、当該ネットワークを構成する遺伝子と eQTL の関係にある SNPs を同定し、これらの SNPs の関連疾患・形質には統合失調症のみならず免疫

や炎症、血球系細胞の数や眼に関するものなどが有意に多く出現することを明らかにした。これらの疾患・形質について生命科学文献データベース PubMed を網羅的に検索したところ、免疫や炎症関連の SNPs は統合失調症の炎症原因説を裏付けるものである可能性が示された。また、血球系細胞の数や眼に関する形質については、統合失調症との関連は過去にほとんど報告されておらず、新規の統合失調症関連形質の可能性もある。このように、公共オミクスデータを用いたトランスオミクス解析により過去の知見や仮説の裏付けが得られたほか、データドリブンな新規仮説生成の可能性が示された。

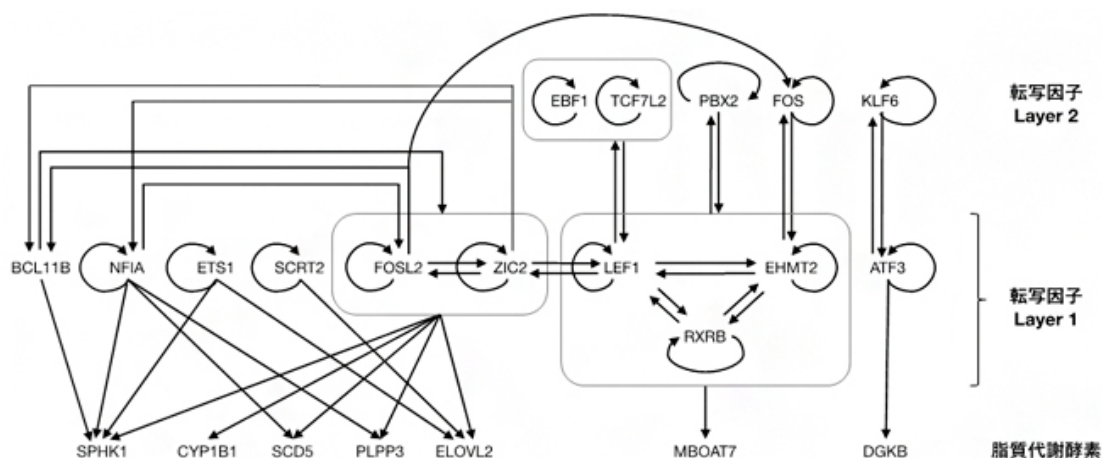


図 3. 複数の統合失調症患者集団に共通して出現する転写制御ネットワーク (理化学研究所プレスリリースに提供した画像より [Okamoto *et al.* 2022, *Neurosci. Res.*])

このほか、トランスオミクス解析の背景にある考え方をシステム生物学の立場から解説する総説を発表した[Yugi *et al.* 2019, *Curr. Opin. Syst. Biol.*]. 当該総説では、各階層の分子の量のみならずむしろその合成・分解の速度や、各オミクス階層の反応速度論的構造に立脚して因果推論を行うことが多階層ネットワーク再構築の本質であることを論じた。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計14件（うち査読付論文 10件／うち国際共著 4件／うちオープンアクセス 9件）

1. 著者名 Okamoto Lisa, Watanabe Soyoka, Deno Senka, Nie Xiang, Maruyama Junichi, Tomita Masaru, Hatano Atsushi, Yugi Katsuyuki	4. 巻 175
2. 論文標題 Meta-analysis of transcriptional regulatory networks for lipid metabolism in neural cells from schizophrenia patients based on an open-source intelligence approach	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Neuroscience Research	6. 最初と最後の頁 82～97
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.neures.2021.12.006	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

1. 著者名 Egami R., Kokaji T., Hatano A., Yugi K., Eto M., Morita K., Ohno S., Fujii M., Hironaka K., Uematsu S., Terakawa A., Bai U., Pan Y., Tsuchiya T., Ozaki H., Inoue H., Uda S., Kubota H., Suzuki Y., Matsumoto M., Nakayama K.I., Hirayama A., Soga T., Kuroda S.	4. 巻 24
2. 論文標題 Trans-omic analysis reveals obesity-associated dysregulation of inter-organ metabolic cycles between the liver and skeletal muscle	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 iScience	6. 最初と最後の頁 102217～102217
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.isci.2021.102217	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

1. 著者名 西田孝三, 高橋恒一, 柚木克之	4. 巻 -
2. 論文標題 複数のオミクス階層にまたがる大規模パスウェイの2.5次元可視化	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 実験医学別冊 メタボロミクス実践ガイド	6. 最初と最後の頁 237-251
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 柚木克之, 小鍛治俊也, 角田達彦, 黒田真也	4. 巻 278
2. 論文標題 生活習慣病のトランスオミクス解析	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 医学のあゆみ	6. 最初と最後の頁 501-509
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Kokaji T., Hatano A., Ito Y., Yugi K., Eto M., Morita K., Ohno S., Fujii M., Hironaka K., Egami R., Terakawa A., Tsuchiya T., Ozaki H., Inoue H., Uda S., Kubota H., Suzuki Y., Ikeda K., Arita M., Matsumoto M., Nakayama K. I., Hirayama A., Soga T., Kuroda S.	4. 巻 13
2. 論文標題 Transomics analysis reveals allosteric and gene regulation axes for altered hepatic glucose-responsive metabolism in obesity	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Science Signaling	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1126/scisignal.aaz1236	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Hoshino Daisuke, Kawata Kentaro, Kunida Katsuyuki, Hatano Atsushi, Yugi Katsuyuki, Wada Takumi, Fujii Masashi, Sano Takanori, Ito Yuki, Furuichi Yasuro, Manabe Yasuko, Suzuki Yutaka, Fujii Nobuharu L., Soga Tomoyoshi, Kuroda Shinya	4. 巻 23
2. 論文標題 Trans-omic Analysis Reveals ROS-Dependent Pentose Phosphate Pathway Activation after High-Frequency Electrical Stimulation in C2C12 Myotubes	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 iScience	6. 最初と最後の頁 101558 ~ 101558
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.isci.2020.101558	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Ohno Satoshi, Quek Lake-Ee, Krycer James R., Yugi Katsuyuki, Hirayama Akiyoshi, Ikeda Satsuki, Shoji Futaba, Suzuki Kumi, Soga Tomoyoshi, James David E., Kuroda Shinya	4. 巻 23
2. 論文標題 Kinetic Trans-omic Analysis Reveals Key Regulatory Mechanisms for Insulin-Regulated Glucose Metabolism in Adipocytes	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 iScience	6. 最初と最後の頁 101479 ~ 101479
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.isci.2020.101479	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Kawata Kentaro, Yugi Katsuyuki, Hatano Atsushi, Kokaji Toshiya, Tomizawa Yoko, Fujii Masashi, Uda Shinsuke, Kubota Hiroyuki, Matsumoto Masaki, Nakayama Keiichi I., Kuroda Shinya	4. 巻 24
2. 論文標題 Reconstruction of global regulatory network from signaling to cellular functions using phosphoproteomic data	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Genes to Cells	6. 最初と最後の頁 82 ~ 93
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/gtc.12655	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Yugi, K., Ohno, S., Krycer, J.R., James, D.E., and Kuroda, S.	4. 巻 15
2. 論文標題 Rate-oriented trans-omics: integration of multiple omic data on the basis of reaction kinetics	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Current Opinion in Systems Biology	6. 最初と最後の頁 109-120
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.coisb.2019.04.005	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 柚木克之	4. 巻 51
2. 論文標題 トランスオミクスの考え方と実験デザイン	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 細胞	6. 最初と最後の頁 701-705
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 出野泉花, 柚木克之	4. 巻 72
2. 論文標題 トランスオミクス・統合オミクス研究による免疫代謝・腸内細菌代謝研究	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 臨床免疫・アレルギー科	6. 最初と最後の頁 342-350
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Quek Lake-Ee, Krycer James R., Ohno Satoshi, Yugi Katsuyuki, Fazakerley Daniel J., Scalzo Richard, Elkington Sarah D., Dai Ziwei, Hirayama Akiyoshi, Ikeda Satsuki, Shoji Futaba, Suzuki Kumi, Locasale Jason W., Soga Tomoyoshi, James David E., Kuroda Shinya	4. 巻 23
2. 論文標題 Dynamic 13C Flux Analysis Captures the Reorganization of Adipocyte Glucose Metabolism in Response to Insulin	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 iScience	6. 最初と最後の頁 100855 ~ 100855
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.isci.2020.100855	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Kokaji T., Eto M., Hatano A., Yugi K., Morita K., Ohno S., Fujii M., Hironaka K.I., Ito Y., Egami R., Uematsu S., Terakawa A., Pan Y., Maehara H., Li D., Bai Y., Tsuchiya T., Ozaki H., Inoue H., Kubota H., Suzuki Y., Hirayama A., Soga T., Kuroda S.	4. 巻 12
2. 論文標題 In vivo transomic analyses of glucose-responsive metabolism in skeletal muscle reveal core differences between the healthy and obese states	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-022-17964-9	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Terakawa Akira, Hu Yanhui, Kokaji Toshiya, Yugi Katsuyuki, Morita Keigo, Ohno Satoshi, Pan Yifei, Bai Yunfan, Parkhitko Andrey A., Ni Xiaochun, Asara John M., Bulyk Martha L., Perrimon Norbert, Kuroda Shinya	4. 巻 25
2. 論文標題 Trans-omics analysis of insulin action reveals a cell growth subnetwork which co-regulates anabolic processes	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 iScience	6. 最初と最後の頁 104231 ~ 104231
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.isci.2022.104231	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計12件 (うち招待講演 9件 / うち国際学会 6件)

1. 発表者名 柚木克之
2. 発表標題 細胞の反応速度論的描像に基づく統合オミクス解析
3. 学会等名 日本バイオインフォマティクス学会年会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Yugi K.
2. 発表標題 Reconstruction of insulin signal flow from phosphoproteome and metabolome data
3. 学会等名 KI-RIKEN Joint International Doctoral Course 2020 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年



1. 発表者名 柚木克之
2. 発表標題 トランスオミクス解析によるインスリン代謝制御ネットワークの再構築
3. 学会等名 第92回日本内分泌学会学術総会（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Yugi, K.
2. 発表標題 Integration of phosphoproteome and 13C-metabolome data reveals 'metabolic priming' in the adipocyte
3. 学会等名 3rd RIKEN IMS-Stanford ISCBRM Joint Symposium (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 柚木克之
2. 発表標題 トランスオミクス研究の現在地および免疫代謝研究への展望
3. 学会等名 第7回がん代謝研究会（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 柚木克之
2. 発表標題 多階層オミクスデータ解析の自動化に向けて
3. 学会等名 第44回日本医用マススペクトル学会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 柚木克之
2. 発表標題 3つのオミクス階層を縦断するインスリン濃度選択的制御軸の発見
3. 学会等名 第13回メタボロームシンポジウム
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Yugi, K.
2. 発表標題 Dose-selective metabolic regulation by insulin across multiple omic layers
3. 学会等名 The 3rd International Symposium for TransOmics (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Yugi, K.
2. 発表標題 Trans-omics: integration of multiple omic data on the basis of reaction kinetic
3. 学会等名 The 6th RIKEN-KI-SciLifeLab Symposium: Biomedical Data for Artificial Intelligence (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Yugi, K.
2. 発表標題 Trans-omics: integration of multiple omic data on the basis of reaction kinetics
3. 学会等名 The 4th Symposium of Inter-University Research Network for Trans-Omics Medicine (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Yugi, K.
2. 発表標題 Dose-selective metabolic regulation by insulin across multiple omic layers
3. 学会等名 RIKEN-KU Leuven Joint Symposium 2019 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 柚木克之
2. 発表標題 トランスオミクス：細胞の反応速度論的描像に基づく統合オミクス解析
3. 学会等名 第412回CBI学会講演会 (招待講演)
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
連携研究者	首我 朋義 (Soga Tomoyoshi)  (60338217)	慶應義塾大学・環境情報学部・教授  (32612)	
連携研究者	石濱 泰 (Ishihama Yasushi)  (30439244)	京都大学・薬学研究科・教授  (14301)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8 . 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関			
オーストラリア	The University of Sydney			
米国	Harvard Medical School			