

平成22年6月4日現在

研究種目：特定領域研究

研究期間：2005～2009

課題番号：17020003

研究課題名（和文） SNP解析支援体制の確立と疾患関連遺伝子の同定

研究課題名（英文） Establishment of the support system for SNP analyses and identification of disease-associated genes

研究代表者

徳永 勝士（TOKUNAGA KATSUSHI）

東京大学・大学院医学系研究科・教授

研究者番号：40163977

研究成果の概要（和文）：大規模単一塩基多型（SNP）解析システムを確立し、2型糖尿病の2個の新規感受性遺伝子の発見、およびパニック障害、アルツハイマー病、多系統萎縮症、1型糖尿病などのゲノムワイド関連解析（GWAS）に貢献した。さらに、ナルコレプシーのGWASによって2個の新規感受性遺伝子を発見したほか、結核やマラリアに対する感受性についてゲノムワイド連鎖解析や候補遺伝子解析を行い、新たな遺伝要因を同定した。

研究成果の概要（英文）：We established a high-throughput SNP typing system, and contributed to the finding of two new susceptibility genes to type 2 diabetes and genome-wide association studies (GWAS) for panic disorder, Alzheimer disease, multiple system atrophy, type 1 diabetes, etc. Furthermore, we identified two new susceptibility genes to narcolepsy by GWAS, and performed genome-wide linkage study and candidate gene analyses for tuberculosis and malaria.

交付決定額

（金額単位：円）

	直接経費	間接経費	合計
2005年度	113,800,000	0	113,800,000
2006年度	112,300,000	0	112,300,000
2007年度	122,300,000	0	122,300,000
2008年度	122,300,000	0	122,300,000
2009年度	113,300,000	0	113,300,000
総計	584,000,000	0	584,000,000

研究分野：複合新領域

科研費の分科・細目：ゲノム科学・ゲノム医科学

キーワード：疾患感受性遺伝子、SNP、ゲノムワイド関連解析（GWAS）、糖尿病、ナルコレプシー、パニック障害、結核

1. 研究開始当初の背景

SNP解析支援：当時のSNP解析技術は手間がかかりコストも高いものであるため、候補遺伝子の関連解析や候補領域の絞込みの効率が低かった。また現在では主流となっているゲノムワイド関連解析（GWAS）についても汎

用できるシステムはなかった。いくつかの疾患について多施設共同研究グループが立ち上がり、それらの疾患感受性遺伝子を同定するため、大規模なSNP解析支援体制の確立が求められていた。

個別的な研究：ナルコレプシーについて、ア

アジア最大規模の患者試料を収集し、GWASの準備を進め、また網羅的遺伝子発現解析も開始していた。マラリアについても、3つの臨床亜型のタイ人患者試料を収集し、候補遺伝子の関連解析を開始していた。結核についてもベトナム、タイより患者とその家族、および対照者試料を収集してゲノムワイド連鎖解析および候補遺伝子の関連解析を開始していた。

2. 研究の目的

本研究は2つの主要な目的を持つ。第一に、「基盤ゲノム・ヒトSNPタイピングセンター」として、ハイスループットかつ低コストのSNP解析システムを確立し、「応用ゲノム」班員が目指す各種疾患の発症や病態に関わる遺伝子多型の探索研究を支援する。このため、数十万種以上のSNPを用いるゲノムワイド関連分析システムを導入し、有効な疾患遺伝子候補領域の探索を実現する。また、新たな高成功率・低コストのSNP解析システムを開発して候補領域の高密度関連分析を効率化する。

第二は個別的研究であり、免疫学的機序が発症に関与すると考えられる睡眠障害や感染症の感受性遺伝子を同定し、病態機序への理解を深め、新しい治療法や予防法の開発に貢献する。このためヒトナルコレプシーについてゲノムワイド関連分析および網羅的遺伝子発現解析を実施し、新たな過眠症関連遺伝子を同定してその病態機序を探る。またマラリアの臨床亜型に関して、候補遺伝子アプローチおよび候補領域アプローチを行い、重症化と関連する感受性遺伝子多型を検出する。結核についても、ゲノムワイド連鎖解析、伝達不平衡検定などを用いて感受性遺伝子を同定し、その機能を解明する。

3. 研究の方法

SNP解析支援： 従来のSNP解析システムの手間およびコストを削減して、候補遺伝子の関連分析や候補領域の絞り込みの効率を上げるとともに、SNPによるゲノムワイド関連解析(GWAS)システムを導入し、信頼度の高い解析結果を得るための基準を作成し、あわせて数百人から千人規模の健常者データを作成する。これらを活用して2型糖尿病、パニック障害、多系統萎縮症などの多施設共同研究グループによる疾患感受性遺伝子の探索研究を支援する。さらに、新しいマルチプレックスSNP解析技術(DigiTag2)を開発・実用化して、高い成功率と大幅なコストダウンを実現する。またこの技術を用いて、各種疾患

関連の再現性検証や候補領域の高密度関連分析(絞り込み)のためのSNP解析を行う。

個別的研究： ナルコレプシーについて、アジア最大規模である400例の患者試料を収集し、マイクロサテライトマーカーあるいはSNPを用いたGWASを実施して新たな感受性遺伝子を同定する。また、網羅的遺伝子発現解析で発現変動が見出された遺伝子について、脳視床下部、神経細胞等の発現分布と機能解析を進める。マラリアについては、3つの臨床亜型のタイ人患者試料を500例収集し、候補遺伝子アプローチによる重症化関連遺伝子の同定を進める。特に注目される染色体5q31領域については、マイクロサテライトマーカーとSNPをともに用いて第一義的な多型を特定する。結核については、ベトナム、タイより収集した300名の患者、500名の対照者、患者・両親の140組、罹患同胞対100組の試料に関して、新たな感受性遺伝子の探索研究を行う。ベトナム人試料について候補遺伝子の関連分析を開始するとともに、タイ人試料について罹患同胞対法によるゲノムワイド連鎖解析および候補遺伝子の伝達不平衡試験を実施する。

4. 研究成果

SNP解析支援： ゲノムワイドな50万種~90万種のSNPタイピングシステムを導入し、その精度管理のため、種々のパラメーターやその閾値を検討した。多系統萎縮症、パニック障害については50万SNP arrayを用いたGWASを完了し、複数の候補領域を検出した後、再現性検討のSNP解析を行った。引き続き、パニック障害については新しい90万SNP arrayを用いた世界最大規模(患者600人、健常者600人)のGWASを行った。現在、再現性検討解析を実施している。また同じく90万SNP arrayを用いて、アルツハイマー病のGWAS(患者1000人、健常者1000人)の一部を担当した。また、これら健常者試料のデータからいくつかのアルゴリズムを用いて日本人一般集団におけるCNV(copy number variation)の種類と頻度を解析した。

さらに、候補領域絞り込み用の新規マルチプレックスSNP解析技術(DigiTag2)の開発を進め、約9割という高い成功率、高い精度、低いコストで96種のSNPsを同時タイピングできる条件を確立した。

この方法を用いて、2型糖尿病については、疾患グループが進める3次スクリーニングのSNP解析を担当した結果、新たな感受性遺伝子*KCNQ1*が同定された。ヨーロッパ系集団で報告された約20種の感受性遺伝子が日本

人にも共通するか否かの検討にも貢献した。さらに、2型糖尿病の連鎖分析から検出された候補領域のひとつについて、プール試料を用いた第一次スクリーニング、個別試料を用いた第二次の関連分析、再現性の確認を経て、新規感受性遺伝子 *KCNJ15* を見出した。この遺伝子多型は非肥満(BMI<24)糖尿病患者により強い関連を示し、オッズ比は2.5に達した。この多型は mRNA レベルやインスリン分泌能とも関連した。このほか、アトピー性喘息の新規感受性遺伝子の同定、高血圧、1型糖尿病などと関連する多数の SNPs の検出、さらに、C型肝炎のインターフェロン α 療法への応答性に強く関連する遺伝子 *IL28B* の GWAS による発見にも貢献した。

一方、耳垢型決定する遺伝子 *ABCC11* や毛髪の太さに強く関連する遺伝子 *EDAR* の同定にも貢献したほか、アジアの73集団(約2,000人)についてゲノムワイドな5万 SNP を解析した Pan-Asian SNP Consortium に参加して、アジア諸集団の形成や疾患関連遺伝子の研究に有用な基盤情報を得た。

個別研究： ナルコレプシーに関しては、マイクロサテライト多型を用いたGWASによって検出された候補領域のひとつについてマイクロサテライト多型およびSNPを用いた絞り込みを行い、新規抵抗性遺伝子 *NLCIA* を同定した。さらに、50万SNP arrayを用いたGWAS、再現性確認、絞り込みを経て1つのSNPとLDブロック内にある2つの新規疾患関連遺伝子 *CPT1B*、*CHKB* を同定し、その発現レベルがSNP型と関連することを見出した。*CPT1B* は脂肪酸 β 酸化の律速酵素であり、血清中のアシルカルニチンがナルコレプシー症例の21%で異常低値を示すことを見出し(対照群は0%)、過眠症の病態に脂肪酸代謝経路の異常が関わることを発見した。またこのSNPについて韓国人試料でも有意な関連を確認し、ヨーロッパ系およびアフリカ系集団においても頻度は低いながら同様の傾向を観察した。

さらに、スタンフォード大グループとの国際共同GWASにより、ヨーロッパ系集団とアジア系集団に共通して、*TCRA* (T細胞リセプター α) 遺伝子内の複数のSNPがナルコレプシーと関連することを見出した。この結果とすでに知られている *HLA-DQA1/DQB1* との強い関連から、過眠症の発症に自己免疫機序も関与していることが推定された。

また、ナルコレプシー患者死後脳の網羅的遺伝子発現解析に基づいて、新規関連遺伝子 *IGFBP3* を同定し *in vitro* レポーターアッセイ系、*in vivo* の過剰発現マウス系とともにオレキシンを減少させることを見出し、さらに

行動レベルで覚醒が減少することを証明した。

マラリアに関しては、染色体5q31領域の高密度解析から、重症マラリアと関連する第一義的多型が *IL13* のプロモーター領域を含む連鎖不平衡ブロック内に存在することを見出した。また、*TIM1* 遺伝子プロモーター領域多型が遺伝子発現レベルと脳性マラリアに関連すること、*CR1* 遺伝子プロモーター多型が脳性マラリア抵抗性と関連するとともに、赤血球表面上の *CR1* 分子の発現量とも関連することを見出した。

結核については、タイ罹患同胞対連鎖解析により第5染色体長腕上に連鎖を示唆する候補領域を検出した。引き続いて、高密度関連マッピングを行い、サイトカイン遺伝子クラスターから有意な関連を見出した。また若年発症例では、第17番と20番に新たな連鎖領域を見出した。さらに、*IRF1* などの候補遺伝子と結核の関連解析を実施した。アジア系とアフリカ系では結核の遺伝要因に違いがあり、若年患者には成人患者とは異なる遺伝要因が関与すると考えられた。

5. 主な発表論文等

[雑誌論文] (計26件)

- (1) Okamoto K, Iwasaki N, Nishimura C, Doi K, Noiri E, Nakamura S, Takizawa M, Ogata M, Fujimaki R, Grarup N, Pisinger C, Borch-Johnsen K, Lauritzen T, Sandbaek A, Hansen T, Yasuda K, Osawa H, Nanjo K, Kadowaki T, Kasuga M, Pedersen O, Fujita T, Kamatani N, Iwamoto Y, and Tokunaga K: Identification of *KCNJ15* as a susceptibility gene in Asian patients with type 2 diabetes mellitus. *Am. J. Hum. Genet.* 86: 54-64, 2010. (査読有)
- (2) The HUGO Pan-Asian SNP Consortium, Abdulla MA, Ahmed I, 他 90 名, 76 番目 Tokunaga K: Mapping Human Genetic Diversity in Asia. *Science* 326: 1541-1545, 2009. (査読有)
- (3) Tanaka Y, Nishida N, Sugiyama M, Kurosaki M, Matsuura K, Sakamoto N, Nakagawa M, Korenaga M, Hino K, Hige S, Ito Y, Mita E, Tanaka E, Mochida S, Murawaki Y, Honda M, Sakai A, Hiasa Y, Nishiguchi S, Koike A, Sakaida I, Imamura M, Ito K, Yano K, Masaki N, Sugauchi F, Izumi N, Tokunaga K, and Mizokami M: Genome-wide association of *IL28B* with response to pegylated

- interferon- α and ribavirin therapy for chronic hepatitis C. **Nat. Genet.** 41: 1105-1109, 2009. (査読有)
- (4) Hallmayer J, Faraco J, Ling L, 他 45 名、19 番目 Miyagawa T、42 番目 Tokunaga K: Narcolepsy is strongly associated with the TCR alpha locus. **Nat. Genet.** 41: 708-711, 2009. (査読有)
- (5) Miyake K, Yang W, Hara K, 他 32 名、24 番目 Tokunaga K: Construction of a prediction model for type 2 diabetes mellitus in the Japanese population based on eleven genes with strong evidence of the association. **J. Hum. Genet.** 54: 236-241, 2009. (査読有)
- (6) Otowa T, Yoshida E, Sugaya N, Yasuda S, Nishimura Y, Inoue K, Tochigi M, Umekage T, Miyagawa T, Nishida N, Tokunaga K, Tanii H, Sasaki T, Kaiya H, and Okazaki Y: Genome-wide association study of panic disorder in the Japanese population. **J. Hum. Genet.** 54: 122-126, 2009. (査読有)
- (7) Miyagawa T, Honda M, Kawashima M, Shimada M, Tanaka S, Honda Y, and Tokunaga K. Polymorphism located between *CPT1B* and *CHKB*, and *HLA-DRB1*1501-DQB1*0602* haplotype independently confer susceptibility to CNS hypersomnias (Essential Hyhypersomnia). **PLoS ONE** 4: e5394, 2009. (査読有)
- (8) Honda M, Eriksson K, Zhang S, Tanaka S, Lin L, Salehi A, Helsla PE, Maehlen J, Gaus SE, Yanagisawa M, Sakurai T, Taheri S, Tsuchiya K, Honda Y, Mignot E. IGFBP3 colocalizes with and regulates hypocretin(orexin). **PLoS ONE** 4: e4254, 2009. (査読有)
- (9) Naka I, Nishida N, Patarapotikul J, Nuchnoi P, Tokunaga K, Hananantachai H, Tsuchiya N, Ohashi J: Identification of a haplotype block in the 5q31 cytokine gene cluster associated with the susceptibility to severe malaria. **Malaria Journal** 8: e232, 2009. (査読有)
- (10) Mahasirimongkol S, Yanai H, Nishida N, Ridruechai C, Matsushita I, Ohashi J, Summanapan S, Yamada N, Moolphate S, Chuchotaworn C, Chapraser A, Manosuthi W, Kantipong P, Kantiwattaya S, Sura T, Khusmith S, Tokunaga K, Sawanpanyaleert P, and Keicho N: Genome-wide SNP-based linkage analysis of tuberculosis in Thais. **Genes Immun.** 10: 77-83, 2009. (査読有)
- (11) Teeranaipong P, Ohashi J, Patarapotikul J, Kimura R, Nuchnoi P, Hananantachai H, Naka I, Putaporntip C, Jongwutiwes S, and Tokunaga K. A Functional SNP in the CR1 Promoter Region Contributes to Protection against Cerebral Malaria. **J. Infect. Dis.** 198: 1880-1891, 2008. (査読有)
- (12) Miyagawa T, Kawashima M, Nishida N, Ohashi J, Kimura R, Fujimoto A, Shimada M, Morishita S, Shigeta T, Lin L, Hong SC, Faraco J, Shin YK, Jeong JH, Okazaki Y, Tsuji S, Honda M, Honda Y, Mignot E, and Tokunaga K: Variant between *CPT1B* and *CHKB* associated with susceptibility to narcolepsy. **Nat. Genet.** 40: 1324-1328, 2008. (査読有)
- (13) Yasuda K, Miyake K, Horikawa Y, Hara K, Osawa H, Furuta H, Hirota Y, Mori H, Jonsson A, Sato Y, Yamagata K, Hinokio Y, Wang HY, Tanahashi T, Nakamura N, Oka Y, Iwasaki N, Iwamoto Y, Yamada Y, Seino Y, Maegawa H, Kashiwagi A, Takeda J, Maeda E, Shin HD, Cho YM, Park KS, Lee HK, Ng MCY, Ma RCW, So WY, Chan JCN, Lyssenko V, Tuomi T, Nilsson P, Groop L, Kamatani N, Sekine A, Nakamura Y, Yamamoto K, Yoshida T, Tokunaga K, Itakura M, Makino H, Nanjo K, Kadowaki T, and Kasuga M: Variants in *KCNQ1* are associated with susceptibility to type 2 diabetes mellitus. **Nat. Genet.** 40: 1092-1097, 2008. (査読有)
- (14) Nishida N, Koike A, Tajima A, Ogasawara Y, Ishibashi Y, Uehara Y, Inoue I, and Tokunaga K: Evaluating the performance of Affymetrix SNP Array 6.0 platform with 400 Japanese individuals. **BMC Genomics** 9: e431, 2008. (査読有)
- (15) Fujimoto A, Kimura R, Ohashi J, Omi K, Yuliwulandari R, Batubara L, Mustofa MS, Samakkarn U, Settheetham-Ishida W, Ishida T, Morishita Y, Furusawa T, Nakazawa M, Ohtsuka R, Tokunaga K: A scan for genetic determinants of human hair morphology: EDAR is associated with

- Asian hair thickness. **Hum. Mol. Genet.** 17: 835-843, 2008. (査読有)
- (16) Nuchnoi P, Ohashi J, Kimura R, Hananantachai H, Naka I, Krudsood S, Looareesuwan S, Tokunaga K, Patarapotikul J. Significant association between TIM1 promoter polymorphisms and protection against cerebral malaria in Thailand. **Ann. Hum. Genet.** 72, 327-336, 2008. (査読有)
- (17) Miyake K, Horikawa Y, Hara K, Yasuda K, Osawa H, Furuta H, Hirota Y, Yamagata K, Hinokio Y, Oka Y, Iwasaki N, Iwamoto Y, Yamada Y, Seino Y, Maegawa H, Kashiwagi A, Yamamoto K, Tokunaga K, Takeda J, Makino H, Nanjo K, Kadowaki T, Kasuga M: Association of TCF7L2 polymorphisms with susceptibility to type 2 diabetes in 4,087 Japanese subjects. **J. Hum. Genet.** 53: 174-180, 2008. (査読有)
- (18) Hananantachai H, Patarapotikul J, Ohashi J, Naka I, Krudsood S, Looareesuwan S, and Tokunaga K: Significant association between TNF- α (TNF) promoter allele (-1031C, -863C, and -857C) and cerebral malaria in Thailand. **Tissue Antigens** 69: 277-280, 2007. (査読有)
- (19) Nishida N, Tanabe T, Takasu M, Suyama A, Tokunaga K: Further development of multiplex SNP typing method, DigiTag2 assay. **Anal. Biochem.** 364: 78-85, 2007. (査読有)
- (20) Kawashima M, Tamiya G, Oka A, Hohjoh H, Juji T, Ebisawa T, Honda Y, Inoko H, and Tokunaga K: Genome-wide association analysis of human narcolepsy and a new resistance gene. **Am. J. Hum. Genet.** 79: 252-263. 2006. (査読有)
- (21) Hara K, Horikoshi M, Kitazato H, Ito C, Noda M, Ohashi J, Froguel P, Tokunaga K, Tobe K, Nagai R, and Kadowaki T: Hepatocyte nuclear factor-4 α P2 promoter haplotypes are associated with type 2 diabetes in the Japanese population. **Diabetes** 55: 1260-1264, 2006. (査読有)
- (22) Yoshiura K, Kinoshita A, Ishida T, Ninokata A, Ishikawa T, Kaname T, Bannai M, Tokunaga K, Sonoda S, Komaki R, Ihara M, Saenko V, Alipov G, Sekine I, Komatsu K, Takahashi H, Nakashima M, Sosonkina N, Mapendano C, Ghandami M, Nomura M, Liang DS, Miwa N, Kim DK, Garidkhuu A, Natsume N, Ohta T, Tomita H, Kaneko A, Kikuchi M, Russomando G, Hirayama K, Ishibashi M, Takahashi A, Saitou N, Murray J, Saito S, Nakamura Y, and Niikawa N: A SNP in the ABCC11 gene is the determinant of human earwax type. **Nat. Genet.** 38: 324-330, 2006. (査読有)
- (23) Horikoshi M, Hara K, Ohashi J, Miyake K, Tokunaga K, Ito C, Kasuga M, Nagai R, and Kadowaki T: A polymorphism in the AMPK α 2 subunit gene is associated with insulin resistance and type 2 diabetes in the Japanese population. **Diabetes** 55: 919-923, 2006. (査読有)
- (24) Kono H, Kyogoku C, Suzuki T, Tsuchiya N, Honda H, Yamamoto K, Tokunaga K, and Honda Z: Fc γ RIIB1le232Thr transmembrane polymorphism associated with human systemic lupus erythematosus decreased affinity to lipid rafts and attenuates inhibitory effects on B cell receptor signaling. **Hum. Mol. Genet.** 14: 2881-2892, 2005. (査読有)
- (25) Kuroki K, Tsuchiya N, Shiroishi M, Rasubala L, Yamashita Y, Matsuta K, Fukazawa T, Kusaoi M, Murakami Y, Takiguchi M, Juji T, Hashimoto H, Kohda D, Maenaka K, and Tokunaga K: Extensive polymorphisms of LILRB1 (ILT2, LIR1) and their association with HLA-DRB1 shared epitope negative rheumatoid arthritis. **Hum. Mol. Genet.** 14: 2469-2480, 2005. (査読有)
- (26) Noguchi E, Yokouchi Y, Zhang J, Shibuya K, Shibuya A, Bannai M, Tokunaga K, Doi H, Tamari M, Shimizu M, Shirakawa T, Shibasaki M, Ichikawa K, and Arinami T: Positional identification of an asthma susceptibility gene on human chromosome 5q33. **Am. J. Respir. Crit. Care Med.** 172: 183-188, 2005. (査読有)
- [図書] (計7件)
- (1) 徳永勝士: ヒトゲノムの多様性: ゲノムワイド多型研究のインパクト、実験医学 (増刊)、羊土社 27: 1917-1922, 2009.
- (2) 西田奈央、徳永勝士: ゲノムワイド関連

分析による多因子疾患遺伝子の探索、肝疾患 Review 2008-2009: 85-91, 2008.

(3) 徳永勝士:「人類遺伝学ノート」(徳永勝士編著) 南山堂、(総ページ数 115), 2007.

(4) 徳永勝士: 遺伝子・ゲノム多型解析法の進展.「臨床ゲノム科学入門」永井良三(監) 徳永勝士、山崎 力、大木秀一(編)、杏林図書、208-220、2007.

(5) 西田奈央、徳永勝士:大規模 SNP タイピングによる多因子疾患遺伝子の探索.「ゲノム情報と生命現象の統合的理解 2007」榊佳之、伊藤隆司、辻 省次、小原雄治(編)、実験医学増刊 羊土社 25(2):62-68, 2007.

(6) 徳永勝士: 疾患の遺伝学.「臨床生命情報学入門」永井良三(監) 山崎力、小山博史、小野木雄三(編)、杏林図書、84-97, 2006.

(7) Bannai M, and Tokunaga K: Single nucleotide polymorphism typing using degenerate-oligonucleotide-primed PCR-amplified products. In: Whole Genome Amplification. (Ed. S. Hughes and R. Lasken) Scion Publishing: 11-21, 2005.

[産業財産権]

○出願状況(計3件)

名称:糖尿病発症及び/又は進展リスクの判定方法

発明者:徳永勝士ほか4名

権利者:同上

種類:特許

番号:特願 2008-316595

出願年月日:2008年12月12日

国内外の別:国内

名称:睡眠障害の治療及び診断方法

発明者:徳永勝士ほか3名

権利者:同上

種類:特許

番号:特願 2008-49530

出願年月日:2008年2月29日

国内外の別:国内

名称:高血圧の遺伝子マーカー

発明者:三木哲郎ほか14名

権利者:同上

種類:特許

番号:特願 2005-344267

出願年月日:2005年11月29日

国内外の別:国内

[その他]

新聞等での発表:

(1) やせ型糖尿病遺伝子の発見(2010年1月9日)NHK ニュース、朝日新聞、読売新聞など各紙

(2) アジア 73 集団のゲノムワイド SNP 解析による多様性の研究(2009年12月11日)朝日新聞、読売新聞など各紙

(3) C 型肝炎治療効果に関わる遺伝子の発見(2009年9月14日)朝日新聞、日経新聞など

(4) 日中の眠気に関わる(ナルコレプシー感受性)遺伝子の発見(2008年9月28日)読売新聞、毎日新聞など

(5) 2型糖尿病に関わる遺伝子の発見(2008年8月25日)朝日新聞、読売新聞など各紙

(6) 緑の黒髪(毛髪の太さに関わる)遺伝子の発見(2007年11月20日)朝日新聞など

(7) 耳垢型を決定する遺伝子の発見(2006年1月30日)毎日新聞など

6. 研究組織

(1)研究代表者

徳永 勝士(TOKUNAGA KATSUSHI)

東京大学・大学院医学系研究科・教授

研究者番号:40163977

(2)研究分担者

大橋 順(OHASHI JUN)

筑波大学・人間総合科学研究科・准教授

研究者番号:80301141

宮寺 浩子(MIYADERA HIROKO)

東京大学・大学院医学系研究科・助教

研究者番号:40361464

本多 真(HONDA MAKOTO)

(財)東京都医学研究機構・東京都精神医学

総合研究所・副参与研究員(研究職)

研究者番号:50370979

慶長 直人(KEICHO NAOTO)

国立国際医療センター研究所・呼吸器疾患

研究部・部長(研究職)

研究者番号:80332386

(3)連携研究者

なし

(4)研究協力者

宮川 卓(MIYAGAWA TAKU)

東京大学・大学院医学系研究科・助教

研究者番号:20512263