

令和元年6月5日現在

機関番号：82675

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2016～2018

課題番号：16H04849

研究課題名(和文) ヒトとチンパンジーの選択的スプライシングの多様性解析とその脳内表現

研究課題名(英文) Comparative analysis of alternative splicing diversity in human and ape brains

研究代表者

郷 康広 (Go, Yasuhiro)

大学共同利用機関法人自然科学研究機構(新分野創成センター、アストロバイオロジーセンター、生命創成探究・生命創成探究センター)・特任准教授

研究者番号：50377123

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 14,800,000円

研究成果の概要(和文)：ヒトをヒトたらしめる分子基盤の解明のために、ヒトと類人猿の脳内発現遺伝子のアイソフォームレベルの比較解析を行った。解析の結果、(1)ヒトで2.5%、チンパンジーで7.6%の新規アイソフォームを同定し、(2)チンパンジーの非翻訳領域の配列長が長いこと、(3)平均アイソフォーム数がヒトの方が多いこと、(4)特定のエクソンがどちらかの種にしか存在しない遺伝子がヒトで571遺伝子、チンパンジーで791遺伝子あること、(5)ゴリラを外群として用いた場合、ヒトおよびチンパンジー特異的エクソンを持つ遺伝子の数がそれぞれ428個、597個存在すること、などを明らかにすることができた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

ヒトをヒトたらしめる分子基盤の解明に次世代シーケンサーを代表としたゲノム研究は大きな成果をあげてきたが、残された課題のひとつは転写産物の多様性に関する理解が進んでいない点である。転写産物の比較を行うことによりヒト特異的エクソンの同定が可能となり、それらがヒトの新規形質の分子基盤となる可能性を秘めている。本研究では、既存のゲノム情報に依存しない方法でバイアスなく新規エクソンを同定する手法を開発することに成功した。それらの手法を用いることで新規エクソンやヒト特異的なエクソンを多数同定することができた。今後は、それらの遺伝子の機能解析などを行うことで、ヒトの進化に及ぼした影響を考察する。

研究成果の概要(英文)：Rapid growth in high-throughput genomic biology opens new directions for studies focusing on human evolution and search for the molecular basis of human uniqueness. In this study, we have performed comparative transcriptome analysis for quantifying isoform expression using post mortem human and ape brain samples. The results suggested that (1) 2.5% and 7.6% of newly identified isoforms in humans and chimpanzees, respectively, (2) longer UTRs in chimpanzees, (3) more isoforms in humans, (4) 428 and 597 genes that have species-specific exons in humans and chimpanzees, respectively.

研究分野：神経ゲノム科学

キーワード：進化 ヒト チンパンジー 霊長類 スプライシング 脳 遺伝子発現

1. 研究開始当初の背景

「宇宙とは何か」「物質とは何か」「生命とは何か」という問いにならび「ヒトとは何か」という問いは現代科学の根源的な問いである。2000年代初頭に参照配列としての最初のヒトゲノムが明らかになって以来、塩基配列そのものの解読技術は革新的な技術進歩を遂げ、米国では100万人、英国で10万人、日本では15万人規模のヒト全ゲノム配列解読プロジェクトが進行している。しかし、いきものらしさを支える表現型の可塑性・多様性はゲノムというハードにだけ組み込まれたものでないことは、もはや明らかである。ゲノムという一次元情報が最も基本的な設計図となり、そこに書き込まれた情報がどのように時空間的に制御され発露されるかを知ることが、今後の生物学の大きな課題である。また、「ヒトとは何か」という問いに答えるためには、ヒトだけを研究対象とするのではなく、ヒト以外の生物(アウトグループ)から見た視点が必要不可欠である。そこで、本研究は、ヒトをヒトたらしめている最も大きな特徴である脳の発達・進化を「ヒトとは何か」という問いに迫るひとつの切り口として捉え、ヒトとヒトに最も近縁なチンパンジーを含めた類人猿を対象とし、各々の設計図であるゲノムが脳内においてどう時空間的に制御され、種間の差となって現れるのか、その分子基盤を解明することを通して「ヒトとは何か」という問いを明らかにすることを旨とする。

遺伝子発現の多様化が表現型の多様化にとって重要であると、キングとウィルソンは示唆した(King and Wilson 1975, Science (図1)。実際に、ヒトとチンパンジーのゲノムの差は約1.3%であるのに対して、遺伝子発現の差は組織によって異なるものの脳で約10%、精巣で約35%もの違いがある(Khaitovich et al. 2005, Science)。我々もヒトとチンパンジーの脳・小脳など異なる領域間で約30%もの遺伝子に両種間で発現差を示すことを見だし、さらに海馬を除いた皮質、線条体、小脳などの領域においてヒトの系統で特異的な発現パターンを獲得してきたことを明らかにしてきた。

このように、ヒトとチンパンジー間のゲノム差および遺伝子発現差に関する知見は次世代シーケンサーによる発展の恩恵も受け、理解が深まりつつある。しかし、残された大きな課題のひとつは、転写産物(アイソフォーム)の多様性に関する比較がほとんどなされていない点にある。転写で合成された一次転写産物(pre-mRNA)からイントロンが除去される過程でおきるスプライシング機構のうち、特定のエキソンをとばしてスプライシングを行う選択的スプライシング(alternative splicing)機構と呼ばれるものにより、1つの遺伝子から複数の転写産物やタンパク質を生成することが可能となる。つまり、遺伝子数に大きな変化がなくても、転写産物・タンパク質の種類を増やすことによって、より多様で複雑な分子システムを作ることが可能になると考えられている。実際に、進化の過程においてヒトを含めた霊長類は、マウスなどの他の哺乳類と比較して1つの遺伝子から転写される転写産物の数が1.5倍から2倍に増加していることや、ヒトの90%以上の遺伝子が少なくとも複数の転写産物を持つことなどが報告され始めている。

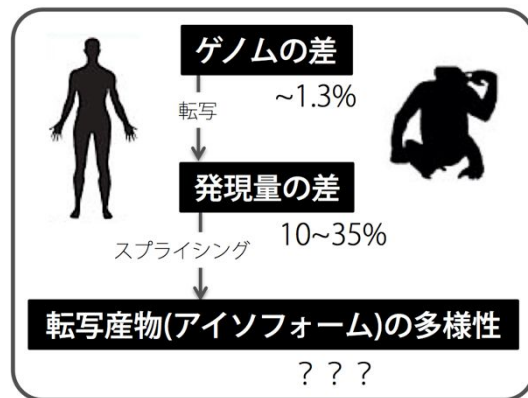


図1. ヒトとチンパンジーの分子レベルでの差違

2. 研究の目的

上記の状況を踏まえ、本研究では、ヒトとチンパンジーを含む類人猿の死後脳の複数領域を対象とし、その各々の場所で発現している転写産物の多様性(種類・スプライシングパターン・転写量など)を一分子リアルタイムシーケンサーなどを用いて高精度に計測・定量化し、転写産物の多様性という観点からヒト特異的な特徴を明らかにし、「ヒト化」に至る進化的な背景を明らかにする。具体的には、(1)異なる特性を持った2種類の次世代シーケンサーを用いたヒトとチンパンジーの脳内発現遺伝子の転写産物多様性の網羅的比較解析、(2)ヒト特異的新規発現エキソンの同定とその生物学的意義の解明、を行うことにより、転写産物レベルの両種間の違いを明らかにし、「ヒトとは何か」という問いを明らかにする。

3. 研究の方法

(1) ロングリード型シーケンサーを用いた完全長 cDNA 配列の種類やスプライシングパターンに関する網羅的同定(定性解析)

ヒトとチンパンジーの死後脳8領域を対象とし、それらの領域からトータル RNA を抽出する。第一段階として、それぞれの種における脳内の発現産物の網羅的同定を目指し、8領域(前頭葉(前頭前野背外側部・下前頭回・運動前野)、後頭葉(一次視覚野)、辺縁系(前帯状皮質・海馬)、基底核(線条体)、小脳)から抽出した RNA をプールし、それらを用いて一分子リアルタイム次世代シーケンサー(Pacific Biosciences (PacBio)社 RSII)により、完全長 cDNA 配列を Iso-Seq 法と呼ばれる手法により決定し、ヒト・チンパンジーにおける転写産物の種類や選択的スプライシングのパターンなどの定性的な比較解析を行う。

(2) ショートリード型シーケンサーを用いた発現データ取得と(1)で得た転写産物へのマッピングによる全転写産物の絶対発現量解析(定量解析)

方法(1)により、長い配列を解読することのできるロングリード型 PacBio 社 RSII を用いた定性的な解析を行うことで、ヒト脳・チンパンジー脳における1つの遺伝子から発現される遺伝子発現転写産物(アイソフォーム)の種類やスプライシングパターンに関するプロファイリングを行い、その結果を用いて以下の研究を行う。

ロングリード型シーケンサーを用いて同定した完全長 cDNA 配列に対して、ショートリード型 Illumina 社 HiSeq シーケンサーで解読する配列(100bp)をマッピングする。異なるエクソンにまたがる配列リード(Reads spanning splice junctions)の数やパターンに基づき、全ての同定された転写産物の発現量の絶対定量解析を行う。Illumina 社 HiSeq シーケンサーは PacBio 社 RSII に比べて1ランあたりの配列解読量が100~150倍多い(PacBio RSII:約8Gb, Illumina HiSeq:約800~1,200Gb)ため、シーケンスできる長さは短いもののその配列解読量のために定量性に優れている。この方法は、ヒトとチンパンジーの参照ゲノム配列を用いることなく、それぞれの種においてロングリード型シーケンサーを用いて同定した転写産物(完全長 cDNA)に対してマッピングを行うために、ヒトとチンパンジー参照ゲノム配列や既存の転写産物に関するデータベースの差に非依存性(human genome centricでない)かつバイアスのない方法での比較解析が可能となる。

(3) ヒト特異的新規エクソンの同定とその生物学的意義の解明

研究(1)および(2)により得られた結果より、ヒト特異的に獲得された新規発現エクソンの同定を行い、その生物学的意義を考察する。ショートリード型の遺伝子発現データを用いたいくつかの先行研究では、ヒト特異的な新規エクソンの同定に関する報告があるが(e.g. Blekhman 2012, Nature Proceedings),それらはいずれも参照ゲノム配列にマッピングして得られた結果であるため、それぞれのゲノム配列の質に強く依存する。例えば、本来はゲノムに存在するはずの DNA 配列が、アセンブルの質の低さによってデータベース上の参照ゲノム配列内に存在していない場合、本来であれば正しくマッピングされる遺伝子発現リードの帰属先がないことになり、本当は発現している遺伝子またはエクソンが発現していないという結果になってしまう。よって、バイアスなく比較解析を行うためには、ゲノム配列の質に差のある(ヒト参照配列が最も質が高い)参照ゲノム配列にマッピングするのではなく、同じ条件で同定した各々の種由来の全転写産物に対してマッピングを行った上で、ヒト特異的に獲得された新規発現エクソンの同定を行う必要がある。

上記の理由をふまえて、ヒトとチンパンジーの両種間の比較において、ヒトのみ発現が認められるエクソンの同定を全ゲノム規模で行う。同定されたエクソンがヒト特異的に獲得されたものかどうかを判断するために、アウトグループとしてゴリラおよびテナガザルを用いた当該遺伝子の完全長 cDNA 配列の決定を PacBio 社 RSII を用いて行う。

さらに、同定された新規発現エクソンの組織特異性や、挿入位置周辺のモチーフ検索によるスプライシング制御ネットワークの進化的動態なども加味し、その生物学的意義を考察する。

4. 研究成果

研究の初年度(平成28年度)と2年度(平成29年度)に、ヒトとチンパンジーそれぞれ1検体の死後脳8領域(前頭前野背外側部,下前頭回,運動前野,一次視覚野,前帯状皮質,海馬,線条体,小脳)を用いてアイソフォーム解析用ライブラリー(Iso-Seq法)の作製,および,ロングリード型シーケンサー(PacBio社RSII)による完全長cDNA配列決定を行った。また最終年度(平成30年度)にアウトグループとしてゴリラの完全長cDNA配列決定を PacBio 社 Sequel(RSIIの上位機種)を用いて行った。

ヒトとチンパンジーで得た配列データを用いて解析を行ったところ、高品質な完全長アイソフォームをそれぞれ12,744個,9,923個同定することができた(表1)。同定したアイソフォームの中でヒトとチンパンジーの参照ゲノムにその配列がないエクソンを含むアイソフォームをヒトで20個,チンパンジーで113個同定した。

表1. ヒトとチンパンジーのアイソフォームの比較結果

Species	Human	Chimpanzee
High quality number of isoforms	12,744	9,923
Mean length isoforms (bp)	2,398	3,119
Number of loci#	6,356	4,941
Mean number of isoforms per locus#	2.0	2.0
Mean number of exons per isoforms*	8.5	11.0
Mean length of exon (bp)*	280	282

best hit to human (hg38) and chimpanzee (panTro5).

* coverage <= 90%, identity <= 90% to the reference genome

ヒトとチンパンジーで相同なアイソフォーム(3,768 個)を比較した結果,チンパンジーのアイソフォームの長さの方が長い傾向にあり(表2),タンパク質コーディング領域(CDS)が同じ長さの相同アイソフォーム(1,588 個)の比較をした結果,チンパンジーの非翻訳領域(UTR)の配列長が5'末端(327 bp vs 354 bp),3'末端(1,263 bp vs 1,346 bp)とも長いことを明らかにした(表3).

表2. 相同なアイソフォームの長さの比較

Number of orthologous isoforms	3,768
# isoforms (human > chimpanzee) (length)	1,620
# isoforms (human < chimpanzee) (length)	2,097
# isoforms (human = chimpanzee) (length)	51
Mean isoform length (human) (bp)	2,848
Mean isoform length (chimpanzee) (bp)	3,087

表3. CDS 長が同じ相同アイソフォーム(1,588 個)の長さの比較

Species	Isoform (bp)	CDS (bp)	5'-UTR (bp)	3'-UTR (bp)
Human	2,763	1,173	327	1,263
Chimpanzee	2,873	1,173	354	1,346

次に,ヒトとチンパンジーで1対1の相同遺伝子を3,305 個同定し,その相同遺伝子から転写される平均アイソフォームの数を求めたところ,ヒトの方が有意にアイソフォーム数が多いことを見出した(ヒト:2.74 個,チンパンジー:2.19 個).また,相同遺伝子において300bp以上(100 アミノ酸以上)の長さのエキソンが片一方の遺伝子にしか存在していない遺伝子(種特異的エキソン保有遺伝子)の数がヒトで571 遺伝子,チンパンジーで791 遺伝子あること,アウトグループとしてゴリラで得られた結果から,祖先系を推定すると,ヒト特異的エキソンを持つ(チンパンジーとゴリラには当該エキソンがない)遺伝子が428 個,チンパンジー特異的エキソンを持つ(ヒトとゴリラには当該エキソンがない)遺伝子が597 個存在することを明らかにした.

現在,上記で同定した遺伝子の機能や進化的な意義などに関して考察を加え論文を投稿準備中である.

5. 主な発表論文等

[雑誌論文](計9件)

Ishishita S, Takahashi M, Yamaguchi K, Kinoshita K, Nakano M, Nunome M, Kitahara S, Tatsumoto S, [Go Y](#), Shigenobu S, Matsuda Y. (2018) Nonsense mutation in PMEL is associated with yellowish plumage colour phenotype in Japanese quail. *Sci Rep*. 8(1): 16732. doi: 10.1038/s41598-018-34827-4. 査読有

Iritani S, Torii Y, Habuchi C, Sekiguchi H, Fujishiro H, Yoshida M, [Go Y](#), Iriki A, Isoda M, Ozaki N. (2018) The neuropathological investigation of the brain in a monkey model of autism spectrum disorder with ABCA13 deletion. *Int J Dev Neurosci*. 71: 130-139. doi: 10.1016/j.ijdevneu.2018.09.002. 査読有

Matsumura K, Imai H, [Go Y](#), Kusahara M, Yamaguchi K, Shirai T, Ohshima K. (2018) Transcriptional activation of a chimeric retrogene PIPSL in a hominoid ancestor. *Gene* 678: 318-323. doi: 10.1016/j.gene.2018.08.033. 査読有

Xu C, Li Q, Efimova O, He L, Tatsumoto S, Stepanova V, Oishi T, Udono T, Yamaguchi K, Shigenobu S, Kakita A, Nawa H, Khaitovich P, [Go Y](#). (2018) Human-specific features of spatial gene expression and regulation in eight brain regions. *Genome Res*. 28: 1097-1110. doi: 10.1101/gr.231357.117. 査読有

Shimogori T, Abe A, [Go Y](#), Hashikawa T, Kishi N, Kikuchi SS, Kita Y, Niimi K, Nishibe H, Okuno M, Saga K, Sakurai M, Sato M, Serizawa T, Suzuki S, Takahashi E, Tanaka M, Tatsumoto S, Toki M, U M, Wang Y, Windak KJ, Yamagishi H, Yamashita K, Yoda T, Yoshida AC, Yoshida C, Yoshimoto T, Okano H. (2018) Digital gene atlas of neonate common marmoset brain. *Neurosci Res*. 128: 1-13. doi: 10.1016/j.neures.2017.10.009. 査読有

Tatsumoto S, **Go Y** (co-first), Fukuta K, Noguchi H, Hayakawa T, Tomonaga M, Hirai H, Matsuzawa T, Agata K, Fujiyama A. (2017) Direct estimation of de novo mutation rates in a chimpanzee parent-offspring trio by ultra-deep whole genome sequencing. *Sci Rep.* 7(1): 13561. doi: 10.1038/s41598-017-13919-7. 査読有

Fukuda K, Inoguchi Y, Ichiyanagi K, Ichiyanagi T, **Go Y**, Nagano M, Yanagawa Y, Takaesu N, Ohkawa Y, Imai H, Sasaki H. (2017) Evolution of the sperm methylome of primates is associated with retrotransposon insertions and genome instability. *Hum Mol Genet.* 26(18): 3508-3519. doi: 10.1093/hmg/ddx236. 査読有

Yoshida K, **Go Y**, Kushima I, Toyoda A, Fujiyama A, Imai H, Saito N, Iriki A, Ozaki N, Isoda M. (2016) Single-neuron and genetic correlates of autistic behavior in macaque. *Sci Adv.* 2(9): e1600558. doi: 10.1126/sciadv.1600558. 査読有

Carelli FN, Hayakawa T, **Go Y**, Imai H, Warnefors M, Kaessmann H. (2016) The life history of retrocopies illuminates the evolution of new mammalian genes. *Genome Res.* 26(3): 301-314. doi: 10.1101/gr.198473.115. 査読有

[学会発表](計 28 件)

郷康広「脳・こころの個性・多様性理解にむけた比較認知ゲノム研究」, 平成 30 年度京都大学霊長類研究所共同利用研究会, 2019 年

Takashi Hayakawa, Shoji Tatsumoto, Takushi Kishida, Hikoyu Suzuki, Hiroe Ishikawa, Masato Nikaido, **Yasuhiro Go** "Life slowly, life in the dark – insight from slow loris genome" The 11th International Symposium on Primatology and Wildlife Science, 2019.

郷康広「マーモセットにおける遺伝的多様性解析および精神・神経疾患関連遺伝子解析」, 第 8 回日本マーモセット研究会, 2019 年

郷康広, 辰本将司, 石川裕恵, 岸田拓士, 早川卓志「合成ロングリードを用いた霊長類の新規ゲノム配列決定」, 第 63 回プリマーテス研究会, 2019 年

Yasuhiro Go "Dissecting the genetic diversity of Japanese's marmoset colonies" Care, use and welfare of marmosets as animal models for gene editing-based biomedical research, A Roundtable of Science and Welfare in Laboratory Animal Use Workshop, 2018.

Yasuhiro Go "The evolutionary trajectory of spatial transcriptome and epigenome in primate brains" The 46th Naito Conference on Mechanisms of Evolution and Biodiversity, 2018.

郷康広「10X Genomics 社 Chromium を用いたゲノム・トランスクリプトーム解析」, 第 213 回農林交流センターワークショップ 次世代シーケンサーのデータ解析技術公開講座, 2018 年

郷康広「霊長類ゲノム研究を通して社会性コミュニケーション創発あるいは欠如とは何か考えてみる」第 20 回日本進化学会大会, 2018 年

郷康広, 辰本将司, 石川裕恵「合成ロングリードを用いた霊長類の新規ゲノム配列決定」第 20 回日本進化学会大会, 2018 年

郷康広「ゲノムを通して我が身を知る—ヒトとサルの間にあるもの—」, 第 34 回日本霊長類学会大会公開シンポジウム, 2018 年

郷康広, 辰本将司, 石川裕恵「合成ロングリードを用いた霊長類の新規ゲノム配列決定」第 34 回日本霊長類学会大会, 2018 年

Yasuhiro Go "The evolutionary trajectory of spatial transcriptome and epigenome in primate brains" Society for Molecular Biology and Evolution (SMBE) 2018, 2018

郷康広「霊長類における精神・神経疾患関連遺伝子解析と認知ゲノミクスの展望」平成 29 年度京都大学霊長類研究所共同利用研究会「霊長類における認知ゲノム研究」, 2018 年

郷康広, 佐々木哲也, 中垣慶子, 小賀智文, 辰本将司, 石川裕恵, 白井千夏, 一戸紀孝「自閉症モデルマーモセット脳における時空間遺伝子発現解析」第 7 回日本マーモセット研究会, 2018 年

郷康広, 辰本将司, Chuan Xu, Qian Li, Olga Efimova, Liu He, 大石高生, 鶴殿俊史, 山口勝司, 重信秀治, 柿田明美, 那波宏之, Philipp Khaitovich「霊長類脳における比較トランスクリプトーム・エピゲノム解析」ConBio2017, 2017 年

郷康広「ゲノムを通して我が身を知る—ヒト集団にみられる「個性」創発の起源に関する論考—」日本社会心理学会第 58 回大会, 2017 年

郷康広「Spatiotemporal brain transcriptome architecture and application for disease model in marmosets」第 27 回日本神経回路学会全国大会, 2017 年

Yasuhiro Go "Spatiotemporal brain transcriptome architecture and application for disease model in marmosets" 第 60 回日本神経化学学会大会, 2017 年

郷康広, 辰本将司, 石川裕恵「ロングリード型 NGS を用いたニホンザル新規ゲノム配列決定」第 19 回日本進化学会大会, 2017 年

郷康広, 辰本将司, 石川裕恵「ロングリード型 NGS を用いたニホンザル新規ゲノム配列

- 決定」NGS現場の会第5回研究会，2017年
- 21 郷康広「ゲノムを通して我が身を知る～人とヒトとサルの間にあるもの～」愛知高等学校特別講演会，2017年
 - 22 郷康広「霊長類における精神・神経疾患関連遺伝子解析と認知ゲノミクスの展望」平成28年度京都大学霊長類研究所共同利用研究会「霊長類脳科学の新しい展開とゲノム科学との融合」，2017年
 - 23 Yasuhiro Go “Spatiotemporal brain transcriptome architecture in the common marmoset” 第6回日本マーモセット研究会，革新脳国際シンポジウム，2016年
 - 24 郷康広「霊長類脳の構造・機能をささえる分子基盤解明にむけたマーモセット全脳遺伝子発現動態」平成28年度第2回「革新的技術による脳機能ネットワークの全容解明プロジェクト・臨床研究グループ分科会」，2016年
 - 25 Yasuhiro Go “Spatiotemporal gene expression trajectory in the human and non-human ape brains” 6th Joint CIN-NIPS International Symposium, 2016
 - 26 辰本将司，豊田敦，今井啓雄，平井啓久，山森哲雄，伊佐正，藤山秋佐夫，郷康広「マカク属霊長類の集団エキソーム解析によるニホンザルの集団遺伝学的解析」日本遺伝学会第88回大会，2016年
 - 27 辰本将司，豊田敦，今井啓雄，平井啓久，山森哲雄，伊佐正，藤山秋佐夫，郷康広「マカク属霊長類の集団エキソーム解析によるニホンザルの集団遺伝学的解析」第32回日本霊長類学会学術大会，2016年
 - 28 辰本将司，臼井千夏，石川裕恵，郷康広「マーモセットの血液マイクロキメリズムと遺伝的多型解析」第32回日本霊長類学会学術大会，2016年

〔図書〕(計3件)

郷康広「ヒトとチンパンジーの脳の違いを発見」，科学(岩波書店)，2018年，1084-1085. ASIN:B07J35Q9HN

郷康広「ゲノム 第4版」メディカルサイエンスインターナショナル，2018年，ISBN: 978-4815701321. 分担翻訳 [第18章 ゲノムの進化]

郷康広，藤山秋佐夫，阿形清和，松沢哲郎「チンパンジー親子トリオのゲノム解析」，科学(岩波書店)，2018年，122-123. ASIN:B0791XV7LJ

〔その他〕

【研究室のホームページ】

<http://www.nips.ac.jp/coggen/>

【新聞掲載】

- 2018年10月14日 日本経済新聞 30面「ヒトらしさ 遺伝子探る」
- 2017年12月1日 科学新聞 8面「チンパンジーの親子3個体高精度で全ゲノム配列決定」
- 2017年11月2日 中日新聞 3面「チンパンジー遺伝子変異多発 ヒト分岐解明前進」
- 2017年11月2日 京都新聞 27面「チンパンジー親子のゲノム解読」
- 2017年11月2日 しんぶん赤旗 14面「チンパンジーでゲノム高精度解明」

6. 研究組織

(1) 研究分担者

なし

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属されます。