

令和 5 年 5 月 31 日現在

機関番号：12601
研究種目：基盤研究(C) (一般)
研究期間：2018～2022
課題番号：18K06396
研究課題名(和文) 核ゲノム解析による進化速度の速い種の系統的 position 決定：尾索動物オタマボヤ類を例に

研究課題名(英文) Determining phylogenetic positions of species with accelerated evolutionary rates by genome-wide analyses: a case study on urochordate Larvaceans

研究代表者
井上 潤 (Inoue, Jun)

東京大学・大気海洋研究所・准教授

研究者番号：10596779
交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,300,000円

研究成果の概要(和文)：ゲノムに含まれるすべてのタンパク質コード遺伝子について系統樹を推定する解析パイプライン、ORTHO SCOPE* (star) を開発した (https://github.com/jun-inoue/ORTHO SCOPE_STAR)。ユーザーは、web version に保存されている動植物 600 種のデータから注目する分類群の遺伝子モデルデータを利用できる。このデータをスーパーコンピューターで解析してすべての遺伝子の系統樹を推定し結果を統合することで、種の系統関係をより正確に推定する。その過程では、オタマボヤ類など特定の系統で進化速度が加速した遺伝子を除外できる。

研究成果の学術的意義や社会的意義

学術的意義：分子系統解析を専門としない研究者であっても、遺伝子系統樹に基づいてゲノムの進化を考察できるようになった点。
社会的意義：いまだに「解析スピードが速いため巨大なデータを解析できる」だけで正確さを追求しない解析ツールが出回る本研究分野に、50 年以上の歴史をもつ分子系統解析を取り入れた解析ツールを提供することで、軌道修正のチャンスを提供した点。

研究成果の概要(英文)：In order to determine phylogenetic positions of species with accelerated substitution rates of gene sequences, I developed ORTHO SCOPE* (star). ORTHO SCOPE* estimates phylogenetic trees for all protein-coding gene sequences. By using supercomputers, users can estimate phylogenetic positions of focal species by employing gene models available from web version (<https://github.com/jun-inoue/orthoscope>). Moreover, users can estimate phylogenetic positions of whole genome duplications and evaluate presence or absence of horizontal gene transfer events.

研究分野：分子系統解析

キーワード：ゲノム比較 解析パイプライン オタマボヤ類

1. 研究開始当初の背景

(1) 進化速度が速い種の系統的位置推定は難しい: 脊椎動物など動物の分子系統解析は、ミトコンドリアゲノムや rRNA 遺伝子配列に基づく解析で一定の成果を得た。例えば申請者は、ミトコンドリアゲノム分析によって条鰭魚類根幹の系統関係を網羅的に解明した (Inoue et al. 2003 など)。しかし、20 程度の遺伝子に基づく解析では、未解決の分岐が多く分類群で残された。そして現在、これら未解決の分岐解明に急速に蓄積する核ゲノムのデータにもとづく解析が期待されていたが、以下 3 点の問題に直面していた: (i) オースログ判定、(ii) 遺伝子の不完全な系統仕分け、(iii) 進化速度の加速 (図 1)。

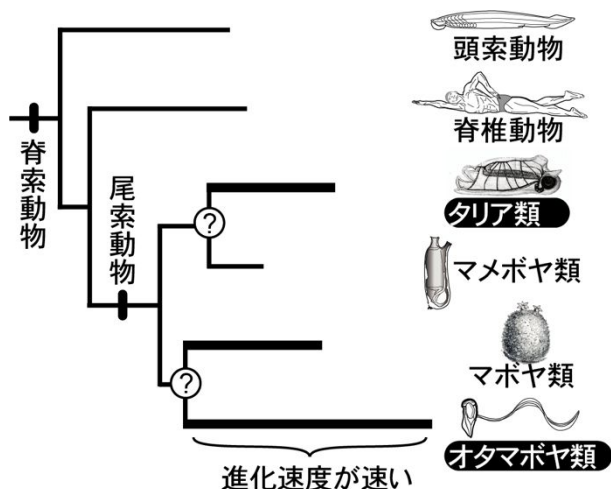


図 1. ホヤ類の 18S rRNA 分子系統樹 (Holland, 2016)。

(i) のオースログ判定 (遺伝子が種分化で分離したかどうか) のミスは、多くの研究が採用する配列の類似性のみに基づく解析で見られる (Gabaldon and Koonin 2013)。そこで申請者は、遺伝子の系統樹を推定する web tool を作成し、正確な脊椎動物のオースログ判定を可能にした (Inoue and Satoh 2019)。 (ii) の問題は incomplete lineage sorting として知られる。哺乳類根幹など分岐が短い期間に集中した場合に問題となるが、既存のソフトウェアによって遺伝子ごとの系統樹を解析することで対応できる。 (iii) の問題は長枝誘引として知られ (図 1)、長い枝同士が誤ってクレードを形成しやすくなる現象である。進化速度が加速した種は形態学的にも鍵となる形質をもつことが多いため、系統的位置の決定が重要でありながら難題として残されていた (Doyle et al. 2015)。

脊椎動物の姉妹群である尾索動物 (ホヤ類) の系統解析でも、加速した進化速度 (iii) が最も大きな障壁となっている。例えばオタマボヤ類は、脊椎動物と尾索動物に共通した鍵となる特徴を最も多く残すうえに (図 1)、ナメクジウオ (頭索動物) より脊椎動物に近縁であるにもかかわらず、進化速度が速いため尾索動物内部で系統的位置が不明である。

(2) オタマボヤ類に注目する理由: オタマボヤ類は、一生を通じて浮遊生活を送るため、成体の形態的特徴が他の尾索動物とは大きく異なり、脊椎動物の祖先的形質を備えている。このため、モデル生物として期待され、継代飼育が行われている (Marti-Sloans et al. 2015)。尾索動物の成体は動物では珍しく固着生活を送るため、尾索動物内部にオタマボヤ類が分岐すれば、尾索動物祖先の成体は固着性でありオタマボヤ類成体の遊泳性は固着性が失われたことにより獲得されたことになる。尾索動物根幹にオタマボヤ類が分岐すれば、尾索動物祖先の成体は遊泳性であり、オタマボヤ類の遊泳性は祖先形質として残されたことになる。しかし、オタマボヤ類の遺伝子配列は進化速度が速いものが多いと考えられ、系統的位置が推定できずにいる。その解決は尾索動物主要グループ間の系統関係の解明も意味するため、モデル生物カタコウレイボヤ (*Ciona intestinalis*) を中心とした尾索動物の進化解析に必要な不可欠な系統枠も提供する。

(3) 現在行われているゲノム系統解析の問題点: 進化速度の速い遺伝子配列を持つ種の系統的位置を決定するには、進化速度が種間で一定した遺伝子だけを系統推定マーカーとして用いて解析を行う必要がある。このためには、核ゲノム全遺伝子の系統樹を推定し枝長 (進化速度) のそろった遺伝子だけを選出する必要がある。ミトコンドリアゲノム解析からも (Inoue et al. 2009 など)、進化速度の均質な遺伝子は系統解析の精度が高いことは明確である。2000 年代に入り、急速に蓄積したゲノムデータを用いれば、長大なデータセットを作成することで、未解決の種系統解析に適用できると、大きな期待がなされた。しかし、実際に行われたゲノム系統解析では、基本的には配列の類似性のみを根拠に系統推定マーカーを選定しているため、遺伝子ごとに系統樹は推定されず、枝長のそろった遺伝子を選ぶことができない。

2. 研究の目的

(1) 解析手法の開発: 実際、現在行われている多くのゲノム系統解析は、データの長さを重視するあまり、進化速度差異による悪影響を軽視している (Doyle et al. 2015)。この状況を打破するためには、50 年以上に渡って培われた理論と手法からなる分子系統解析が必要なことは明確だったが、ゲノム上の個々の遺伝子について系統解析を行うには膨大な時間と作業を要するため、現実的ではなかった。最近になって、コンピューターの解析スピードが上昇し、これらの熟成された解析がゲノム規模のデータに適用可能になった。井上は、分子系統解析を駆使した方法 (図 2) を、ORTHOSCOPE* (star) に組

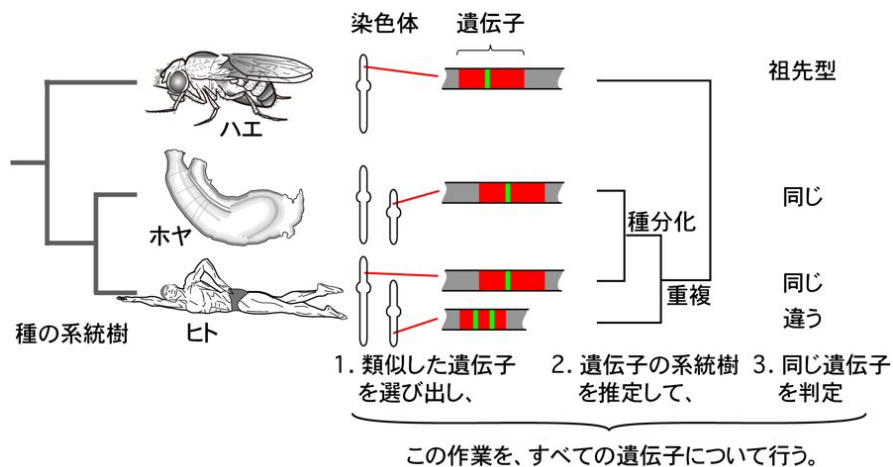


図 2. ORTHOSCOPE* が行う解析の概要。

み込んだ。このソフトウェアは、すべての遺伝子の歴史を推定して結果を統合することで、ゲノム進化イベントを推定する。このスクリプトを用いれば、種間で進化速度の異なる系統を含んだ遺伝子データセットを候補から外すことで、系統推定マーカーを厳選できる。

(2) オタマボヤの系統的位置を推定: オタマボヤ類数種のトランスクリプトームデータを解読し、開発した手法を適用することで、オタマボヤ類の尾索動物内部での系統的位置を決定する。遊泳性であるオタマボヤ類が、固着性である尾索動物内部のどの位置に分岐するか判定する。

3. 研究の方法

(1) 解析手法の開発: ゲノムに存在するすべての遺伝子の系統樹を推定する ORTHOSCOPE* を開発した。ORTHOSCOPE* は、Python で書かれており、いくつかの既存のプログラム (遺伝子配列のアライメントや系統樹を推定するプログラム) を、スクリプト上で実行する。ORTHOSCOPE* は、ORTHOSCOPE web version のスクリプトを改変して作成した。Web version が 1 遺伝子の系統樹を推定するのに対し、ORTHOSCOPE* は、スーパーコンピュータで走らせることで、ゲノムに存在するすべての遺伝子の系統樹を推定するだけでなく、その結果を集約しゲノム全体の進化を考察できる。

(2) オタマボヤ類・トランスクリプトームデータの解読: オタマボヤ類を千葉県館山沿岸でプランクトンネットを用いて採集した。配列の解読には、イルミナ社 (ショート) とナノポア社 (ロング) の機器を用いた。主要系統から複数種を選ぶと系統解析の精度が格段に向上するため、主要系統それぞれから 2 種以上を代表として用いた。対象種の絞り込みは、オタマボヤ類の研究を精力的に進めている研究分担者の西野と協議して行った (西野 & 小野 2017)。

4. 研究成果

(1) ORTHOSCOPE* の開発: 申請者は分子系統解析を駆使した方法 (図 2) を、ORTHOSCOPE* (star) に組み込み、論文として発表した (Inoue 2022)。このソフトウェアは、すべての遺伝子の歴史を推定して結果を統合することで、ゲノム進化イベントを推定する。

水平伝搬: ORTHOSCOPE* には、他にも画期的な特徴がある。それは、web version から動植物 600 種以上のゲノムデータ (遺伝子モデル) をすぐに利用できる点である。これら ORTHOSCOPE* の能力を示すために、動物では本当に尾索動物だけがセルロース合成を担う遺伝子 (CesA 遺伝子) を持つのか検証した (図 3)。現生動物の CesA 遺伝子は、水平伝搬によってバクテリアから尾索動物に移動したことが知られる。尾索動物は動物で唯一、バクテリアや植物のようにセルロースを合成する能力を獲得し体を硬い膜で覆うことが知られる。

サンゴや貝類、昆虫などの動物 49 種を含むゲノムデータを ORTHOSCOPE* で解析し、全遺伝子の歴史を推定した。すると CesA 遺伝子は、尾索動物の主要系統全てが保持しているが、他の動物にないこと (Inoue et al. 2019) が再現された。このことは、バクテリアのある系統から尾索動物の祖先種に CesA 遺伝子

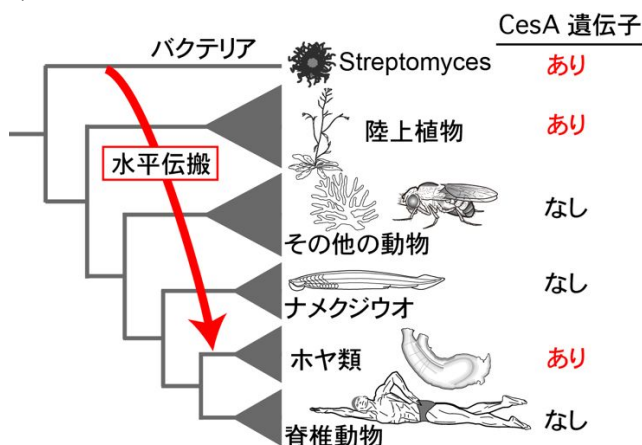


図 3. ORTHOSCOPE* 解析: 既知の水平伝搬を検出し、ORTHOSCOPE* 解析の信頼性を確認した。

が水平伝搬したことで、尾索動物が 3000 種にまで繁栄できたことを物語る。さらに新しい事実もわかった。それは、他に同様の保持パターンを示す遺伝子は存在しなかったことである。このことは、セルロース合成に利用している CesA 以外の遺伝子を、バクテリアの *Streptomyces* 系統から得なかったことを意味する。

全ゲノム重複：真骨魚類は進化の初期段階に全ゲノム重複を経験したことが知られる。この事実を ORTHOSCOPE* が検知できるか、魚類 8 種のゲノムを比較して確かめた(図 4)。ORTHOSCOPE* は、祖先ゲノムに存在した遺伝子の何%に、遺伝子重複の痕跡が残っていたのか算出する。すると、その割合は、確かに他の分岐よりも真骨魚類根幹の分岐の祖先ゲノム (33%) で多かった。つまり、ORTHOSCOPE* を使えば、未知の全ゲノム重複を発見する最初の手がかりが得られる。

種の系統関係：全ゲノム重複の推定と同様に、遺伝子系統樹ごとに得られた結果をまとめることで、ゲノム全体の系統仮説、すなわち、種の系統仮説を評価できる。例えばコイ、サケ、メダカの系統関係は、形態や分子データの解析から広く支持されているが(図 4)、他にも 2 種類の仮説が存在する(図 5)。ORTHOSCOPE* を用いて、すべての遺伝子系統樹から信頼性の高い樹形だけを用いて結果を統合したところ、2520 遺伝子が、広く認められる系統樹を指示した。一方で、コイとメダカが近縁となる、あるいはコイとサケが近縁となる樹形を指示した遺伝子系統樹は、それぞれ 66、264 遺伝子と、極端に少なかった。つまり ORTHOSCOPE* は、種の系統関係の仮説を、全ゲノムレベルのデータで検証できる。

(2)オタマボヤ類・トランスクリプトームデータの解読：8 種のトランスクリプトームデータを解読した。得られた配列はまだ論文としてまとめていないため、国際 DNA バンクなどには未登録である。そこで、予備的な解析として、公開されているオタマボヤのゲノム配列を用いて解析を行なった。すると、筋肉タンパク質をコードする 32 遺伝子のうち、少なくとも 3 遺伝子では、アクチン(図 6) など、オタマボヤ類で進化速度が加速していない遺伝子であった。これらは系統推定マーカーの有力な候補と言える。

これまで行われていたゲノム比較では、遺伝子の歴史が十分に考慮されていなかったため、遺伝子にしる染色体領域にしる、比較する対象を間違えていることが多かった。ORTHOSCOPE* を用いれば比較する遺伝子を正しく選べるため、これまで多数の動植物で解読されたゲノム配列をそれらの種の進化と照らし合わせることが可能となる。将来は、オタマボヤ類の系統的位置はもちろんのこと、ヒトの起源を含め、生命進化の謎の解明に大きく貢献すると期待できる。

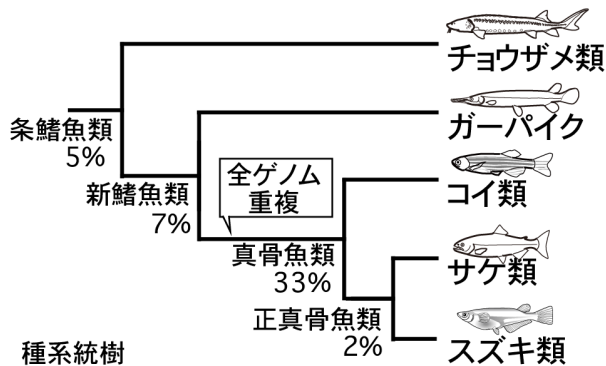


図 4. ORTHOSCOPE* 解析：全ゲノム重複の系統的な位置を推定。数字は、それぞれの分岐直前で生じた遺伝子重複の痕跡を残す遺伝子の割合を示す。既知の全ゲノム重複が検出し、ORTHOSCOPE* 解析の信頼性を確認した。

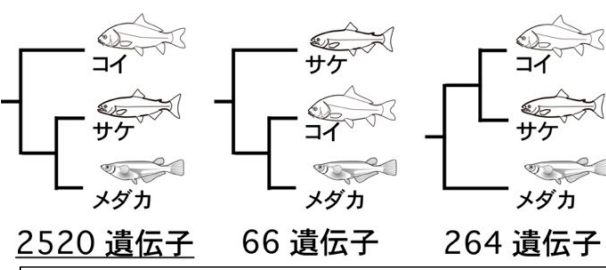


図 5. ORTHOSCOPE* 解析：種の系統関係を推定。3 つの系統解説のうち広く認められる関係が最も多くの遺伝子系統樹で再現され(下線)、ORTHOSCOPE* 解析の信頼性を確認した。

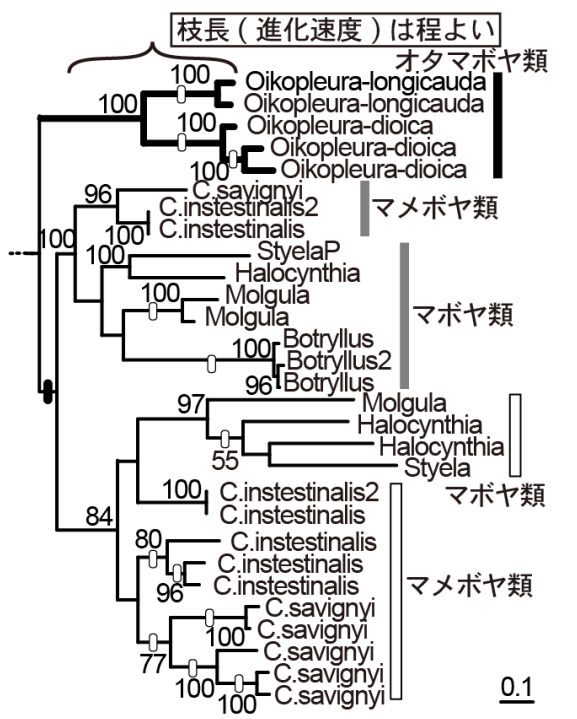


図 6. ORTHOSCOPE* 解析で予想される結果例：アクチン遺伝子の系統樹。オタマボヤ類の枝長は長すぎないため、アクチン遺伝子は系統解析マーカーの候補となる。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計13件（うち査読付論文 13件／うち国際共著 3件／うちオープンアクセス 13件）

1. 著者名 Yasuda Nina, Inoue Jun, Hall Michael R., Nair Manoj R., Adjeroud Mehdi, Fortes Miguel D., Nishida Mutsumi, Tuivavalagi Nat, Ravago-Gotanco Rachel, Forsman Zac H., Soliman Taha, Koyanagi Ryo, Hisata Kanako, Motti Cherie A., Satoh Noriyuki	4. 巻 9
2. 論文標題 Two Hidden mtDNA-Clades of Crown-of-Thorns Starfish in the Pacific Ocean	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Frontiers in Marine Science	6. 最初と最後の頁 831240
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3389/fmars.2022.831240	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 Isomoto Akiko, Shoguchi Eiichi, Hisata Kanako, Inoue Jun, Sun Yinrui, Inaba Kenji, Satoh Noriyuki, Ogawa Tomohisa, Shibata Hiroki	4. 巻 14
2. 論文標題 Active Expression of Genes for Protein Modification Enzymes in Habu Venom Glands	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Toxins	6. 最初と最後の頁 300 ~ 300
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3390/toxins14050300	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 Inoue Jun	4. 巻 39
2. 論文標題 ORTHOSCOPE*: A Phylogenetic Pipeline to Infer Gene Histories from Genome-Wide Data	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Molecular Biology and Evolution	6. 最初と最後の頁 1 ~ 10
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1093/molbev/msab301	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 Shinzato Chuya, Narisoko Haruhi, Nishitsuji Koki, Nagata Tomofumi, Satoh Noriyuki, Inoue Jun	4. 巻 8
2. 論文標題 Novel Mitochondrial DNA Markers for Scleractinian Corals and Generic-Level Environmental DNA Metabarcoding	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Frontiers in Marine Science	6. 最初と最後の頁 1 ~ 9
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3389/fmars.2021.758207	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 Satoh Noriyuki, Tominaga Hitoshi, Kiyomoto Masato, Hisata Kanako, Inoue Jun, Nishitsuji Koki	4. 巻 9
2. 論文標題 A Preliminary Single-Cell RNA-Seq Analysis of Embryonic Cells That Express Brachyury in the Amphioxus, Branchiostoma japonicum	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Frontiers in Cell and Developmental Biology	6. 最初と最後の頁 1~16
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fcell.2021.696875	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 Inoue, J.	4. 巻 5
2. 論文標題 Commentary on ORTHOSCOPE: a web tool for genome comparisons.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Journal of Genetics and Genomes	6. 最初と最後の頁 1
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 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 Inoue Jun, Saitou Naruya	4. 巻 38
2. 論文標題 dbCNS: A New Database for Conserved Noncoding Sequences	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Molecular Biology and Evolution	6. 最初と最後の頁 1665~1676
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/molbev/msaa296	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 Shinzato Chuya, Khalturin Konstantin, Inoue Jun, Zayas Yuna, Kanda Miyuki, Kawamitsu Mayumi, Yoshioka Yuki, Yamashita Hiroshi, Suzuki Go, Satoh Noriyuki	4. 巻 38
2. 論文標題 Eighteen Coral Genomes Reveal the Evolutionary Origin of Acropora Strategies to Accommodate Environmental Changes	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Molecular Biology and Evolution	6. 最初と最後の頁 16~30
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/molbev/msaa216	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 Nishimura Luca, Sugimoto Ryota, Inoue Jun, Nakaoka Hirofumi, Kanzawa-Kiriyama Hideaki, Shinoda Ken-ichi, Inoue Ituro	4. 巻 66
2. 論文標題 Identification of ancient viruses from metagenomic data of the Jomon people	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Journal of Human Genetics	6. 最初と最後の頁 287 ~ 296
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s10038-020-00841-6	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 Li Kun-Lung, Nakashima Keisuke, Inoue Jun, Satoh Noriyuki	4. 巻 11
2. 論文標題 Phylogenetic Analyses of Glycosyl Hydrolase Family 6 Genes in Tunicates: Possible Horizontal Transfer	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Genes	6. 最初と最後の頁 937 ~ 937
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/genes11080937	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 Inoue Jun, Hisata Kanako, Yasuda Nina, Satoh Noriyuki	4. 巻 10
2. 論文標題 An Investigation into the Genetic History of Japanese Populations of Three Starfish, <i>Acanthaster planci</i> , <i>Linckia laevigata</i> , and <i>Asterias amurensis</i> , Based on Complete Mitochondrial DNA Sequences	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 G3: Genes Genomes Genetics	6. 最初と最後の頁 2519 ~ 2528
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1534/g3.120.401155	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 Inoue, Nakashima, Satoh	4. 巻 10
2. 論文標題 ORTHOSCOPE Analysis Reveals the Presence of the Cellulose Synthase Gene in All Tunicate Genomes but Not in Other Animal Genomes	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Genes	6. 最初と最後の頁 294 ~ 294
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/genes10040294	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 Inoue Jun, Satoh Noriyuki	4. 巻 36
2. 論文標題 ORTHOSCOPE: An Automatic Web Tool for Phylogenetically Inferring Bilaterian Orthogroups with User-Selected Taxa	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Molecular Biology and Evolution	6. 最初と最後の頁 621 ~ 631
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/molbev/msy226	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 -

〔学会発表〕 計10件 (うち招待講演 4件 / うち国際学会 2件)

1. 発表者名 井上 潤
2. 発表標題 系統樹に基づいたゲノム比較
3. 学会等名 生命科学を支える分子系統学 (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 井上 潤
2. 発表標題 ORTHOSCOPE* : ゲノムに存在する全遺伝子の歴史を推定する系統解析パイプライン
3. 学会等名 日本動物学会・早稲田大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Inoue, J.
2. 発表標題 dbCNS: a new database for conserved non-coding sequences.
3. 学会等名 Genome Concept Centennial Symposium (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 井上 潤、斎藤成也
2. 発表標題 dbCNS: 進化的に保存された非コード配列の新たなデータベース
3. 学会等名 日本動物学会オンライン米子大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 井上 潤
2. 発表標題 Using dbCNS, a database of conserved noncoding sequences
3. 学会等名 遺伝研共同研究会「日本列島人の起源と成立をゲノム情報から探る」(招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 西野純子、井上 潤、神田真司、西野敦雄
2. 発表標題 脊椎動物の頭部筋肉に特異的なミオシン重鎖遺伝子MYH16 の起源と進化
3. 学会等名 日本動物学会・東北支部大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 西村瑠佳、杉本竜太、井上 潤、中岡博史、神澤秀明、篠田謙一、井ノ上逸郎
2. 発表標題 縄文人由来 DNA を用いた古代微生物の配列解析
3. 学会等名 日本進化学会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Inoue, J.
2. 発表標題 dbCNS: a new database for conserved non-coding sequencess
3. 学会等名 Genome Concept Centennial Symposium (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Inoue, J., Satoh, N.
2. 発表標題 ORTHOSCOPE: an automatic web tool for estimating the origins and the functions of bilaterian protein-coding genes by comparing gene and species trees
3. 学会等名 Society for Molecular Biology and Evolution Conference 2019 (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 井上 潤, 佐藤 矩行.
2. 発表標題 種の系統樹に基づいて左右相称動物のオーソログを判定するウェブツールの開発.
3. 学会等名 日本動物学会 第89 回大会 (代替)
4. 発表年 2018年

〔図書〕 計2件

1. 著者名 日本遺伝学会	4. 発行年 2022年
2. 出版社 丸善出版	5. 総ページ数 690
3. 書名 遺伝学の百科事典	

1. 著者名 井ノ上 逸朗, 今西 規, 河村 正二, 斎藤 成也, 颯田 葉子, 田嶋 敦	4. 発行年 2021年
2. 出版社 一色出版	5. 総ページ数 448
3. 書名 ヒトゲノム事典	

〔産業財産権〕

〔その他〕

<p>ORTHOSCOPE* https://github.com/jun-inoue/ORTHOSCOPE_STAR ORTHOSCOPE https://github.com/jun-inoue/orthoscope dbCNS https://github.com/jun-inoue/dbCNS</p>
--

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
研究分担者	西野 敦雄 (Nishino Atsuo) (50343116)	弘前大学・農学生命科学部・教授 (11101)	

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
---------	---------