

## 科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 29 年 6 月 13 日現在

機関番号：63801

研究種目：基盤研究(A) (一般)

研究期間：2014～2016

課題番号：26251040

研究課題名(和文) 霊長類ゲノムをモデルとした塩基配列進化の総合的研究

研究課題名(英文) Integrative study of nucleotide sequence evolution using primate genomes as model

研究代表者

齋藤 成也 (SAITOU, NARUYA)

国立遺伝学研究所・集団遺伝研究系・教授

研究者番号：30192587

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 31,500,000円

研究成果の概要(和文)：齋藤成也を中心に、進化的に保存されている非コード領域(CNS)について、全真核生物、羊膜類、ヒト上科、ヒト科といったさまざまな生物群のゲノムを比較して一連の解析をおこない、CNSのさまざまな新規特徴があきらかになった。古賀章彦を中心に、新世界ザルの反復配列進化を解析した。北野誉を中心に、チンパンジーのRh式血液型遺伝子の構造を詳細に解析した。長田直樹を中心に、モーリシャス島のカニクイザルゲノム配列を解析した。またチベットマカクのゲノム解析もおこなった。太田聡史を中心に、マウスのENU誘発突然変異のパターンを解析した。池尾一穂を中心に、カニクイザルゲノムのアノテーションを行なった。

研究成果の概要(英文)：Evolutionarily conserved noncoding sequences (CNSs) were analyzed for whole Eukaryotes, Amniotes, Hominoids, and Hominidae by comparing many genome sequences, and series of new CNS characteristics were discovered (mainly conducted by Saitou). Repeat sequence evolution of New World monkeys were analyzed (mainly conducted by Koga). Genomic structure of chimpanzee Rh blood group gene region was analyzed (mainly conducted by Kitano). Whole-genome sequences of Mauritian cynomolgus macaques and Tibetan macaque were analyzed (mainly conducted by Osada). Substitution type mutation patterns were analyzed by using ENU-induced mice (mainly conducted by Oota). Gene annotation of cynomolgus macaque genome was conducted (mainly conducted by Ikeo). These studies deciphered various facets of genome evolution, in particular, of primates.

研究分野：ゲノム進化学

キーワード：ゲノム進化 パターン 霊長類 CNS 反復配列 カニクイザル Rh式血液型遺伝子 チベットモンキー 突然変異

## 1. 研究開始当初の背景

齋藤はこれまでにゴリラのフォスミドライブラリーを構築し(Kim et al. 2003)、BAC クローン配列に基づくチンパンジーゲノム決定にも参加した。最近では、さまざまな脊椎動物のゲノム配列を比較して、生物種の特異性を決定する上で、進化的に保存された非コード配列(CNSs)が重要であることを示してきた(Takahashi & Saitou 2012; Matsunami & Saitou 2013)。遺伝子重複については池尾らとともに drift duplication という第4のメカニズムを提唱し(Ezawa et al. 2011)、傍系遺伝子間でひんぱんに遺伝子変換が生じていること(Ezawa et al. 2006, 2009)も示した。太田と齋藤はヒトゲノムにおける塩基置換パターンの解析からカオス過程が GC 含量の多様化に寄与している可能性を見出し(Oota et al. 2010)、齋藤と北野は過去の組換えを系統ネットワーク解析から発見する PNarec 法を提唱した(Saitou & Kitano 2012)。古賀は霊長類における反復配列の解析を(Terada et al. 2013; Prakhongcheep et al. 2013a, 2013b)、長田はカニクイザルゲノムの解析を手がけてきた(Osada et al. 2013; Higashino et al. 2012)。池尾はいろいろな生物のゲノム解析やトランスクリプトーム解析にかかわってきた(Nakamura et al. 2013; FANTOM Consortium 2009)。

## 2. 研究の目的

本研究ではモデルとして霊長類に焦点をあてる。旧世界猿は全ゲノムショットガン法によってアカゲザルとカニクイザルのゲノム数個体が決定されているにすぎない。そこで、齋藤研究室で作成したニホンザルの BAC ライブラリーを用いて多数の BAC クローンの塩基配列を決定し、それらからニホンザルの一部の染色体におけるゲノム配列を完成させる。これをもとに、公開・未公開の全ゲノムショットガン法で粗く決定された旧世界猿のゲノム配列を比較して、塩基置換、挿入欠失、遺伝子重複、遺伝子変換、反復配列に関して解析し、また自然淘汰、近縁個体間の系統関係、個体数変動を推定し、哺乳類ゲノム進化メカニズムの解明に大きく貢献することを目的とする。

## 3. 研究の方法

本研究は大きく (1)ゲノム塩基配列の精密な決定と、それを軸とした(2)分子進学的コンピュータ解析のふたつにわかれる。(1): 齋藤研究室で作成したニホンザル BAC ライブラリーの BAC クローンの塩基配列を大量に決定し、ニホンザルの精密なゲノム配列を得る。各 BAC クローン由来の DNA に本研究独自に開発する方法で分子タグをつけて、次世代シーケンサーの1回のランで多数の BAC クローン配列を同時に決定する。これによりニホンザルゲノム約 1/3 の精密な塩基配列決定を行

う。(2): (1)で得られたニホンザルの参照ゲノム配列をもとに、本研究の研究分担者や海外の共同研究者が WGS 法で配列決定したカニクイザル 10 個体のゲノム配列(未公開)とデータベースに登録されている旧世界猿やヒト上科のゲノム配列を比較する。この解析のために、旧世界猿に特化したデータベースを構築し、本研究グループ内でのデータと解析結果の共有を円滑に行う。

## 4. 研究成果

ニホンザルのゲノムデータが国内の別グループにより決定されつつあることが、本研究を開始後に判明したので、研究目的と方法をすこし変更して、以下の成果をあげた。

齋藤成也(研究代表者): 進化的に保存されている非コード領域(CNS)について、一連の解析をおこなった。まず、羊膜類で保存されている CNS をニワトリと哺乳類のゲノムを比較することにより抽出し、それらの性質をしらべた。その結果、ヒトとマウスの順系相同な CNS は、最近傍のタンパク質遺伝子との物理距離も高い保存性をしめすことがわかった(論文4)。つぎに、霊長類のヒト科特有な CNS を抽出し、それらの性質をくわしくしらべた。その結果、CNS が誕生する前には、かなりの割合で正の自然淘汰がおこっている可能性がみだされた(論文3)。ヒト上科特異的な CNS についても同様の解析をおこない、ヒト科 CNS と似たような傾向が見いだされた(論文を投稿中)。また、真核生物全体で CNS の特徴を調べたところ、脊椎動物の CNS は他の系統群の CNS とは異なり、GC 含量がゲノム全体の平均より低いことがわかった(論文2)。このほか、アカネズミとムササビのトランスクリプトーム解析、ムササビとカビバラのゲノム配列決定を行ない、現在論文を準備中である。

古賀章彦(研究分担者): テナガザルの3種、また新世界ザル2種で、明瞭な高次構造がみつかった。高次構造の単位を形成する反復単位の数は、テナガザルで8、9、31、新世界ザルのマーモセットで12、新世界ザルのヨザルで9であった。これまで高次構造は、ヒト上科にしかないと考えられ、このためヒト上科の進化に何らかの意義があるとの提唱もされていた。今回の結果は、高次構造はセントロメア反復配列のコピー数増減の機構から生じるもので、少なくとも単独ではヒト上科の進化に結びつくものではないことを示した(論文9)。ヒト上科にしかみつからなかった理由は、塩基配列決定の方法にあるといえる。今回開発した方法は、繁雑で自動化が困難である。もしこれをより多くの種に適用すれば、高次構造の検出の例はさらに増加するものと、推測される。CENP-B box についても、新世界ザル3種でみつかった。セントロメア反復配列の反復単位の中での位置は、3種の間で異なっていた。位置と頻度が

系統間で多様であり、CENP-B box は高い頻度で、そして独立に、反復単位の中に生じるとすれば、CENP-B box の由来に関する従来の説明に、大きく変更を迫ることになった(論文7)。

北野誉(研究分担者): チンパンジーの Rh 式血液型遺伝子領域のゲノム配列を決定し、ヒトとの比較解析を行った。チンパンジーからは、3つの遺伝子座(RH<sub>1</sub>、RH<sub>2</sub>、RH<sub>3</sub>)のゲノム配列を決定することができ、RH<sub>1</sub>はヒトの RHD に、RH<sub>2</sub>はヒトの RHCE に相当する領域に位置していることが示された。また、RH<sub>3</sub>は RH<sub>1</sub>のすぐ隣に位置していた。しかしながら、系統解析では、ヒトの2つの遺伝子座どうしがクラスターを形成する結果が得られた。さらに、ゲノム配列の比較解析から、ヒトの RHD に最も類似しているのは RH<sub>1</sub>ではなく RH<sub>2</sub>であるということが示された。これは、ヒトとチンパンジーの Rh 式血液型遺伝子領域において、遺伝子変換などのリアレンジメントが、オルソログの関係が不明瞭になるほど多量に生じている、ということを示すものであった(論文13)。一方、テナガザル数種を含む様々な霊長類の ABO 式血液型遺伝子のハプロタイプの塩基配列を決定し、その進化過程の解析も行った。ABO 式血液型遺伝子には、組換えが多く含まれていることが示唆されているので、系統ネットワーク法を用いて、組換えの影響を最小限にするような解析の工夫を行った。現在論文を準備中である。

長田直樹(研究分担者): モーリシャス島産カニクイザル6頭のゲノム解析により、ボトルネックがゲノム多様性に与える影響についての考察を行った。また、既に発表された15頭のゲノム配列を併せて解析することにより、カニクイザルが16世紀にモーリシャス島に導入されてから、急速に集団中に広まった変異を同定した。その中には、糖尿病に関連する遺伝子や、免疫に関する遺伝子に起こった非同義変異が存在することが分かった(論文16)。また、チベットマカクのゲノム解析により、チベットマカクの遺伝的多様性は非常に低く、過去に sinica グループのマカクと fascicularis グループのマカクとの間に遺伝子交流があったことが示された。遺伝的多様性はニホンザルにおいても低く、最終氷期のボトルネックが遺伝的多様性の減少にかかわったと推測された(論文21)。これら一連の解析から、霊長類全体において遺伝的多様性と、寿命や多産性などの生活史における特徴の関連を解析し、遺伝的多様性と多産性との間に正の相関を見出した。また、遺伝的多様性は集団中にみられる非同義変異数/同義変異数とも負の相関を示しており、遺伝的多様性の減少と、集団中にみられる弱有害変異との関係が、一般的にみられることがわかった。

太田聡史(研究分担者): 実験用マウス集団に対して大規模 ENU ミュータジェネシスを行い、約3,000個の新規突然変異を

得た。これらすべてについて再配列決定による検証を行い、方向についての情報を含む信頼性の高い新規突然変異データを得た。これらをマウスゲノムデータにマップし、複数のカテゴリーに分類し、そのそれぞれについて突然変異パターンを得た。その結果、遺伝子領域、非遺伝子領域、あるいは同義置換、非同義置換を問わず、新規突然変異がよく似た突然変異パターンを持つことを見出した。現在論文を投稿準備中である。

池尾一穂(研究分担者): アカゲザルゲノムをリファレンスに、カニクイザルゲノムのアノテーションを行なった。また、SNPs 情報をゲノムにマッピングし利用可能にするるとともに、RNAseq のデータもゲノムへマッピングし参照可能とした。アノテーションの結果は、遺伝子名、コンティグ状の位置で検索可能とし、それぞれ refseq、GenBank へのリンクを行うことにより詳細情報を参照可能とした。また、配列情報は、ファイルとしてダウンロードも可能である。利用にあたっては、現在、登録したユーザーのみが利用可能となっている。

## 5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者には下線)

[雑誌論文](計23件)

1. Saitou N. and Shokat S. (2017) DNA analyses of camels. **J. Arid Land Studies** 26: 223-226. [http://dx.doi.org/10.14976/jals.26.4\\_223](http://dx.doi.org/10.14976/jals.26.4_223) 査読有
2. Hettiarachchi N. and Saitou N. (2016) GC content heterogeneity transition of conserved noncoding sequences occurred at the emergence of vertebrates. **Genome Biol. Evol.** 8(11): 3377-3392. 査読有  
doi:<https://doi.org/10.1093/gbe/evw231>
3. Saber M. M., Babarinde I. A., Hettiarachchi N., and Saitou N. (2016) Emergence and evolution of Hominidae-specific coding and noncoding genomic sequences. **Genome Biol. Evol.**, 8(7): 2076-2092.  
doi:<https://doi.org/10.1093/gbe/evw132> 査読有
4. Babarinde I. A. and Saitou N. (2016) Genomic locations of conserved noncoding sequences and their proximal protein-coding genes in mammalian expression dynamics. **Molecular Biology and Evolution**, 33(7):1807-1817.  
doi: 10.1093/molbev/msw058 査読有
5. Ngai Y. and Saitou N. (2016) The effect of perfection statuses on mutation rates of microsatellites in primates. **Anthropol. Sci.** 124: 85-92. <http://doi.org/10.1537/ase.160124> 査読有
6. Yamamoto F., Cid E., Yamamoto M., Saitou N., Bertranpetit J., and Blancher A. (2014) An integrative evolution theory of histo-blood group ABO and related genes. **Sci. Rep.** 4: 6601. doi:10.1038/srep06601 査読有
7. Kugou K, Hirai H, Masumoto H, Koga A. (2016) Formation of functional CENP-B boxes at diverse locations in repeat units of centromeric DNA in New World monkeys **Sci. Rep.** 13(6): 27833. doi: 10.1038/srep27833 査読有
8. Suntronpong A, Kugou K, Masumoto H, Srikulnath K, Ohshima K, Hirai H, Koga A. (2016) CENP-B box, a nucleotide motif involved

- in centromere formation, occurs in a New World monkey. **Biol. Lett.** 12: 20150817. doi: 10.1098/rsbl.2015.0817 査読有
9. Sujiwattanarat P, Thapana W, Srikulnath K, Hirai Y, Hirai H, Koga A. (2015) Higher-order repeat structure in alpha satellite DNA occurs in New World monkeys and is not confined to hominoids. **Sci. Rep.** 14: 10315. doi: 10.1038/srep10315 査読有
10. Thapana W, Sujiwattanarat P, Srikulnath K, Hirai H, Koga A (2014) Reduction in the structural instability of cloned eukaryotic tandem-repeat DNA by low-temperature culturing of host bacteria. **Genet. Res.** 96: e13. doi: <https://doi.org/10.1017/S0016672314000172> 査読有
11. Kase M, Shimizu T, Kamino K, Umetsu K, Sugiyama H, Kitano T. (2017) Brown hagfish from the northwest (Sea of Japan) and east (Pacific) coasts of Honshu Island, Japan, are genetically different. **Genes & Genetic Systems.** (in press). 査読有
12. Suzuki A, Komata H, Iwashita S, Seto S, Ikeya H, Tabata M, Kitano T. (2017) Evolution of the RH gene family in vertebrates revealed by brown hagfish (*Eptatretus atami*) genome sequences. **Mol. Phyl. Evol.** 107: 1-9. doi: 10.1016/j.ympev.2016.10.004. 査読有
13. Kitano T, Kim CG, Blancher A, Saitou N. (2016) No distinction of orthology/paralogy between human and chimpanzee Rh blood group genes. **Genome Biol. Evol.** 2016 Mar ; 8(3): 519-527. doi: 10.1093/gbe/evw022 査読有
14. Yokoyama K, Sato M, Haneda T, Yamazaki K, Kitano T, Umetsu K. (2014) An N-acetyllactosamine-specific lectin, PFA, isolated from a moth (*Phalera flavescens*), structurally resembles an invertebrate-type lysozyme. **Insect Biochem. Mol. Biol.** 54: 106-111. doi: 10.1016/j.ibmb.2014.09.005. 査読有
15. Nomiya H\*, Osada N, Takahashi I, Terao K, Yamagata K, Yoshie O. (2017) Translational repression of a splice variant of cynomolgus macaque *CXCL11* by its C-terminal sequence. **J. Interferon Cytokine Res.** 37(3): 129-138. 2017 Mar doi: 10.1089/jir.2016.0085. 査読有
16. Osada N, Hettiarachchi N, Babarinde I, Saitou N, Blancher A\*. (2015) Whole-genome sequencing of six Mauritian cynomolgus macaques (*Macaca fascicularis*) reveals a genome-wide pattern of polymorphisms under extreme population bottleneck. **Genome Biol. Evol.** 2015 Mar 23; 7(3): 821-830. doi: 10.1093/gbe/evv033 査読有
17. Matsumoto T, Mineta K, Osada N, Araki H\*. (2015) An individual-based diploid model predicts limited conditions under which stochastic gene expression becomes advantageous. **Front. Genet.** 6: 336. doi: 10.3389/fgene.2015.00336. eCollection 2015. 査読有
18. Osada N\*. (2015) Genetic diversity in humans and non-human primates and its evolutionary consequences. **Genes & Genet. Syst.** 90(3): 133-145. doi: 10.1266/ggs.90.133. 査読有
19. Mineta K, Matsumoto T, Osada N, Araki H\*. (2015) Population genetics of non-genetic traits: evolutionary roles of stochasticity in gene expression. **Gene** 562(1): 16-21. doi: 10.1016/j.gene.2015.03.011. 査読有
20. Uno Y, Uehara S, Kohara S, Osada N, Murayama N, Yamazaki H. (2015) *CYP2D44* polymorphisms in cynomolgus and rhesus macaques. **Mol. Biol. Rep.** 42(7): 1149-1155. doi: 10.1007/s11033-015-3863-0. 査読有
21. Fan Z, Zhao G, Li P, Osada N, Xing J, Yi Y, Du L, Silva P, Wang H, Sakate R, Zhang X, Xu H, Yue B, Li J. (2014) Whole genome sequencing of Tibetan macaque (*Macaca thibetana*) provides new insight into the macaque evolutionary history. **Mol. Biol. Evol.** 31(6): 1475-1489. doi:<https://doi.org/10.1093/molbev/msu104> 査読有
22. Osada N†, Kohara A†, Yamaji T, Hirayama N, Kasai F, Sekizuka T, Kuroda M, Hanada K\*. (2014) The genome landscape of the African green monkey kidney-derived Vero cell line. **DNA Res.** 21(6): 673-683. doi:<https://doi.org/10.1093/dnares/dsu029> 査読有
23. Osada N. (2014) Extracting population genetics information from a diploid genome sequence. **Front. Ecol. Evol.** 2: 7 <https://doi.org/10.3389/fevo.2014.00007> 査読有
- 〔学会発表〕(計 28 件)
1. Saitou N (2016) Evolutionary history and roles of conserved non-coding sequences in eukaryotes, 2016/12/07, KAUST Research Conference: Computational Systems Biology in Biomedicine (King Abdullah University of Science and Technology, KAUST, Saudi Arabia)
2. Saitou N (2016) Draft genome sequencing of Capybara, 2016/11/17, The joint meeting of the 22nd International Congress of Zoology and the 87th Meeting of the Zoological Society, OIST, Okinawa (ポスター発表)
3. 斎藤成也 (2016) DNA と表現型からみたラクタ2種とそれらのハイブリッドの現状 日本沙漠学会 平成 28 年度秋季シンポジウム、2016/10/15、名古屋学院大学
4. Saitou N (2016) Evolutionarily conserved noncoding sequence in eukaryotes, The 14th CJK Bioinformatics Training Course & Symposium, 2016/8/22, Xiamen, China
5. Saitou N (2015) Big eukaryote genomes contain many regions for gene expression control, P.A.S. Workshop "Big Data and Science: Relevance of Computational Sciences for Data Collection", 2015/11/17-18, Casina Pio IV • Vatican
6. 古賀章彦、平井啓久 (2016) セントロメア反復配列の急速な入れ替わり：テナガザルとヨザルの例 日本遺伝学会第 8 8 回大会、2016/9/7-9 日本大学国際関係学部 (静岡県三島市)
7. Suntrompong A、久郷和人、舛本寛、平井啓久、古賀章彦 (2015) CENP-B box is likely to confer a selective advantage on its host organism 第 8 7 回日本遺伝学会大会、2015/9/24-26 東北大学 (仙台市)
8. Koga A, Hirai Y, Sujiwattanarat P, Thapana W, Baicharoen S, Srikulnath K, Hirai H (2015) Higher-order repeat structure in centromere-region satellite DNA occurs in a wide range of primates. The 5th Asian Chromosome Colloquium, 2015/4/29-5/1, Kasetsart University (Bangkok, Thailand)
9. Koga A (2014) DNA-based transposable elements as natural mutators in vertebrate genomes. International Conference of the Korean

Society for Molecular and Cellular Biology (KSMCB), 2014/10/21-23, COEX convention center (Seoul, Korea)

10. Sujiwattananat P, Thapana W, Srikulnath K, Hirai H, Koga A (2014) Higher-order repeat structure in centromeric repetitive DNA is not confined to central regions  
日本進化学会第 16 回大阪大会、2014/08/21-24、高槻現代劇場 (大阪府高槻市)

11. Koga A (2014) Diversity in the organization of repetitive DNA among the four gibbon genera.  
4th International Congress on Asian Primates, 2014/8/18-21, Bogor Agricultural University (Bogor, Indonesia)

12. Koga A, Hirai Y, Jahan I, Baicharoen S, Arsaithamkul V, Hirai H (2014) Incredible gibbon alpha-satellite: evolutionary origin of higher-order repeat structure  
25th International Primatological Society Congress. 2014/8/11-16, Melia Hanoi Hotel (Hanoi, Vietnam)

13. 加瀬幹大、鈴木昭徳、北野誉 鳥類 RHBG 遺伝子の進化速度変化の解析 第 39 回日本分子生物学会年会 2016、2016/11/30、神奈川・横浜

14. 北野誉、齋藤成也 類人猿の ABO 式血液型遺伝子の解析 第 39 回日本分子生物学会年会 2016、2016/11/30、神奈川・横浜

15. 北野誉 Rh 式血液型遺伝子ゲノム領域の解析 ワークショップ「ヒトのゲノム進化」日本進化学会第 18 回大会 2016、2016/8/26、東京・目黒

16. 伊藤正哉、齋藤成也、北野誉 ヒト ABO 式血液型ハプロタイプの進化 日本進化学会第 17 回大会 2015、2015/8/22、東京・千代田

17. Kitano T, Blancher A, Saitou N Genome sequence analysis of the chimpanzee RH blood group gene cluster. Society for Molecular Biology and Evolution 2015 Vienna (Austria), 2015/07/13

18. 伊藤正哉、北野誉 ヒトの ABO 式血液型遺伝子における組換えの解析 第 37 回日本分子生物学会年会 2014、2014/11/26、パシフィコ横浜

19. 伊藤正哉、北野誉 系統ネットワーク法を用いたヒト ABO 式血液型遺伝子の解析 日本進化学会第 16 回大阪大会 2014、2014/8/22、大阪・高槻現代劇場

20. Oota S, Fukumura R, Saitou N, Gondo Y. 2015. An experimental approach to elucidate enigmatic isochore evolution by using ENU mutagenesis. The 29th Annual Conference of the International Mammalian Genome Society, 2015/11/8-12, Yokohama.

21. Oota S, Fukumura R, Gondo Y. 2015b. Experimental evolutionary study based on big data of mouse germline mutations from ENU mutagenesis. 日本遺伝学会第 86 回大会、2015/9/25、東北大学・川内北キャンパス.

22. Osada N, Sakurai S. Population genomics of non-human primates: a case of Mauritian cynomolgus macaques (*Macaca fascicularis*). 5th Asian Primate Symposium, Sri Jayewardenepura Sri-Lanka, 2016/10/20. University of Sri Jayewardenepura, Sri Lanka

23. Ratnayake S, Endo T, Osada N. Revisiting the relationship between evolutionary conservation and disease causality: a case study of beta globin gene. 日本遺伝学会第 88 回大会、2016/9/7、日本大学国際関係各部三島駅北口校舎

24. 櫻井聡一、遠藤俊徳、長田直樹 モーリシヤス島産カニクイザルの 24 個体の全ゲノム配列の解析 日本進化学会第 18 回大会、2016/8/25-27、東京工業大学尾岡山キャンパス (ポスター発表)

25. 池田昌輝、遠藤俊徳、長田直樹 旧世界ザルにおけるサルレトロウイルスの内在化に関する進化系統解析 第 32 回日本霊長類学会大会、2016/7/16、鹿児島大学 (ポスター発表)

26. Liu Z, Osada N, Endo T Genetic differences on depression behavior between human and rhesus monkey based on gene ontology. 生命医薬情報学連合大会 2015 年大会、2015/10/29-30、京都大学宇治キャンパス (ポスター発表)

27. 長田直樹, Hettiarachchi Nilmini, Babarinde Isaac Adeyemi, 齋藤成也, Blancher Antoine モーリシヤス島産カニクイザルの全ゲノムシークエンス解析 第 31 回日本霊長類学会大会、2015/7/19、京都大学吉田キャンパス、口頭発表

28. 花田賢太郎、山地俊之、黒田誠、小原有弘、笠井文生、平山知子、長田直樹 アフリカミドリザル腎由来 Vero 細胞のゲノム構造決定 第 87 回日本生物化学学会大会、2014/10/15-18、国立京都国際会館・グランドプリンスホテル京都 (ポスター発表)

〔図書〕(計 2 件)

1. 齋藤成也 (2016) 歴誌主義宣言 ウェッジ 208
2. 北上始・齋藤成也・太田聡史 (2014) 『ビッグデータ時代のゲノムクス情報処理』コロナ社 236(21-43, 111-177, 216-217)

〔産業財産権〕

出願状況 (計 0 件)  
取得状況 (計 0 件)

〔その他〕なし

## 6. 研究組織

### (1) 研究代表者

齋藤 成也 (SAITOU Naruya)  
国立遺伝学研究所・集団遺伝研究系・教授  
研究者番号：3 0 1 9 2 5 8 7

### (2) 研究分担者

古賀 章彦 (KOGA Akihiko)  
京都大学・霊長類研究所・教授  
研究者番号：8 0 1 9 2 5 7 4  
北野 誉 (KITANO Takashi)  
茨城大学・工学部・准教授  
研究者番号：9 0 4 0 0 5 6 4  
長田 直樹 (OSADA Naoki)  
北海道大学・情報科学研究科・准教授  
研究者番号：7 0 4 1 6 2 7 0  
太田 聡史 (OOTA Satoshi)  
理化学研究所・バイオリサーチセンター・専任研究員  
研究者番号：3 0 3 9 1 8 9 0  
池尾 一穂 (IKEO Kazuho)  
国立遺伝学研究所・生命情報研究センター・准教授  
研究者番号：2 0 2 4 9 9 4 9

(3) 連携研究者 なし

(4) 研究協力者 なし