

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

研究進捗状況報告書の概要

1 研究プロジェクト

学校法人名	明治大学	大学名	明治大学
研究プロジェクト名	大規模オミックスの活用による生殖内分泌組織の新たな機能制御法の確立		
研究観点	研究拠点を形成する研究		

2 研究プロジェクトの目的・意義及び計画の概要

【目的】本プロジェクトは、下垂体-性腺に焦点をあて、組織形成、成熟やホルモン産生を制御する因子、経路を網羅的に解析する大規模オミックスを活用して、生殖内分泌組織の新たな機能制御法の確立を目指している。これまで、転写因子、液性因子、ホルモンとその受容体、エピジェネティック修飾などが知られているが、まだ報告のない因子の欠損動物に生殖機能の異常が確認されるなど、依然として未知な制御因子や調節経路の解明が必要である。本プロジェクトでは、生殖組織の分子や調節経路を網羅的に解析し、新規の因子や調節経路の制御法の開発を行うことを目的にしている。【意義】本プロジェクトは、生殖内分泌組織について、ホルモン生成機構や、精子・卵形成や成熟の制御因子とその機序について、大規模オミックスを活用した網羅的な解析により、これらの制御を標的とした遺伝子改変、制御因子、生理活性物質、薬物開発などによる新規制御法を確立して、農学に課せられた現代的課題に取り組むものである。【計画の概要】本プロジェクトでは、①下垂体-性腺組織の発生・分化にともなう因子群の同定、②エピジェネティクス制御感受性遺伝子の同定と疾病モデル細胞の作製、③組織形成・ホルモン合成に重要な受容体、情報伝達関連因子群の同定、④プロテオミクスによる分泌性タンパク質、組織形成因子の網羅的な解析、⑤大量のオミックスデータのバイオインフォマティクスを駆使した、変動の大きな因子群の同定、クラスタリング、パスウェイの予測解析を行うとともに、オミックス情報のデータベース化を目指している。

3 研究プロジェクトの進捗及び成果の概要

生殖内分泌組織の新たな機能制御に向けて、発光または蛍光を用いた迅速で簡便な分泌型のルシフェラーゼを用いたアッセイ系を構築し、有用分子の開発に邁進している【戸村】。また、下垂体のホルモン産生細胞の供給機構に関わる幹・前駆細胞塊の単離に成功した。その細胞塊や幹細胞性を示す下垂体腫瘍由来 TtT/GF 細胞の分化誘導を進めている【加藤】。ウルトラディープ DNA メチル化解析により脳下垂体を構成する各種細胞の存在比率の新たな評価法を確立した。さらに、多能性幹細胞から有用生殖内分泌細胞を樹立する分化条件の検討を進めている【大鐘】。TtT/GF 細胞の分化過程で変化するタンパク質を同位体標識により解析する基本条件が確立でき、血管周皮細胞様の変化に関わる解析を行っている【紀藤】。下垂体と性腺組織の発生・分化に関連するマイクロアレイ実験データや高速シーケンサー解析データを公開データベースより収集・大規模解析し、遺伝子発現プロファイルを取得した。さらに、下垂体と性腺組織の発生・分化に関連する知識情報整備に着手し、オミックス・知識情報を容易にハンドリングできる Web データベース・システムを開発している【矢野】。

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

**平成28年度選定「私立大学戦略的研究基盤形成支援事業」
研究進捗状況報告書**

- 1 学校法人名 明治大学 2 大学名 明治大学
- 3 研究組織名 明治大学生殖内分泌研究所
- 4 プロジェクト所在地 神奈川県川崎市多摩区東三田1-1-1
- 5 研究プロジェクト名 大規模オミックスの活用による生殖内分泌組織の新たな機能制御法の確立
- 6 研究観点 研究拠点を形成する研究
- 7 研究代表者

研究代表者名	所属部局名	職名
戸村 秀明	農学部	専任教授

- 8 プロジェクト参加研究者数 5 名
- 9 該当審査区分 理工・情報 生物・医歯 人文・社会

10 研究プロジェクトに参加する主な研究者

研究者名	所属・職名	プロジェクトでの研究課題	プロジェクトでの役割
戸村 秀明	農学部・教授	生殖機能を制御する受容体と情報伝達の同定と化合物等による生殖機能制御法の確立	下垂体・性腺で機能する細胞内情報伝達系分子を用いた細胞機能調節法の開発
加藤 幸雄	農学部・教授	生殖内分泌の組織と機能形成を制御する分子プログラムの解明とその制御法の開発	下垂体・性腺で機能する転写因子等を用いた細胞機能調節法の開発
矢野 健太郎	農学部・教授	システムズバイオロジーによる生体組織形成機構の解明と知識情報統合データベース構築	コンピューター解析による新規有用遺伝子の網羅的探索と応用に向けた選別
紀藤 圭治	農学部・准教授	新規組織形成因子のプロテオミクス解析とタンパク質間相互作用による機能調節法の開発	下垂体・性腺組織形成における有用分子の同定と機能調節への応用
大鐘 潤	農学部・准教授	エピジェネティクスと非コードRNA を利用した有用細胞の同定法および樹立法の開発	下垂体機能と生殖機能に有用な遺伝子の選抜と遺伝子改変による機

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

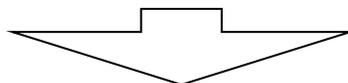
			能調節法の開発
(共同研究機関等)			

<研究者の変更状況(研究代表者を含む)>昇格、転任などを含む

旧

プロジェクトでの研究課題	所属・職名	研究者氏名	プロジェクトでの役割
システムズバイオロジーによる生体組織形成機構の解明と知識情報統合データベース構築	農学部・准教授	矢野 健太郎	コンピューター解析による新規有用遺伝子の網羅的探索と応用に向けた選別

(変更の時期:平成 28 年 4 月 1 日)



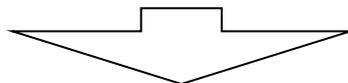
新

変更前の所属・職名	変更(就任)後の所属・職名	研究者氏名	プロジェクトでの役割
農学部・准教授	農学部・教授	矢野 健太郎	コンピューター解析による新規有用遺伝子の網羅的探索と応用に向けた選別

旧

プロジェクトでの研究課題	所属・職名	研究者氏名	プロジェクトでの役割
エピジェネティクスと非コード RNA を利用した有用細胞の同定法および樹立法の開発	農学部・専任講師	大鐘 潤	下垂体機能と生殖機能に有用な遺伝子の選抜と遺伝子改変による機能調節法の開発

(変更の時期:平成 26 年 4 月 1 日)



新

変更前の所属・職名	変更(就任)後の所属・職名	研究者氏名	プロジェクトでの役割
農学部・専任講師	農学部・准教授	大鐘 潤	下垂体機能と生殖機能に有用な遺伝子の選抜と遺伝子改変による機能調節法の開発

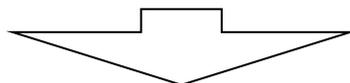
旧

プロジェクトでの研究課題	所属・職名	研究者氏名	プロジェクトでの役割

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

新規組織形成因子の proteオミクス解析とタンパク質間相互作用による機能調節法の開発	農学部・専任講師	紀藤 圭治	下垂体・性腺組織形成における有用分子の同定と機能調節への応用
---	----------	-------	--------------------------------

(変更の時期:平成 28 年 10 月 1 日)



新

変更前の所属・職名	変更(就任)後の所属・職名	研究者氏名	プロジェクトでの役割
農学部・専任講師	農学部・准教授	紀藤 圭治	下垂体・性腺組織形成における有用分子の同定と機能調節への応用

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

11 研究進捗状況(※ 5枚以内で作成)

(1) 研究プロジェクトの目的・意義及び計画の概要

【目的】本プロジェクトは下垂体-性腺に焦点をあて、組織形成、成熟やホルモン産生を制御する因子、経路を網羅的に解析する大規模オミックスを活用して、生殖内分泌組織の新たな機能制御法を確立しようとするものである。【意義】農学では、食料、環境、生命など21世紀の重要な課題に 대응するため、生命科学の研究が積極的に推進されている。家畜の繁殖向上による安定的な供給や、絶滅危惧種の保存など生物多様性の維持による地球環境の保全、ヒトの疾病治療戦略に寄与する各種遺伝子改変動物の繁殖、ヒトの不妊症や生殖医療といった社会的課題に対して、本プロジェクトでは、生殖組織の形成やホルモンの生成機構、精子・卵の形成や成熟を制御する因子とその作用機序を、大規模オミックスを活用した網羅的な解析を展開する(添付資料1-1, 2)。これを通じて、これらの制御機序を標的とした遺伝子改変、制御因子、生理活性物質、薬物などによる新たな制御法を確立することで、生殖機能調節の改善をもたらし、農学に課せられている現代的課題に 대응するという意義がある(添付資料1-3, 4)。【計画の概要】本プロジェクトでは、①下垂体-性腺組織の発生・分化にともなう因子群の同定、②エピジェネティクス制御感受性遺伝子の同定と疾病モデル細胞の作製、③組織形成・ホルモン合成に重要な受容体、情報伝達関連因子群の同定、④プロテオミクスによる分泌性タンパク質、組織形成因子の網羅的な解析、⑤大量のオミックスデータのバイオインフォマティクスを駆使し、変動の大きな因子群の同定、クラスタリング、パスウェイの予測解析を行う。これらの過程で得られるオミックス情報のデータベース化を行う(添付資料1-5)。また、成果を積極的に公開し、外部での活用も目指している(添付資料1-6)。

(2) 研究組織

責任体制の明確化:本研究は、高い研究実績を持つ人材を集めて展開するものである(添付資料1-7, 8)。代表者(戸村)とプロジェクトマネージャー(加藤)を置き、研究目的の達成のため、定期的に各グループ内の進捗状況と問題点の把握と、解決への指示を行っている。研究チーム間の調整・連携状況:戸村-加藤、加藤-大鐘、加藤-紀藤、加藤-矢野、大鐘-加藤間で連携が行われ、原著論文(業績 5, 26)、学会発表(43, 45, 47, 49-52, 63, 75, 146, 186, 187)の成果を生み出している。

研究支援体制:本プロジェクト経費で支援者を採用して、研究者の事務的な負担の軽減を努めている。また、加藤と大鐘は、それぞれ、日本医療研究開発機構の「創薬等支援技術基盤プラットフォーム事業」の支援事業に採択され、金沢大学と東京大学の研究者による研究支援を受けており、学会発表レベルの成果を出し、論文作成を目指している。その他、学外の研究者(東京大学、自治医科大学、帝京大学、東邦大学、金沢大学、杏林大学、鳥取大学、宮崎大学など)との連携による研活発な共同研究が展開されている。

本プロジェクトの成果により、これまでに4名が、外部に研究職を得て、引き続き本プロジェクトの研究と連携した研究を進めている。

大学院生・PD 及び RA の人数・活用:3年間延べ人数、PD28名、大学院後期9名、前期31名、その他に学部生延べ150名以上が本プロジェクトに参加した。

(3) 研究施設・設備等

研究施設の面積及び使用者数:研究者が主宰する研究室と共通実験室(約1100㎡)、共同利用研究棟(ハイテクリサーチセンター:約2300㎡)を、毎年80名ほどが使用している。

主な整備済みで、プロジェクトに適合した研究装置、設備とその利用時間数:

ライカ AF6000 蛍光イメージングシステム(5時間/週、利用人数5名)、日本分光 FP8200 細胞内カルシウム測定装置(15時間/週、利用人数7名)、プロメガ GLOMAX ルミノメーター

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

(20 時間/週、利用人数 15 名)、レーザーマイクロダイゼクションシステム(本私学助成、4 時間/週、3 人)、DNA シークエンサー(20時間週/20人)、クリオスタット(20時間/週、10人)、顕微鏡モニタリング 3D 構造構築システム(私学助成、4時間/週、5人)、リアルタイム PCR 装置(私学助成、60時間/週、25人)、リアルタイム培養細胞観察システム(私学助成、10 時間/週、4 人)、CO2 インキュベーター(7 日/週、11人)、解析用サーバー一式(NABE International 社、Takeru) (本私学助成、60 時間/週、20 人)、中規模 Linux 解析サーバー(ヒューレットパカード社、DL580)(100 時間/週、20 人)、ストレージサーバー(BIOS 社、ES2210SVX-4T10)(40 時間/週、10人)、Web データベースサーバー(ヒューレットパカード社、DL360e)(40 時間/週、10 人)、シーケン斯拉イブラリー作製システム(DNA 断片化装置(DNA shearing system/Covaris、M220)+DNA 断片回収装置(Blue pippin/日本ジェネティクス)(本私学助成、3 時間/週、6人))、マイクロチップ電気泳動装置(MultiNA/Shimadzu、MCE-202)(5 時間/週、10 人)、大腸菌培養装置(小型恒温振とう機/タイテック、BR-23FP・MR、6-305B 実験室、30 時間/週、10 人)、電場型フーリエ変換質量分析システム(LTQ Orbitrap XL、サーモフィッシャーサイエンティフィック社)(100 時間/週、3人)。

(4)進捗状況・研究成果等 ※下記、13及び14に対応する成果には下線及び*を付すこと。

<現在までの進捗状況及び達成度>

戸村は、「生殖機能を制御する受容体と情報伝達の同定と化合物等による生殖機能制御法の確立」を担当し、2014 年度には、下垂体ゴナドトロフ細胞株を用いて、受容体・シグナル伝達系を迅速に定量するルシフェラーゼアッセイ系を構築した(達成度 100%)。2年目には、さらに、ホルモン分泌の迅速かつ簡便なアッセイ系の構築に成功した。2016 年度は、メンバーの加藤と連携して、公開データベース、文献情報も利用して「下垂体ゴナドトロフに発現する GPCR 情報」を抽出し、プロトン感知性 GPCR の解析を行った。さらに、金属種や抗不安薬による GPCR の活性化様式が動物種により異なることを、見出した。以上の研究結果をその関連結果と合わせて、*業績 1,3-8 として報告した(達成度 90%)。

加藤は、「生殖内分泌の組織と機能形成を制御する分子プログラムの解明とその制御法の開発」を担当し、下垂体特異的転写因子 PROP1 遺伝子を制御する候補因子の同定と共に、下垂体幹・前駆細胞からホルモン産生細胞への分化誘導や組織構築の研究を展開した。その結果、2014 年度は DNA メチル化や約 20 の制御因子が PROP1 遺伝子発現の制御に関わる事を報告した。また、下垂体幹・前駆細胞ニッチを形成する細胞塊の単離と、その一部のホルモン産生細胞への分化誘導に成功した。2015 年度は「創薬等支援技術基盤プラットフォーム」支援事業の採択を受けて、幹・前駆細胞塊の RNAseq 解析を開始し、一部の成果を 2016 年度の学会発表している(*国内 88)。並行して、幹・前駆細胞に関する論文数編を報告した。さらに、前年から取り組んだ、神経堤細胞が、発生初期の下垂体に侵入して幹・前駆細胞の一部となりホルモン産生細胞にも分化するという発見を論文発表した。以上の研究結果をその関連結果と合わせて、*業績 9,10,14,18,19,24,26-29,31,33 として報告した。「下垂体・性腺組織で発現する遺伝子のデータベース作成」も、矢野との連携により、プロトタイプの公開に向けて前進した。(達成度 90%)

矢野は、本プロジェクトの目的である「下垂体形成に関わる転写因子 PROP1 のターゲット遺伝子探索」のために、ChIP-Chip、ChIP-Seq より得られたオミックス情報を活用し、転写因子 PROP1 のターゲット遺伝子を網羅的に探索した(*国内 146)。高速シーケンサーから得られる配列情報のうち高精度な配列領域のみを抽出・解析に活用し、リファレンス配列への詳細なマッピング条件を検討した。また、サンプル間の差異の容易な検出のために、遺伝子発現量や遺伝子間相互作用情報、遺伝子機能情報の統合や、テキストマイニングによる下垂体形成に関わる遺伝子・化合物等の網羅的な抽出を行った。得られた遺伝子・化合物の機能ア

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

ノテーション情報を容易に操作し、目的情報を迅速かつ円滑に取得可能な Web インターフェースと Web データベースのプロトタイプを構築した(公開間近)。以上の研究結果をその関連結果と合わせて、* 業績 35,37,39-41,46,48-51,53 として報告した(達成度 90%)

大鐘は、「下垂体・性腺系組織の発生・分化に関わる遺伝子のメチル化状態の解析」を担当して、2014 年度に、脳下垂体、性腺の機能に重要な約 200 遺伝子を選抜し、次世代シーケンサーによるウルトラディープ DNA メチル化解析を行った。その結果、ブタ脳下垂体と肝臓、および成体幹細胞に近い胎仔繊維芽細胞について、アリルごとの DNA メチル化状態に注目した新たな解析により、脳下垂体の幹前駆細胞や各種ホルモン産生細胞の存在比率についての評価法の確立に成功した。2015 年度には、幹細胞から生殖内分泌に関連する有用細胞樹立を目指して、幹細胞のエピジェネティック状況に影響を与える化学物質の組み合わせた分化条件や薬剤効果などの成果を発表した。さらに、接着因子 FBN1 の遺伝子の DNA メチル化による発現制御機構及び発生過程でのメチル化状態の確立時期を同定した。さらに、培養ディッシュへの接着性の違いを利用した下垂体・性腺系の成体幹細胞と分化上皮細胞などの分離や、有用細胞の作製へと研究を展開している。2016 年度は、エピジェネティック制御に関与する非コード RNA を利用した有用細胞作製を目指して、ヒトやマウスとの配列保存性を指標としてデータベースが貧弱なブタの約 6,000 遺伝子の制御領域を同定し、今後の非コード RNA の解析を可能とした。以上の研究結果をその関連結果と合わせて、* 業績 56,57,59 として報告した(達成度 90%)。

紀藤は、「下垂体・性腺組織形成における機能タンパク質を同定」を担当し、安定同位体標識と質量分析による解析系の確立をするとともに、加藤や学外協力者と連携して、培養細胞分化系を用いて安定同位体標識と質量分析を組み合わせたプロテオーム定量解析を展開している(達成度 80%)。2014 年度は、主に、1)プロテオーム解析に適したタンパク質抽出方法と、2)培養細胞の安定同位体標識方法を検討し、最低必要細胞数を決定した。2015 年度は、マウス下垂体の濾胞星状細胞株 TtT/GF 細胞を用いた同位体標識量を解析し、細胞分化の誘導に関する基本的な実験条件を確立して、本実験に取りかかった。2016 年度は、プロテオーム定量的解析に関する論文報告を行うとともに、その成果の一部を学会発表し(* 国内186, 187)、マウス TtT/GF 細胞を TGF β 2 で分化誘導したときに発現量変動するタンパク質の同定に着手した。現在、タンパク質情報の曖昧さを軽減させ、約 1500~2000 種類のタンパク質の比較定量を行い、その内の約 5%の発現量変動を確認した。同条件で採取した mRNA を用いて、その発現変動との関係を調べている。以上の研究結果をその関連結果と合わせて、* 業績 60-62 として報告した(達成度 80%)。

<特に優れた研究成果>

戸村のグループでは、新たに迅速なホルモン分泌アッセイ系を確立し発表した(* 業績5)。本法を用いることにより、従来法では必須であった標的ホルモンに対する特異的な抗体を必要とせず、かつリアルタイムにホルモン分泌を簡便にモニターすることが可能となった。

加藤のグループは、①下垂体ホルモン産生細胞の幹細胞ニッチの分離とその分化誘導が可能であること(* 業績31)、②外胚葉上皮由来の下垂体に、近年注目されている神経堤細胞が侵入して幹・前駆細胞として定着すること発見した(* 業績33) (いずれも、当該雑誌のカバーページとして採用)。

矢野のグループは、高信頼度の生物学的機能情報の整備に必要な学術論文に記述されている知識情報の収集を、学術論文に頻出する英文構造のディープランニングによるパイプラインの開発を進めて、まず、品詞の同定などを実現する解析基盤プロトタイプを構築した。

大鐘のグループは、アリルごとの DNA メチル化状態に注目した新たな解析法を試み、脳下垂体の幹前駆細胞や各種ホルモン産生細胞の存在比率についての評価法を確立した。

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

紀藤のグループは、培養細胞を用いた分化誘導に伴う、約 100 種のタンパク質の分化過程に伴う発現量変動を明らかにし、その中に新規のタンパク質を見出した。

<問題点とその克服方法>

アゴニストや薬物による受容体の活性化が動物種で異なるとの予期しない結果があり、受容体の構造的な寄与の解明により、適合した薬物の開発へつなげる(戸村)。用いたレポーター遺伝子のプロモーターが動物種依存的で、極めて不活性である可能性があり、作製した Gene Tracing ラットの系統維持と解析に手間取っているものがあり、方向転換も視野に入れ、早急な対応を進めている(加藤)。エピジェネティクスを利用した有用細胞への分化誘導に不足している培養条件、エピジェネティック状態を改変する薬剤や非コード RNA 情報について、非コード RNA 探索、薬剤 5 種、および有用細胞分化に関与する遺伝子の非コード RNA の同定について、完成を急いでいる(大鐘)。全体の1割に満たないマウスのプロテオーム質量解析システムを改良し、タンパク質の定量数の向上を目指す(紀藤)。

<研究成果の副次的効果(実用化や特許の申請など研究成果の活用の見通しを含む。)>

現在検討中の薬物が生殖機能にも関与する抗不安薬であると同定できると、新たな生殖機能制御薬の開発に繋がる(戸村)。幹細胞から分化誘導の確立により、内分泌組織の構築やホルモン産生細胞の樹立などが可能となる(加藤)。テキストマイニングを実現する自然言語処理アプリケーションの開発と知財化、社会実装が見込める(矢野)。開発した不均一な細胞集団内で特定の細胞種の存在比が推定できると、ハプロ不全性の優性遺伝病への関与や環境化学物質による細胞への影響評価法となることが期待出来る(大鐘)。安定同位体標識による動物細胞系の解析系の確立が期待できる(紀藤)。

<今後の研究方針>

戸村のグループでは、上記オミックス情報から得られる他の候補 GPCR の生殖機能制御への関与を明らかとするとともに、金属や抗不安薬の動物種による GPCR の活性化様式の違いを明らかにすることで、情報伝達系への介入による「生殖機能制御法の確立」を目指す。加藤のグループでは、特に、幹細胞ニッチの分化誘導系の確立、下垂体体に定着した神経提細胞の特性解析と分化能や腫瘍化能の解析、不妊責任遺伝子の同定に傾注した研究の推進、他メンバーと連携した下垂体を中心としてデータベースの公表、を進める。矢野のグループでは、遺伝子発現量の時系列データから遺伝子発現制御機構を解明するアルゴリズムの開発、テキストマイニングのための自然言語処理パイプラインの整備・拡充の継続実施、他のメンバーと連携して生殖内分泌組織のデータベースの作成を推進する。大鐘のグループでは、下垂体細胞種特異的 DNA メチル化状態を指標とした細胞腫同定法の高度化、幹・前駆細胞の特定につながるエピジェネティックマーカーの同定、分化誘導化学物質やエピジェネティック改変用非コード RNA を利用した下垂体細胞の樹立を展開する。紀藤のグループでは、解析対象について gene ontology 解析や既知の相互作用情報との照合を行い、新規の同定分子の機能を類推し、細胞分化との関連性を解析する。

<今後期待される研究成果>

有効性が確認しつつある抗不安薬の生殖調節機能の解析を進めることで、家畜・希少動物・病態モデル動物に適合したテイルーメイド化合物の開発への展開が期待される(戸村)。下垂体ホルモン産生細胞に分化する幹・前駆細胞ニッチの単離とその分化誘導の一部ができたことから、組織の再生や細胞補充療法などにつながる研究が期待される(加藤)。成長・疾患などに関わる遺伝子や化合物の情報をディープランニングすることにより、迅速かつ高精度に抽出する人工知能の開発・社会実装などが期待される(矢野)。アリル毎の DNA メチル化状態に注目した細胞種の解析法を応用展開し、生殖内分泌組織などの細胞種の同定と、薬剤処理や非コード RNA を利用した有用細胞樹立時の目的細胞誘導

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

効率の評価が可能になると期待される(大鐘)。

下垂体組織形成への関与が期待される分子の同定を目指す培養細胞の定量解析により、質量分析解析による分子同定の迅速で高度な分析システムの構築が期待される(紀藤)。

<自己評価の実施結果及び対応状況>

本プロジェクトの研究成果は、メンバー間で相互評価し、本学科学技術研究所の年報に掲載誌、農学部ハイテクリサーチ運営委員会の業績書に報告している。また、ホームページに公開している。論文投稿・掲載に関わる費用は別枠で予算化してインセンティブを与えており、成果の公表数は年ごとに増え、確実に効果を上げている。各研究グループでは、ほぼ、毎週1回のペースで班内部の情報交換・打ち合わせを行とともに、適宜、少人数による新規のデータについて討議を進め、実験計画の練り直しと策定を行っている。それらの記録は、班員に公開している。学会等で外部評価を受ける際には、グループ内で数度に亘る事前のチェックを行い、指摘された事項への対応を含めて、研究計画の点検を行っている。

グループ間では、連携した研究推進につとめ、その際に情報交換と点検・相互評価を行っている。戸村は加藤との連携で、ホルモン分泌の簡易測定系を開発した。加藤は、大鐘と転写因子遺伝子のエピジェネティクス、矢野と下垂体の発現遺伝子の網羅的なオントジェニーを展開した。大鐘は、ブタ下垂体の各種細胞の存在比を加藤の助言のもとに展開して論文発表を行い、さらに、矢野からの哺乳類間のゲノム配列保存性の解析方法の助言にもとづき、ゲノム、転写物データベースの貧弱なブタにおいて、数千の転写開始点およびプロモーター領域の同定に成功した。紀藤は加藤と連携して、下垂体株化細胞の分化機構をプロテオミクスによる解析を進めた。矢野は、加藤と連携して、下垂体の発現遺伝子のデータベースの構築を進めている。(研究室のゼミは2016年度分をホームページにアップした)

全体の研究プロジェクトの進捗管理・自己点検・改善活動を確実に行うため、研究代表者に加えて、2014年7月にプロジェクトマネージャを設置し、メンバーの加藤がその任についている。また、明治大学では、明治大学研究企画推進本部会議(研究支援事業に係る専門部会)が設置され、多様な面から、研究代表者から提出された、①研究達成度・自己点検表、②私立大学戦略的研究基盤形成支援事業(研究年度)全体研究計画・ロードマップ、③提出前の私立大学戦略的研究基盤形成支援事業に係る中間評価(研究進捗状況報告書)、について各年度に確認・点検作業を受け、改善点の指摘や進捗度の評価を受け取っている。フィードバックされた項目について、研究代表者とプロジェクトマネージャが対応策を講じて、次年度の研究展開に活かすとともに、その対応を報告している。④また、上記①～③については、私立大学戦略的研究基盤形成支援事業学内選考及び採択後の進捗管理体制に関する内規を制定し具体的な取り組みについては、本学の以下のHPに掲載している(<http://www.meiji.ac.jp/research/promote/index.html>)。

<外部(第三者)評価の実施結果及び対応状況>

本研究プロジェクトでは、この3年間に64の原著論文、総説を使って成果を世界に発信して、評価や意見を収集している。国外で42回、国内で150回の学会発表を行い、該当する外部の専門家から助言や質疑を通して、これらの成果の中間発表を行い、関連外部研究者からの評価、情報交換を行っている。これらの記録も、本プロジェクトのホームページ上で班員に公開し共有をはかっている。特に進展の激しいバイオインフォマティクスの分野では、メンバーの矢野は活発にシンポジウムや研究集会などを主宰し、開発・解析中のバイオインフォマティクス手法やデータベースについての評価や意見の集約に努めている。

(様式1)

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

12 キーワード(当該研究内容をよく表していると思われるものを8項目以内で記載してください。)

- (1) オミックス (2) バイオインフォマティクス (3) エピジェネティクス
 (4) プロテオミクス (5) 生殖内分泌 (6) 生理活性物質
 (7) ホルモン (8) 機能制御

13 研究発表の状況(研究論文等公表状況。印刷中も含む。)

上記、11(4)に記載した研究成果に対応するものには*を付すこと。

<雑誌論文>

戸村秀明

- *Mochimaru Y, Azuma M, Oshima N, Ichijo Y, Satou K, Matsuda K, Asaoka Y, Nishina H, Nakakura T, Mogi C, Sato K, Okajima F, Tomura H. Extracellular acidification activates ovarian cancer G-protein-coupled receptor 1 and GPR4 homologs of zebra fish. *Biochem Biophys Res Commun* 2015; 457: 493-499.
- Tobo A, Tobo M, Nakakura T, Ebara M, Tomura H, Mogi C, Im DS, Murata N, Kuwabara A, Ito S, Fukuda H, Arisawa M, Shuto S, Nakaya M, Kurose H, Sato K, Okajima F. Characterization of imidazopyridine compounds as negative allosteric modulators of proton-sensing GPR4 in extracellular acidification-induced responses. *PLoS One* 2015; 10: e0129334.
- *Ichijo Y, Mochimaru Y, Azuma M, Satou K, Negishi J, Nakakura T, Oshima N, Mogi C, Sato K, Matsuda K, Okajima F, Tomura H. Two zebrafish G2A homologs activate multiple intracellular signaling pathways in acidic environment. *Biochem Biophys Res Commun* 2016; 469: 81-86.
- *Negishi J, Omori Y, Shindo M, Takanashi H, Musha S, Nagayama S, Hirayama J, Nishina H, T. N, Mogi C, Sato K, Okajima F, Mochimaru Y, Tomura H. Manganese and cobalt activate zebrafish ovarian cancer G-protein-coupled receptor 1 but not GPR4. *J Recept Signal Transduct Res* 2017; in press.
- *Satou K, Mochimaru Y, Nakakura T, Kusada T, Negishi J, Musha S, Yoshimura N, Kato Y, Tomura H. Easy detection of hormone secretion from LbetaT2 cells by using *Gaussia luciferase*. *J Reprod Dev* 2017.
- *大嶋菜月, 戸村秀明. G-protein-coupled receptor 4 受容体のリガンド及び機能. 明治大学農学部研究報告 2015; 65: 1-7.
- *持丸雄太, 戸村秀明. 創薬のターゲットとしての ovarian cancer G-protein-coupled receptor 1. 明治大学農学部研究報告 2015; 65: 9-16.
- *一條祐太, 戸村秀明. G2A 受容体のリガンドと活性化機構. 明治大学農学部研究報告 2015; 64: 59-65.

加藤幸雄

- *Higuchi M, Kanno N, Yoshida S, Ueharu H, Chen M, Yako H, Shibuya S, Sekita M, Tsuda M, Mitsuishi H, Kato T, Kato Y. GFP-expressing S100 β -positive cells of the rat anterior pituitary differentiate into hormone-producing cells. *Cell Tissue Res* 2014; 357: 767-779.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

10. *Higuchi M, Yoshida S, Ueharu H, Chen M, Kato T, Kato Y. PRRX1 and PRRX2 distinctively participate in pituitary organogenesis and cell supply system. *Cell Tissue Res* 2014; 357: 323-335.
11. Horiguchi K, Fujiwara K, Higuchi M, Yoshida S, Tsukada T, Ueharu H, Chen M, Hasegawa R, Takigami S, Ohsako S, Yashiro T, Kato T, Kato Y. Expression of chemokine CXCL10 in dendritic cell-like S100 β -positive cells in rat anterior pituitary gland. *Cell Tissue Res* 2014; 357: 757-765.
12. Horiguchi K, Fujiwara K, Yoshida S, Higuchi M, Tsukada T, Kanno N, Yashiro T, Tateno K, Osako S, Kato T, Kato Y. Isolation of dendritic cell-like S100 β -positive cells in rat anterior pituitary gland. *Cell Tissue Res* 2014; 357: 301-308.
13. Horiguchi K, Higuchi M, Yoshida S, Nakakura T, Tateno K, Hasegawa R, Osako S, Kato T, Kato Y. Proton receptor GPR68 expression in dendritic cell-like S100 β -positive cells of rat anterior pituitary gland: GPR68 induces interleukin-6 gene expression in extracellular acidification. *Cell Tissue Res* 2014; 358: 515-525.
14. *Ueharu H, Higuchi M, Nishimura N, Yoshida S, Shibuya S, Sensui K, Kato T, Kato Y. Expression of kruppel-like factor 6, KLF6, in rat pituitary stem/progenitor cells and its regulation of the PRRX2 gene. *J Reprod Dev* 2014; 60: 304-311.
15. Uemae Y, Sakamoto J, Hidaka Y, Hiratsuka A, Susa T, Kato Y, Suzuki M. Gene expression, function, and diversity of Nkx2-4 in the rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss* *Gen Comp Endocrinol* 2014; 206: 193-202.
16. Yoshida S, Higuchi M, Ueharu H, Nishimura N, Tsuda M, Nishihara H, Mitsuishi H, Kato T, Kato Y. Characterization of murine pituitary-derived cell lines Tpit/F1, Tpit/E and TtT/GF. *J Reprod Dev* 2014; 60: 295-303.
17. Yoshida S, Ueharu H, Higuchi M, Horiguchi K, Nishimura N, Shibuya S, Mitsuishi H, Kato T, Kato Y. Molecular cloning of rat and porcine retina-derived POU domain factor 1 (POU6F2) from pituitary cDNA library. *J Reprod Dev* 2014; 60: 288-294.
18. *Higuchi M, Yoshida S, Ueharu H, Chen M, Kato T, Kato Y. PRRX1- and PRRX2-positive mesenchymal stem/progenitor cells are involved in vasculogenesis during rat embryonic pituitary development. *Cell Tissue Res* 2015; 361: 557-565.
19. *Yoshida S, Kato T, Chen M, Higuchi M, Ueharu H, Nishimura N, Kato Y. Localization of juxtacrine factor ephrin-B2 in pituitary stem/progenitor cell niches throughout life. *Cell Tissue Res* 2015; 359: 755-766.
20. Horiguchi K, Fujiwara K, Tsukada T, Yako H, Tateno K, Hasegawa R, Takegami S, Osako S, Yashiro T, Kato T, Kato Y. Expression of Slug in S100 β protein-positive cells of the postnatal developing rat anterior pituitary gland. *Cell Tissue Res* 2016; 363: 513-524.
21. Horiguchi K, Fujiwara K, Tsukada T, Yoshida S, Higuchi M, Tateno K,

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- Hasegawa R, Takigami S, Ohsako S, Yashiro T, Kato T, Kato Y. CXCL10/CXCR3 signaling mediates inhibitory action by Interferon-Gamma on CRF-stimulated adrenocorticotrophic hormone (ACTH) release. *Cell Tissue Res* 2016; doi:10.1007/s00441-015-2317-2).
22. Horiguchi K, Nakakura T, Yoshida S, Tsukada T, Kanno N, Hasegawa R, Takigami S, Ohsako S, Kato T, Kato Y. Identification of THY1 as a novel thyrotrope marker and THY1 antibody-mediated thyrotrope isolation in the rat anterior pituitary gland. *Biochem Biophys Res Commun* 2016; 480: 273-279.
 23. Horiguchi K, Yako H, Yoshida S, Fujiwara K, Tsukada T, Kanno N, Ueharu H, Nishihara H, Kato T, Yashiro T, Kato Y. S100 β -positive cells of mesenchymal origin reside in the anterior lobe of the embryonic pituitary gland. *PLoS One* 2016; 11: e0163981.
 24. *Kanno N, Higuchi M, Yoshida S, Yako H, Chen M, Ueharu H, Nishimura N, Mitsuishi H, Kato T, Kato Y. Expression studies of Neuronatin in the prenatal and postnatal rat pituitary. *Cell Tissue Res* 2016; 364: 273-288.
 25. Moriyama R, Yamazaki T, Kato T, Kato Y. Long-Chain Unsaturated Fatty Acids Reduce the Transcriptional Activity of the Rat Follicle-Stimulating Hormone β -Subunit Gene. *J Reprod Dev* 2016; doi:10.1262/jrd.2015-138.
 26. *Nishihara H, Yoshida S, Kanno N, Nishimura N, Ueharu H, Ohgane J, Kato T, Kato Y. Involvement of DNA methylation in regulating rat Prop1 gene expression during pituitary organogenesis. *J Reprod Dev* 2016; 62: 10.1262/jrd.2016-1102.
 27. *Nishimura N, Ueharu H, Shibuya S, Nishihara H, Yoshida S, Higuchi M, Kanno N, Horiguchi K, Kato T, Kato Y. Search for Regulatory Factors of Pituitary-specific Transcription Factor PROP1 Gene. *J Reprod Dev* 2016; 62: 93-102.
 28. *Yoshida S, Kato T, Kato Y. Regulatory system for stem/progenitor cell niches in the adult rodent pituitary. *Int J Mol Sci* 2016; 17: 75.
 29. *Yoshida S, Kato T, Kato Y. EMT Involved in Migration of Stem/Progenitor Cells for Pituitary Development and Regeneration. *J Clin Med* 2016; 5.
 30. Yoshida S, Kato T, Nishimura N, Kanno N, Chen M, Ueharu H, Nishihara H, Kato Y. Porcine LIM homeobox transcription factors, LHX2 and LHX3, and transcription of follicle-stimulating hormone subunit genes. *J Reprod Dev* 2016; 62: 241-248.
 31. *Yoshida S, Nishimura N, Ueharu H, Kanno N, Higuchi M, Horiguchi K, Kato T, Kato Y. Isolation of adult pituitary stem/progenitor cell clusters located in the parenchyma of the rat anterior lobe. *Stem Cell Res* 2016; 17: 318-329. (カバーページに採用：添付資料2-1)
 32. Satou K, Mochimaru Y, Nakakura T, Kusada T, Negishi J, Musha S, Yoshimura N, Kato Y, Tomura H. Easy detection of hormone secretion from LbetaT2 cells by using Gaussia luciferase. *J Reprod Dev* 2017. (カバーページ

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

に採用：添付資料2-2)

33. *Ueharu H, Yoshida S, Kikkawa T, Kanno N, Higuchi M, Kato T, Osumi N, Kato Y. Gene tracing analysis reveals the contribution of neural crest-derived cells in pituitary development. *J Anat* 2017; DOI: 10.1111/joa.12572. (カバーページに採用：添付資料2-3)

矢野健太郎

34. Hamada H, Kurusu T, Nokajima H, Kiyoduka M, Yano K, Kuchitsu K. Regulation of xylanase elicitor-induced expression of defense-related genes involved in phytoalexin biosynthesis by a cation channel OsTPC1 in suspension-cultured rice cells. *Plant Biotechnology* 2014; 31: 329-334.
35. *Kobayashi M, Ohyanagi H, Yano K. Omics databases and gene expression networks in plant science. In: Benkeblia N, ed. *Omics Technologies and Crop Improvement*: CRC Press 2014: 1-14.
36. Nakatsuka A, Nakagawa T, Yano K, Sun N, Sakata H, Koyama K, Kobayashi N, Esumi T, Itamura H. Gene expression of pectic polysaccharide degrading enzymes in on-tree softened 'Hiratanenashi' Persimmon Fruit Food Preservation Science 2014; 40: 185-193.
37. *Aya K, Kobayashi M, Tanaka J, Ohyanagi H, Suzuki T, Yano K, Takano T, Yano K, Matsuoka M. De novo transcriptome assembly of a fern, *Lygodium japonicum*, and a web resource database, Ljtrans DB. *Plant Cell Physiol* 2015; 56: e5.
38. Hirose Y, Suda K, Liu YG, Sato S, Nakamura Y, Yokoyama K, Yamamoto N, Hanano S, Takita E, Sakurai N, Suzuki H, Nakamura Y, Kaneko T, Yano K, Tabata S, Shibata D. The arabidopsis TAC position viewer: a high-resolution map of transformation-competent artificial chromosome (TAC) clones aligned with the arabidopsis thaliana columbia-0 genome. *Plant J* 2015; 83: 1114-1122.
39. *Ohyanagi H, Obayashi T, Yano K. Editorial: Plant and Cell Physiology's 2015 database issue. *Plant Cell Physiol* 2015; 56: 4-6. Ohyanagi H, Takano T, Terashima S, Kobayashi M, Kanno M, Morimoto K, Kanegae H, Sasaki Y, Saito M, Asano S, Ozaki S, Kudo T, Yokoyama K, Aya K, Suwabe K, Suzuki G, Aoki K, Kubo Y, Watanabe M, Matsuoka M, Yano K. Plant omics data center: an integrated web repository for interspecies gene expression networks with NLP-based curation. *Plant Cell Physiol* 2015; 56: e9.
40. *Yamamoto N, Takano T, Tanaka K, Ishige T, Terashima S, Endo C, Kurusu T, Yajima S, Yano K, Tada Y. Comprehensive analysis of transcriptome response to salinity stress in the halophytic turf grass *Sporobolus virginicus*. *Front Plant Sci* 2015; 6: 241.
41. *Kudo T, Sasaki Y, Terashima S, Matsuda-Imai N, Takano T, Saito M, Kanno M, Ozaki S, Suwabe K, Suzuki G, Watanabe M, Matsuoka M, Takayama S, Yano K. Identification of reference genes for quantitative expression analysis using large-scale RNA-seq data of *Arabidopsis thaliana* and model crop plants. *Genes Genet Syst* 2016; 91: 111-125.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

42. Maeda S, Sakazono S, Masuko-Suzuki H, Taguchi M, Yamamura K, Nagano K, Endo T, Saeki K, Osaka M, Nabemoto M, Ito K, Kudo T, Kobayashi M, Kawagishi M, Fujita K, Nanjo H, Shindo T, Yano K, Suzuki G, Suwabe K, Watanabe M. Comparative analysis of microRNA profiles of rice anthers between cool-sensitive and cool-tolerant cultivars under cool-temperature stress. *Genes Genet Syst* 2016; 91: 97-109.
43. Ohyanagi H, Obayashi T, Yano K. Editorial: Plant and Cell Physiology's 2016 Online Database Issue. *Plant Cell Physiol* 2016; 57: 1-3.
44. Thagun C, Imanishi S, Kudo T, Nakabayashi R, Ohyama K, Mori T, Kawamoto K, Nakamura Y, Katayama M, Nonaka S, Matsukura C, Yano K, Ezura H, Saito K, Hashimoto T, Shoji T. Jasmonate-Responsive ERF Transcription Factors Regulate Steroidal Glycoalkaloid Biosynthesis in Tomato. *Plant Cell Physiol* 2016; 57: 961-975.
45. Tomohiro Suzuki T, Naoki Yamamoto N, Jae-Hoon Choi J-H, Tomoyuki Takano T, Yohei Sasaki Y, Yurika Terashima Y, Akinobu Ito A, Hideo Dohra H, Hirofumi Hirai H, Yukino Nakamura Y, Kentaro Yano K, Hirokazu Kawagishi H. The biosynthetic pathway of 2-azahypoxanthine in fairy-ring forming fungus. *Scientific Reports* 2016; 6:39087.
46. *Yamamoto N, Kudo T, Fujiwara S, Takatsuka Y, Hirokawa Y, Tsuzuki M, Takano T, Kobayashi M, Suda K, Asamizu E, Yokoyama K, Shibata D, Tabata S, Yano K. Pleurochrysome: a web database of pleurochrysis transcripts and orthologs among heterogeneous algae. *Plant Cell Physiol* 2016; 57: e6.
47. Kawakatsu Y, Nakayama H, Kaminoyama K, Igarashi K, Yasugi M, Kudoh H, Nagano JA, Yano K, Kubo N, Kimura S. A GLABRA1 ortholog on LG A9 controls trichome number in the Japanese leafy vegetables Mizuna and Mibuna (*Brassica rapa* subsp. *nipposinica*): evidence from QTL analysis. *Journal of Plant Research* 2017; in press.
48. *Kudo T, Kobayashi M, Terashima S, Katayama M, Ozaki S, Kanno M, Saito M, Yokoyama K, Ohyanagi H, Aoki K, Kubo Y, Yano K. TOMATOMICS: A web database for integrated omics information in tomato. *Plant And Cell Physiology* 2017; in press.
49. *Kudo T, Terashima S, Takaki Y, Tomita K, Saito M, Kanno M, Yokoyama K, Yano K. PlantExpress: A database integrating oryzaexpress and arthaexpress for single-species and cross-species gene expression network analyses with microarray-based transcriptome data. *Plant And Cell Physiology* 2017; in press.
50. *Nakamura Y, Kudo T, Terashima S, Saito M, Nambara E, Yano K. CATchUP: A web database for spatiotemporally regulated genes. *Plant And Cell Physiology* 2017; in press.
51. *工藤徹, 寺島伸, 矢野健太郎. 統合オミックス情報解析と作物育種への利用. 月刊バイオインダストリー 2015; 12月号: 10-16.
52. 小林正明, 門田有希, 望月孝子, 工藤徹, 寺島伸, 中村幸乃, 中村保一, 矢野健太

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

郎. Perl 講習会. 育種学研究 2016; 18: 27-33.

53. *神沼英里, 望月孝子, 門田有希, 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎. 遺伝研スパコンとコマンドラインでの NGS データ使い倒し講座. 育種学研究 2015; 17: 88-93.
54. 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎, 岩田洋佳. 植物育種のためのオミックス・データ解析入門. 育種学研究 2014; 16: 93-99.

大鐘潤

55. Arai D, Hayakawa K, Ohgane J, Hirosawa M, Nakao Y, Tanaka S, Shiota K. An epigenetic regulatory element of the Nodal gene in the mouse and human genomes. *Mech Dev* 2015; 136: 143-154.
56. *Arai Y, Hayakawa K, Arai D, Ito R, Iwasaki Y, Saito K, Akutsu K, Takatori S, Ishii R, Hayashi R, Izumi S, Sugino N, Kondo F, Horie M, Nakazawa H, Makino T, Hirosawa M, Shiota K, Ohgane J. Putative epimutagens in maternal peripheral and cord blood samples identified using human induced pluripotent stem cells. *Biomed Res Int* 2015; 2015: 876047*.
57. *Arai Y, Fukukawa H, Atozi T, Matsumoto S, Hanazono Y, Nagashima H, Ohgane J. Ultra-deep bisulfite sequencing to detect specific DNA methylation patterns of minor cell types in heterogeneous cell populations: an example of the pituitary tissue. *PLoS One* 2016; 11: e0146498*.
58. Nishihara H, Yoshida S, Kanno N, Nishimura N, Ueharu H, Ohgane J, Kato T, Kato Y. Involvement of DNA methylation in regulating rat *Prop1* gene expression during pituitary organogenesis. *J Reprod Dev* 2016; 62: 10.1262/jrd.2016-1102.
59. *Arai Y, Umeyama K, Takeuchi K, Okazaki N, Hichiwa N, Yashima S, Nakano K, Nagashima H, Ohgane J. Establishment of DNA methylation patterns of the *Fibrillin1* (*FBN1*) gene in porcine embryos and tissues. *J Reprod Dev* 2017*.

紀藤圭治

60. *Isowa Y, Sarashina I, Oshima K, Kito K, Hattori M, Endo K. Proteome analysis of shell matrix proteins in the brachiopod *Laqueus rubellus*. *Proteome Sci* 2015; 13: 21.
61. *Kito K, Ito H, Nohara T, Ohnishi M, Ishibashi Y, Takeda D. Yeast interspecies comparative proteomics reveals divergence in expression profiles and provides insights into proteome resource allocation and evolutionary roles of gene duplication. *Mol Cell Proteomics* 2016; 15: 218-235.
62. *Kito K, Okada M, Ishibashi Y, Okada S, Ito T. A strategy for absolute proteome quantification with mass spectrometry by hierarchical use of peptide-concatenated standards. *Proteomics* 2016; 16: 1457-1473.
63. Suzuki M, Shibuya M, Shimada H, Motoyama N, Nakashima M, Takahashi S, Suto K, Yoshida I, Matsui S, Tsujimoto N, Ohnishi M, Ishibashi Y, Fujimoto Z, Desaki Y, Kaku H, Kito K, Shibuya N. Autophosphorylation of Specific Threonine and Tyrosine Residues in *Arabidopsis* CERK1 is Essential for the Activation of Chitin-Induced Immune Signaling. *Plant Cell Physiol* 2016; 57: 2312-2322.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

<図書>

なし

<学会発表>

戸村秀明

1. Mochimaru Y, Oshima N, Nakakura T, Mogi C, Sato K, Okajima F, Tomura H. Characterization of OGR1 and GPR4 homologues in zebrafish genome. The 39th JSCE and 8th ISAREN 合同大会, 岡崎カンファレンスセンター, 2014.11.7-9.
2. Mochimaru Y, Satou K, Shindo M, Kato Y, Tomura H. Analysis of L β T2 cell responses through ovarian cancer G-protein coupled receptor 1. CompBiol 2015 広島大会, 広島・JMS アステールプラザ, 2015.12.11-13.
3. Negishi J, Omori Y, Takanashi H, Kusada T, Tomura H. Metals activate ovarian cancer G-protein-coupled receptor 1 of zebrafish. CompBiol 2015 広島大会, 広島・JMS アステールプラザ, 2015.12.11-13.
4. Mochimaru Y, Azuma M, Negishi J, Tomura H. Proton activates OGR1, GPR4 and G2A homologs of zebrafish. International Society for Stem Cell Research (ISSCR2016), San Francisco, 2016.6.22-25.
5. Mochimaru Y, Azuma M, Negishi J, Tomura H. Proton activates OGR1, GPR4 and G2A homologs of zebrafish. International Symposium on Pituitary Gland and Related Systems (ISPGRS 2016), Honolulu, Hawaii, 2016.9.1-5.
6. Negishi J, Omori Y, Nagayama S, Tomura H. Effect of metal ions on the activation of zebrafish ovarian cancer G-protein-coupled receptor 1. International Symposium on Pituitary Gland and Related Systems (ISPGRS 2016), Honolulu, Hawaii, 2016.9.1-5.

加藤幸雄

7. Kanno N, Higuchi M, Yako H, Yoshida S, Kato T, Chen M, Kato Y. Neuronatin is first expressed in pituitary stem/progenitor cells. World Congress of Reproductive Biology 2014, Edinburgh,UK, 2014.9.2-4.
8. Nishimura N, Yoshida S, Higuchi M, Yako H, Ueharu H, Chen M, Kato T, Kato Y. Characterization of Pituitary-derived Cell Lines, Tpit/E, Tpit/F1 and TtT/GF. World Congress of Reproductive Biology 2014, Edinburgh,UK, 2014.9.2-4.
9. Takanashi H, Nishimura N, Yoshida S, Higuchi M, Kawai K, Ueharu H, Kato T, Kato Y. Real-Time Observation of Hormone-Secretion using CFP, YFP-Fused Gonadotropin Expression Vector. World Congress of Reproductive Biology 2014, Edinburgh,UK, 2014.9.2-4.
10. Ueharu H, Higuchi M, Nishimura N, Yoshida S, Nishihara H, Kato T, Kato Y. Krüppel-like factor 6 (klf6) is expressed in rat pituitary stem/progenitor cells and regulates the PRRX2 gene. World Congress of Reproductive Biology 2014, Edinburgh,UK, 2014.9.2-4.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

11. Yako H, Horiguchi K, Higuchi M, Fujiwara K, Yoshida S, Chen M, NAOKO K, Ueharu H, Kato T, Yashiro T, Kato Y. Invasion of S100 β -positive cells into pituitary gland during embryonic period. World Congress of Reproductive Biology 2014, Edinburgh,UK, 2014.9.2-4.
12. Yoshida S, Kawai K, Kato T, Kato Y. P178 Presence of the juxtacrine factor EphrinB2 in a rat pituitary stem/progenitor cell niche. World Congress of Reproductive Biology 2014, Edinburgh,UK, 2014.9.2-4.
13. Higuchi M, Yoshida S, Nishimura N, Ueharu H, Kato T, Kato Y. Murine pituitary tumor-derived non-endocrine cell line, Tpit/F1, differentiate is capable of differentiating into growth hormone-producing cell, but is not dependent on pituitary-specific positive transcription factor 1, Pit1. The 97th Annual Meeting of American Endocrinology Society, SanDiego,USA, 2015.3.5-8.
14. Mochimaru Y, Satou K, Shindo M, Kato Y, Tomura H. Analysis of L β T2 cell responses through ovarian cancer G-protein coupled receptor 1. CompBiol 2015 広島大会, 広島・JMS アステールプラザ, 2015.12.11-13.
15. Kanno N, Yoshida S, Ueharu H, Kato T, Kato Y. Neuronatin progresses cell differentiation by participating in regulation of intracellular Ca²⁺-level. International Society for Stem Cell Research (ISSCR2016), San Francisco, 2016.6.22-25.
16. Ueharu H, Yoshida S, Kanno N, Nishimura N, Kato T, Kato Y. SOX10-positive cells emerge in the rat pituitary gland from the late embryonic stage and settle in the postnatal pituitary as stem/progenitor cells. International Society for Stem Cell Research (ISSCR2016), San Francisco, 2016.6.22-25.
17. Yoshida S, Nishimura N, Kato T, Kato Y. Isolation and characterization of adult stem/progenitor cell niche located in the parenchyma of the rat pituitary gland. International Society for Stem Cell Research (ISSCR2016), San Francisco, 2016.6.22-25.
18. Nishihara H, Yoshida S, Fujiwara K, Kanno N, Ueharu H, Kato T, Yashiro T, Kato Y. Regulatory of pituitary specific transcription factor Prop1 by retinoic acid signaling. International Symposium on Pituitary Gland and Related Systems (ISPGRS 2016), Honolulu, Hawaii, 2016.9.1-5. (最優秀発表賞受賞：添付資料3-1)

矢野健太郎

19. Kawakatsu Y, Kaminoyama K, Igarashi K, Nakayama H, Kubo N, Yano K, Kimura S. QTL analysis of leaf morphological traits in Japanese traditional leafy vegetables, Mizuna and Mibuna. 25th International Conference on Arabidopsis Research (ICAR), Vancouver, British Columbia, Canada, 2014.7.28-8.1.
20. Aoki K, Hazama M, Hirakawa H, Yano K. Update of DNA resource of NBRP tomato. 第11回日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 名古屋大学, 2014.10.25-26.
21. Ohyanagi H, Takano T, Terashima S, Kobayashi M, Kanno M, Morimoto K,

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- Kanegae H, Ozaki S, Kudo T, Matsumura H, Sasaki Y, Saito M, Asano S, Yokoyama K, Aya K, Suwabe K, Suzuki G, Aoki K, Kubo Y, Watanabe M, Matsuoka M, Yano K. CA Plot Viewer and Plant Omics Data Center: A GUI-based Tool for Gene Expression Network Construction and an Integrated Web Repository for Interspecies Gene Expression Networks with NLP-based Curation. 12th International Symposium on Rice Functional Genomics, Tucson, AZ, USA, 2014.11.16-19.
22. Yamamoto N, Takano T, Terashima S, Kobayashi M, Ohyanagi H, Sasaki Y, Kanno M, Morimoto K, Kanegae H, Saito M, Asano S, Yokoyama K, Aya K, Suwabe K, Suzuki G, Sugimoto T, Masumura T, Watanabe M, Matsuoka M, Yano K. Plant Omics Data Center (PODC): a knowledge-based transcriptomic database for exploring functional gene modules in plants. GIW / ISCB-Asia 2014, Tokyo, Japan, 2014.12.15-17.
23. Kobayashi M, Ohyanagi H, Takanashi H, Nagano AJ, Tainaka H, Tokunaga T, Sazuka T, Iwata H, Tsutsumi N, Yano K. Heap: A SNPs Detection Tool for NGS Data with Special Reference to GWAS and Genomic Prediction. International Plant and Animal Genome XXIII, San Diego, CA, USA, 2015.1.10-14.
24. Kudo T, Takano T, Terashima S, Kobayashi M, Kanno M, Morimoto K, Kanegae H, Ozaki S, Sasaki Y, Saito M, Asano S, Yokoyama K, Aya K, Suwabe K, Suzuki G, Watanabe M, Matsuoka M, Ohyanagi H, Yano K. Data Mining in Plant Omics Data Center Suggests Conserved Gene Expression Networks of Molecular Chaperone and Protein Disulfide Isomerase Genes in Different Organs. International Plant and Animal Genome XXIII, San Diego, CA, USA, 2015.1.10-14.
25. Matsuda T, Matsushima M, Nabemoto M, Osaka M, Sakazono S, Masuko-Suzuki H, Nakazono M, Takahashi H, Nakazono M, Iwano M, Takayama S, Shimizu KK, Yano K, Suzuki G, Watanabe M, Suwabe K. Comparative Transcriptome Analysis Between Pre- and Post-Pollination in *Arabidopsis thaliana*. International Plant and Animal Genome XXIII, San Diego, CA, USA, 2015.1.10-14.
26. Matsushima M, Ando M, Matsuda T, Nabemoto M, Sone M, Hiroi K, Sakazono S, Masuko-Suzuki H, Yano K, Suzuki G, Watanabe M, Suwabe K. Establishment of Dynamic Imaging of Pollination in *Arabidopsis thaliana*. International Plant and Animal Genome XXIII, San Diego, CA, USA, 2015.1.10-14.
27. Nakamura E, Otani M, Sasaki Y, Yano K. A Comparative Transcriptome Analysis on Growth Regulation Between Seeds and Buds of *Arabidopsis*. International Plant and Animal Genome XXIII, San Diego, CA, USA, 2015.1.10-14.
28. Ozaki S, Kobayashi M, Kanno M, Morimoto K, Takazawa M, Aoki K, Ohyanagi H, Yano K. TOMATOMICS: An Integrated Database for Omics Information in Tomato. International Plant and Animal Genome XXIII, San Diego, CA, USA,

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

2015.1.10-14.

29. Sasaki Y, Yano K, Ohyanagi H, Takano T, Kobayashi M, Terashima S, Yamamoto N, Otani M, Nambara E. A Comprehensive Method and Tool for Identifying Conserved Cis-Element Motifs on the Basis of Large-Scale Gene Expression and Sequence Data. International Plant and Animal Genome XXIII, San Diego, CA, USA, 2015.1.10-14.
30. Takano T, Terashima S, Ohyanagi H, Kanno M, Sasaki Y, Yokoyama K, Aya K, Suwabe K, Suzuki G, Watanabe M, Matsuoka M, Yano K. Plant Omics Data Center (PODC) : The Integrated Web Repository for Intra- and Interspecies Gene Expression Networks. International Plant and Animal Genome XXIII, San Diego, CA, USA, 2015.1.10-14.
31. Yano K, Takano T, Terashima S, Nakamura Y. A GUI Application "CA Plot Viewer" for Large-Scale Gene Expression Analysis with Next-Generation Sequencing Technology. International Plant and Animal Genome XXIII, San Diego, CA, USA, 2015.1.10-14.
32. Ohyanagi H, Takano T, Terashima S, Kanno M, Saito M, Matsuda N, Kudo T, Asano S, Sasaki Y, Ozaki S, Kobayashi M, Yokoyama K, Yano K. Plant Omics Data Center: An Integrated Web Repository for Interspecies Gene Expression Networks with NLP-based Curation. Plant and Animal Genome ASIA 2015, SINGAPORE, 2015.7.13-15.
33. Kudo T, Sasaki Y, S. T, Matsuda-Imai N, Takano T, Saito M, Kanno M, Ozaki S, Suwabe K, Suzuki G, Watanabe M, Matsuoka M, Takayama S, Yano K. Identification of Reference Genes for Quantitative Expression Analysis in Broad Experimental Conditions Using Large-scale RNA-seq Data of Arabidopsis thaliana and Model Crop Plants. 第12回日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 明治大学, 2015.9.4-5.
34. Yano K, Terashima S, Nakamura Y, Katayama M, Takaki Y, Onosato K, Takano T, Sasaki Y, Kanno M, Saito M, Matsuda N, Asano S, Yokoyama K, Tada Y, Chiba H, Ohyanagi H, Kudo T, Kobayashi M. A GUI Application 'CA Plot Viewer' for Large-Scale Gene Expression Analysis and Databases for Gene Expression Networks. International Plant and Animal Genome XXIV, San Diego, CA, USA, 2016.1.9-13.
35. Kobayashi M, Yano K. A Bioinformatics Tool Searching for Genome-Wide SSR Markers by Using High-Throughput Sequencing Data. International Plant and Animal Genome XXIV, San Diego, CA, USA, 2016.1.9-13.
36. Terashima S, Kudo T, Takano T, Kanno M, Saito M, Matsuda N, Asano S, Sasaki Y, Yokoyama K, Ohyanagi H, Yano K. Plant Omics Data Center: An Integrated Web Repository for Interspecies Gene Expression Networks with NLP-based Curation. International Plant and Animal Genome XXIV, San Diego, CA, USA, 2016.1.9-13.
37. Kudo T, Sasaki Y, S. T, Matsuda N, Takano T, Saito M, Kanno M, Suwabe K, Suzuki G, Watanabe M, Matsuoka M, Takayama S, Yano K. Identification of

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

Reference Genes for Quantitative Expression Analysis Using Large-scale RNA-seq Data of Arabidopsis thaliana and Model Crop Plants. International Plant and Animal Genome XXIV, San Diego, CA, USA, 2016.1.9-13.

紀藤圭治

38. Kito K, Ito H, Nohara T, Ohnishi M, Daisuke. Conserved and diverse aspect of proteome profile across multiple yeast species. 13th Human Proteome Organization World Congress in IFEMA, Madrid, Spain, 2014.10.5-8.
39. Kito K, Okada M, Kusunoki S, Ishibashi Y. A strategy for large-scale analysis of asymmetric inheritance of old-age proteins at cell division. Vancouver, Canada, 2015.9.27-30.
40. Desaki Y, Takahashi S, Koizumi H, Miura T, Yashima K, Ishibashi Y, Kito K, Narusaka M, Narusaka Y, Kaku H, Shibuya N. An E3 ubiquitin ligase, PUB4, regulates immune signaling through the interaction with Arabidopsis CERK1. 2016 International Society for Molecular Plant-Microbe Interactions (IS-MPMI) XVII Congress, Portland, Oregon, 2016.7.17-21.
41. Suzuki M, Suto K, Shibuya M, Shimada H, Motoyama N, Takahashi S, Yoshida I, Ohnishi M, Ishibashi Y, Fujimoto Z, Desaki Y, Kaku H, Kito K, Shibuya N. Identification and functional analysis of autophosphorylation sites in Arabidopsis CERK1. 2016 International Society for Molecular Plant-Microbe Interactions (IS-MPMI) XVII Congress, Portland, Oregon, 2016.7.17-21.
42. Kito K, Okada M, Kusunoki S, Sugiyama S, Ishibashi Y. Old-age proteins asymmetrically inherited in mother cells of budding yeast. 15th Human Proteome Organization World Congress in Taipei International Convention Center, Taipei, Taipei, Taiwan, 2016.9.18-22.

国内学会

戸村秀明

43. 佐藤一裕, 一條裕太, 高橋邑和, 立石裕貴, 草田智之, 根岸潤, 佐藤聡恵, 加藤幸雄, 戸村秀明. $L\beta T2$ 細胞における GnRH に対するシグナル活性化様式の解析. 第 29 回日本下垂体研究会学術集会, 八王子セミナーハウス, 2014.8.8-10.
44. 小金井健登, 持丸雄太, 大嶋菜月, 戸村秀明. ゼブラフィッシュ OGR1 ファミリーのシグナリング解析. 第 29 回日本下垂体研究会, 八王子セミナーハウス, 2014.8.8-10.
45. 佐藤一裕, 加藤幸雄, 戸村秀明. $L\beta T2$ 細胞における GnRH に対するシグナル活性化パターンの解析. 第 107 回日本繁殖生物学会, 帯広畜産大学, 2014.8.20-23.
46. 一條祐太, 戸村秀明. ゼブラフィッシュ G2A の機能解析. 第 87 回日本生化学会大会, 京都国際会議場, 2014.10.15-17.
47. 佐藤一裕, 加藤幸雄, 戸村秀明. $L\beta T2$ 細胞における性腺刺激ホルモン放出ホルモンに対するシグナル応答解析. 第 87 回日本生化学会大会, 京都国際会議場, 2014.10.15-17.
48. 大嶋菜月, 持丸雄太, 戸村秀明. ゼブラフィッシュ GPR4, OGR1 の分子的特徴. 第 87 回日本生化学会大会, 京都国際会議場, 2014.10.15-17.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

49. 佐藤一裕, 根岸潤, 中倉敬, 草田智之, 大森由花, 加藤幸雄, 戸村秀明. ガウシアルシフェラーゼの $L\beta T2$ ウシア細胞におけるホルモン分泌アッセイ系の構築への利用. 第 30 回日本下垂体研究会, 宇奈月国際会館セレネ, 2015.8.5-7. (優秀発表賞受賞: 添付資料 3-2)
50. 持丸雄太, 新堂真実, 西田真実, 金子諒, 加藤幸雄, 戸村秀明. プロトン刺激によるマウス下垂体細胞株 $L\beta T2$ の応答解析. 第 30 回日本下垂体研究会, 宇奈月国際会館セレネ, 2015.8.5-7. (優秀発表賞受賞: 添付資料 3-2)
51. 佐藤一裕, 根岸潤, 中倉敬, 草田智之, 加藤幸雄, 戸村秀明. ガウシアルシフェラーゼを利用した高感度ホルモン分泌アッセイ系の構築の試み. 第 108 回日本繁殖生物学会, 宮崎大学, 2015.9.17-20.
52. 持丸雄太, 新堂真実, 西田真実, 金子諒, 加藤幸雄, 戸村秀明. プロトン刺激による性腺刺激ホルモン産生細胞株の応答解析. 第 108 回日本繁殖生物学会, 宮崎大学, 2015.9.17-20.
53. 持丸雄太, 根岸潤, 大森由花, 高梨颯, 武者詩織, 戸村秀明. 生物種間における金属イオンによる $OGR1$ 活性化の比較. 第 109 回日本繁殖生物学会大会, 相模原・麻布大学, 2016.9.11-15.
54. 高梨颯, 根岸潤, 大森由花, 武者詩織, 永山純礼, 戸村秀明. ゼブラフィッシュ $OGR1$ は金属イオンにより活性化される. 第 39 回日本分子生物学会年会, 横浜パシフィコ横浜, 2016.11.30-12-2.
55. 鳥海拓也, 持丸雄太, 金子諒, 吉村名央, 東野瑚子, 戸村秀明. 生物種による各金属イオンによる $OGR1$ 活性化様式の多様性. 第 39 回日本分子生物学会年会, 横浜パシフィコ横浜, 2016.11.30-12-2
- 加藤幸雄**
56. 吉田彩舟, 加藤たか子, 加藤幸雄. 下垂体幹細胞マーカーと膜局在分子による幹・前駆細胞ニッチの解析. 第 87 回日本内分泌学会, 福岡サンパレス, 2014.4.24-26. (招待講演)
57. 上春浩貴, 樋口雅司, 吉田彩舟, 西村直人, 加藤たか子, 加藤幸雄. 神経堤細胞由来細胞は下垂体に侵入し $S100\beta$ 陽性となる. 第 29 回日本下垂体研究会学術集会, 八王子セミナーハウス, 2014.8.8-10. (最優秀発表賞受賞: 添付資料 3-3)
58. 佐藤一裕, 一條裕太, 高橋邑和, 立石裕貴, 草田智之, 根岸潤, 佐藤聡恵, 加藤幸雄, 戸村秀明. $L\beta T2$ 細胞における $GnRH$ に対するシグナル活性化様式の解析. 第 29 回日本下垂体研究会学術集会, 八王子セミナーハウス, 2014.8.8-10.
59. 吉田彩舟, 加藤たか子, 樋口雅司, 陳黙, 上春浩貴, 西村直人, 加藤幸雄. 下垂体幹・前駆細胞ニッチにおける $ephrin/Eph$ シグナル分子の同定. 第 29 回日本下垂体研究会学術集会, 八王子セミナーハウス, 2014.8.8-10.
60. 堀口幸太郎, 吉田彩舟, 藤原研, 樋口雅司, 塚田岳大, 加藤たか子, 舘野こずえ, 長谷川留美, 瀧上潤, 大迫俊二, 屋代隆, 加藤幸雄. 樹状細胞様 $S100$ タンパク質陽性細胞から分泌されるケモカイン $CXCL10$ の機能解析. 第 29 回日本下垂体研究会学術集会, 八王子セミナーハウス, 2014.8.8-10.
61. 森山隆太郎, 山崎翼, 加藤たか子, 加藤幸雄. 性腺刺激ホルモン発現における長鎖脂肪酸の役割. 第 29 回日本下垂体研究会学術集会, 八王子セミナーハウス, 2014.8.8-10.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

62. 樋口雅司, 加藤たか子, 加藤幸雄. 転写因子と膜受容体の解析から見えてきた下垂体の発生と分化. 第 29 回日本下垂体研究会学術集会, 八王子セミナーハウス, 2014.8.8-10.
63. 西原大翔, 西村直人, 上春浩貴, 八子英司, 大鐘潤, 加藤たか子, 加藤幸雄. 下垂体特異的転写因子 Prop1 遺伝子はエピジェネティックな制御を受けているか. 第 29 回日本下垂体研究会学術集会, 八王子セミナーハウス, 2014.8.8-10.
64. 高梨遥, 西村直人, 西原大翔, 上春浩貴, 樋口雅司, 吉田彩舟, 加藤たか子, 加藤幸雄. 蛍光タンパク質融合ゴナドトロピンの細胞内局在. 第 29 回日本下垂体研究会学術集会, 八王子セミナーハウス, 2014.8.8-10.
65. 佐藤一裕, 加藤幸雄, 戸村秀明. L β T2 細胞における GnRH に対するシグナル活性化パターンの解析. 第 107 回日本繁殖生物学会, 帯広畜産大学, 2014.8.20-23.
66. 佐藤一裕, 加藤幸雄, 戸村秀明. L β T2 細胞における性腺刺激ホルモン放出ホルモンに対するシグナル応答解析. 第 87 回日本生化学会大会, 京都国際会議場, 2014.10.15-17.
67. 上春浩貴, 樋口雅司, 吉田彩舟, 西村直人, 加藤たか子, 加藤幸雄. 下垂体における神経堤由来の細胞と S100 β 陽性細胞の局在. 第 40 回日本神経内分泌学会学術集会, 都道府県会館, 2014.10.31-11.2.
68. 吉田彩舟, 加藤たか子, 樋口雅司, 上春浩貴, 河合航平, 加藤幸雄. 下垂体総・前駆細胞ニッチに存在する ephrin/Eph の同定. 第 40 回日本神経内分泌学会学術集会, 都道府県会館, 2014.10.31-11.2. (優秀発表賞受賞: 添付資料 3-3)
69. 堀口幸太郎, 吉田彩舟, 藤原研, 樋口雅司, 塚田岳大, 加藤たか子, 舘野こずえ, 長谷川留美, 瀧上潤, 大迫俊二, 屋代隆, 加藤幸雄. 下垂体前葉内 S100 タンパク質陽性細胞から分泌されるケモカイン CXCL10 の IFN- γ による制御. 第 40 回日本神経内分泌学会学術集会, 都道府県会館, 2014.10.31-11.2.
70. 樋口雅司, 加藤たか子, 加藤幸雄. 下垂体幹・前駆細胞と外部から侵入する細胞の時空間的餅紛ら見た下垂体の組織形成. 第 40 回日本神経内分泌学会学術集会, 都道府県会館, 2014.10.31-11.2.
71. 吉田彩舟, 加藤たか子, 樋口雅司, 上春浩貴, 河合航平, 西村直人, 加藤幸雄. 下垂体幹・前駆細胞で機能する細胞接触型シグナル分子 ephrin/Eph の解析. 第 37 回日本分子生物学会年会, パシフィコ横浜, 2014.11.25-27.
72. 西村直人, 上春浩貴, 西原大翔, 樋口雅司, 吉田彩舟, 加藤たか子, 加藤幸雄. 下垂体特異的転写因子 Prop1 遺伝子の発現制御の解析. 第 37 回日本分子生物学会年会, パシフィコ横浜, 2014.11.25-27.
73. 上春浩貴, 吉田彩舟, 西村直人, 樋口雅司, 堀口幸太郎, 加藤たか子, 加藤幸雄. 下垂体における神経堤由来細胞と S100 β の発現. 第 119 回日本畜産学会, 宇都宮大学, 2015.3.27-30.
74. 樋口雅司, 吉田彩舟, 上春浩貴, 西村直人, 加藤たか子, 加藤幸雄. マウス下垂体由来非ホルモン産生細胞株の幹細胞性の解析. 第 119 回日本畜産学会, 宇都宮大学, 2015.3.27-30.
75. 西原大翔, 西村直人, 上春浩貴, 大鐘潤, 加藤たか子, 加藤幸雄. 下垂体特異的転写因子 Prop1 遺伝子の DNA メチル化による発現制御. 第 119 回日本畜産学会, 宇都宮大学, 2015.3.27-30.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

76. 西村直人, 上春浩貴, 西原大翔, 渋谷汐里, 吉田彩舟, 樋口雅司, 堀口幸太郎, 加藤たか子, 加藤幸雄. 下垂体特異的転写因子 PROP1 のプロモーター活性とその制御. 第 119 回日本畜産学会, 宇都宮大学, 2015.3.27-30.
77. 西村直人, 吉田彩舟, 加藤たか子, 加藤幸雄. 成体下垂体前葉の幹・前駆細胞ニッチの単離とその解析. 第 30 回日本下垂体研究会, 富山・宇奈月国際会館セレネ, 2015.8.5-7. (最優秀発表賞受賞: 添付資料 3-4)
78. 持丸雄太, 新堂真実, 西田真実, 金子諒, 加藤幸雄, 戸村秀明. プロトン刺激によるマウス下垂体細胞株 L ロトンの応答解析. 第 30 回日本下垂体研究会, 富山・宇奈月国際会館セレネ, 2015.8.5-7. (優秀発表賞受賞: 添付資料 3-2)
79. 佐藤一裕, 根岸潤, 中倉敬, 草田智之, 加藤幸雄, 戸村秀明. ガウシアルシフェラーゼを利用した高感度ホルモン分泌アッセイ系の構築の試み. 第 108 回日本繁殖生物学会, 宮崎大学, 2015.9.17-20. (優秀発表賞受賞: 添付資料 3-2)
80. 持丸雄太, 新堂真実, 西田真実, 金子諒, 加藤幸雄, 戸村秀明. プロトン刺激による性腺刺激ホルモン産生細胞株の応答解析. 第 108 回日本繁殖生物学会, 宮崎大学, 2015.9.17-20.
81. 吉田彩舟, 加藤たか子, 加藤幸雄. シンポジウム「内分泌器官の組織幹細胞と腫瘍幹細胞」・成体下垂体前葉に存在する幹・前駆細胞ニッチの単離と制御機構の解析. 第 89 回日本内分泌学会学術総会, 京都・京都国際会館, 2016.4.21-23. (招待講演)
82. 堀口幸太郎, 吉田彩舟, 菅野尚子, 上春浩貴, 陳黙, 長谷川瑠美, 加藤たか子, 周瀧, 大迫俊二, 加藤幸雄. 細胞表面抗原 CD90 を利用したラット下垂体前葉からの TSH 産生細胞の単離. 第 89 回日本内分泌学会学術総会, 京都・京都国際会館, 2016.4.21-23.
83. 吉田彩舟, 西村直人, 菅野尚子, 西原大翔, 上春浩貴, 加藤たか子, 幸雄 加. 成体下垂体に存在する幹・前駆細胞ニッチの単離と分化能の解析. 第 109 回日本繁殖生物学会大会, 相模原・麻布大学, 2016.9.11-15.
84. 堀口幸太郎, 中倉敬, 吉田彩舟, 長谷川瑠美, 瀧上周, 大迫俊二, 加藤たか子, 加藤幸雄. ラット下垂体前葉内 TSH 産生細胞における細胞表面抗原 CD90 の発現. 第 109 回日本繁殖生物学会大会, 相模原・麻布大学, 2016.9.11-15.
85. 西原大翔, 吉田彩舟, 藤原研, 加藤たか子, 屋代隆, 加藤幸雄. レチノイン酸シグナルによる転写因子 Prop1 の転写制御機構の解析. 第 109 回日本繁殖生物学会大会, 相模原・麻布大学, 2016.9.11-15.
86. 西原大翔, 吉田彩舟, 藤原研, 菅野尚子, 上春浩貴, 加藤たか子, 屋代隆, 加藤幸雄. レチノイン酸シグナルによる下垂体特異的転写因子 Prop1 の転写制御機構の解析. 第 39 回日本分子生物学会年会, 横浜パシフィコ横浜, 2016.11.30-12-2.
87. 塚田岳大, 吉田彩舟, 紀藤圭治, 藤原研, 八子英司, 堀口幸太郎, 屋代隆, 加藤たか子, 加藤幸雄. 下垂体由来株化細胞 TtT/GF の分化能の検討と TGFb の関与. 第 41 回日本比較内分泌学会大会 相模原・北里大学, 2016.12.9-11.
88. *吉田彩舟, 百合野秀明, 小林正明, 菅野尚子, 上春浩貴, 矢野健太郎, 橋本真一, 加藤たか子, 加藤幸雄. 単離した下垂体幹細胞ニッチを用いた分化誘導と制御因子の探索. 第 16 回日本再生医療学会総会, 仙台国際センター, 2017.3.7-9.
89. 塚田岳大, 吉田彩舟, 紀藤圭治, 藤原研, 八子英司, 堀口幸太郎, 屋代隆, 加藤たか子, 加藤幸雄. TGFb は下垂体由来株化細胞 TtT/GF をペリサイトに誘導する. 第

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

16 回日本再生医療学会総会, 仙台国際センター, 2017.3.7-9.

90. 堀口幸太郎, 吉田彩舟, 藤原研, 塚田岳大, 加藤たか子, 長谷川瑠美, 瀧上周, 大迫俊二, 屋代隆, 加藤幸雄. 下垂体前葉内濾胞星状細胞が発現する CD 抗原の探索. 122 回日本解剖学会総会・全国学術集会, 九州・長崎大学坂本キャンパス, 2017.3.28-30.

矢野健太郎

91. 山本直樹, 杉本敏男, 高野知之, 木下由貴, 佐生愛, 矢野健太郎, 増村威宏. コムギ登熟種子ホスホエノールピルビン酸カルボキシラーゼの開花期窒素供給への応答と遺伝子発現. 農芸化学会関西支部例会, 大阪府立大学, 2014.7.12.
92. 佐々木陽平, 山本直樹, 大柳一, 小林正明, 高野知之, 寺島伸, 南原英司, 大谷征史, 矢野健太郎. 大規模な塩基配列情報に基づくシス因子の網羅的な予測システムの構築. 第 32 回日本植物細胞分子生物学会 (盛岡) 大会, アイーナ・岩手, 2014.8.21-22.
93. 大柳一, 小林正明, 豊島裕美, 高野知之, 高梨秀樹, 永野惇, 田井中均, 徳永毅, 佐塚隆志, 岩田洋佳, 堤伸浩, 矢野健太郎. バイオエネルギー作物・ソルガム高速育種への取り組み. 第 32 回日本植物細胞分子生物学会 (盛岡) 大会, アイーナ・岩手, 2014.8.21-22.
94. 小林正明, 大柳一, 豊島裕美, 高梨秀樹, 永野惇, 田井中均, 徳永毅, 佐塚隆志, 岩田洋佳, 堤伸浩, 矢野健太郎. 高速シーケンスデータから高精度かつ多量な系統間 SNPs を検出するツール”Heap”. 第 32 回日本植物細胞分子生物学会 (盛岡) 大会, アイーナ・岩手, 2014.8.21-22.
95. 木下由貴, 斉藤雄飛, 東田潤, 土居誠, 寺島伸, 堺谷荘太, 森田重人, 佐藤茂, 石丸努, 近藤始彦, 山本直樹, 矢野健太郎, 増村威宏. イネ登熟種子中の脂質合成関連遺伝子群の組織別・網羅的発現解析. 第 32 回日本植物細胞分子生物学会 (盛岡) 大会 2014.8.21-22.
96. 高野知之, 寺島伸, 小林正明, 佐々木陽平, 松村駿人, 豊島裕美, 森本恭子, 菅野真麻, 千葉洋, 多田欣史, 清水顕史, 安益公一朗, 松岡信, 渡辺正夫, 諏訪部圭太, 矢野健太郎. 遺伝子発現情報と高信頼度アノテーションに基づく種間比較解析と Web データベース構築. 第 32 回日本植物細胞分子生物学会 (盛岡) 大会 2014.8.21-22.
97. 佐々木陽平, 山本直樹, 大柳一, 小林正明, 高野知之, 寺島伸, 南原英司, 大谷征史, 矢野健太郎. 大規模な塩基配列情報を用いたシス因子の網羅的な予測システムの開発. 日本育種学会・第 126 回講演会, 南九州大学, 2014.9-26-27.
98. 小林正明, 大柳一, 豊島裕美, 高梨秀樹, 永野惇, 田井中均, 徳永毅, 佐塚隆志, 岩田洋佳, 堤伸浩, 矢野健太郎. Heap: ゲノミックセレクションやゲノムワイド関連解析のための系統間 SNPs 検出ツール. 日本育種学会・第 126 回講演会, 南九州大学, 2014.9-26-27.
99. 鐘ヶ江弘美, 望月孝子, 神沼英里, 南川舞, 小林正明, 豊島裕美, 大柳一, 高梨秀樹, 永野惇, 徳永毅, 佐塚隆志, 矢野健太郎, 中村保一, 堤伸浩, 岩田洋佳. ソルガムの HapMap の構築とゲノム育種への利用. 日本育種学会・第 126 回講演会, 南九州大学, 2014.9-26-27.
100. 高野知之, 小林正明, 大柳一, 佐々木陽平, 寺島伸, 松村駿斗, 森本恭子, 菅野

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

真麻, 横山幸治, 千葉洋, 多田欣史, 清水顕史, 安益公一郎, 松岡信, 渡辺正夫, 諏訪部圭太, 矢野健太郎. 遺伝子発現ネットワークの種間比較と高信頼度アノテーションの統合データベース PODC. 日本育種学会・第 126 回講演会, 南九州大学, 2014.9-26-27.

101. 川勝弥一, 上ノ山華織, 五十嵐香理, 中山北斗, 久保中央, 矢野健太郎, 木村成介. QTL 解析による京野菜のミズナとミブナに見られる葉形変異の遺伝学的解析. 日本植物形態学会第 26 回大会, 明治大学生田キャンパス, 2014.9.11.
102. 久保中央, 上ノ山華織, 川勝弥一, 五十嵐香理, 矢野健太郎, 木村成介. ダイコンの品種間に見られる葉形の変異に寄与する遺伝子の同定. 日本植物学会・第 78 回大会, 明治大学, 2014.9.12-14.
103. 川勝弥一, 上ノ山華織, 五十嵐香理, 中山北斗, 久保中央, 矢野健太郎, 木村成介. 京野菜であるミズナとミブナに見られる葉形変異の QTL 解析. 日本植物学会・第 78 回大会, 明治大学, 2014.9.12-14.
104. 尾崎崇一, 小林正明, 菅野真麻, 森本恭子, 高沢舞, 青木考, 大柳一, 矢野健太郎. トマトの統合オミックス・データベース TOMATOMICS の構築. 第 11 回 日本ナス科コンソシウム(JSOL)年会, 名古屋大学, 2014.10.25-26.
105. 工藤徹, 高野知之, 寺島伸, 小林正明, 森本恭子, 菅野真麻, 鐘ヶ江弘美, 尾崎崇一, 松村駿斗, 佐々木陽平, 齋藤美沙, 浅野さとみ, 横山幸治, 安益公一郎, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 青木考, 久保康隆, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎. 遺伝子発現ネットワークの種間比較を実現する植物オミックス統合データベース PODC を用いたデータ マイニング例. 第 11 回 日本ナス科コンソシウム(JSOL)年会, 名古屋大学, 2014.10.25-26.
106. 浅野さとみ, 高野知之, 寺島伸, 小林正明, 森本恭子, 菅野真麻, 鐘ヶ江弘美, 尾崎崇一, 工藤徹, 佐々木陽平, 齋藤美沙, 横山幸治, 安益公一郎, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 青木考, 久保康隆, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎. PODC 活用例; トマトの遺伝子発現情報に基づくゲノム遺伝子相関の解明に向けて. 第 11 回 日本ナス科コンソシウム(JSOL)年会, 名古屋大学, 2014.10.25-26.
107. 高野知之, 寺島伸, 小林正明, 森本恭子, 菅野真麻, 鐘ヶ江弘美, 工藤徹, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 齋藤美沙, 浅野さとみ, 横山幸治, 安益公一郎, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 青木考, 久保康隆, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎. 遺伝子発現ネットワークの種間比較と高信頼度アノテーションの統合データベース PODC の構築. 第 11 回 日本ナス科コンソシウム(JSOL)年会, 名古屋大学, 2014.10.25-26.
108. 多田雄一, 山本直樹, 石毛太一郎, 田中啓介, 矢嶋俊介, 矢野健太郎, 来須孝光. 塩ストレスを与えた塩生植物ソナレシバの RNA-seq によるトランスクリプトーム解析. 第 37 回日本分子生物学会年会, パシフィコ横浜, 2014.11.25-27.
109. 佐々木陽平, 大谷征史, 山本直樹, 高野知之, 寺島伸, 小林正明, 大柳一, 英司南, 矢野健太郎. シス配列予測ツール COMET の開発: 大規模な塩基配列情報と遺伝子発現情報に基づく高精度探索手法. 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015.3-20-22.
110. 小林正明, 浅野さとみ, 大柳一, 工藤徹, 尾崎崇一, 高梨秀樹, 永野惇, 田井中均, 徳永毅, 佐塚隆志, 岩田洋佳, 堤伸浩, 矢野健太郎. Heap: ゲノミックセレクションやゲノムワイド関連解析のための高感度 SNP 検出ツール. 日本育種学会・第

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- 127 回講演会, 玉川大学, 2015.3-20-22.
111. 尾崎崇一, 高沢舞, 菅野真麻, 森本恭子, 浅野さとみ, 齋藤美沙, 小林正明, 大柳一, 青木考, 矢野健太郎. トマトの統合オミックス・データベース TOMATOMICS. 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015.3-20-22.
112. 川勝弥一, 上ノ山華織, 五十嵐香理, 中山北斗, 八杉公基, 工藤洋, 永野惇, 矢野健太郎, 久保中央, 木村成介. 京野菜であるミズナとミブナに見られる葉形変異の QTL 解析. 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015.3-20-22.
113. 工藤徹, 高野知之, 寺島伸, 菅野真麻, 森本恭子, 鐘ヶ江弘美, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 齋藤美沙, 浅野さとみ, 横山幸治, 安益公一郎, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡信, 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎. 植物オミックス統合データベース Plant Omics Data Center の横断的遺伝子発現ネットワーク情報を用いたデータマイニング例. 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015.3-20-22.
114. 松田智貴, 松嶋舞, 辺本萌, 大坂正明, 坂園聡美, 増子(鈴木)潤実, 曾根美佳子, 高橋宏和, 中園幹生, 岩野恵, 高山誠司, 清水健太郎, 奥村克純, 矢野健太郎, 鈴木剛, 渡辺正夫, 諏訪部圭太. LM-RNA-seq による受粉時のシロイヌナズナ雌性生殖組織の機能解析. 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015.3-20-22.
115. 浅野さとみ, 高野知之, 寺島伸, 菅野真麻, 齋藤美沙, 森本恭子, 鐘ヶ江弘美, 工藤徹, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 横山幸治, 小林正明, 安益公一郎, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎. 植物オミックスデータベース PODC (Plant Omics Data Center) を用いた環境応答遺伝子の網羅的な解析例. 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015.3-20-22.
116. 鐘ヶ江弘美, 望月孝子, 神沼英里, 南川舞, 小林正明, 豊島裕美, 大柳一, 高梨秀樹, 永野惇, 徳永毅, 佐塚隆志, 矢野健太郎, 中村保一, 堤伸浩, 岩田洋佳. ソルガムリファレンスパネルの全ゲノム配列を利用した遺伝子型予測. 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015.3-20-22.
117. 高野知之, 寺島伸, 工藤徹, 菅野真麻, 森本恭子, 鐘ヶ江弘美, 佐々木陽平, 小林正明, 尾崎崇一, 齋藤美沙, 浅野さとみ, 横山幸治, 安益公一郎, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎. 遺伝子発現ネットワーク情報と高精度アノテーション情報を搭載した Web データベース PODC の開発. 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015.3-20-22.
118. 久保俊彰, 上ノ山華織, 川勝弥一, 五十嵐香理, 中山北斗, 矢野健太郎, 木村成介. Genetic analysis for natural variation in leaf shape of Daikon radish (*Raphanus sativus* var. *longipinnatus*). 日本植物生理学会・第 56 回年会, 東京農業大学, 2015.3.16-18.
119. 大柳一, 小林正明, 高野知之, 高梨秀樹, 鐘ヶ江弘美, 南川舞, 浅野さとみ, 尾崎崇一, 工藤徹, 永野惇, 田井中均, 徳永毅, 佐塚隆志, 岩田洋佳, 堤伸浩, 矢野健太郎. バイオエネルギー作物・ソルガムテラーメード育種に向けた高速ジェノタイプング技術研究開発の現状. 日本植物生理学会・第 56 回年会, 東京農業大学, 2015.3.16-18.
120. 小林正明, 大柳一, 豊島裕美, 高梨秀樹, 鐘ヶ江弘美, 浅野さとみ, 尾崎崇一, 工藤徹, 永野惇, 田井中均, 徳永毅, 佐塚隆志, 岩田洋佳, 堤伸浩, 矢野健太郎. Heap: A high-sensitive SNPs Detection Tool for NGS Data. 日本植物生理学会・

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

第 56 回年会, 東京農業大学, 2015.3.16-18.

121. 尾崎崇一, 高沢舞, 菅野真麻, 森本恭子, 浅野さとみ, 小林正明, 大柳一, 青木考, 矢野健太郎. TOMATOMICS: トマトのオミックス統合データベース. 日本植物生理学会・第 56 回年会, 東京農業大学, 2015.3.16-18.
122. 川勝弥一, 上ノ山華織, 五十嵐香理, 中山北斗, 八杉公基, 工藤洋, 永野惇, 矢野健太郎, 久保中央, 木村成介. 京野菜であるミズナとミブナの葉形変異の QTL 解析. 日本植物生理学会・第 56 回年会, 東京農業大学, 2015.3.16-18.
123. 工藤徹, 高野知之, 寺島伸, 小林正明, 菅野真麻, 森本恭子, 鐘ヶ江弘美, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 齋藤美沙, 浅野さとみ, 横山幸治, 安益公一朗, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎. Data mining in Plant Omics Data Center: A case of molecular chaperone and protein disulfide isomerase genes. 日本植物生理学会・第 56 回年会, 東京農業大学, 2015.3.16-18.
124. 松嶋舞, 松田智貴, 長坂香里, 星合ちひろ, 成田紗紀, 辺本萌, 坂園聡美, 増子(鈴木)潤美, 矢野健太郎, 清水健太郎, 高山誠司, 加賀谷安章, 小林裕子, 小林一成, 奥村克純, 鈴木剛, 渡辺正夫, 諏訪部圭太. Arabidopsis 属における自家不和合性因子の比較解析. 日本植物生理学会・第 56 回年会, 東京農業大学, 2015.3.16-18.
125. 浅野さとみ, 高野知之, 寺島伸, 小林正明, 菅野真麻, 森本恭子, 鐘ヶ江弘美, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 齋藤美沙, 工藤徹, 横山幸治, 安益公一朗, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎. Research applications of PODC (Plant Omics Data Center): For discovering new gene on the basis of information on expression networks and biological knowledge. 日本植物生理学会・第 56 回年会, 東京農業大学, 2015.3.16-18.
126. 高野知之, 寺島伸, 大柳一, 菅野真麻, 森本恭子, 鐘ヶ江弘美, 佐々木陽平, 小林正明, 横山幸治, 安益公一朗, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡信, 矢野健太郎. Plant Omics Data Center (PODC): The Integrated Web Repository for Interspecies Gene Expression Networks. 日本植物生理学会・第 56 回年会, 東京農業大学, 2015.3.16-18.
127. 寺島伸, 高野知之, 工藤徹, 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田典子, 浅野さとみ, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 横山幸治, 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎. 複数植物種の遺伝子発現ネットワーク情報と高信頼度アノテーション情報を搭載した Web データベース PODC. 第 33 回日本植物細胞分子生物学会, 東京大学, 2015.8.10-12.
128. 工藤徹, 高野知之, 寺島伸, 菅野真麻, 齋藤美沙, 浅野さとみ, 松田典子, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 横山幸治, 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎. 植物オミックス統合データベース PODC に搭載された遺伝子発現ネットワーク情報からのデータマイニング例. 第 33 回日本植物細胞分子生物学会, 東京大学, 2015.8.10-12.
129. 浅野さとみ, 高野知之, 寺島伸, 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田典子, 工藤徹, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 横山幸治, 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎. 植物オミックスデータベース PODC (Plant Omics Data Center) を用いた環境応答遺伝子の解析事例. 第 33 回日本植物細胞分子生物学会, 東京大学, 2015.8.10-12.
130. 佐々木陽平, 寺島伸, 大柳一, 山本直樹, 小林正明, 高野知之, 大谷征史, 南原英司, 矢野健太郎. COMET: 大規模塩基配列情報に基づく高精度なシス配列予測ツール. 第 12 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 明治大学, 2015.9.4-5.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

131. 寺島伸, 高野智之, 工藤徹, 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田(今井)典子, 浅野さとみ, 佐々木陽平, 小林正明, 横山幸治, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎. 複数植物種の遺伝子発現ネットワーク情報と高信頼度アノテーション情報を搭載した Web データベース PODC. 第 12 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 明治大学, 2015.9.4-5.
132. 小林正明, 大柳一, 倉田のり, 藤田雅丈, 豊田敦, 藤山秋佐夫, Dario C, Rod W, 矢野健太郎. NGS データを用いた野生植物種ゲノムの de novo アセンブル. 第 12 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 明治大学, 2015.9.4-5.
133. 松田(今井)典子, 菅野真麻, 齋藤美沙, 寺島伸, 矢野健太郎. PODC における高信頼度機能アノテーションの意義と展望. 第 12 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 明治大学, 2015.9.4-5.
134. 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田(今井)典子, 寺島伸, 矢野健太郎. 自然言語処理とマニュアル・キュレーションを併用した高信頼度機能アノテーションの作成. 第 12 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 明治大学, 2015.9.4-5.
135. 佐々木陽平, 寺島伸, 大柳一, 山本直樹, 小林正明, 高野知之, 大谷征史, 南原英司, 矢野健太郎. 高精度なシス配列予測ツール COMET の開発およびその活用法. 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学, 2015.9.11-12.
136. 寺島伸, 高野智之, 藤徹, 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田典子, 浅野さとみ, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 小林正明, 横山幸治, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎. 複数植物種の遺伝子発現ネットワーク情報と高信頼度機能アノテーション情報を搭載した Web データベース PODC. 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学, 2015.9.11-12.
137. 工藤徹, 寺島伸, 佐々木陽平, 高野知之, 松田(今井)典子, 菅野真麻, 齋藤美沙, 尾崎崇一, 浅野さとみ, 横山幸治, 矢野健太郎. シロイヌナズナおよびモデル農作物の大規模 RNA-seq データを用いたリファレンス遺伝子候補の網羅的選抜. 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学, 2015.9.11-12.
138. 中村幸乃, 工藤徹, 寺島伸, 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田典子, 浅野さとみ, 矢野健太郎. CATchUP: 大規模遺伝子発現データに基づく特異的発現遺伝子の網羅的探索とデータベース構築 v. 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016.3.18-20.
139. 寺島伸, 工藤徹, 高野知之, 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田典子, 浅野さとみ, 佐々木陽平, 横山幸治, 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎. 複数植物種の遺伝子発現ネットワークと知識情報を統合した Web データベース PODC. 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016.3.18-20.
140. 小林正明, 矢野健太郎. 高速シークエンサー・データから SSR マーカを作成するためのバイオインフォマティクス・ツール開発. 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016.3.18-20.
141. 工藤徹, 佐々木陽平, 寺島伸, 松田(今井)典子, 高野知之, 齋藤美沙, 菅野真麻, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡誠, 高山誠司, 矢野健太郎. シロイヌナズナおよび作物植物の RNA-seq データを用いた遺伝子発現解析用リファレンス遺伝子の探索. 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016.3.18-20.
142. 中村幸乃, 工藤徹, 寺島伸, 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田典子, 浅野さとみ, 矢野

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

健太郎. CATchUP: 時空間特異的に発現する遺伝子の網羅的探索とデータベースの構築. 日本育種学会 129 回講演会, 第 58 回シンポジウム, 横浜市立大学, 2016.3.21-22.

143. 寺島伸, 工藤徹, 高野知之, 菅野真麻, 齋藤美沙, 浅野さとみ, 佐々木陽平, 横山幸治, 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎. 複数植物種の遺伝子発現ネットワーク情報と高信頼度アノテーション情報を搭載した Web データベース PODC. 日本育種学会 129 回講演会, 第 58 回シンポジウム, 横浜市立大学, 2016.3.21-22.
144. 小林正明, 矢野健太郎. 高速シーケンサー・データから SSR マーカーを探索するバイオインフォマティクス・ツールの開発. 日本育種学会 129 回講演会, 第 58 回シンポジウム, 横浜市立大学, 2016.3.21-22.
145. 工藤徹, 寺島伸, 高木諭乃, 菅野真麻, 横山幸治, 矢野健太郎. イネのマイクロアレイ遺伝子発現データベース OryzaExpress. 日本育種学会 129 回講演会, 第 58 回シンポジウム, 横浜市立大学, 2016.3.21-22.
146. *吉田彩舟, 百合野秀明, 小林正明, 菅野尚子, 上春浩貴, 矢野健太郎, 橋本真一, 加藤たか子, 加藤幸雄. 単離した下垂体幹細胞ニッチを用いた分化誘導と制御因子の探索. 第 16 回日本再生医療学会総会, 仙台国際センター, 2017.3.7-9.

大鐘潤

147. 新井良和, 松本翔馬, 阿閉貴紀, 東大, 内田奈緒美, 坂本望, 牧野智宏, 長嶋比呂志, 大鐘潤. 脳下垂体のホルモン産生細胞や前駆細胞で発現する遺伝子に注目した次世代シーケンサーでの DNA メチル化解析による新たな試み. 第 29 回日本下垂体研究会, 八王子セミナーハウス, 2014.8.8-10.
148. 西原大翔, 西村直人, 上春浩貴, 八子英司, 大鐘潤, 加藤たか子, 加藤幸雄. 下垂体特異的転写因子 Prop1 遺伝子はエピジェネティックな制御を受けているか. 第 29 回日本下垂体研究会学術集会, 八王子セミナーハウス, 2014.8.8-10.
149. 新井良和, 松本翔馬, 阿閉貴紀, 東大, 内田奈緒美, 坂本望, 牧野智宏, 長嶋比呂志, 大鐘潤. 脳下垂体の一部の細胞で発現する遺伝子における次世代シーケンサーを用いた DNA メチル化可変領域検出のブタでの試み. 第 107 回日本繁殖生物学会, 帯広畜産大学, 2014.8.21-24.
150. 西原大翔, 西村直人, 上春浩貴, 大鐘潤, 加藤たか子, 加藤幸雄. 下垂体特異的転写因子 Prop1 遺伝子の DNA メチル化による発現制御. 第 119 回日本畜産学会, 宇都宮大学, 2015.3.27-30.
151. 新井良和, 阿閉貴紀, 福川斐昭, 齋藤経, 竹内健太, 松成ひとみ, 長嶋比呂志, 大鐘潤. 体細胞連続核移植で作出されたクローンブタでのエピジェネティック解析: Human BeadChip を用いたゲノムワイド DNA メチル化解析の試み. 第 108 回 日本繁殖生物学会, 宮崎大学, 2015.9.17-20.
152. 齋藤経, 新井良和, 阿閉貴紀, 竹内健太, 長嶋比呂志, 大鐘潤. 次世代シーケンサーによるブタ精巣でのウルトラディープ DNA メチル化解析. 第 108 回 日本繁殖生物学会, 宮崎大学, 2015.9.17-20.
153. 新井良和, 福川斐昭, 飛知和尚美, 松成ひとみ, 長嶋比呂志, 大鐘潤. 体細胞核移植で継代されたクローンブタでのゲノムワイド DNA メチル化解析. 第 10 回日本エピジェネティクス研究会, 大阪・千里ライフサイエンスセンター, 2016.5.19-20.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

154. 新井良和, 梅山一大, 竹内健太, 八島紗耶香, 中野和明, 長嶋比呂志, 大鐘潤. ハプロ不全優性遺伝病の発症機序解明に向けた新たなアプローチ: ブタフィブリリン1 (Fbn1)のエピジェネティック制御. 第109回日本繁殖生物学会大会, 相模原・麻布大学, 2016.9.11-15.
155. 梅山一大, 新井良和, 中野和明, 内倉鮎子, 渡邊将人, 松成ひとみ, 齋藤正寛, 木村徳宏, 渡邊航太, 堀内圭輔, 北城雅照, 有馬好美, サンペトラオルテア, 小崎健次郎, 佐谷秀行, 松本守雄, 長屋昌樹, 大鐘潤, 長嶋比呂志. 変異型 fibrillin-1 遺伝子を有するブタの上行大動脈の病理解析. 第57回日本脈管学会, 奈良・ホテル日航奈良, 2016.10.13-15.
- 紀藤圭治**
156. 古澤和俊, 武田大祐, 伊藤遼, 大西美帆子, 野原健弘, 紀藤圭治. 分析を用いた酵母種間の比較プロテオミクス. 日本プロテオーム学会 2014年大会, つくば国際会議場, 2014.7.17.
157. 岡田充弘, 佐藤慶, 武田大祐, 紀藤圭治. 出芽酵母を用いたタンパク質不均等分配の質量分析による網羅的解析. 日本プロテオーム学会 2014年大会, つくば国際会議場, 2014.7.17.
158. 古澤和俊, 野原健弘, 伊藤遼, 大西美帆子, 武田大祐, 紀藤圭治. 酵母種間で代謝酵素群と重複遺伝子の発現プロファイルはどのくらい似ているか. 酵母遺伝学フォーラム第47回研究報告会, 2014.9.1-3.
159. 古澤和俊, 武田大祐, 伊藤遼, 大西美帆子, 野原健弘, 佐賀柁孝, 矢島宙岳, 紀藤圭治. 母種間におけるタンパク質発現プロファイルの比較解析. 第37回日本分子生物学会年会, パシフィコ横浜, 2014.11.25-27.
160. 岡田充弘, 佐藤慶, 楠竣太, 武田大祐, 紀藤圭治. 出芽酵母を用いたタンパク質不均等分配の質量分析による網羅的解析. 第37回日本分子生物学会年会, パシフィコ横浜, 2014.11.25-27.
161. 古澤和俊, 伊藤遼, 野原健弘, 矢島宙岳, 石橋裕子, 大西美帆子, 武田大祐, 紀藤圭治. 異なる炭素源や熱ストレス存在下での *S. cerevisiae* と *C. glabrata* のプロテオームの比較解析. 日本プロテオーム学会 2015年大会, くまもと森都心プラザ, 2015.7.23-24.
162. 矢島宙岳, 尾松祐太, 完戸麻里香, 石橋裕子, 伊藤遼, 野原健弘, 紀藤圭治. PCS-MS 法による酵母種間における重複遺伝子発現量の比較解析. 日本プロテオーム学会 2015年大会, くまもと森都心プラザ, 2015.7.23-24.
163. 小泉春樹, 石橋裕子, 紀藤圭治, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人. CERK1 によるリン酸化を介した PUB4 の機能制御. 日本植物病理学会平成 27 年度植物感染生理談話会, 愛媛県 メルパルク松山, 2015.8.24-26.
164. 鈴木丸陽, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 須藤健吉, 吉田一誠, 中島正登, 大西美帆子, 石橋裕子, 紀藤圭治, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人. キチン受容体キナーゼ CERK1 の自己リン酸化による制御機構の解析. 日本植物病理学会平成 27 年度植物感染生理談話会, 愛媛県 メルパルク松山, 2015.8.24-26.
165. 古澤和俊, 石橋裕子, 武田大祐, 紀藤圭治. 様々な生育条件下での *S. cerevisiae* と *C. glabrata* の比較プロテオーム解析. 酵母遺伝学フォーラム第48回研究報告会, 広島大学, 2015.8.31-9-2.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

166. 岡田充弘, 楠俊太, 杉山知史, 石橋裕子, 紀藤圭治. 出芽酵母を用いたタンパク質不均等分配の網羅的解析. 酵母遺伝学フォーラム第 48 回研究報告会, 広島大学, 2015.8.31-9-2.
167. 古澤和俊, 石橋裕子, 寺川瑛, 鳥居幸也, 紀藤圭治. *S. cerevisiae* と *C. glabrata* における熱ストレス耐性に関わるプロテオーム発現プロファイルの比較解析. 第 38 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2015.12.1-4.
168. 岡田充弘, 楠俊太, 杉山知史, 石橋裕子, 紀藤圭治. 出芽酵母の細胞分裂におけるタンパク質不均等分配のプロテオミクス解析. 第 38 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2015.12.1-4.
169. 矢島宙岳, 完戸麻里香, 石橋裕子, 伊藤遼, 野原健弘, 紀藤圭治. 出芽酵母における遺伝子重複によるタンパク質発現量への影響. 第 38 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2015.12.1-4.
170. 須藤健吉, 鈴木丸, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 元山記子, 高橋昌平, 吉田一誠, 松井紗樹, 中島正登, 大西美帆子, 紀藤圭治, 崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人. シロイヌナズナ受容体キナーゼ CERK1 のリン酸化部位の同定と機能解析. 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016.3.18-20.
171. 高橋昌平, 小泉春樹, 三浦駿希, 八島航平, 石橋裕子, 紀藤圭治, 坂真理, 鳴坂義弘, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人. シロイヌナズナのユビキチンリガーゼ PUB4 は CERK1 との相互作用を介して免疫応答を制御する. 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016.3.18-20.
172. 鈴木丸陽, 須藤健吉, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 元山記子, 高橋昌平, 吉田一誠, 松井紗樹, 中島正登, 大西美帆子, 紀藤圭治, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人. シロイヌナズナキチン受容体キナーゼ CERK1 の自己リン酸化部位の機能解析. 平成 28 年度日本植物病理学会大会, 岡山コンベンションセンター, 2016.3.21-23.
173. 古澤和俊, 石橋裕子, 鳥居幸也, 紀藤圭治. 酵母種間でのプロテオーム比較解析による熱耐性に関わるタンパク質の探索. 日本プロテオーム学会 2016 年大会, 北里大学白金キャンパス, 2016.7.28-29.
174. 寺川瑛, 石橋裕子, 紀藤圭治. 出芽酵母におけるプロテオーム資源分配最適化の細胞増殖能への影響. 日本プロテオーム学会 2016 年大会, 北里大学白金キャンパス, 2016.7.28-29.
175. 岡田充弘, 楠俊太, 杉山知史, 石橋裕子, 紀藤圭治. 出芽酵母におけるタンパク質不均等分配のプロテオーム解析. 日本プロテオーム学会 2016 年大会, 北里大学白金キャンパス, 2016.7.28-29.
176. 紀藤圭治. 酵母種間の比較プロテオミクス. 日本プロテオーム学会 2016 年大会, 北里大学白金キャンパス, 2016.7.28-29.
177. 吉田一誠, 鈴木丸陽, 須藤健吉, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 元山記子, 高橋昌平, 大西美帆子, 石橋裕子, 出崎能丈, 賀来華江, 紀藤圭治, 渋谷直人. キチン受容体キナーゼ CERK1 の自己リン酸化による制御機構の解析. 日本植物病理学会平成 28 年度植物感染生理談話会, 神戸市須磨浦海岸 シーパル須磨, 2016.8.10-12.
178. 松井紗樹, 中島正登, 三浦駿希, 田中優太, 大西美帆子, 紀藤圭治, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人. シロイヌナズナ CERK1 のユビキチン化部位の同定と機能解析. 日本植物病理学会平成 28 年度植物感染生理談話会, 神戸市須磨浦海岸 シー

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

パル須磨, 2016.8.10-12.

179. 古澤和俊, 石橋裕子, 鳥居幸也, 紀藤圭治. 酵母種間での比較プロテオーム解析による熱耐性に関わるタンパク質の探索. 酵母遺伝学フォーラム第 49 回研究報告会, 神戸・シーサイドホテル舞子ビラ, 2016.9.9-11.
180. 寺川瑛, 石橋裕子, 紀藤圭治. 出芽酵母における代謝および翻訳へのプロテオーム資源分配と細胞増殖との関係. 酵母遺伝学フォーラム第 49 回研究報告会, 神戸・シーサイドホテル舞子ビラ, 2016.9.9-11.
181. 岡田充弘, 楠竣太, 杉山知史, 石橋裕子, 紀藤圭治. 質量分析を用いた細胞分裂時におけるタンパク質不均等分配の網羅的解析. 酵母遺伝学フォーラム第 49 回研究報告会, 神戸・シーサイドホテル舞子ビラ, 2016.9.9-11.
182. 杉山知史, 岡田充弘, 楠竣太, 陳思キ, 紀藤圭治. 出芽酵母における老化タンパク質の分裂寿命への影響. 第 39 回日本分子生物学会年会, 横浜パシフィコ横浜, 2016.11.30-12-2.
183. 古澤和俊, 石橋裕子, 鳥居幸也, 紀藤圭治. 熱耐性に関わる新規タンパク質を特定するための酵母種間での比較プロテオミクス. 第 39 回日本分子生物学会年会, 横浜パシフィコ横浜, 2016.11.30-12-2.
184. 寺川瑛, 畔上楓, 石橋裕子, 紀藤圭治. 出芽酵母におけるプロテオーム資源分配の最適化と細胞増殖能との関係. 第 39 回日本分子生物学会年会, 横浜パシフィコ横浜, 2016.11.30-12-2.
185. 岡田充弘, 楠竣太, 杉山知史, 石橋裕子, 紀藤圭治. 出芽酵母の細胞分裂におけるタンパク質不均等分配のプロテオミクス解析. 第 39 回日本分子生物学会年会, 横浜パシフィコ横浜, 2016.11.30-12-2.
186. *塚田岳大, 吉田彩舟, 紀藤圭治, 藤原研, 八子英司, 堀口幸太郎, 屋代隆, 加藤たか子, 加藤幸雄. 下垂体由来株化細胞 TtT/GF の分化能の検討と TGFb の関与. 第 41 回日本比較内分泌学会大会, 相模原・北里大学, 2016.12.9-11.
187. *塚田岳大, 吉田彩舟, 紀藤圭治, 藤原研, 八子英司, 堀口幸太郎, 屋代隆, 加藤たか子, 加藤幸雄. TGFb は下垂体由来株化細胞 TtT/GF をペリサイトに誘導する. 第 16 回日本再生医療学会総会, 仙台国際センター, 2017.3.7-9.
188. 小泉春樹, 三浦駿希, 小針政輝, 鈴木丸陽, 澤進一郎, 石橋裕子, 紀藤圭治, 出崎能丈, 渋谷直人, 賀来華江. ユビキチンリガーゼ PUB4 は CERK1 によるリン酸化を介してシグナル伝達を制御する. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島大学群元キャンパス, 2017.3.16-18.
189. 紀藤圭治, 岡田充弘. 質量分析と安定同位体を用いたタンパク質の量的および質的解析方法. 2016 年 9 月、日本遺伝学会第 88 回大会 (招待講演)

<研究成果の公開状況>(上記以外)

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

シンポジウム・学会等の実施状況、インターネットでの公開状況等

ホームページで公開している場合には、URL を記載してください。

1. 私立大学戦略的研究基盤形成支援事業「大規模オミックスの活用による生殖内分泌組織の新たな機能制御法の確立」「環境応答機能の解明に基づく高度環境適応植物デザイン研究基盤の確立」合同シンポジウム (<http://bioinf.mind.meiji.ac.jp/sympo2016/>): (添付資料4)

タイトル:「動物生殖内分泌組織の機能制御と高度環境適応植物のデザインのための研究戦略」

日時:2016年11月5日(土)13時00分~17時45分

会場:明治大学生田キャンパス 中央校舎メディアホール

講演者:13人

参加人数:121人

プログラム

「染色体高次構造と転写制御」白髭 克彦(東大・分子細胞生物研)

「活性を指標とした新たな植物ホルモン輸送体の探索」瀬尾 光範(理研・環境資源科学研究センター)

「新規有用遺伝子探索と遺伝資源高度利用化に向けたシステムズ・バイオロジーの確立」矢野 健太郎(明治大学農学部)

「プロテオミクス研究を支える様々な解析手法」紀藤 圭治(明治大学農学部)

「キチン受容体を介した植物免疫シグナル制御」出崎 能文(明治大学農学部)

「根寄生雑草からみた環境適応戦略とその応用の可能性」藤 茂雄(名古屋大・院理)

「ゲノムを切らずに書き換える新規ゲノム編集技術の確立と展開」

荒添 貴之(神戸大学大学院科学技術イノベーション研究科)

「脳下垂体細胞種特異的遺伝子についてのDNA メチル化解析の新たな試み」新井 良和(宮崎大学農学部)

「性腺刺激ホルモン産生細胞株からのホルモン分泌を迅速に検出するアッセイ系の開発」持丸 雄太(明治大学農学部)

「下垂体から単離した幹細胞ニッチの解析と分化誘導の試み」

吉田 彩舟(明治大学農学部)

2. 研究会年会の開催

平成26年 第8回日本エピジェネティクス研究会 2014年5月東京(年会長塩田 邦郎、組織委員大鐘 潤ほか3名)

3. セミナーの実施

平成26年度(2014年度)

第1回セミナー: 内分泌系におけるマイクロRNA 2014年10月20日

中村和昭 国立成育医療研究センター研究所・室長

第2回 核内ゲノム高次機能の発生制御 2015年2月3日

富川順子 国立成育医療研究センター研究所・研究員

平成27年度(2015年度)

第1回セミナー:2015.6.22「細胞内でタンパク質の発現限界を決める要素はなにか？」

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

守屋央朗 先生(岡山大学・異分野融合先端研究コア)

第2回セミナー:2015.11. 27「生殖細胞:イツ・ア・スモールワールド!？」

松居靖久先生(東北大学加齢医学研究所教授)

4. ワークショップの開催

平成27年度(2015年度)

第1回ワークショップ「下垂体組織のタイムラプス観察法」2015年10月26

堀口 幸太郎 先生、杏林大学保健学部臨床検査技術学科解剖学・講師

第2回ワークショップ「下垂体細胞の培養法」2015年10月30

塚田 岳大 先生、自治医科大学医学部解剖学講座組織学部門・助教

第3回ワークショップ「ラットを用いた組織摘除および移植法」2016年3月11-12

藤原 研 先生、自治医科大学医学部解剖学・准教授

平成28年度(2016年度)

第1回ワークショップ「下垂体株化細胞の分化誘導法」2015年10月26

塚田 岳大 先生、東邦大学・理学部・生物分子科学科・講師

新聞による報道

「ヘルペス感染で精子形成異常に」日経産業新聞 2016年1月29日(金)8面

加藤幸雄の研究が、日経産業新聞で紹介された(添付資料 5)。

<これから実施する予定のもの>

1. セミナー

発現遺伝子の網羅的解析法について(金沢大学・百合野秀明、2017年度中)

2. ワークショップ

細胞分化誘導に関するの実技講習(2-3回、2017年度中)

14 その他の研究成果等

「13 研究発表の状況」で記述した論文、学会発表等以外の研究成果及び企業との連携実績があれば具体的に記入してください。また、上記11(4)に記載した研究成果に対応するものには*を付してください。

シンポジウムなどの企画・主催

加藤幸雄

第89回日本内分泌学会学術総会シンポジウム「内分泌器官の組織幹細胞と腫瘍幹細胞」京都・京都国際会館 2016.4.21-23

International Symposium on Pituitary Gland and Related Systems (ISPGRS 2016),

Session III Development of the pituitary gland. Honolulu, Hawaii, 2016.9.1-5.

矢野健太郎

日本育種学会130回講演会 第58回シンポジウム、「データベース講習会」鳥取大学, 2016年9月24日

第34回日本植物細胞分子生物学会(上田)大会 市民公開シンポジウム、「バイオインフォマティクス講習会IV(2016)」信州大学, 2016年9月1日

紀藤圭治

日本プロテオーム学会 2016年大会. シンポジウム「Interspecific Diversity」2016年7月

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

15 「選定時」に付された留意事項とそれへの対応

<「選定時」に付された留意事項>

なし

<「選定時」に付された留意事項への対応>

なし

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

16 施設・装置・設備・研究費の支出状況(実績概要)

(千円)

年度・区分	支出額	内 訳						備 考
		法 人 負 担	私 学 助 成	共同研 究機関 負担	受託 研究等	寄付金	その他()	
平成 26 年度	施設	0						受託研究等: (独)科学技術振興機構 科研費:5件 15,600千 円
	装置	0						
	設備	29,998	11,491	18,507				
	研究費	36,479	14,321	7,963	14,195			
平成 27 年度	施設	0						受託研究等: (国研)科学技術振興機 構 科研費:5件 15,000千 円
	装置	0						
	設備	0						
	研究費	39,224	16,069	6,689	16,466			
平成 28 年度	施設	0						受託研究等: (国研)科学技術振興機 構,(国研)新エネル ギー・産業技術総合開 発機構 科研費:3件 9,000千円
	装置	0						
	設備	7,999	3,000	4,999				
	研究費	45,234	14,350	9,079	21,805			
総 額	施設	0	0	0	0	0	0	
	装置	0	0	0	0	0	0	
	設備	37,997	14,491	23,506	0	0	0	
	研究費	120,937	44,740	23,731	0	52,466	0	
総 計	158,934	59,231	47,237	0	52,466	0	0	

17 施設・装置・設備の整備状況 (私学助成を受けたものはすべて記載してください。)

《施設》(私学助成を受けていないものも含め、使用している施設をすべて記載してください。)

(千円)

施設 の 名 称	整備年度	研究施設面積	研究室等数	使用者数	事業経費	補助金額	補助主体
明治大学農学部2号館	平成12年	602㎡	6	15			
明治大学農学部5号館	平成10年	246㎡	2	25			
明治大学ハイテクリサーチセンター	平成10年	2230㎡	7	40			
明治大学農学部6号館	平成26年	271㎡	4	25			

※ 私学助成による補助事業として行った新增築により、整備前と比較して増加した面積

0 m²

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

《装置・設備》(私学助成を受けていないものは、主なもののみを記載してください。)

(千円)

装置・設備の名称	整備年度	型番	台数	稼働時間数	事業経費	補助金額	補助主体
(研究装置)				h			
				h			
				h			
				h			
				h			
(研究設備)							
レーザーマイクロディセクションシステム	平成26年	LMD7000-3	1	612	h	19,999	12,338 私学助成
シークエンスライブラリー作製システム	平成26年	MCE-202	1	459	h	99,999	6,169 私学助成
解析用サーバー一式	平成28年	4U RAID Server	1	9180	h	14,521	9,681 私学助成
リアルタイム培養細胞観察システム	平成22年	CCM-1,4XYZ	1	1530	h		
顕微鏡マニピュレーション3D構造構築システム	平成22年	DMI6000	1	612	h	16,406	7,862 私学助成
リアルタイムPCR装置	平成20年	7500-03	1	9180	h	6,999	4,666 私学助成
(情報処理関係設備)				h			
				h			
				h			
				h			
				h			

18 研究費の支出状況

(千円)

年度	平成 26 年度		
小科目	支出額	積算内訳	
		主な用途	金額
教育研究経費支出			
消耗品費	12,300	試薬, 実験器具, 研究用品	12,300
光熱水費	0		0
通信運搬費	0		0
印刷製本費	97		97
旅費交通費	1,049	交通費・宿泊費・日当	1,049
報酬・委託料	199	支払手数料	199
()			
計	13,645		13,645
アルバイト関係支出			
人件費支出 (兼務職員)	912	アルバイト	912
教育研究経費支出	0		0
計	912		912
設備関係支出(1個又は1組の価格が500万円未満のもの)			
教育研究用機器備品	2,261	機器備品	2,261
図書	0		0
計	2,261		2,261
研究スタッフ関係支出			
リサーチ・アシスタント	320	リサーチ・アシスタント	320
ポスト・ドクター	0		0
研究支援推進経費	5,146	研究推進員	5,146
計	5,466		5,466

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

(千円)

年 度	平成 27 年度		
小 科 目	支 出 額	積 算 内 訳	
		主 な 使 途	金 額
教 育 研 究 経 費 支 出			
消 耗 品 費	13,052	試薬, 実験器具, 研究用品	13,052
光 熱 水 費	0		0
通 信 運 搬 費	0		0
印 刷 製 本 費	0		0
旅 費 交 通 費	1,389	交通費・宿泊費・日当	1,389
報 酬 ・ 委 託 料 ()	661	支払手数料	661
計	15,102		15,102
ア ル バ イ ト 関 係 支 出			
人 件 費 支 出 (兼 務 職 員)	189	アルバイト	189
教育研究経費支出	0		0
計	189		189
設 備 関 係 支 出(1個又は1組の価格が500万円未満のもの)			
教育研究用機器備品	0		0
図 書	0		0
計	0		0
研 究 ス タ ッ フ 関 係 支 出			
リサーチ・アシスタント	0		0
ポスト・ドクター	2,760	ポスト・ドクター	2,760
研究支援推進経費	4,707	研究支援者・研究推進員	4,707
計	7,467		7,467

年 度	平成 28 年度		
小 科 目	支 出 額	積 算 内 訳	
		主 な 使 途	金 額
教 育 研 究 経 費 支 出			
消 耗 品 費	11,920	試薬, 実験器具, 研究用品	11,920
光 熱 水 費	0		0
通 信 運 搬 費	84	運搬費	84
印 刷 製 本 費	125	印刷製本費	125
旅 費 交 通 費	649	交通費・宿泊費・日当	649
報 酬 ・ 委 託 料 (修 繕 費)	1,435	支払手数料, 業務委託費	1,435
	23	修繕費	23
計	14,236		14,236
ア ル バ イ ト 関 係 支 出			
人 件 費 支 出 (兼 務 職 員)	2,053	アルバイト	2,053
教育研究経費支出	0		0
計	2,053		2,053
設 備 関 係 支 出(1個又は1組の価格が500万円未満のもの)			
教育研究用機器備品	2,892	教育研究用機器	2,892
図 書			
計	2,892		2,892
研 究 ス タ ッ フ 関 係 支 出			
リサーチ・アシスタント	0		0
ポスト・ドクター	3,450	ポスト・ドクター	3,450
研究支援推進経費	798	研究支援者・研究推進員	798
計	4,248		4,248

平成26年度私立大学戦略的研究基盤形成支援事業採択課題
大規模オミックス情報の活用による生殖内分泌組織の
新たな機能制御法の確立

生殖研究の重要性

生殖研究には明治大学農学部キーワードが
すべて含まれている



生物資源の確保＝**食料**

希少生物の繁殖 ＝多様性の維持
地球**環境**の保全
人工授精 ＝**生命**の存続
遺伝子改変動物の繁殖

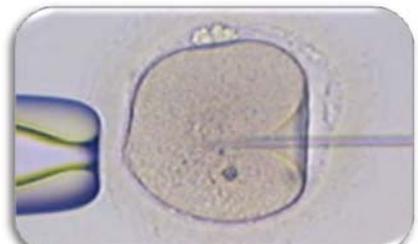
生殖は産業動物、ヒト、環境の大切な問題



乳牛の受胎率が
過去20年で20%低下



魚類の完全養殖



年2万超の人工受精(日本)



絶滅危惧種の増加
多様な生物が生存する環境の維持

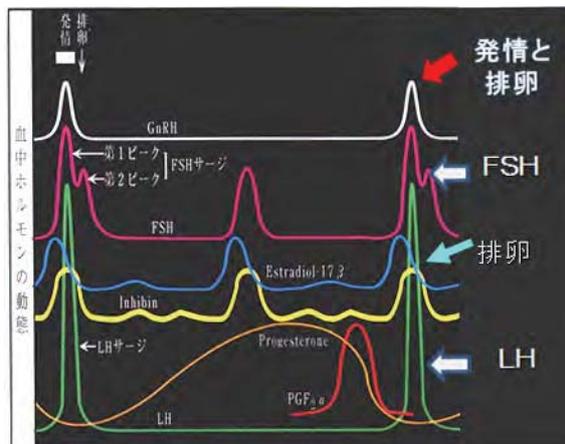
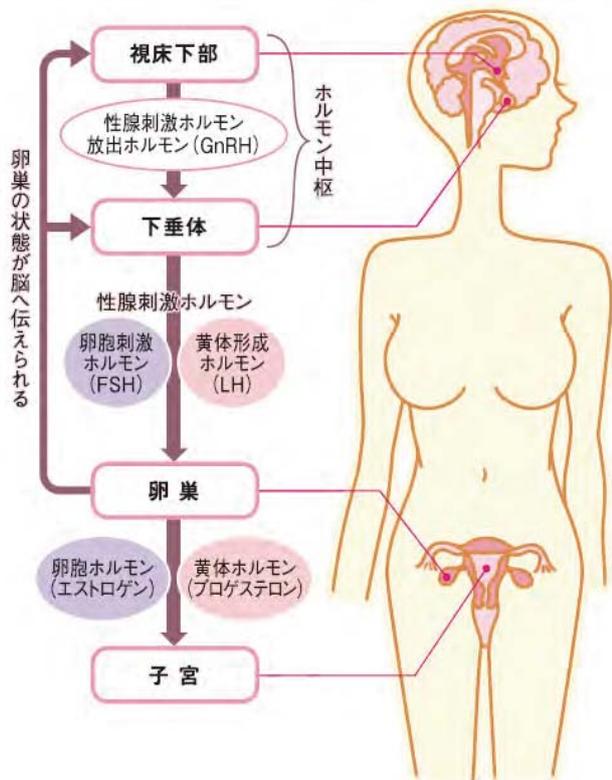


繁殖困難な遺伝子改変
動物の増加



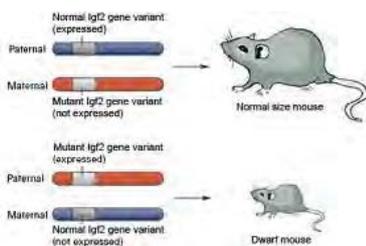
生殖組織の機能と制御機構の解明が必要

生殖はホルモンで調節されている



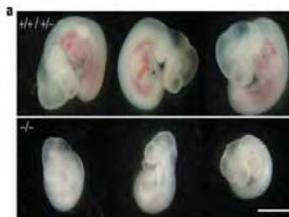
視床下部、下垂体、性腺を中軸とした生殖内分泌組織により、生殖は調節されている

多様な要因で生殖機能は修飾されている



正常

LPA3
受容体欠損



下垂体：転写因子の異常 (PROP1)

胎盤：エピジェネティクスの異常 (IGF-2)

胎盤：受容体の異常 (LPA3)

- 1.生殖内分泌組織形成因子
- 2.遺伝子発現調節
- 3.生理活性物質・受容体

を網羅的に解析し、

未知の生殖調節システムの解明とその制御法の確立を目指す

一度に何万もの遺伝子・タンパク質を解析する
大規模情報の解析・オミックスが有効

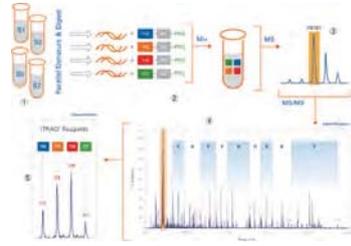
バイオインフォマティクスによるオミックス(omics)情報の深化 注目因子の機能に関連する分子の同定

下垂体・性腺 で発現する遺伝子・タンパク質

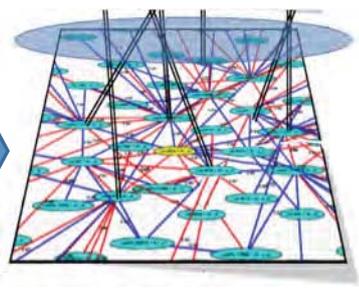
Genomics情報

Gene Symbol	Gene Name	Chromosome	Start (kb)	End (kb)	Strand	Transcript Orientation	GC Content (%)	GC Skew (%)	GC Skew (bp)	GC Skew (bp)	GC Skew (bp)
SOX10	SOX10	10	11,200,000	11,200,000	+	+	41.2	0.0	0	0	0
SOX10	SOX10	10	11,200,000	11,200,000	+	+	41.2	0.0	0	0	0
SOX10	SOX10	10	11,200,000	11,200,000	+	+	41.2	0.0	0	0	0

Proteomics情報



バイオインフォマティクス



クラスタリング解析
パスウェイ解析

候補因子の同定

明治大学にはオミックスの最新機器と 人材が揃っている

数万もの遺伝子の発現解析

数万ものクロマチン構造解析

数百万ものSNP(一塩基多型)解析

数万ものタンパク質の解析

数万もの代謝物質の解析

生命情報の網羅的な解析



次世代型シーケンサー



マイクロアレイ解析装置



質量分析系

明治大学に整備されている
大規模情報の解析装置

成果を公表し、活用して貢献する

学術論文・学会発表・ホームページ・講演会・
データベース・セミナーによる公開

動物資源の安定供給

⇒食料確保の貢献

ヒトの生殖改善・遺伝子改変動物
の繁殖

⇒医療への貢献

絶滅危惧種の保存

⇒地球環境への貢献



社会的課題への貢献



平成26年度私立大学戦略的研究基盤形成支援事業採択課題 大規模オミックス情報の活用による生殖内分泌組織の 新たな機能制御法の確立

研究組織

研究代表者



戸村秀明
(細胞情報制御)

生殖内分泌組織の形成と機能維持に関わる
膜受容体・シグナル分子を解析する

研究分担者



加藤幸雄
(遺伝情報制御)

生殖内分泌組織の発生・分化と機能調節に
関わる制御因子解析する



大鐘 潤
(エピジェネティクス)

生殖内分泌組織の形成と機能における
エピジェネティック制御を解析する



紀藤圭治
(プロテオミクス)

生殖内分泌組織形成と機能維持に係わる
プロテオミクス解析を行う



矢野健太郎
(バイオインフォマティクス)

バイオインフォマティクスによる生殖内分
泌組織の知的統合的データベースの構築

多数の論文を報告している研究拠点形成にふさわしい実績のあるメンバーで構成



ISSN 0916-8818

Vol.62, No.3
June 2016

The Journal of
**Reproduction
and
Development**

The Journal of **Reproduction and Development**

Vol.62, No.3 June 2016

Rat E11.5 E13.5 E16.5 E21.5

LHX2
LHX3

PITX1
SOX2
LHX3
Pituitary Stem

PITX1
SOX2
LHX3
PROP1
Pituitary Progenitor

TBX19

ACTH

SF1

LH/FSH
LHX2
LHX3

PIT1
Pit1 Commitment

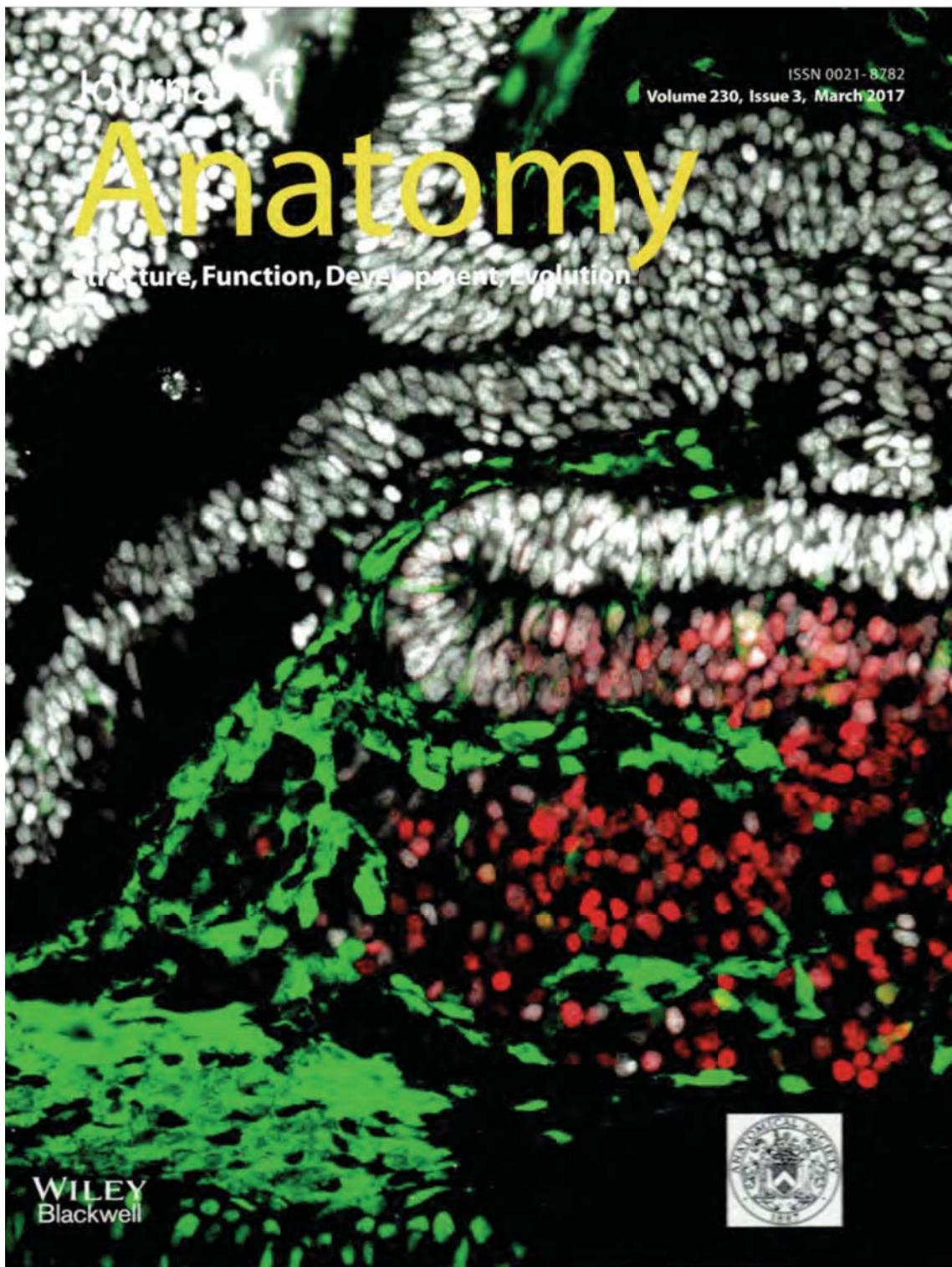
GATA2
ER
ZNF15

TSH
LHX3

PRL
LHX3

GH

添付資料 2-3



添付資料 3-1

【生命科学専攻】博士前期課程 2 年の西原大翔さんが Int...

https://www.meiji.ac.jp/agri/daigakuin/info/6t5h7p00...

[サイトマップ](#) [アクセス](#) [お問い合わせ](#) [寄付](#) [English](#) [Chinese](#) [Korean](#)



明治大学
MEIJI UNIVERSITY

ホーム > 教育/学部・大学院 > 農学研究科 > 農学研究科 ニュース一覧 2016年度 > 【生命科学専攻】博士前期課程 2 年の西原大翔さんが International Symposium on Pituitary Gland and Related Systems で最優秀発表賞を受賞しました

明治大学大学院

概要

農学研究科

研究科概要

学位取得

カリキュラム

在学生案内

教員スタッフ

入学試験

研究支援・助成制度

海外留学・国際連携

学費・奨学金制度

施設・設備

キャリア支援

日本語論文作成サポート

ニュース一覧

イベント一覧

関連情報

ENGLISH

事務室からのお知らせ

証明書発行

大学院生助成制度について

大学院各種所定様式

CITI Japanプロジェクト

資料請求等はこちら

大学院ガイドブック

入学試験要項・過去問題

学内情報サービス

Oh-o!Meiji System 

Meiji Mail 



Meiji University:
To the world

【生命科学専攻】博士前期課程 2 年の西原大翔さんが International Symposium on Pituitary Gland and Related Systems で最優秀発表賞を受賞しました

 [シェア](#)

 ツイート

2016年09月09日
明治大学 農学部事務室

9月1日から8日に、アメリカ・ハワイのハワイ大学で、International Symposium on Pituitary Gland and Related Systems (ISPGRS) (<http://http://www.ispgrs2016.com/>) が、開催されました。

その中で、Best Presentation Award の選考が行われ、本学農学研究科生命科学専攻博士前期課程 2 年の西原大翔さん（指導教員は農学研究科・加藤幸雄教授）が最優秀発表賞を受賞しました。

発表タイトルは「Regulation of pituitary specific transcription factor Prop1 by retinoic acid signalling」で、下垂体特異的転写因子PROP1遺伝子の発現制御について、特に発生や分化に関与するレチノイン酸による制御を初めて調べた報告で、参加した米国やベルギーの外国人研究者からも高い評価が得られました。

本研究は、「私立大学戦略的研究基盤形成支援事業・大規模オミックスの活用による生殖内分泌組織の新たな機能制御法の確立」（2014-2018年度）、および、バイオリソース研究国際インスティテュートの研究によるものです。



左から事務局長の沓岡光盛教授（北里大学）、受賞者の西原大翔さん、もう一人の受賞者の柏木寛史さん、大会長の和泉俊一郎教授（東海大学）

[<「農学研究科 ニュース一覧 2016年度」へ戻る](#)

添付資料 3-2

【生命科学専攻】大学院博士後期課程3年の吉田彩舟...

https://www.meiji.ac.jp/agri/daigakuin/info/6t5h7p00...

Meiji University
Meiji University
Meiji University

ホーム > 教育/学部・大学院 > 農学研究科 > 農学研究科 ニュース一覧 2014年度 > 【生命科学専攻】大学院博士後期課程3年の吉田彩舟さん（加藤研究室）が第41回日本神経内分泌学会において若手研究奨励賞を受賞

サイトマップ アクセス お問い合わせ 寄付 English Chinese Korean

カスタム検索

明治大学大学院

概要

農学研究科

研究科概要
学位取得
カリキュラム
在学生案内
教員スタッフ
入学試験
研究支援・助成制度
海外留学・国際連携
学費・奨学金制度
施設・設備
キャリア支援
日本語論文作成サポート

ニュース一覧
イベント一覧

関連情報
ENGLISH

事務室からのお知らせ
証明書発行
大学院生助成制度について
大学院各種所定様式
CITI Japanプロジェクト

資料請求等はこちら
大学院ガイドブック
入学試験要項・過去問題

学内情報サービス
Oh-o!Meiji System
Meiji Mail

Meiji University:
To the world

ページトップに戻る

【生命科学専攻】大学院博士後期課程3年の吉田彩舟さん（加藤研究室）が第41回日本神経内分泌学会において若手研究奨励賞を受賞

2014年11月05日
明治大学 農学部事務局

10月31日-11月2日に、都道府県会館（東京都千代田区平河町）で開催された第41回日本神経内分泌学会(<http://www.nacos.com/jns/j/taikai.html>)で、農学研究科博士後期課程3年の吉田彩舟さん（指導教員・農学研究科・加藤幸雄教授）が若手研究奨励賞を受賞しました。
発表タイトル：「下垂体幹・前駆細胞ニッチに存在するephrin/Eph の同定」

本研究は、明治大学大型研究「下垂体の発生・分化・再生と生殖機能調節機構の解析」（2010-2012年度）、バイオリソース研究国際インスティテュートの研究、「私立大学戦略的研究基盤形成支援事業・大規模オミックスの活用による生殖内分泌組織の新たな機能制御法の確立」（2014-2019年度）によるものです。

添付写真の説明：右は受賞者の吉田彩舟さん、左は大会長の岩崎泰正教授（高知大学医学部）。
<「農学研究科 ニュース一覧 2014年度」へ戻る



添付資料 3-4

【農学研究科】第30回日本下垂体研究会学術集会にて...

<https://www.meiji.ac.jp/agri/daigakuin/info/2015/6t5...>

サイトマップ アクセス お問い合わせ 寄付 English Chinese Korean

Meiji University
Meiji University

カスタム検索

ホーム > 教育/学部・大学院 > 農学研究科 > 農学研究科 ニュース一覧 2015年度 > 【農学研究科】第30回日本下垂体研究会学術集会にて農学研究科の西村直人さんが最優秀発表賞を受賞しました。

明治大学大学院

概要

農学研究科

研究科概要

学位取得

カリキュラム

在学生案内

教員スタッフ

入学試験

研究支援・助成制度

海外留学・国際連携

学費・奨学金制度

施設・設備

キャリア支援

日本語論文作成サポート

ニュース一覧

イベント一覧

関連情報

ENGLISH

事務室からのお知らせ

証明書発行

大学院生助成制度について

大学院各種所定様式

CITI Japanプロジェクト

資料請求等はこちら

大学院ガイドブック

入学試験要項・過去問題

学内情報サービス

Oh-o!Meiji System

Meiji Mail



【農学研究科】第30回日本下垂体研究会学術集会にて農学研究科の西村直人さんが最優秀発表賞を受賞しました。

シェア 13

ツイート

2015年08月19日

明治大学 農学部事務室

8月5日～7日に、宇奈月温泉で開催された第30回日本下垂体研究会学術集会 (<http://www3.u-toyama.ac.jp/spr2015/>) で、農学研究科博士前期課程2年の西村直人さん（指導教員は農学研究科・加藤幸雄教授）が最優秀発表賞を受賞しました。発表タイトルは「成体下垂体前葉の幹・前駆細胞ニッチの単離とその解析」で、下垂体を構成する細胞供給に関わる幹・前駆細胞の細胞集団の単離と培養条件の検討を行ったものです。

本研究は、「私立大学戦略的研究基盤形成支援事業・大規模オミックスの活用による生殖内分泌組織の新たな機能制御法の確立（2014-2018年度）」、および、「バイオリソース研究国際インスティテュートの研究」によるものです。

また、農学研究科博士後期課程1年の持丸雄太さんと博士前期課程2年の佐藤一裕さん（共に指導教員は農学研究科・戸村秀明教授）が優秀発表賞を受賞しました。発表タイトルは、それぞれ、「ガウシアルシグナルのLβT2細胞におけるホルモン分泌アッセイ系の構築への利用」と、「プロトン刺激によるマウス下垂体細胞株LβT2の応答解析」です。前者は、ホルモン分泌の簡便な方法の開発を目指した研究で、後者は培養細胞を用いたホルモン分泌の調節機構を調べた研究です。本研究は、「私立大学戦略的研究基盤形成支援事業・大規模オミックスの活用による生殖内分泌組織の新たな機能制御法の確立（2014-2018年度）」によるものです。



受賞者の西原直人さん



右から、大会長の松田恒平教授（高山大学）、佐藤一裕さん、持丸雄太さん、事務局長の湯岡光盛教授（北里大学）

<「農学研究科 ニュース一覧 2015年度」へ戻る

ページトップに戻る

添付資料 3-3

【生命科学専攻】大学院博士前期課程2年の上春浩貴...

https://www.meiji.ac.jp/agri/daigakuin/info/6t5h7p00...

サイトマップ アクセス お問い合わせ 寄付 English Chinese Korean

Meiji University 明治大学

カスタム検索

ホーム > 教育/学部・大学院 > 農学研究科 > 農学研究科 ニュース一覧 2014年度 > 【生命科学専攻】大学院博士前期課程2年の上春浩貴さん（加藤研究室）が第29回日本下垂体研究会学術集会において優秀発表賞を受賞

明治大学大学院

概要

農学研究科

研究科概要

学位取得

カリキュラム

在学生案内

教員スタッフ

入学試験

研究支援・助成制度

海外留学・国際連携

学費・奨学金制度

施設・設備

キャリア支援

日本語論文作成サポート

ニュース一覧

イベント一覧

関連情報

ENGLISH

事務室からのお知らせ

証明書発行

大学院生助成制度について

大学院各種所定様式

CITI Japanプロジェクト

資料請求等はこちら

大学院ガイドブック

入学試験要項・過去問題

学内情報サービス

Oh-o!Meiji System

Meiji Mail



【生命科学専攻】大学院博士前期課程2年の上春浩貴さん（加藤研究室）が第29回日本下垂体研究会学術集会において優秀発表賞を受賞

シェア 2

ツイート

8月8日-10日に、八王子市八王子セミナーハウスで開催された第29回日本下垂体研究会学術集会（<http://www.jichi.ac.jp/jspr/>）で、農学研究科生命科学専攻博士前期課程2年生の上春浩貴さん（指導教員：農学研究科 加藤幸雄教授）が優秀発表賞を受賞しました。

発表タイトル：「神経提細胞由来細胞は下垂体に侵入しS100β陽性となる」

本研究は、明治大学大型研究「下垂体の発生・分化・再生と生殖機能調節機構の解析」（2010-2012年度）、バイオリソース研究国際インスティテュートの研究、「私立大学戦略的研究基盤形成支援事業・大規模オミックスの活用による生殖内分泌組織の新たな機能制御法の確立」（2014-2019年度）によるものです。

添付写真の説明：左は受賞者の上春浩貴さん、右は大会長の渡辺元教授（東京農工大学）。
< [「農学研究科 ニュース一覧 2014年度」](#)へ戻る



2014年09月03日
明治大学 農学部事務室

ページトップに戻る

私立大学戦略的研究基盤形成支援事業

「大規模オミックスの活用による生殖内分泌組織の新たな機能制御法の確立」

「環境応答機能の解明に基づく高度環境適応植物デザイン研究基盤の確立」

合同シンポジウム

「動物生殖内分泌組織の機能制御と高度環境適応植物
のデザインのための研究戦略」

2016年11月5日（土）13時00分～17時45分

会場：明治大学生田キャンパス 中央校舎メディアホール

プログラム・要旨集

プログラム

- 13:00 挨拶 戸村 秀明、川上 直人
(明治大学農学部)
- 第一部 座長：矢野 健太郎、紀藤 圭治
- 13:10 「染色体高次構造と転写制御」 白髭 克彦 (東京大学分子細胞生物学研究所)
- 13:45 「活性を指標とした新たな植物ホルモン輸送体の探索」 瀬尾 光範 (理化学研究所環境資源科学研究センター)
- 休憩 (10分)
- 第二部 座長：川上 直人、吉田 彩舟
- 14:30 「新規有用遺伝子探索と遺伝資源高度利用化に向けたシステムズ・バイオロジーの確立」 矢野 健太郎 (明治大学農学部)
- 14:55 「プロテオミクス研究を支える様々な解析手法」 紀藤 圭治 (明治大学農学部)
- 休憩 (30分)
- 第三部 座長：戸村 秀明、小林 正明
- 15:50 「キチン受容体を介した植物免疫シグナル制御」 出崎 能文 (明治大学農学部)
- 16:05 「根寄生雑草からみた環境適応戦略とその応用の可能性」 藤 茂雄 (名古屋大学大学院理学研究科)
- 16:25 「ゲノムを切らずに書き換える新規ゲノム編集技術の確立と展開」 荒添 貴之 (神戸大学大学院科学技術イノベーション研究科)
- 16:45 「脳下垂体細胞種特異的遺伝子についてのDNAメチル化解析の新たな試み」 新井 良和 (宮崎大学農学部)
- 17:05 「性腺刺激ホルモン産生細胞株からのホルモン分泌を迅速に検出するアッセイ系の開発」 持丸 雄太 (明治大学農学部)
- 17:20 「下垂体から単離した幹細胞ニッチの解析と分化誘導の試み」 吉田 彩舟 (明治大学農学部)
- 17:35 挨拶 加藤 幸雄 (明治大学農学部)

染色体高次構造と転写制御

白髭 克彦

(東京大学・分子細胞生物学研究所・ゲノム情報解析)

コヒーシンは姉妹染色分体間接着の機能以外にも、組換え、修復、転写といった多岐にわたる生命現象において重要な役割を担っている。特にヒトでは我々を含む複数のグループがインシュレータとして転写に寄与することを 2008 年に発見して以降、コヒーシンは転写制御と染色体高次構造を連動する重要な因子として大きく取り上げられるようになった。ヒトでは骨髄異形性症候群で高頻度にコヒーシン関連因子に機能喪失型変異が見出されている。また、コヒーシン及びコヒーシン関連遺伝子の機能喪失型変異はヒト遺伝病 CdLS (コルネリア・デ・ランゲ症候群) の原因であることも報告されており、その患者は、成長障害、精神遅延、心臓・消化器障害など様々な分化異常に起因すると考えられる症状を呈する。実際に、CdLS の約 6 割で変異が検出されるコヒーシンローダー Nipbl 遺伝子や、コヒーシン、コヒーシン脱アセチル化酵素に変異をもつ患者由来の細胞では、コヒーシンの染色体結合部位の減少と、コヒーシン結合領域近傍に位置する遺伝子の発現量に変化が生じることを我々は報告してきた。昨年、我々はフィラデルフィアこども病院のクラutz、泉両博士とともに CdLS に類似のヒト希少疾患 CHOPS 症候群の原因遺伝子として Aff4 を同定した。講演では、これら疾患の遺伝学的、ゲノム学的解析を通して得られた知見と、試験管内再構成系を用いて得られた知見をもとに、コヒーシンによる転写制御の分子メカニズムとその破綻による疾患の分子病態について概説したい。

活性を指標とした新たな植物ホルモン輸送体の探索

瀬尾 光範

(理化学研究所・環境資源科学研究センター)

植物ホルモンは非常に低濃度(外生処理の場合 μM オーダー以下)で作用し、成長、発生、分化、生殖、ストレス応答など、生活環のあらゆる場面で多岐にわたる生理作用を示す低分子化合物である。現在までに 9 種の化合物(群)[オーキシシン、サイトカイニン、ジベレリン (GA)、アブシシン酸 (ABA)、エチレン、ブラシノステロイド、ジャスモン酸、サリチル酸、ストリゴラクトン]が植物ホルモンとして認識され、それぞれに関する生理作用機構の解明が精力的に進められている。植物ホルモンの生合成及び分解による「内生量の制御」や、受容体によりホルモンが認識されて生理応答が引き起こされるまでの「情報伝達」に関わる因子の多くは正遺伝学的手法、すなわち突然変異体の発見を起点に明らかにされてきた。しかしながら「内生量の制御」と「情報伝達」の間をつなぐ重要な要因である、植物ホルモンの「輸送」に関しては正遺伝学的手法が十分に有効でなく、オーキシシンの例を除いてその大部分が不明のままであった。

我々は、ABA 受容体 PYR/PYL/RCAR と PP2C タンパク質ホスファターゼの ABA 依存的な相互作用を利用した機能的スクリーニングにより、硝酸及びペプチド輸送体として知られていた NPF ファミリーに属するタンパク質の一つ NPF4.6 が、ABA 輸送体として機能することを明らかにした。これに加え、GA 及びジャスモン酸 (JA-Ile) 受容体複合体(それぞれ GID1 と DELLA、COI1 と JAZ) を利用した Y2H 系を用いて、シロイヌナズナに存在する 53 の NPF ファミリーの中に、ABA、GA、JA-Ile 輸送活性を持つタンパク質を複数同定した。これらのことから、NPF は硝酸やペプチドのみならず、植物ホルモンを含む多様な化合物を基質とすると考えられる。更に、酵母における GA 受容体 GID1 と DELLA の GA 依存的な相互作用を促進する因子をシロイヌナズナ cDNA ライブラリーから大規模にスクリーニングした結果、近年新たな糖輸送体として報告された SWEET ファミリーのうちの少なくとも SWEET13 及び SWEET14 が GA 輸送体として機能することを明らかにした。本シンポジウムでは、これらの植物ホルモン輸送体の生理的な役割を議論したい。

新規有用遺伝子探索と遺伝資源高度利用化に向けたシステムズ・バイオロジーの確立

矢野 健太郎

(明治大学・農学部)

高速シーケンサーに代表されるように、ウェット実験の低コスト・大規模化が進展し、利用可能な植物オミックス情報が Web 上に蓄積している。これらのオミックス情報を積極的に活用することにより、新たな生物学的知見を効率的に導出できる。このアプローチには、ゲノムやトランスクリプトームといった各オミックス要素の解析（たとえば、新規遺伝子の発見や遺伝子発現制御の同定）だけでなく、表現型決定に至るオミックス間相互作用（環境要素も含む）の解析、すなわち、システムズ・バイオロジーへの展開が含まれる。グリーン・イノベーションに資する新規有用遺伝資源を探索し、高度利用化を達成するためには、集積する大規模オミックス情報を的確・迅速にハンドリングするバイオインフォマティクス基盤の早期整備が喫緊の課題である。

当プロジェクトでは、オミックス統計解析手法と GUI ソフトウェアの開発、また、オミックス解析から得られた情報を提供するための Web データベースの構築を進めている。たとえば、遺伝子発現情報解析は、階層的クラスタリング (HCL) が広く用いられている。ここで、HCL は多くの計算機メモリーと計算時間を要求するため、大規模な遺伝子発現情報を処理できない。また、デンドログラムとヒートマップを用いた結果の視覚化では、大規模データを俯瞰できないため、解釈が困難である。そこで、当プロジェクトでは、多変量解析の 1 つである対応分析を応用し、発現が類似する遺伝子群を高精度・迅速・ハイスループット・低コストに同定するための統計手法とソフトウェア CA_Plot_Viewer を開発している (図 1 左)。本手法の適用により、発現プロファイルの類似性に基づく遺伝子ネットワーク (GEN : Gene Expression Network) も迅速に構築できる。当プロジェクトでは、シロイヌナズナ、イネ、トマト、ダイズなどの主要モデル植物・農作物種の GEN を構築し、異なる植物種の GEN をオーソログ情報により結合することによって、横断的な比較解析を実現した。さらに、自然言語処理 (NLP; Natural Language Processing) とマニュアル・キュレーションを併用した文献情報テキスト・マイニングより、遺伝機能に関する知識情報を付加している。これらのオミックス情報・知識情報を統合することにより、遺伝子探索の加速化・高精度化・ハイスループット化を実現できる。本講演では、PODC (Plant Omics Data Center) (図 1 右) や TOMATOMICS, PlantExpress, CATchUP など開発・運営しているデータベース、また、シス因子や SNP を探索するための解析基盤についても紹介する。

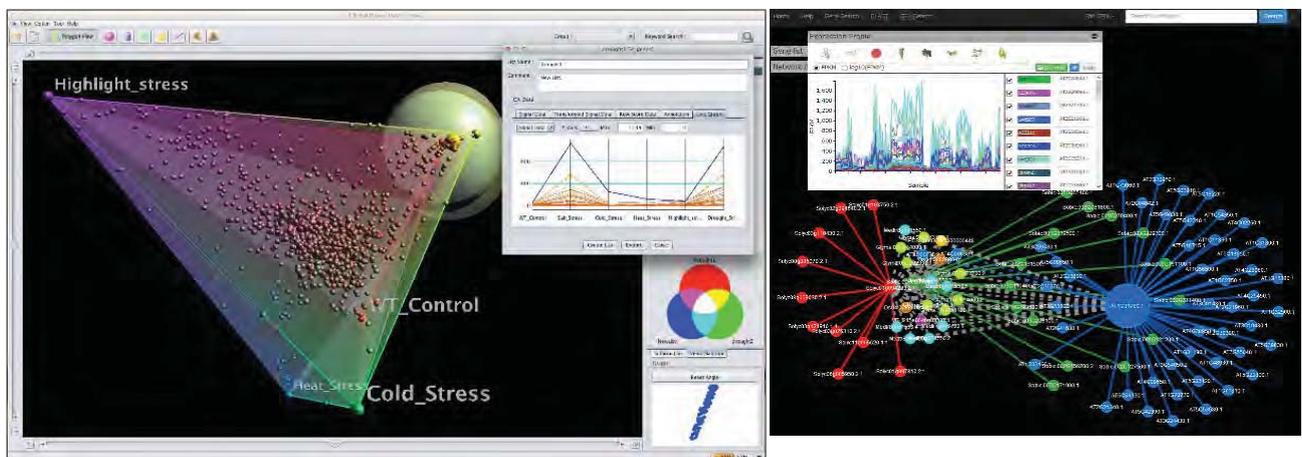


図 1. GUI ソフトウェア CA_Plot_Viewer 構築とデータベース PODC 開発

プロテオミクス研究を支える様々な解析手法

紀藤 圭治

(明治大学・農学部)

細胞内では、各々のタンパク質の発現制御、フォールディングや複合体形成、翻訳後修飾や細胞内局在、不要タンパク質の分解など、様々な制御機構が協調的に作用することで細胞内プロテオームの秩序が保たれている。こうした複雑で多様なプロテオームを包括的かつ統合的に理解するためには、様々な視点からのプロテオミクス解析が必要となる。なかでも質量分析によるタンパク質の解析技術は、解析可能対象が多様であることと単一細胞集団からの大規模解析が可能なることから、プロテオミクス研究では欠かせない分析手法である。本シンポジウムでは多種多様なプロテオーム解析の視点のなかから、各タンパク質コピー数の高精度計測、機能グループごとのタンパク質発現量の比較、タンパク質の老化について、出芽酵母を用いた質量分析による解析データを紹介したい。

細胞内のタンパク質コピー数の高精度計測には多くの課題があるが、それらを克服可能な定量解析手法を開発してきた。代謝経路の定量的解釈やタンパク質発現制御機構の理解など、高精度計測がゆえに得られる知見について紹介する。また異なる生物種での比較解析として、出芽酵母近縁種間でのプロテオーム発現プロファイルの違いを解析してきた。とくに機能グループごとのタンパク質が占める発現量の割合を比べることで、ある種の酵母ではプロテオーム資源分配が最適化されていることが示唆された。出芽酵母は細胞寿命のモデルとしても広く活用されているが、個々のタンパク質の老化がどのように寿命に関与するのかについては報告例が乏しい。そこで老化タンパク質の系統的な解析手法を考案し、細胞老化への関与があらたに示唆されるタンパク質を同定することに成功してきた。プロテオミクス解析はスクリーニング的な解析手法として用いることに加え、我々の事例も含めて多種多様な視点と方法論の開発にもとづいたあらたな知識抽出が今後ますます重要になってくると考える。

キチン受容体を介した植物免疫シグナル制御

○出崎 能丈、渋谷 直人、賀来 華江

(明治大学・農学部)

植物は微生物固有の分子パターン(MAMPs: Microbe associated molecular patterns)を認識することで防御応答を誘導する。MAMP 認識に基づく防御機構は植物の基礎的抵抗性に関与すると考えられ、近年では植物免疫機構の基盤的な仕組みとして注目されている。我々はこれまでに、真菌由来の MAMP であるキチンに着目し、イネとシロイヌナズナでキチン受容体を構成する 2 種類の分子(CEBiP, Os/AtCERK1)を世界に先駆けて同定した^{1,2,3)}。これらの分子は細胞外領域に共通して、キチン/ペプチドグリカンの結合に関わる LysM(lysine motif)を持っており、さらに Os/AtCERK1 の細胞内のキナーゼ領域はシグナル伝達の起動に寄与すると考えられる。

近年、我々は GPI アンカー型受容体である CEBiP とキチンオリゴ糖間での詳細な相互作用解析から、CEBiP 分子内の 3 つの LysM のうち、中央に位置する LysM がキチンとの結合に重要であることを示した⁴⁾。さらに、2 分子の CEBiP が 1 分子のキチンオリゴ糖を両側から挟み込むように結合し、この CEBiP の 2 量体化がシグナル伝達の起動に繋がることを示した⁴⁾。一方、シロイヌナズナ AtCERK1 の細胞内キナーゼドメインの活性化がシグナル伝達の起動に必須であることを示し、また防御応答に重要な複数のリン酸化部位を同定した⁵⁾。さらに、活性化した AtCERK1 の直下で機能する相互作用因子として、受容体様細胞質キナーゼである PBL27 と E3 ユビキチンリガーゼである PUB4 を同定した。特に PBL27 に関しては活性型の CERK1 のキナーゼによって選択的にリン酸化を受けることでシグナル伝達を正に制御することを明らかにした⁶⁾。

本シンポジウムでは、これまでの研究の概要と現在研究を進めている PUB4 を中心としたユビキチン化を介したキチンシグナル伝達制御について紹介する。

¹⁾ Kaku et al, *PNAS*, 2006, ²⁾ Miya et al, *PNAS*, 2007,

³⁾ Shimizu et al, *Plant J*, 2011, ⁴⁾ Hayafune et al, *PNAS*, 2014,

⁵⁾ Suzuki et al, *PCP*, 2016, ⁶⁾ Shinya et al, *Plant J*, 2014

「根寄生雑草からみた環境適応戦略とその応用の可能性」

藤 茂雄

(名古屋大学・理学部・生命理学科)

ストリゴラクトンは内生の植物ホルモンであり、分化、菌類との相互作用、そして、根寄生植物における宿主植物の認識において重要なはたらきを担う。最近の発表者らの研究から、ストライガとよばれる根寄生植物のもつストリゴラクトン受容体をコードすると考えられる 11 個の遺伝子について、モデル植物であるシロイヌナズナに導入することによりその生理活性を調べた。その結果、非寄生植物の 1 万倍以上に相当する非常に高感受性のひとつを含む、4 つの重要なストリゴラクトン受容体の同定に成功した。さらに、それらのうちのひとつの結晶構造を解析した結果、ストライガのもつトリゴラクトン受容体はストリゴラクトンの結合するポケットの大きさが大きくかたちも異なっており、それによりさまざまなストリゴラクトンに応答できるよう進化した可能性が考えられた。さらに、この超高感受性のストリゴラクトン受容体をもつシロイヌナズナの種子をバイオセンサーとする、ストリゴラクトンの簡易的なバイオアッセイ系の開発にも成功した。この研究の成果は、ストライガのもつストリゴラクトン受容体についての理解を促進し、将来的には、ストライガの発芽を制御する化合物の開発や耐性をもつ品種の育種への応用が考えられ、アフリカにおける食糧問題の解決への貢献が期待される。

また、最近の研究から SL は少なくとも、非寄生植物においても種子の休眠性や発芽においても重要な役割を担っていることが明らかにされている。さらに、葉の形態形成（受容体を欠損すると葉が肥大化）、気孔の閉鎖、根の伸長阻害にも関わっていることが示唆されている。寄生植物が獲得した超高感度 SL レセプターを作物に応用することによって、様々な植物の環境応答を制御することが出来るかもしれない。それらの可能性についても議論したい。

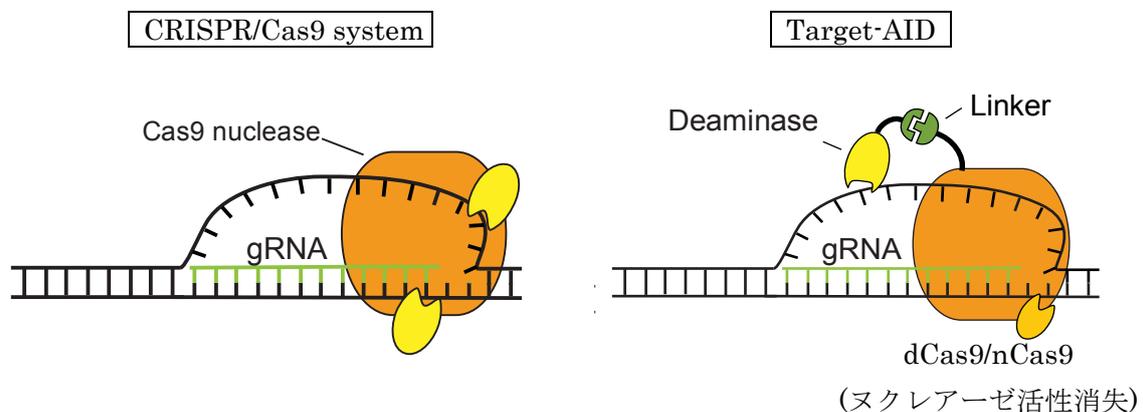
ゲノムを切らずに書き換える新規ゲノム編集技術の確立と展開

荒添 貴之

(神戸大学大学院・科学技術イノベーション研究科)

近年、任意のゲノム配列を特異的に認識・切断できるように改良した人工ヌクレアーゼの開発に伴い、切断後の DNA 修復機構を利用して標的配列を高効率に改変するゲノム編集技術が確立されつつある。特に細菌の獲得免疫機構を応用した CRISPR/Cas9 システムは、簡便かつ高効率に DNA を切断することができる RNA 誘導型的人工ヌクレアーゼとして、様々な生物種における基礎・応用研究でその有用性が示されている。一方で、狙い通りにゲノムを改変するためには標的配列と相同性が高い DNA 配列をノックインする必要があるが、植物や動物といった高等真核生物におけるノックイン効率は十分なものとは言い難い。また、ゲノムサイズが小さく不安定な微生物では、ゲノムを切断することによる細胞毒性が問題となっており、標的配列以外を切断してしまうオフターゲット活性も懸念される。

活性化誘導シチジンデアミナーゼ (Activation-induced cytidine deaminase : AID) は転写が活発におこなわれている一本鎖 DNA 上のシトシン残基をウラシル残基へと変換する脱アミノ化酵素であり、抗体遺伝子座の体細胞超変異を引き起こす。我々は、CRISPR/Cas9 の gRNA と標的 DNA のハイブリットにより形成される一本鎖 DNA 構造と、AID が作用する転写時の一本鎖 DNA 構造 (R-loop) が類似している点に着目し、原核生物 (CRISPR) と脊椎動物 (AID) の免疫システムを組み合わせた新たなゲノム編集技術「Target-AID」の確立をおこなった (Nishida et al., 2016; 図)。本技術は、標的配列上 3~5 塩基の範囲内に位置するシトシン残基またはグアニン残基を、相同配列を用いずに直接改変 (C to T または G to A) することが可能である。我々はこれまでに大腸菌、酵母、糸状菌、植物ならびに動物細胞における本技術の最適化に成功しており、本シンポジウムでは動物細胞と植物を中心にその応用例を紹介する。



脳下垂体特異的遺伝子についての DNA メチル化解析の新たな試み

新井 良和

(宮崎大学・農学部)

DNA メチル化は細胞種特異的な遺伝子発現制御に関与し、細胞分裂後も継承される遺伝子発現の記憶装置である。組織は複数の細胞種からなり、一般に組織中で遺伝子が転写可能な細胞では、その遺伝子の転写制御領域は低メチル化状況にある。しかし、組織全体の DNA メチル化解析では、組織内での割合が高い細胞種のメチル化状況が解析結果に反映されやすいため、組織中のごく一部の細胞種から発現する遺伝子では、組織全体のメチル化状況と遺伝子発現が関連しないことがある。シーケンスによる DNA メチル化解析では、配列を決定したフラグメントごとの結果が 1 つのアリル（細胞）に由来すると考えられるため、低メチル化のフラグメントは遺伝子が活性化状態にある細胞と考えることができる。本研究では数種のホルモン産生細胞、前駆細胞や幹細胞など多様な細胞種から構成されるブタの下垂体について、次世代シーケンサーを用いたウルトラディープシーケンスによる下垂体特異的遺伝子の DNA メチル可変領域の検出を試みた。次世代シーケンサーによる DNA メチル化解析の結果、従来のサンガー法による数十フラグメント程度のシーケンス解析では検出が困難であった、組織間でメチル化状況の差が小さい遺伝子領域についても、細胞種に特異的と考えられるメチル化状況を示す領域を同定できた。さらに、従来のメチル化解析結果の解釈である、解析領域に含まれる全 CpG についての DNA メチル化率からは高メチル化状況を示した遺伝子についても、次世代シーケンサーで読まれたフラグメントごとのメチル化状況に注目することで、遺伝子が活性化状態にあると考えられるアリル（細胞）を示すことができた。以上より、下垂体に含まれるホルモン産生細胞、およびごくわずかに存在する幹細胞から発現する遺伝子について、DNA メチル化によって制御されると考えられる領域を検出できた。

Arai *et al. Genesis*. 51(11): 763–776, 2013.

Arai *et al. PLoS One*, 11(1): e0146498, 2016.

「性腺刺激ホルモン産生細胞株」からのホルモン分泌を迅速に検出する アッセイ系の開発

持丸 雄太

(明治大学・農学部)

【背景】動物生殖内分泌組織の機能制御をより深く理解することは、家畜や希少動物の繁殖効率の改善へとつながる可能性がある。生殖は、視床下部-下垂体-生殖腺軸（HPG 軸）によって主に調節されている。下垂体前葉には、生殖内分泌調節に重要な役割を担っている性腺刺激ホルモン産生細胞（ゴナドトロフ）が存在する。ゴナドトロフは視床下部ニューロンから分泌される生殖腺刺激ホルモン放出ホルモン(GnRH)に応答して、性腺刺激ホルモンの合成・分泌を行う。近年 GnRH 以外にも種々の因子がゴナドトロフに作用して、性腺刺激ホルモンの合成・分泌を修飾する可能性が示唆されている。本研究ではオミックス情報を利用して、ゴナドトロフに発現する受容体（GPCR）を網羅的に取得し機能解析を行うことで、ゴナドトロフの新たな機能調節系を明らかにすることを目標にしている。網羅的な解析を行うためには、培養細胞株を用いた簡便かつ鋭敏なリアルタイムの検出系の利用が有効である。性腺刺激ホルモン遺伝子発現の検出系としては、レポーター遺伝子を用いたアッセイ系がこれまでに利用されてきている。一方、性腺刺激ホルモン分泌の測定系には、ELISA や RIA 法を用いたアッセイ系が一般に利用されている。しかしながら ELISA や RIA 法は上記レポーター遺伝子による解析に比べて、簡便かつリアルタイムな検出という点で難がある。

【目的】ゴナドトロフ細胞株を用いて、性腺刺激ホルモンの分泌を簡便かつ鋭敏にリアルタイムに検出する系の開発を試みる。

【方法】マウスゴナドトロフ細胞株（LβT2）にガウシアルシフェラーゼ遺伝子を導入・発現させ、培養液中のルシフェラーゼ活性を測定した。また GnRH による LH 分泌の測定を行った。さらに細胞内での LH とガウシアルシフェラーゼの局在を観察した。

【結果】（1）ガウシアルシフェラーゼ遺伝子を LβT2 細胞に導入・発現させると、時間経過とともにルシフェラーゼ活性の増加が観察された。（2）この細胞を GnRH または KCl で刺激すると、培養液中のルシフェラーゼ活性は増大した。（3）GnRH 刺激によるルシフェラーゼ活性の増大は GnRH 受容体に対するアンタゴニストであるアンチドにより抑制されたが、KCl 刺激によるルシフェラーゼ活性の増大はアンチドにより影響を受けなかった。（4）ガウシアルシフェラーゼは LβT2 細胞内で LH と部分的に共局在を示した。

【考察】ホルモン産生細胞株を用いた「ホルモン分泌を修飾する因子」のハイスループットスクリーニングによる探索に、ガウシアルシフェラーゼが利用できる可能性がある。

下垂体から単離した幹細胞ニッチの解析と分化誘導の試み

吉田 彩舟

(明治大学・農学部)

下垂体前葉は、5種類のホルモン産生細胞が存在し、成長や代謝、生殖、ストレス応答などを制御するホルモンを分泌することで、個体の恒常性維持に寄与する内分泌器官である。それらホルモン産生細胞は、成体下垂体に存在する SOX2 陽性の組織幹細胞により、常に供給され維持されている。また、これら幹細胞は、周囲とは異なる特殊な微小環境(ニッチ)を構成し、その幹細胞性が維持されていると考えられている。我々は、下垂体においては、MCL ニッチと実質層ニッチという 2 種類のニッチが形成されていることを見出している。しかし、これらニッチにおいて、幹細胞を制御するニッチ制御因子に関しては、未解明な点が非常に多い。そこで、本研究では、下垂体の幹細胞ニッチを単離し、網羅的な遺伝子発現解析を行うことで、ニッチ制御因子の探索を進めている。

幹細胞ニッチの単離には、複数の組織において、幹細胞ニッチが周囲の細胞とは異なる ECM により維持されている点に着目し、タンパク質分解酵素に対する反応性の違いを利用した。コラゲナーゼとトリプシンを用いた組織分散の結果、下垂体前葉組織から、酵素処理でも分散されない細胞塊として、実質層ニッチを三次元構造を維持した状態で単離できることを見出した。また、この細胞塊は、*S100β* の発現を指標に三種類のサブタイプに分類できること、さらに、サブタイプ間で異なる性質を有することが確認された。

現在は、単離した実質層ニッチを材料に、次世代シーケンスによる網羅的な遺伝子発現解析を実施している。これらデータから、実質層ニッチで特徴的に発現する遺伝子を同定し、下垂体の組織幹細胞を維持する因子、ならびホルモン産生細胞への分化を誘導する因子の同定を進めている。