

平成 22 年 3 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：16065101

研究課題名（和文） ゲノム情報に基づく医学、微生物の新展開

研究課題名（英文） Applied Genomics

研究代表者

辻 省次 (TSUJI SHOJI)

東京大学・医学部附属病院・教授

研究者番号：7015012

研究成果の概要（和文）：

本研究領域は、ゲノム医学研究、応用面を重視したゲノム微生物研究、ゲノム研究と社会の接点の研究を柱として、研究項目 C01 「ゲノム情報を基盤とした疾患遺伝子の探索・検証と医療への応用」、研究項目 C02 「臨床データとゲノム情報の統合を基礎とした疾患のシステム的理解と医療への応用」、研究項目 C03 「ゲノム情報に基づく微生物の有効活用」、研究項目 C04 「ゲノム解析による微生物病原性の解明」、研究項目 C05 「ゲノム研究と社会との接点に関する研究と活動」を設定した。研究成果としては、単一遺伝子疾患 (cerebral autosomal recessive arteriopathy with subcortical infarcts and leukoencephalopathy (CARASIL), Costello 症候群, cardio-facio-cutaneous (CFC) 症候群など) の病因遺伝子の同定を達成した。多因子疾患については、全ゲノム関連解析 (genome-wide association study, GWAS)により、糖尿病、脳動脈瘤、関節リウマチ、パーキンソン病などの疾患感受性遺伝子を同定した。有用微生物については、麹菌、放線菌に関して、有用遺伝子の発現に係わる多数の転写因子などのゲノム要因の解明、病原微生物については、O157 などの腸管出血性大腸菌 (EHEC) を中心とした腸管病原菌と腸管内常在細菌叢のゲノム研究を行い、O157 の病原因子の網羅的同定と機能の解明、迅速 O157 菌株識別法の開発と商品化に成功した。ゲノム研究と社会との接点に関する研究と活動については、「ゲノムひろば」の開催、ヒト試料収集システムの構築、インフォームド・コンセント履行補助者 (GMRC) の養成・認定制度の確立、ゲノム科学に対する一般市民の意識についてのわが国初の全国調査を実施した。

研究成果の概要（英文）：

This study has focused on application of genome-based studies for better understanding the molecular mechanisms of diseases, for better understanding mechanisms of production of substances useful for human life by microorganisms, and for better understanding the molecular basis of pathogenicity of virulent microorganisms. This study has also focused on various issues arising between the genome research and the society. In the study for better understanding the molecular mechanisms of diseases, we have identified causative genes for various diseases including cerebral autosomal recessive arteriopathy with subcortical infarcts and leukoencephalopathy (CARASIL), Costello syndrome, and cardio-facio-cutaneous (CFC) syndrome. For polygenic diseases, we have identified disease-susceptibility genes for a number of diseases including diabetes mellitus, cerebral aneurysms, rheumatoid arthritis and Parkinson disease. In the research focusing on production of useful substances by microorganisms, we have elucidated the molecular basis for production of substances for human life based on the genome structures of *Aspergillus oryzae* and *Actinomyces*. With regard to the molecular basis of virulent microorganisms, we have elucidated molecular basis of virulence of O157 (*Enterohemorrhagic Escherichia coli*). In the research field of society-genome

interactions, we have focused on science communication of genome research activities. We have also put our effort to encourage collection of genomic resources by introducing the education and certification systems for genome medical research coordinators.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
平成16年度	3,500,000	0	3,500,000
平成17年度	48,600,000	0	48,600,000
平成18年度	41,600,000	0	41,600,000
平成19年度	48,600,000	0	48,600,000
平成20年度	45,000,000	0	45,000,000
平成21年度	45,000,000	0	45,000,000
総計	232,300,000	0	232,300,000

研究分野：ゲノム科学

科研費の分科・細目：ゲノム科学・ゲノム生物学，ゲノム医科学，応用ゲノム科学

キーワード：疾患関連遺伝子，ゲノムワイド関連解析，ヒトゲノム配列再解析，メディカルインフォマティクス，微生物ゲノム，産業微生物ゲノム，産業微生物ゲノム

1. 研究開始当初の背景

ゲノム医学の分野においては、ヒトゲノム全配列に加えて、大量の多型情報が蓄積されつつあり、単一遺伝子疾患だけでなく、多因子疾患の病因の解明に本格的に取り組むことができる環境が整ってきた。すなわち、ヒトの全ゲノム配列情報と膨大な多型情報を基盤として、疾患の発症関連遺伝子を探索し、疾患の病態機序を解明することが求められる。さらに重要な課題は、こういった疾患の病態機序の解析結果を、いかにして疾患の治療法や予防法の確立へと発展させていくかという点である。また、ゲノム研究の成果を機動的に医療に応用するためには、ゲノム研究から生み出される大量のデータを、膨大で多岐に渡る臨床情報と統合することが必要不可欠である。そのためには、情報科学とゲノム医学とが新しい形で融合した研究分野を開拓することが強く求められる。

ヒトなどのゲノム解析と並んで、微生物のゲノム解析も急速に進展しており、微生物の研究も個別研究から **genomics** を基盤とした研究へと大きく変化しつつある。なかでも、我々の健康や生活と関連の深い病原微生物や有用微生物のゲノム解析は特に進展が著しく、これには病原微生物や有用微生物にお

けるゲノム研究の必要性が強く反映されている。感染症については、抗生物質の飛躍的な進歩により、その多くが克服されたかに見えたが、現実には、抗生物質の乱用によって生み出された様々な薬剤耐性菌がわれわれの健康にとって重大な問題となっており、様々な新興・再興感染症の出現やバイオテロリズムなどは現代社会が直面する新たな脅威である。また一方では、微生物ゲノムにコードされる多様な物質生産能力を最大限に活用して、感染症を含む様々な疾患の新しい治療薬などを開発したり、有用物質生産の効率化を図ることが、大きな社会的要請となっている。したがって、感染症の克服と微生物の積極的利用を目標とした病原微生物と有用微生物のゲノム研究を集中的に展開する必要がある。このアプローチは、ゲノム医学のアプローチとともに、われわれの健康の増進に直接的あるいは間接的に大きく寄与するものと期待される。

ゲノム研究の飛躍的な進展、特に本研究領域で推進しようとするヒトの健康増進を目指したゲノム医学とゲノム微生物学研究は、一般社会に対する影響が極めて大きく、様々な面で社会との直接的な接点を有している。そこで、本研究領域では、ゲノム研究の社会

に対する影響を幅広い観点から研究し、科学知識の普及と受容、生命と倫理などの問題に対して適切に対応できる体制を作ることをめざした研究もあわせて推進する必要性がある。

2. 研究の目的

上述したような背景から、新たな特定領域研究領域「ゲノム情報にもとづく医学、微生物学の新展開」（応用ゲノム）を設置した。本研究領域は、ゲノム医学研究、応用面を重視したゲノム微生物研究、ゲノム研究と社会の接点の研究を柱としたものである。

本研究領域の構成として、応用ゲノム全体の研究の推進、評価を行う総括班に加えて、ゲノム DNA 収集、インフォームドコンセントの取得などのサポートを行う支援班を設置し、研究項目としては、研究項目 C01 「ゲノム情報を基盤とした疾患遺伝子の探索・検証と医療への応用」、研究項目 C02 「臨床データとゲノム情報の統合を基礎とした疾患のシステムの理解と医療への応用」、研究項目 C03 「ゲノム情報に基づく微生物の有効活用」、研究項目 C04 「ゲノム解析による微生物病原性の解明」、研究項目 C05 「ゲノム研究と社会との接点に関する研究と活動」を設定した。研究の推進を達成するために、総括班を設置し、総括班の中に、支援班、企画委員会、Medical Whole Genome Resequencing 委員会を設置した。

3. 研究の方法

総括班では、領域における研究の推進のための企画調整、評価、他のゲノム特定領域との連絡調整を行う。そのために、総括班会議と研究会会議のほか、国際シンポジウムの開催、他のゲノム特定領域とも連携した領域横断型研究会の開催を進める。これらの研究会の立案については、企画委員会を設置して企画、運営を行った。ゲノム医学研究の推進については、ゲノムリソース収集、ゲノムメディカルリサーチコーディネーターの養成、ゲノム医学研究に関する倫理的な課題の検討、ゲノム医学研究の推進、特に大規模ゲノム解析研究の推進についての検討を行った。また、本領域は、ゲノム医学研究、応用微生物研究を柱としていることから、ゲノム研究の社会に対する影響についての研究、科学知識の普及と受容、生命と倫理などの問題に対して適切に対応できる体制を作ること、研究成果を社会に発信するための市民公開講座の開催も積極的に進めた。次世代シーケンサーの実用化を受けて、個人ゲノム解析の指針についても、Medical Whole Genome Resequencing 委員会を設置して検討した。

支援班は、ゲノムリソースの収集体制構築・支援、ゲノムメディカルリサーチコーデ

ィネーターの養成、大規模ゲノム解析（ゲノムワイド関連解析、連鎖解析）支援を重点的に進めた。支援に当たっては、研究班員からの応募を受付、「基盤ゲノム」との連携のもとに設置した支援選定委員会において支援内容を決定した。大規模ゲノム解析支援については、多系統萎縮症、アルツハイマー病、パニック障害、糖尿病、IgA 腎症、心筋梗塞、自己免疫性甲状腺炎、脳動脈瘤、パーキンソン病などのタイピング支援を実施した。

企画委員会では、国際シンポジウム、研究会会議の企画、運営を進めた。

Medical Whole Genome Resequencing 委員会では、次世代シーケンサーをゲノム医学研究に応用するために、外部委員を含め、その指針、倫理的側面について検討を行った。この結論は、さらに生命システム情報の総括班会議において議論が行われ、最終的に、平成21年5月23日に開催された、第12回生命システム情報総括班会議（4領域総括班会議）において承認され、平成21年度の研究として実施した。

C01 ゲノム情報を基盤とした疾患遺伝子の探索・検証と医療への応用

研究項目 C01 においては、最先端のゲノム解析技術を駆使することにより、単一遺伝子疾患だけではなく、はるかに頻度の高い、生活習慣病に代表される多遺伝子性疾患の病因を解明することを目的として研究を進めた。これらの研究が成果をあげるためには、十分な規模の患者ゲノムリソースの収集と高精度臨床情報の収集が必須であり、支援班による強力な研究支援のもとに推進した。

C02 臨床データとゲノム情報の統合を基礎とした疾患のシステムの理解と医療への応用

研究項目 C02 で、ゲノム研究から生み出される大量のデータを、膨大で多岐に亘る臨床情報と統合することにより、新たな知識発見とゲノム研究の成果を機動的に医療に応用するためのシステムの開発を進めた。

C03 ゲノム情報に基づく微生物の有効活用

研究項目 C03 では、微生物のもつ多様な有用物質生産能力を最大限に活用した医薬・工業原料の開発、微生物での有用物質生産の効率化とその研究成果に基づく新たな産業の創成が最終的な目的となる。そのために、有用微生物のゲノム解読と全ゲノム情報に基づいたゲノムワイドな有用遺伝子の検索と機能解析を推進し、有用物質生産のゲノム情報基盤を解明する。さらにゲノム改変技術の開発や人工的遺伝子クラスターの創成により、微生物を用いた有用物質の増産と新規医薬・工業原料の開発につながる非天然型化合物の生産をめざした。

C04 ゲノム解析による微生物病原性の解明

病原微生物を対象とする研究項目 C04 では、新興・再興感染症や多剤耐性菌による院内感染症など、現代社会が新たに直面するさまざまな感染症の脅威に対して有効な対策を考案することが最終的な目的となる。そのために、病原微生物のゲノム解読と全ゲノム情報に基づいた系統的な病原遺伝子の検索や機能解析、ゲノム多様性解析を推進し、微生物病原性のゲノム情報基盤を解明する。感染防御などヒトの健康と深い関わりのある常在細菌叢のゲノム解析にも取り組む。これらの成果に基づき、種々の感染症に対する新たな診断・サーベイランス法や治療・予防法の開発を進めた。

C05 ゲノム研究と社会との接点に関する研究と活動

研究項目 C05 においては、ゲノム研究の社会に対する影響を幅広い観点から研究し、ゲノム研究と社会のコミュニケーションの推進、ゲノム研究に関する市民や研究者対象の意識調査、ゲノム医学研究の支援、ゲノム医学研究の応用に関する生命と倫理などの問題についての研究および実践活動を推進することを目的とする。研究および実践活動を進めるに当たっては、応用ゲノムのみならず、特定領域研究ゲノム4領域の他の3つの領域とも連携を図り、ゲノム研究の現場のニーズや問題意識に合わせた研究と活動を進めた。

4. 研究成果

C01 ゲノム情報を基盤とした疾患遺伝子の探索・検証と医療への応用

疾患遺伝子探索については、単一遺伝子疾患、多因子疾患についての研究を進めた。単一遺伝子疾患に関しては、平成17年度から現在まで、連鎖解析による候補領域の絞り込み、そして、病因遺伝子の同定という一連の標準的なアプローチで研究を進めた。その成果として、常染色体劣性遺伝性の脳血管疾患である cerebral autosomal recessive arteriopathy with subcortical infarcts and leukoencephalopathy (CARASIL) の病因遺伝子が HTRA であることを発見、Costello 症候群、cardio-facio-cutaneous (CFC) 症候群の原因遺伝子の発見をあげることができる。また、人類遺伝学で重要な研究テーマであった、耳垢型を決定する遺伝子が ABC11 の機能的 SNP (c. 538G>A) であることを明らかにした。

多因子疾患については、common disease-common variants 仮説に立った、全ゲノム関連解析 (genome-wide association study, GWAS) を進めた。糖尿病については、平成17年より、検体リソースの収集、SNP タイピングを進め、1次スクリーニングから、2次、3次スクリーニングと進め、KCNQ1 できわめて有意に糖尿病と相関する SNP を同定

した。脳動脈瘤についても同様に、ゲノム関連解析の解析法の検討を含めて研究を進め、Yale 大学などとの国際多施設共同研究にて、1万人規模の GWAS をおこない、日本人、ヨーロッパ集団に共通した脳動脈瘤感受性遺伝子座を2、8、9番に同定した。AITD、全身性エリテマトーデス、関節リウマチの3疾患に共通の感受性遺伝子として FCRL3 (Fc receptor-like 3) を同定した。GWAS については、支援班の支援のもと、平成19年度より大規模な GWAS を開始し、アルツハイマー病、パニック障害、多系統萎縮症で1次スクリーニングを終了し、平成21年度、2次スクリーニングを進めている (その成果の一部は、Otowa et al. J Hum Genet. 2009;54(2):122-6 として既に発表されている)。

猪子らは、独自に開発した3万個のマイクロサテライトマーカーを用いて、尋常性乾癬、本態性高血圧、強度近視、子宮内膜症、摂食障害、ナルコレプシー、糖尿病、強度近視、身長について計34個の関連遺伝子を同定した。これらのうち、リウマチ感受性遺伝子である NFKBIL1 について、機能解析を行い、蛋白間相互作用に関する結果から、NFkB alternative pathway に関与する可能性が考えられたので、ネットワーク解析を行い本遺伝子が破骨細胞の NIK/p100 経路の p52/RelB 蛋白の機能の調節による分化の制御を通じて、リウマチの発症に関与することが明らかにした。

Common disease-multiple rare variant 仮説に立った研究により、パーキンソン病において、GBA 遺伝子が、オッズ比が28倍という非常に強力な疾患関連遺伝子であることを同定した。

C02 臨床データとゲノム情報の統合を基盤とした疾患のシステム的理解と医療への応用

平成17-18年度に冠動脈疾患の臨床情報データベースの構築と、ゲノム研究を連携する研究を進めた。平成19年度には、約3500症例の症例蓄積をおこなった。平成19年度には、KLF5 遺伝子の SNP-1593A/G を含む領域が、外的ストレス (アンジオテンシン II 刺激など) に応じた KLF5 発現制御にとって重要であり MEF2 結合性の相違という観点から制御機構を解明した。平成20年度には、ARID5B 遺伝子の4SNPs がハプロタイプを構成し冠動脈疾患発症と有意に相関するというデータを得た。

病態のシステム的理解と疾患情報について、平成17-19年度、疾患情報モデル作成のための情報リソース整備、脳・神経の疾患情報データベース構築として、脳の3次元画像に各種データをマップする作業を進め

るとともに、ヒトを対象に三次元データベースの設計を進めた。平成20年度には、米国におけるポール・アレン脳研究所のマウス脳三次元データベースのミラーサイトの開設に成功し、本研究課題で開発中のヒト脳三次元データベースとの比較研究、遺伝子発現プロフィールにおいて、ヒトとマウスの対応関係のあり方についての検討を行った。

C03 ゲノム情報に基づく微生物の有効活用

五味らのグループは転平成17年度の麹菌全ゲノム配列決定後、有用遺伝子の発現に係わる多数の写因子やHisキナーゼなどの同定と機能解析を行い、異種タンパク質高生産変異体の取得にも成功した。放線菌では、堀之内らのグループにより、*S. avermitilis*における大規模欠失株の作成(H17-18)とこれを利用した種々の有用二次代謝産物合成系の解析が進み、*S. griseus*においてはA因子を介した遺伝子発現調節系の全容を明らかにし、全ゲノム解読も19年度に終了した。また、ゲノム工学的手法を用いたコンビナトリアル生合成により非天然型を含む種々の有用物質の発酵生産に成功したほか、*Nocardia*属において初めてゲノム改変システムを開発した。以上の計画研究のほか、公募研究においても様々な成果があがっており、特に重要な研究成果は、跡見らのグループが超好熱菌のゲノム改変システムを世界で初めて開発し、これらのシステム等を用いた解析により種々の代謝系遺伝子を同定したほか、タンパク質高効率分泌生産株や水素高生産株の開発に成功したことである。藤田らのグループによる枯草菌の代謝制御ネットワークの解明、吉田らのグループによる希少イノシトール異性体のバイオコンバージョン関連酵素の同定等も応用ゲノム研究として重要である。

C04 ゲノム解析による微生物病原性の解明

林らのグループは0157などの腸管出血性大腸菌(EHEC)を中心とした腸管病原菌と腸管内常在細菌叢のゲノム研究を行い、0157の病原因子の網羅的同定と機能の解明、0157病原性の発現調節機構の解明、迅速0157菌株識別法の開発と商品化、026・0111・0103 EHECなど多数の大腸菌株の全ゲノム解読等に成功した。また、日本人13名の腸管フローラのメタゲノム解析を実施し、成人型と乳児型フローラの違いや特徴を解明した。ヒト喰いバクテリア群の解析を行っている清水らのグループは、一連のマイクロアレイ解析により、ウェルシュ菌の病原性発現制御ネットワークの全容を解明した。院内感染菌の解析を進めている菅井らのグループは、黄色ブドウ球菌臨床分離株の大規模ゲノム比較解析とカイコを用いた病原性評価システムの確立

を行い、院内感染型株の特性を解明し、疾患特異的遺伝子セットを同定した。セラチアでは、臨床と環境分離株の系統の違いを発見し、院内感染由来多剤耐性株のゲノム解読に成功した。以上の計画研究の成果のほか、公募研究でも様々な成果があがっており、特筆すべき研究成果として、大村らのグループが17-19年度にかけて行った一連の研究により新規のメナキノン合成経路を発見したことが挙げられる。見理らのマイコプラズマ全蛋白質の網羅的局在解析(H17-20)、抗真菌薬の新規標的分子の検索を目指した知花らによるカンジダの必須遺伝子の網羅的検索なども新しいゲノム研究として重要である。

C05 ゲノム研究と社会との接点に関する研究と活動

計画研究では、「ゲノムひろば」の開催、「ヒトゲノムマップ」の制作を行った。同時に、ゲノム研究に対する認識と研究情報のニーズ、交流法を分析した。ヒト試料収集システムの構築し、有用性を実証した。インフォームド・コンセント履行補助者(GMRC)の養成・認定制度のあり方を検討し、恒久制度として確立した。ゲノム科学に対する一般市民の意識についてのわが国初の全国調査(4000人規模)およびその他の調査を実施した。ゲノムに対する認知度は低いが、研究推進や関心は高いこと、医療に応用されるゲノム研究に関心があることなどを明らかにした。ゲノム医学・診療に関する国際機関・諸外国の宣言、指針、法令などのデータベースの整備を進めた。多因子疾患の疾患感受性遺伝子検査の分析的妥当性について、ガイドライン案の策定を行った。

5. 総括班の活動

総括班会議は、次のように、合計で12回開催した。

平成16年12月25日

平成17年7月30日

平成18年2月17日、7月29日、12月13日

平成19年8月4日、12月18日

平成20年7月18日、11月8日、12月3日

平成21年5月16日、12月2日

総括班会議の活動としては、C01-C05の研究をいかに強力に推進するかという点に焦点を置いた。研究期間の前半においては、ゲノムリソースの収集体制構築・支援、ゲノムメディカルリサーチコーディネーターの養成等の課題に対して、重点的に検討を行った。平成19年度からは、収集された大規模ゲノムリソースを基盤とした、ゲノムワイド関連解析、連鎖解析の支援を重点的に進めるため

の検討を行った。平成20年度からは、次世代シーケンサーの実用化を受けて、次世代シーケンサーの技術をゲノム解析研究に導入するための検討を進めた。特に、次世代シーケンサーをゲノム医学研究に応用するために、外部委員を含め Medical Whole Genome Resequencing 委員会を設置し、4回の会合を開催し、その指針、倫理的側面について検討を行い、結論を得た。この結論は、さらに生命システム情報の総括班会議において議論が行われ、最終的に、平成21年5月23日に開催された、第12回生命システム情報総括班会議（4領域総括班会議）において承認され、平成21年度の研究として実施された。

総括班の中に、企画委員会、支援班、支援選定委員会、Medical Whole Genome Resequencing 委員会を設置した。企画委員会では、国際シンポジウムの開催、支援班は、ゲノムリソースの収集体制構築・支援、ゲノムメディカルリサーチコーディネーターの養成、タイピング支援（ゲノムワイド関連解析、連鎖解析）を担当し、支援先手委員会は班員からの支援依頼の評価・選定を担当した。Medical Whole Genome Resequencing 委員会は、上述のように、次世代シーケンサーを用いたパーソナルゲノム（個人ゲノム）解析への応用に関する諸課題の検討を担当した。

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）

Hara K, Shiga A, Fukutake T, Nozaki H, Miyashita A, Yokoseki A, Kawata H, Koyama A, Arima K, Takahashi T, Ikeda M, Shiota H, Tamura M, Shimoe Y, Hirayama M, Arisato T, Yanagawa S, Tanaka A, Nakano I, Ikeda S, Yoshida Y, Yamamoto T, Ikeuchi T, Kuwano R, Nishizawa M, Tsuji S, Onodera O. Familial Ischemic Cerebral Small-Vessel Disease, Alopecia, and Spondylosis Caused by Mutations in the HTRA1 Gene. *New Engl J Med* 360: 1729-1739, 2009

〔雑誌論文〕（計 1231 件）

〔学会発表〕（計 件）

〔図書〕（計 件）

〔産業財産権〕

○出願状況（計 55 件）

名称：Association of HTRA1 mutations and familial ischemic cerebral small-vessel diseases.

発明者：辻省次, 小野寺理

権利者：The University of Tokyo

種類：PCT 出願

番号：PCT/JP2010/057323

出願年月日：2010年4月20日

国内外の別：国外

〔その他〕

ホームページ等

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

https://www.genome-sci.jp/modules/contents1/rewrite/tc_5.html

6. 研究組織

(1) 研究代表者

辻 省次 (TSUJI SHGOJI)

東京大学・医学部附属病院・教授

研究者番号：7015012

(2) 研究分担者 なし

(3) 連携研究者

笹月 健彦 (SASATSUKI TAKEHIKO)

国立国際医療センター・総長

研究者番号：50014121

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

小笠原 直毅 (OGASAWAEA 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

五條堀 孝 (GOJOBORI TAKASHI)

国立遺伝学研究所・生命情報・DBJ 研究センター・教授

研究者番号：50162136

井ノ上 逸郎 (INOUE ITSURO)

東海大学・医学部・教授

研究者番号：00192500

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

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

猪子 英俊 (INOKO HIDETOSHI)

東海大学・医学部・教授

研究者番号：10101932

林 健志 (HAYASHI KENSHI)

九州大学・生体防御医学研究所・教授
研究者番号：00019671
福嶋 義光(FUKUSHIMA YOSHIMITU)
信州大学・医学部・教授
研究者番号：70273084
羽田 明(HATA AKIRA)
千葉大学・大学院医学研究院・公衆衛生・教授
研究者番号：00244541
高久 史麿(TAKAKU HUMIMARO)
自治医科大学・学長
研究者番号：40048955
吉田 光昭(YOSHIDA MITUAKI)
東京大学・大学院新領域創成科学研究科・教授
研究者番号：80012607
勝木 元也(KATUKI MOTOYA)
自然科学研究機構・
研究者番号：20051732
吉田 輝彦(YOSHIDA TERUHIKO)
国立がんセンター・研究所・
研究者番号：10191602
中村 祐輔(NAKAMURA YUSUKE)
東京大学・医科学研究所ヒトゲノム解析センター・所
長
研究者番号：70217909
別府 輝彦(BEPPU TERUHIKO)
日本大学・大学院総合科学研究科・教授
研究者番号：80011873
位田 隆一(IDA RYUITI)
京都大学・大学院公共政策連携研究部・教授
研究者番号：40127543
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