

平成 22 年 6 月 10 日現在

研究種目：特定領域研究
 研究期間：2004～2009
 課題番号：16064101
 研究課題名（和文） 比較ゲノム解析による進化・多様性のゲノム基盤の解明
 研究課題名（英文） Comparative Genomics Toward Understanding Genomic Bases of Evolution and Bio-Diversity

研究代表者

藤山 秋佐夫 (FUJIYAMA ASAO)
 国立情報学研究所・情報学プリンシプル研究系・教授
 研究者番号：60142311

研究成果の概要（和文）：本研究では、重要な動物・植物・微生物を対象にゲノム解読を行い、進化・多様化の原因となるゲノム特性を明らかにすることを目的に研究を進めた。研究期間を通じ、ナメクジウオ、チンパンジー、ヒメツリガネゴケなどの重要種のゲノム解読に成功すると共に、大規模ゲノムの高速比較を可能にするソフトウェア開発や、新型シーケンサによる環境メタゲノム研究、共生関連ゲノム解析など、ゲノム科学の新たな展開を進めることができた。

研究成果の概要（英文）：The major objective of this project is to understand genomic bases of evolution and bio-diversity through genome analyses on various species that are important to those studies. We successfully analyzed genomes of amphioxus, chimpanzee and moss, for example, in addition to the development of software for comparative genomics. We also incorporated massively parallel genome analyzer to develop new field of genomics such as environmental genomics of symbiosis.

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	4,600,000	0	4,600,000
2006 年度	7,200,000	0	7,200,000
2007 年度	7,200,000	0	7,200,000
2008 年度	7,200,000	0	7,200,000
2009 年度	7,400,000	0	7,400,000
総計	37,100,000	0	37,100,000

研究分野：ゲノム科学

科研費の分科・細目：ゲノム科学・基礎ゲノム科学

キーワード：ゲノム、比較ゲノム、ゲノム情報、染色体

1. 研究開始当初の背景

ゲノム研究は、世界規模で質的向上と量的拡大を伴いながら急速な発展を続けている。本領域は、その様な状況下で(1)最新のゲノム情報を基にバイオインフォマティクスと実験科学研究手法が相互に影響しながら進め

る生命システム研究、(2)生命に進化と多様性をもたらす基盤となったゲノムの要素解析研究、(3)ヒトゲノム機能の徹底的な解析と医学研究が融合したゲノム医学に代表される応用研究や社会・倫理問題研究、(4)ゲノム時代のライフサイエンス研究を支える

技術開発と研究基盤形成等を継続的に実施可能な体制の確立が緊急の課題であることに配慮し、平成16年度から「ゲノムから生命・生物システムの解明、医療・生活の向上」をめざすことを目標に設定された、4つのゲノム特定領域研究：「ゲノムの徹底的機能情報解析から生命システムの解明」、「比較ゲノム解析による進化・多様化のゲノム基盤の解明」、「ゲノム研究成果の機動的な社会への還元」、「生命のシステムの理解に向けたゲノム研究推進のための総合的基盤構築」の一つである。

2. 研究の目的

本研究領域では、特定領域研究「生命システム情報」、「応用ゲノム」、「基盤ゲノム」のほか、関連研究領域との連携を視野に入れながら、進化や多様化の点で重要な位置にある動物・植物・微生物についてゲノム配列解析や発現解析などを体系的に行い、進化・多様化に関わるゲノム特性を解明する。このために、各研究コミュニティと連携し、国内外の研究状況に応じて大規模ゲノム解読を計画的に進めると共に、そのために必要な技術開発や、理論研究を推進する。また、霊長類ゲノムについて部位特異的な配列解析やゲノム発現解析を行い、ヒトゲノムとの比較解析からヒトへの進化をもたらしたゲノム基盤の解明をめざす。さらに、比較ゲノム解析によるゲノム機能・発生システムの多様化のメカニズム解明について先端的研究をおこなう。また、環境適応や寄生・共生などゲノムの相互作用の観点からの研究開発をおこなう。この総括班では、領域における研究の企画調整と連絡、評価、他のゲノム特定領域との連絡調整を行う。

3. 研究の方法

領域内に下記の研究項目を設定し、それぞれに計画研究と公募研究を組織して領域の目的達成を図る。公募研究班は、計画研究を補完するものであると共に人材育成の性格も持たせるように配慮し、我が国のゲノム研究活動の一層の推進を図る。

研究項目 B01：比較ゲノム解析による進化プロセスの解明

研究項目 B02：ヒトの進化をもたらしたゲノム構造変化の解析

研究項目 B03：基軸モデル動物・植物の近縁種ゲノムの解析によるシステム比較

研究項目 B04：生物相互作用のゲノム基盤の解明

研究項目 B05：比較ゲノム解析推進のための情報技術開発及び理論研究

また、計画研究、公募研究で共通性の高いリソース整備、クローンスクリーニング、情報統計処理を支援するために、支援班を設けた。以上の計画研究班、支援班、公募研究班による領域全体としての研究を円滑に進めるた

め、本総括班は領域班会議、ゲノム特定4領域全体の合同班会議、小規模な研究連絡会議を随時開催し、領域全体の研究の推進ととりまとめを行う。研究成果の社会への還元も重要である。そのため、WEBによるホームページを活用し、研究成果の普及公開に努める。

4. 研究成果

総括班では、領域における研究の企画調整と連絡、評価、他のゲノム特定領域との連絡調整を行う。そのため、総括班会議と研究班会議のほか、領域内研究班を対象とした小規模研究会、他のゲノム特定領域とも協力した領域横断型研究会を開催した。また、「生命システム情報領域」に設置された広報委員会に協力し、ホームページの開設と内容の充実化と、一般広報用パンフレットの編集等を担当した。

本研究班は総括班であるため、独自の研究は実施していない。領域全体の成果を以下にまとめた。

論文・プロシーディングス等	791 報
著書・総説等	107 編
データベース・ソフトウェア等	44 件
公開發表等	44 件
特許(出願中も含む)	9 件

(平成17年度～平成21年12月までの集計、一部重複を含む)

研究項目 B01：比較ゲノム解析による進化プロセスの解明

これまでの研究成果により、動物とモデル菌類の多細胞体制の確立と脊索動物の進化と起源の全般に関する重要な知見が得られた。
*カタユウレイボヤゲノムのドラフトアセンブリから染色体地図を作成。

*ナメクジウオゲノムの解読について日米共同研究体制を構築。約500Mbpと見積られているナメクジウオゲノムのドラフト配列を解読。(1)ナメクジウオが脊索動物のなかでも最も始原的な動物であること、(2)ヒトとの間に非常に高いシntenニーが保存されていること、(3)脊椎動物ゲノムはその進化の過程で2回の大規模な重複をおこしたことを明らかにした。ナメクジウオのゲノム解読によって脊椎動物の起源が明らかになったが、この成果は、我々ヒトの遠い起源と関係してNHK テレビ、民放テレビ、主要全国紙などに取り上げられ、お茶の間でも話題になった。
“ナメクジウオ”が2008年の話題の動物になったといっても過言ではない。

*動物に最も近縁な立襟鞭毛虫のゲノム解読を計画し、純系の樹立と大量培養、高純度DNA抽出技術を確立した。その後、ドラフトゲノム解読が進み、初期アセンブリを完了した。その結果、G+C含量が約58%で反復配列が非常に多い、イントロンが比較的短い、シ

グナル伝達系に関与する遺伝子には動物との共通性が比較的高いが細胞接着・転写制御・アポトーシスに関与する遺伝子は動物との共通性が比較的低いなどの知見を得た。

*細胞性粘菌の比較ゲノム解析から多細胞化のゲノム基盤に関する計画を進め、分子生物学的解析の導入を想定して *A. subglobosum* アメーバのクローン化を行った。 *A. subglobosum* の培養には入手した時点で未同定の黄色バクテリア (UNY と仮称) が共存していたが、クローニングの過程でそれらを分離することが出来、全配列も決定した。当初は既存の *D. discoideum* ゲノム情報を利用する予定であったが、予想以上に両者の違いが大きいため、独立して配列決定を進めている。

研究項目 B02: ヒトへの進化をもたらしたゲノム構造変化の解析

霊長類ゲノムの比較から、ヒトへの進化をもたらしたゲノム構造上の変化に関する重要な知見が得られつつある。また、日本産マウスの比較ゲノム研究から、行動を含む高次な表現形質に対応する遺伝子群の系統的な検索を進めた。

*理化学研究所と共同でチンパンジー Y 染色体 11Mb の構造決定を行い、ヒトとの種分岐に近い時期にヒト特定的に増殖した Alu 配列が Y 染色体に残存していること、チンパンジーでは L1 配列が比較的活発に増殖していること、最近チンパンジーに感染したレトロウイルスの完全なサブゲノムが Y 染色体上には高密度に残存しており、チンパンジーのレトロウイルス感染に対する免疫性を高めている可能性があることなどを見いだした。

*ヒトとその他の霊長類との脳機能の差の解明を目指し、脳の前頭前野を対象としたトランスクリプトーム解析から、その遺伝的基盤となる候補遺伝子群を選定、さらにヒト、チンパンジー、マカク、マーモセット脳で発現量に顕著な差が見られた転写調節因子遺伝子が最大のクラスターを形成するヒト 19 番染色体長腕末端 2 Mb の領域につき、霊長類を中心にテロメア、サブテロメア構造の進化、転写調節因子遺伝子群の進化に伴う変化、サブテロメアヘテロクロマチン領域からの新規遺伝子の探索、ヒトゲノム対象領域の再クローン化、霊長類ゲノムの対象領域について連続クローンのスクリーニングを進めた。

*進化的起源を異にする西ヨーロッパ産亜種マウス (*M. m. domesticus*) と日本産亜種マウス (*M. m. molossins*) 由来の 2 つの系統から作成した染色体コンソミック系統を用い、エネルギー代謝関連形質と行動関連形質を中心に、医学応用にも重要な様々な高次表現型を制御する原因遺伝子を同定するための解析系を開発し、責任領域の絞り込みに成功した。

研究項目 B03: 基軸モデル動物・植物近縁

種ゲノムの解析によるシステム比較

脊椎動物、昆虫、植物の特異性や多様化のメカニズムを解明する基盤整備が進み、多様な比較ゲノム研究と成果公開が行われた。

*メダカ染色体連鎖群 22 番の全長配列決定を行い、性決定に関わる連鎖群の詳細な解析が進んだ。メダカ全ゲノム配列情報とリソースを生かした機能解析、ゲノム多様性解析などの様々な研究が複数の班で活発に行われている。

*トランスポゾンを用いるゼブラフィッシュの網羅的遺伝子トラップスクリーニングシステムを確立した。このシステムを活用し、体節の極性維持に必要な遺伝子同定に成功した。

*カイコの原種であるクワコの新フォスミドライブラリを作成、カイコゲノム解読に協力した。また、カイコと、その原種であるクワコの塩基置換頻度差が 2.3%であることを明らかにした。また、国際カイコゲノム解読コンソーシアムに参加し、カイコの完全長 cDNA や SAGE 解析を用い、転写地図作成とカイコゲノムのアノテーションを行った。

*コムギ国際ゲノム解読コンソーシアムに参加し、花芽の形成などに着目した異質ゲノムの遺伝子発現調節機構を解析し、約 6000 遺伝子の発現特性を明らかにした。

*クラミドモナスとヒメツリガネゴケの国際ゲノム解読コンソーシアムに参加し、EST、完全長 cDNA、SAGE 等の独自のリソースを駆使して緻密なゲノム解読を行った。

研究項目 B04: 生物相互作用のゲノム基盤の解明

微生物や植物で広く観察される病原性、寄生、共生といった生物個体間または集団内での相互作用について、様々な側面からの比較ゲノム研究を進めた。また新型シーケンサを活用した環境ゲノム解析を進めるための実験・情報技術の開発と整備が進んだ。

*土壌特異的に発現する *B. multivorans* 遺伝子群をスクリーニングし、約 150 の候補遺伝子を同定した。さらに、実験室系でのゲノム情報解析技術を土壌の系に拡張し、模擬土壌を用いた系でゲノム情報発現制御機構の解明を目指して新型シーケンサを用いた土壌メタゲノム解析技術の開発を進めた。

*ゲノム比較解析システムの公開と改良が進み、上記の土壌メタゲノム解析システムや、腸内フロラメタゲノムデータの詳細な情報解析を実施した。

*モデル共生システムとしてミヤコグサ根粒菌の大規模タンパク質相互作用解析が進み、1801 種のタンパク質からなる 3075 個の相互作用候補を同定した。この研究から、根粒生成の全身的な負の制御系に働き遠距離移行する可能性の高い CLE ペプチド遺伝子の同定に至った。植物-微生物共生のバラ

ンスや器官分化の制御メカニズムを理解するための重要な成果である。

*シロイヌナズナの転写開始点、約5万箇所を同定し、データベースとして公開し、動植物間における転写制御モチーフの差異を明らかにした。

*重要な生物現象である擬態についてのゲノム的な理解が進んだ。

研究項目 B05: 比較ゲノム解析推進のための情報技術開発及び理論研究

大規模で類似性の低いゲノム配列の比較を可能にする新しいソフトウェアが開発されている。また、マイクロRNAなど新たなゲノム機能解読を可能にする新技術の開発が進んだ。

*計画開始時から最大の目標であった霊長類ゲノムの多重比較の計算と局所的アラインメントを可能にする Murasaki が開発された。このシステムは、3種以上の哺乳動物ゲノムの同時比較が可能な、世界で唯一のソフトウェアであり、新型シーケンサによる大規模データへの対応が進められている。

*ゲノム機能領域に観察されるシス因子の空間的な規則性をモデル化するアルゴリズムを開発した。また、比較ゲノムの視点を導入することで、従来法を大きく上回る精度でヒトプロモーターを発見するアルゴリズムを開発した。

*RNA エディティングの全解明を行うため、新型シーケンサを用いた網羅解析システムの開発が進んだ。

まとめ

「比較ゲノム領域」は；生物の系統関係や多様化の点で重要な位置を占める代表的な生物種を対象にゲノム配列解析や発現解析などを体系的に行い、生命に進化と多様化をもたらしたゲノム構造上の原因を明らかにする研究；霊長類ゲノムの特定領域の配列解析やゲノム発現解析を推進し、ヒトゲノムとの比較解析からヒトへの進化のゲノム基盤の解明をめざす研究；比較ゲノム解析によるゲノム機能・発生システムの多様化のメカニズム解明について先端的研究を行う研究；長期的な展望のもとに、複数の生物種と外部環境が関わる環境適応や寄生・共生などの複雑なシステムに対し、ゲノム相互作用の観点からの研究開拓を行う研究；研究コミュニティと連携して、生命研究の基盤となるゲノムの構造情報と研究リソースの整備を計画的に進め、さらに大規模ゲノム配列比較のための技術開発や、理論研究を推進することを目的として領域設計を行った。これらの項目はいずれも学際研究として進められるべきものであり、また、個別研究の単なる寄せ集めに陥らぬよう、本領域の運営に当たっては生物学、医学、情報科学、工学、農学など広範囲な分野の研究者間連携を意識して進めるように

努めた。そのため、設定した5研究項目のそれぞれに総括班員を配置し、研究進捗状況の把握と調整を行った。研究交流を促進するため、定期的な班会議以外に微生物、植物、昆虫、比較ゲノム情報を対象に、ゲノム特定他領域とも連携した領域横断的かつ外部にも開かれた研究会を随時開催した。この領域運営方針は班員にも班会議、研究会を通じて伝達するように努めており、特定領域研究としての持ち味を十分に意識した研究が行われたものと理解している。具体的な成果については、各班員からの報告書と、項目4の概要と項目6の評価を参照されたい。本項では、領域運営に当たっての課題について触れる。

まず、若手研究者のゲノム科学研究への参入についてである。例えば平成18年度と20年度の公募に当たって、応募額の上限を50万円にするとともに、「特に若手研究者の独創的・意欲的な研究提案を期待する」との但し書きを公募要領に記載したが、ある程度の効果は認められたものの、趣旨が100%生かされたわけではなかったように思われる。審査結果は既に成果の上まっている研究グループの採用が多く、採用時には育成の視点はそれほど見られなかったのが残念である。特定領域の中で活動することにより、公募採用された研究者の中から、ゲノム研究として優れた研究が生まれてきたことを考えると、やはりこの点については、研究者側の意識と審査方式側の双方について改善を図る必要があるだろう。新学術研究ではこの点が改善されていることを強く望むものである。

中間評価でも指摘されたように、比較ゲノム分野の進展は早く規模も拡大が続いている。しかし、理化学研究所ゲノム科学総合研究センターの解散に見られるように、ヒトゲノム計画終了後の我が国では、スケールメリットを生かした大規模研究組織の重要性が軽視され、我が国のゲノム研究全体に対して致命的なダメージを与えてしまった。単に計算機に格納されただけの断片的な配列データのみでは、その後の生物学研究への展開はおぼつかない。医学生物学研究の現場に密着したゲノムリソースと信頼性の高いメタデータ情報がなければ、ゲノム研究の成果を十分に活用することは不可能であるし、研究コミュニティと社会への成果還元もおぼつかない。本領域は、この視点を強く意識しながら比較ゲノム研究を推進するように努めたつもりである。

本領域の設定時と17年度の間評価時以降、ゲノム研究についての大きな変化があった。一つは、454、Solexa、SOLiDといった超並列型シーケンサが実用化されたことである。これらの装置は、シーケンシング機能以外に、特定配列を持つDNA分子の計数装置としての性格も併せ持つもので、遺伝子調節

など DNA の関わる生命現象の研究手法を一変させる可能性を持つ。そこでゲノム特定領域研究では、19 年度に Solexa を本支援班に導入した。基盤ゲノム領域にも 454 シーケンサが導入されるなど、新型シーケンサによる研究支援活動にいち早く取り入れることができた。その後も支援要請の拡大と世界的な研究の流れに対応して、十分ではないものの装置の拡充を行い、我が国で唯一の大学研究機関を対象とした支援活動を実施した。ゲノム 4 量域で実施した支援活動は高く評価されており、特定領域終了後に『ゲノム領域支援』を謳った新学術研究が設定されている。

大きな変化の二番目は、メタゲノム解析の進展である。新型シーケンサの能力の向上とインフォマティクスの進歩により、妥当な研究計画さえ設計出来れば、本領域の重要課題である環境ゲノム、共生の問題に対して有効な研究手段となる可能性が考えられた。そのため、研究項目 B04 の 3 班を中心とする新しい研究体制を構築し、支援班とも連携しながら新世代のメタゲノム研究を進めた。今後ともゲノム解析能力の大規模化と微量化は続くものと予想されており、今後の数年で新しいゲノム科学の進展が起こることが期待される。

三番目の変化が、文部科学省によるライフサイエンス統合データベースプロジェクトの誕生と、データセントリック生物学の流れの誕生である。本領域で推進したゲノム研究の成果は、基盤ゲノム情報支援班の協力でデータベース化と WEB 公開が進められているが、今後とも解読の完成度を高め、研究コミュニティと協力しながら高度なアノテーションを付加し、研究期間終了後にはハイレベルの比較ゲノムデータベースとして公開されることを期待している。領域内のゲノム情報研究グループによる有用ソフトウェアの開発も進んでいる。関係諸氏には、今後の生命科学研究のための情報基盤としての価値を高める活動の継続を要望したい。

本領域も含め、わが国で行われるゲノム解読のネックとなっているのが、基本的なデータ生産能力の絶対的な不足と、ゲノム科学に対する目を備えた情報研究者、技術者の不足である。特に、新型シーケンサは急速に普及しつつあり、機器更新や導入のちょっとした遅れが、テンポの早い研究領域では将来に深刻な影響を与える可能性がある。国内で先行的に機器導入を行っている本領域としては、人材の育成や技術開発を進めながら比較ゲノム研究を進めることが研究コミュニティに対する責任でもあると考え、データ生産に関わる物品費と人件費の手当を進めるべく、19 年度に受けた研究経費追加配分は新型シーケンサ運転経費に充当した。

期間内に受けた中間評価（平成 17 年 9 月と

19 年 9 月）、各研究課題および支援班の研究進捗状況、班会議や研究会、学会活動等での活動状況、総括班評価委員からの評価、さらに比較ゲノム研究を取り巻く世界情勢や研究状況の変化に対応するため、期間内に研究項目ごとに計画研究班の研究計画と研究組織に対する見直しを行った。基本的には良好な研究活動が続いているとの評価を受けたため大幅な変更は行わなかったが、20 年度、21 年度においては、支援班の強化も含めた領域構成の再調整を行い、公募研究については、18 年度と同一の方針で臨み、「特に若手研究者の独創的・意欲的な研究提案を期待する」内容とした。各研究項目においては、我が国のゲノム研究の国際的プレゼンスを高めると共に豊かな成果を上げられることを目的に、分担班員の交代、新規計画班の採用、研究計画の見直しを行った。

総括班が機関内に主催した主な研究集会は以下の通りである。

準備期間

平成 16 年

1 月 31 日 微生物ゲノム研究連絡会（大阪）

2 月 13, 14 日 特定計画代表予定者による合同会議（名古屋）

平成 16 年度

4 月 28 日 比較ゲノム情報研究会（東京）

5 月 6 日 小型魚類ゲノム研究連絡会（名古屋）

5 月 7 日 動物ゲノム研究連絡会（東京）

5 月 29 日 植物ゲノム研究連絡会（東京）

11 月 14 日 微生物ゲノム研究連絡会（東京）

12 月 24 日 広報委員会（東京）

平成 17 年

2 月 18 日 「生命システム情報」第 2 回総括班会議（東京）

2 月 24 日 「比較ゲノム」第 1 回総括班会議（東京）

3 月 25 日 日本応用動物昆虫学会大会「昆虫ゲノム解析入門」

平成 17 年度

4 月 20 日 第 1 回支援班会議

6 月 20 日 「比較ゲノム」班会議（名古屋大学）

7 月 27 日 平成 17 年第 1 回総括班会議（東京国際フォーラム）

9 月 6-8 日 合同班会議（富山）

9 月 17, 18 日 ゲノムフォーラム（東京、丸ビルホール）

11 月 3-5 日 微生物ゲノム合同研究会（宮崎）

12月11日 ミニゲノム広場（福岡、エルガーラ）

12月12日-14日 支援班マイクロアレイ講習会（九州大学）

平成 18 年

1月30、31日 領域横断バイオインフォマティクス研究会（福岡）

3月11日 17年度第2回「比較ゲノム」総括班会議

平成 18 年度

5月26-27日 比較ゲノム領域班会議（京都）

9月20-22日 合同班会議（大阪）

11月4、5日 ゲノムひろば（東京）

11月18、19日 ゲノムひろば（京都）

11月20-22日 領域横断微生物研究会（仙台）

12月10日 ミニゲノムひろば（福岡）

平成 19 年

1月13日 比較ゲノム、研究項目代表会議（国立情報研）

1月29日 B02 研究連絡会議（国立情報研）

2月27、28日 領域横断昆虫ゲノム研究会（東大農学部）

3月17、18日 領域横断植物ゲノム研究会（名古屋大学野依学術交流館）

3月28日 国際ワークショップ“Origin of Vertebrates: Approaches from Genome Biology and Informatics”（東京、一ツ橋講堂）

平成 19 年度

4月27、28日 比較ゲノム情報研究会（京都）

6月25-27日 合同班会議（神戸）

7月19日 比較ゲノム、研究項目代表会議（東京）

7月27日 領域 2 比較ゲノム総括班会議（東京）

10月13、14日 ゲノムひろば（大阪）

12月23日 ミニゲノムひろば（福岡）

平成 20 年

3月6、7日 第二回昆虫ゲノム研究会（東京）

3月15日 第二回総括班会議

平成 20 年度

5月31日 第一回領域班会議（東京）

6月13日 第二回比較ゲノム情報研究会（福岡）

8月25-27日 20年度合同班会議

10月25、26日 ゲノムひろば（名古屋）

12月21日 ミニゲノムひろば（福岡）

平成 21 年

3月11、12日 第三回領域横断昆虫ゲノム研究会（神戸）

平成 21 年度

8月1日～2日 ゲノムひろば（東京）

8月5日、6日 領域横断植物ゲノム研究会（岡崎）

8月31、9月1日 合同班会議（神戸）

12月20日 ミニゲノムひろば（福岡）

平成 22 年

1月29～30日 第3回比較ゲノム情報研究会（福岡）

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕（計1件）

①Goto H, Watanabe K, Araragi N, Kageyama R, Tanaka K, Kuroki Y, Toyoda A, Hattori M, Sakaki Y, Fujiyama A, Fukumaki Y, Shibata H. The identification and functional implications of human-specific "fixed" amino acid substitutions in the glutamate receptor family *BMC Evol Biol.*;9:224-233. (2009)、査読有

〔学会発表〕（計1件）

①藤山 秋佐夫：超大規模配列決定がもたらす生命研究へのインパクト、日本分子生物物学会春期シンポジウム（2009年5月12日、宮崎国際会議場、宮崎市）

〔その他〕

ホームページ等

<http://www.genome-sci.jp/>

6. 研究組織

(1) 研究代表者

藤山 秋佐夫 (FUJIYAMA ASAO)

国立情報学研究所・情報学プリンシプル研究系・教授

研究者番号：60142311