

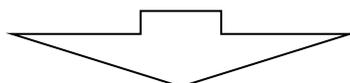
法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

<研究者の変更状況(研究代表者を含む)>

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
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)



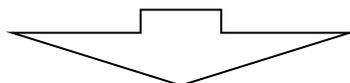
新

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
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)



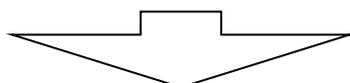
新

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
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	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)



法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

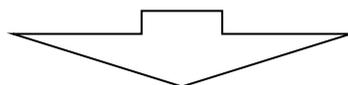
新

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

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
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	農学部・教授	加藤 幸雄	プロジェクトマネージャー

(変更の時期:平成 30 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 教授	研究・知財戦略機構 各員 研究員	加藤 幸雄	プロジェクトマネージャー

11 研究の概要(※ 項目全体を10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。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す、農学に課せられている現代的課題に貢献するという意義がある。【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、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。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。

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

(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。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、15、25、26、28、35、90、93)、学会発表(4、43、45、47、49-52、63、75、108、110、123、124、126、129、137、138、140、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、東京医科歯科大学、群馬大学、青森大学、慈恵医科大学など)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 5 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: 5 年間延べ人数、PD59 名、技術員 15 名、大学院後期 20 名、前期 52 名、その他に学部生延べ 227 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(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)、顕微鏡マニピュレーション 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(ヒューレットパッカー社、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(ヒューレットパッカー社、DL360e)(40 時間/週、10 人)、シーケンズラ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/日本ジエネティクス)(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) 研究成果の概要 ※下記、13及び14に対応する成果には下線及び*を付すこと。

<優れた成果が上がった点>

生殖は、下垂体前葉に存在する性腺刺激ホルモン産生細胞(ゴナドトロフ)から分泌される性腺刺激ホルモン(ゴナドトロピン)によって、主に調節されている。ゴナドトロピンの欠乏は性腺機能低下症をもたらし、不妊の原因となる。ゴナドトロフからのゴナドトロピンの分泌は、主に視床下部から放出される性腺刺激ホルモン放出ホルモン(GnRH)によって制御されている。排

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

卵誘発剤は視床下部からの GnRH の分泌を促進させ、ゴナドトロフからのゴナドトロピンの分泌を介して、排卵を促進する。ゴナドトロフからのゴナドトロピンの分泌は、GnRH により主に制御されているが、GnRH 以外の刺激もゴナドトロピンの分泌を修飾している。このように生殖機能は単に GnRH のみならず、ゴナドトロフに発現する他の受容体がうける刺激によっても制御されている。本研究ではまず、公開データベース、文献情報などのオミックス情報を利用して「下垂体ゴナドトロフに発現する受容体の情報」のうち、特にこれまで戸村が主に解析してきた G タンパク質共役型受容体(GPCR)に焦点を絞り、その情報を抽出した。その結果、ゴナドトロフに発現する GPCR の一つとして Ovarian cancer G protein-coupled receptor 1(OGR1) を新たに見出した。OGR1 は pH の低下、金属イオンなど多彩な生体情報を感知して活性化するプロトン感知性 GPCR の一種である * (文献 1,2,3,5,6,7,8,9,10; 学会発表 1,2,4,5,6,7,8,9,78,81,82,83,85,86,87,88,90,95,97,100)。またこの GPCR は現在使用されている抗不安薬の標的の一つともなっている * (学会発表 80)。そこで「OGR1 がゴナドトロフからのゴナドトロピンの分泌を修飾する可能性」を検証するために、ゴナドトロピン産生細胞を用いたホルモン分泌の迅速かつ簡便な検出を可能とするアッセイ系を構築した * (文献 4; 学会発表 3,79,89,91,92,93,94,96,98,99; シンポジウム 1)。このアッセイ系は Gaussia ルシフェラーゼ (Gluc) を用いており、分泌量を発光量として簡便に測定することが可能である。このアッセイ系は従来のホルモンの検出および定量に汎用されているラジオイムノアッセイ (RIA) および酵素結合免疫アッセイ (ELISA) とは異なり、測定したいホルモンに対する特異的な抗体を必要とせず、かつ細胞からの分泌をリアルタイムに測定することを可能とすることから RIA、や ELISA にはない長所を有している。このアッセイ系を用いて、ホルモン産生細胞からのゴナドトロピン分泌を測定したところ、pH の低下が OGR1 を介してゴナドトロピンの分泌にいたる細胞内情報伝達系が変化し分泌を修飾することが、初めて明らかとなった * (学会発表 3,79,89,92,94,96,98,99)。またこの GPCR をターゲットとする抗不安薬は、生殖を制御する新たなツールとなる可能性が示唆された * (学会発表 80)。すなわち本研究の結果は、ゴナドトロフにどのような受容体を発現しているのかを調べることにより、ゴナドトロフが調節を受ける未知の刺激を解き明かすとともに、その受容体のアゴニスト・アンタゴニスト・活性修飾剤の利用が、新たな生殖機能の制御方法の開発へとつながる可能性があることを、示している。(戸村) 目標達成度: 90% (2014-2016 年度)、90% (2017-2018 年度)

下垂体は、成体機能を恒常的に維持するために必須の組織の発生に重要な役割をもつ多数のホルモンを分泌する主要な内分泌組織であり、この組織の発生と機能維持の機序の解明することや、下垂体ホルモンの標的器官の一つである精巣で見出した雄性不妊の機序を解析することで、本プロジェクトの分担課題「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」を目指して研究を展開し、以下の成果をあげた。1) 下垂体組織を恒常的に維持するために必須の幹・前駆細胞について、多数の新知見を見出し報告した。特に、①幹・前駆細胞二特徴的な複数の因子が示す局在を明らかにし * (原著論文番号 23, 29, 45, 46、以下番号のみ)、それらの細胞が、②下垂体内で二種のニッチを形成すること * (43)、③そのうち実質層を構成する細胞集団(塊)を酵素分散により単離することに成功し * (40)、④その細胞塊の特性を解析した * (19, 40)。その一部が血管内皮細胞様の分化をすることを明らかにした。また、⑤膜抗原タンパク質 CD9 の抗体を使用し、幹・前駆細胞を分取するユニークな方法を開発し * (11,16)、それらの特性を解析した * (29-32, 41, 46-48)。⑥さらに、第 4 の胚葉とされる神経堤細胞由来の P0 タンパク質系譜と SOX10 系譜の細胞を解析し、⑦それぞれの細胞系譜が、前葉と後葉から、胎仔期初期に外胚葉由来の下垂体に侵入することを初めて観察し、それぞれを論文報告した * (22, 28)。一方、分化に関わる遺伝子についての解析も進め、⑧PROP1 遺伝子の発現制御には多数の因子がそのプロモーター上流に作用すること * (36)、⑨PROP1 の遺伝子のメチル化が発生初期に発現

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

に部分的に関与していること * (35)、⑩PROP1 遺伝子が初期の下垂体原基でレチノイン酸の制御を受けること * (21)、を明らかにした。下垂体機能にとって重要な毛細血管形成には PRX1 と PRX2 陽性の細胞が関与している事も、初めて明らかにした * (42, 45)。また、霊長類下垂体について初めて幹・前駆細胞の特性を明らかにし * (17)、今後のヒトを含めた下垂体研究の展開に貴重な情報をもたらした。2) 下垂体の分化や機能調節に関しても研究を展開した。①本研究で確立した幹・前駆細胞の分取法を使ってホルモン産生細胞に分化する条件を見つけるとともに * (40)、②条件を変えることで非ホルモン産生細胞へと分化する事を見出した * (19)。また、3種の下垂体由来の株化細胞をつかって、③いずれもが未分化性を持ち、今後「細胞機能調節法の開発」に有用な材料である事を示した * (51)。さらに、④そのうちの1つで、非ホルモン産生細胞である骨格筋細胞への分化能を持つとされる Tpit/F1 が、ホルモン産生細胞へも分化しうることを初めて報告し * (26)、この細胞の有用性を示した。⑤さらに、もう一つの細胞株 TtT/GF は TFGβ の作用により、血管系細胞を構成するペリサイトの特徴を示す細胞へと形質誘導される事を示した * (15, 24)。この成果は、下垂体血管系の構築に有用である。⑥残る Tpit/E は、他の細胞と同じ処理では分化誘導が起こらず未分化性を強く保つ細胞である事が判り * (26, 51)、幹細胞性の高いものと思われ、今後の下垂体の再生といった課題に重要な材料となることが期待できた。3) 異所性にヘルペスウイルスのチミジンキナーゼを精巣に発現させることで雄性不妊を呈するラットの解析を進め、①ヘルペスウイルスチミジンキナーゼが、精巣特異に、かつ円形精子細胞で起こっていること * (34)、②雄性不妊(精子形成不全)を誘発することを明らかにした * (34)。③このことを、ヒト男性不妊患者で解析し、多くの患者でヘルペスウイルス感染を確認した * (34)。④感染患者について、精巣におけるチミジンキナーゼ遺伝子の発現とチミジンキナーゼタンパク質の有無を確認し、いずれの存在も同定することを初めて見だし、論文発表した * (18, 34)。この研究成果は、精子形成の機序の解明とその制御法の開発、不妊症の診断、治療法、不妊治療薬の開発などに資することができる知見である。(加藤) 目標達成度: 90%

(2014-2016 年度)、90%(2017-2018 年度)

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。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。以上の研究結果をその関連結果と合わせて、業績として報告した。データベース開発に加えて、特に、オンライン上に蓄積している実験データや文献情報といったビッグデータの活用化を推進した。実験データと文献情報は今後もオンライン上で蓄積していくため、逐次、データ収集を実施し、解析を行う。また研究計画の効率的な推進・達成のため、解析パイプラインを整備した。データベース開発に加えて、特に、オンライン上に蓄積している実験データや文献情報といったビッグデータの活用化も推進した。特に、下垂体における遺伝子や化合物の生物学的機能を収集するために想定以上の精度をもつ自然言語処理技術基盤を開発した(矢野)。目標達成度: 90%(2014-2016 年度)、90%(2017-2018 年度)

脳下垂体は様々なホルモン分泌細胞から形成される内分泌組織であるが、それらの分泌細

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

胞は様々な細胞系譜に由来して分化したものである。マウス下垂体から単離された TtT/GF 細胞は、マイクロアレイを用いた遺伝子発現解析から未分化能の形質を有することが示唆される細胞株である。そこで、下垂体組織形成の細胞培養系のモデルとしての本細胞株の有用性と本細胞の分化誘導過程において発現量が変動するタンパク質群の同定を目的として研究を行った。TtT/GF 細胞を TGFβにより分化誘導すると、代表的なシグナル伝達分子である SMAD2 が核内に移行すること、また血管周皮細胞で発現する遺伝子群の発現量の上昇がみられたことなどから、本細胞は TGFβにより分化誘導されることが示された。また、様々な組織形成に深く関与している細胞である血管周皮細胞に特徴的なマーカーが、マウス下垂体組織の血管周辺領域の一部で発現していることも確認された。これらのことより本細胞株は下垂体組織形成の詳細や血管周皮細胞の組織形成への関与を調べるうえの細胞培養系のモデルとして有用であるが示された。次に TtT/GF 細胞を用いた分化誘導過程において発現量が変動する分子群についてプロテオーム解析を行うために、タンパク質抽出方法、プロテオーム定量解析手法である SILAC (stable-isotope labeling by amino acids in cell culture) 法での安定同位体による標識効率、SILAC 法での細胞分化への影響、などを検討した。プロテオーム解析に必要な十分なタンパク質量が回収できること、定量解析に支障のない標識率が実現できること、細胞分化過程への影響も最小限であることが確認され、本研究におけるプロテオーム定量解析手法を確立することができた。実際のプロテオーム解析として、マウス TtT/GF 細胞の TGFβ刺激による分化過程で発現量が変動するタンパク質の同定を行い、約 180 種類のタンパク質が TGFβ刺激に依存して発現量が変動することが明らかとなった。そのなかには分化に伴う細胞形態変化に関わるタンパク質に加え、血管周皮細胞で特徴的に発現がみられる多数のタンパク質も含まれていた。以上の結果より、本細胞株が下垂体組織形成の細胞培養系としての良いモデルとなることを実証するとともに、血管周皮細胞への細胞分化過程でのタンパク質発現変動を明らかにすることができた。本成果はすでに学術論文 * (90、93) として発表した(紀藤)。目標達成度: 80% (2014-2016 年度)、90% (2017-2018 年度)

脳下垂体および下垂体ホルモン標的組織での DNA メチル化を中心としたエピゲノム解析・改変により、脳下垂体および関連組織の DNA メチル化プロファイルを取得し、下垂体ホルモン標的組織でのエピゲノム改変により以下の知見が得られた * (文献 101、学会発表 312、313、316)。脳下垂体での幹前駆細胞およびホルモン産生細胞で発現する主要遺伝子に注目して、バイサルファイト法による DNA メチル化解析を行った。これにより脳下垂体細胞の増殖・分化やホルモン分泌に関わる遺伝子の細胞種特異的 DNA メチル化パターンを同定した * (文献 101、102)。さらに、脳下垂体で発現する主要遺伝子について、脳下垂体と脳下垂体ホルモンの主要な標的器官である肝臓、精巣などの組織を比較することで DNA メチル化プロファイルを作成し、脳下垂体およびその構成細胞を他の細胞と区別する方法を確立した * (文献 101、学会発表 306、313、314)。確立したアレルごとのメチル化状態に注目した DNA メチル化解析法により優性遺伝性疾患の発症原因の推定や環境化学物質によるエピジェネティクスへの影響評価に繋がった * (文献 100、103、学会発表 77、310、311)。また、下垂体ホルモンの標的組織の一つである骨格筋において、筋分化を抑制するミオスタチン(MSTN) 遺伝子のプロモーター上流に同定した長鎖非コード(linc)RNA をアンチセンスオリゴ DNA によって阻害することでエピジェネティックなプロモーター活性阻害が起きることを同定した * (学会発表 307)。以上、脳下垂体の発生および機能に関わる遺伝子群の DNA メチル化プロファイルを取得して他の組織と比較することで脳下垂体に存在する各細胞種の同定法を確立し、下垂体ホルモンの標的組織の一つである骨格筋においては lincRNA を介したエピゲノム制御により筋分化関連遺伝子の転写調節を行うことができることを見出した。これによりエピゲノム改変による有用細胞樹立の基礎を築くことができた(大鐘)。目標達成度: 90% (2014-2016

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

年度)、87.5%(2017-2018 年度)

<課題となった点>

上記の成果は、主にヒトやマウスの細胞を用いて得られた結果である。そこで本研究で得られた結果が、家畜を含む多種多様な動物種においても適応可能であるかどうかを検証した。マウス、ラット、ヒト以外の動物種における OGR1 情報は文献データからは得ることができなかつたので、各種公開データベースを利用して各動物種における OGR1 相同遺伝子情報を取得し、解析した * (文献 1,2,3;学会発表 1,2,4,5,6,7,57,61,62,63,64,65,66,67,68,)。その結果、調べた動物種(ヒト、ブタ、ラット、マウス、ニワトリ、アフリカツメガエル、ゼブラフィッシュ)のすべての OGR1 または OGR1 相同遺伝子産物は、細胞外 pH の低下に伴い活性化した。すなわちプロトンは、進化的に OGR1 に対して共通のリガンド作用を示すことが明らかとなった。一方、金属イオンに対するこれらの受容体応答には差が観察された。すなわち、各棒物種由来の OGR1 または相同遺伝子産物を活性化する金属イオンの種類には差があることが本研究により初めて明らかとなった。この結果は、金属イオンをベースとした化合物によって動物の生殖を制御する場合、対象となる動物種により用いる化合物の有効性が異なるという課題が存在することを示している。(戸村)。

本研究により、下垂体の組織形成にとって重要なこの組織幹・前駆細胞について多様な特性と、そこで機能する重要な遺伝子が明らかになったが、どの様にホルモン産生細胞や下垂体の内分泌機能維持に関わる細胞群が出現するかという課題は、まだ未解明の課題として残されている。また、第四の胚葉とされる神経堤起源の細胞が下垂体の幹・前駆細胞の一部として定着している事を発見したが、この細胞系譜が下垂体の中でどの様な固有の機能をしているかは、未解明の課題として残った。また、ヒト雄性不妊の原因の一因としてヘルペスウイルスのチミジンキナーゼの存在を、男性不妊患者の精巣に同定したが、どの様な分子機序で不妊となるかを明らかにする課題が残されている。(加藤)

上記のプロテオーム解析で定量されたタンパク質は約 2000 種類ほどである。マウス培養細胞で発現していると思われるタンパク質は少なくとも 10000 種類はあると考えられることから、今回の解析では見落としているタンパク質群も多く残されている。近年のプロテオーム解析では依然として解析装置である質量分析装置の性能向上が、解析タンパク質の網羅性向上に大きく寄与している。したがって、より多くのタンパク質群を定量解析し網羅性を上げるためには、試料調製方法の改善のみならず、より最新の解析装置の導入も求められる。プロテオーム解析ではタンパク質配列のデータベースを活用するが、マウスを含めて高等生物のタンパク質情報は、世界標準のものでも依然として混沌としている。具体的にはスプライシングバリエーションや発現組織が異なるなどのアイソフォームと思われるタンパク質情報が、それぞれ異なるタンパク質名としてデータベースに格納されている。そのため、同定・定量されたタンパク質名を整理する際に本質的には同一のものなのかが判然とせず、本来は同一のタンパク質であるものも別々に扱われるため、その後の Gene Ontology 解析などの信頼性にも影響する。世界的にはそうしたデータベースの整理は、各々の研究グループで目的に応じて整理されているのが現状であり、高等生物のプロテオーム解析にいけるデータベースの問題があらためて明るみに出た。(紀藤)

エピジェネティクスを中心とした脳下垂体細胞種の同定については、主に DNA メチル化が主となって発現制御が行われているものに限られているため、それ以外のヒストン修飾が主となる遺伝子については、今後解析手法を工夫する必要がある、また、非コード RNA やエピゲノム編集によるエピゲノム改変については、主要遺伝子についての非コード RNA による DNA メチル化制御や、エピゲノム改変ベクターの構築・導入法については確立できたものの、今後は導入する細胞や導入効率、導入後の目的細胞の効果を最大化するための培養法などについて、最適化して行く必要があると考えられる。(大鐘)

<自己評価の実施結果と対応状況>

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

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)

<外部(第三者)評価の実施結果と対応状況>

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>)。

本研究プロジェクトでは、この5年間に106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60回、国内で220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、情報交換を行った。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積極的に共有をはかった。本プロジェクトホームページは外部公開用のホームページとは別となっており、プロジェクトメンバーにのみ公開されている。そこで各外部評価の情報とその対応がその後もリアルタイムに班員間で行われた。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、メンバーの矢野はこのホームページの対応に加えて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、本プロジェクトが取り組む「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」のためのデータベースの基盤づくりに辿り着いた。

<研究期間終了後の展望>

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

本プロジェクトの推進により、異なる分野を専門とするメンバー間の相互理解が深まるとともに、単独の分野の発展のみでは成しえなかった「生殖内分泌とバイオインフォマティクス」の共同による新たな生命科学研究拠点のひとつに発展しつつある。今後はこれらの研究体制を基盤にさらなる飛躍をはかり、わが国だけでなくグローバルな視点で上記農学に課せられた課題の克服に向けた情報の提供と研究拠点の構築を目指したい。今後の活動計画を以下に記す。

本研究により、各種オミックス情報を利用してゴナドトロフに発現する GPCR を解析することにより、生殖制御につながる新たな情報が得られることを、OGR1 を例として示すことができた。オミックス情報の結果から、OGR1 以外にも未だ解析されていない他の GPCR がゴナドトロフに発現していることを、予備的に得ている。これらの GPCR に関しても、今回と同様の手法を用いて解析することで、新たな生殖制御の開発につながる情報が得られるものと期待できる。今回見出された OGR1 は抗不安薬のターゲットの一つとなっている * (学会発表 80)。この抗不安薬のメインターゲットは GABA_A 受容体である。しかしながら GABA_A には作用せず OGR1 特異的に作用する化合物が抗不安薬の分子骨格をもとに開発されている。この化合物が実際に生殖制御に利用できる可能性を秘めている。オミックス情報を利用して OGR1 相同遺伝子の探索を行った結果、カエルでは2種類の OGR1 相同遺伝子が存在することが明らかとなった * (文献 2; 学会発表 2,5,83,87,88)。これらの相同遺伝子産物を解析したところ、プロトンに対しては2種類とも活性化を示したが、金属イオンに関して1種類の OGR1 相同遺伝子産物はまったく応答しないという結果が得られた。この2種類の受容体構造を比較することにより、金属イオン特異的に活性化部位を特定できる可能性がある。その部位を特定することにより、受容体活性化を制御する新たな化合物の開発に利用できる可能性がある。(戸村)

本研究により、下垂体の組織形成にとって重要なこの組織幹・前駆細胞について多数の特性を明らかにし、そこで機能する重要な遺伝子についても明らかにした。ホルモン産生細胞や下垂体の内分泌機能維持に関わる細胞群の維持に、分化過程の様々な状態の細胞の存在が明らかになり、そのコミットメントに関わる因子もいくつか明らかになったことで、幹・前駆細胞を用いた下垂体の人為的な組織構築への展望が開けた。また、最後の期間に、外胚葉上皮起源とされる下垂体には、第四の胚葉とされる神経堤起源の細胞が下垂体の幹・前駆細胞の一部として定着しているとの発見は、下垂体研究の新展開をもたらした。こうした細胞系譜の解析は、下垂体腫瘍の発症機序の解明に新たな視点を与えるものであり、下垂体研究の新展開が期待される。また、ヘルペスウイルスのチミジンキナーゼが及ぼす精子形成異常の発見に始まった雄性不妊の解析を軸にした性腺系の研究では、このウイルス感染がヒトでも頻発しており、遺伝子とタンパク質レベルで不妊を呈するヒト精巣でチミジンキナーゼの存在を初めて同定したが、このことは、ヒト雄性不妊の原因の一因の可能性を明らかにしたもので、今後の雄性不妊の診断、感染治療、不妊治療などが展望できる。下垂体から得た細胞塊を形成する幹・前駆細胞の中に、低い増殖性を保ちながら未分化性を維持する細胞集団であった。この細胞塊は、分化を誘導することが困難であり、下垂体幹細胞に近い細胞集団と考えられる。この細胞を今後の下垂体の組織再生への活用が考えられる。不妊を呈するヒト精巣でチミジンキナーゼの存在を初めて同定できたことから、今後の雄性不妊の診断、感染治療、不妊治療などへの応用が期待できる。(加藤)

本研究において実施した学術論文情報に対する網羅的な知識情報解析および発現遺伝子情報解析は、下垂体における分子機能の解明を推進するための基盤情報となり、生殖内分泌組織の制御法の確立を加速化できる。本研究課題を達成するために開発・実施した知識情報解析とデータベース構築のためのアプローチは、動物・植物・微生物など多くの生命科学分野の知識情報集約と活用を牽引するための要素技術となり、ライフサイエンス全般の

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

展開を推進し得る。(矢野)

本研究により、下垂体組織形成のモデルとしての細胞培養系の有用性を実証するとともに、本細胞が様々な組織形成に関わることが知られている血管周皮細胞への分化すること、またその際に特徴的に発現量が変動するタンパク質群が明らかになった。こうしたタンパク質が、実際の下垂体組織形成に関わる可能性を今後検証していく必要がある。その一つは組織化学的解析であり、複数の発生段階におけるこれらの分子群の発現変動を地道に調べていくことが課題となる。しかしながら、組織で発現している数多くのタンパク質について抗体などを用いて大規模に解析するのは依然として困難である。代替手法として、例えばイメージング質量分析の手法を取り入れることでの実現可能性を探りたい。本研究で用いた TtT/GF 細胞では、TGFβ刺激により下垂体腺腫で発現していることが知られるタンパク質についても、TGFβ刺激による発現量の低下が観察された。同時に TGFβ刺激により細胞増殖能の低下も観察された。また TGFβ刺激により発現量が増加したタンパク質のなかには、他の腫瘍細胞でその増殖を抑制する働きを有することが知られている分子群も含まれていた。こうした知見は、TGFβ刺激により発現量が変動するタンパク質のなかから下垂体腺腫の良いマーカー分子を探索できる可能性や、さらには TGFβによる下垂体腺腫の治療戦略の可能性を示唆するものである。(紀藤)

エピジェネティクスを中心とした脳下垂体細胞種の同定では、アレルごとのメチル化状態に注目した細胞種同定法を新たに開発した。これにより脳下垂体細胞のみならず、ハプロ不全優性遺伝病のようなアレルごとのメチル化変動が発症や重篤化の原因になっている疾患について、分子レベルでの原因究明や治療につながる基礎研究にも繋がった * (文献 103、学会発表 77)。また、環境化学物質のような微量でエピゲノム改変効果を持つような薬物の影響評価についても感度の高い検出法として確立することができた * (文献 101)。以上のように、本研究は脳下垂体細胞について確立したメチル化解析技術をもとに、脳下垂体のみならず、ヒトの遺伝性疾患の発症・重篤化メカニズム解明や化学物質によるエピゲノム改変を介した発生・分化への影響評価にもつながる基礎研究になったと考えられる。エピジェネティクスを中心とした脳下垂体細胞種の同定は、複数細胞種が共存する全ての集団に応用可能であり、これをもとに特定の細胞種の割合推定や各種薬物の影響評価にもつながる基礎技術を確立することができた。(大鐘)

<研究成果の副次的効果>

本研究の成果を基盤として

1. 各班員は、「創薬等支援技術基盤プラットフォーム」支援事業、科研費(基盤 A,B,C,研究成果公開促進, 新学術領域研究)、NEDO、ナショナルバイオリソースプロジェクトなどにも参画している。
2. 日本植物学会・日本内分泌学会・International Symposium on Pituitary Gland and Related Systems・日本育種学会・日本植物分子生物学会・日本プロテオーム学会におけるシンポジウム講演、日本エピジェネティクス研究会の開催、日経産業新聞による報道が行われた。
3. 日本下垂体研究会、内分泌代謝学サマーセミナー、International Symposium on Pituitary Gland and Related Systems、日本神経内分泌学会において本研究に参画した PD・大学院生の成果発表に対して各種の賞が授与された。

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

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

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>

原著論文

研究分担課題:「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」に関する研究成果(主に戸村秀明が担当)

1. *Musha S, Nagayama S, Murakami S, Kojima R, Deai M, Sato K, Okajima F, Ueharu H, Tomura H. Protons differently activate TDAG8 homologs from various species. *Zoological Science*, doi: 10.2108/zs180128.
2. *Mochimaru Y, Negishi J, Murakami S, Musha S, Sato K, Okajima F, Tomura H. Metals Differentially Activate Ovarian Cancer G Protein-Coupled Receptor 1 in Various Species. *Zoolog Sci*, 2018; 35(2):109-114. doi: 10.2108/zs170145.
3. *Negishi J, Omori Y, Shindo M, Takanashi H, Musha S, Nagayama S, Hirayama J, Nishina H, Nakakura T, 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; 37(4): 401-408. doi: 10.1080/10799893.2017.1298130.
4. *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; 63(2): 199-204.
5. *Tobo A, Tobo M, Nakakura T, Ebara M, Tomura H, Mogi C, Im D S, 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.
6. *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.
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.
8. *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.
9. *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.
10. *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.

研究分担課題:「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」に関する研究成果(主に加藤幸雄が担当)

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

11. *Horiguchi K, Fujiwara K, Yoshida S, Nakakura T, Arae K, Tsukada T, Hasegawa R, Takigami S, Ohsako S, Yashiro T, Kato T, Kato Y. CX3CL1-expressing cells in the CD9/S100 β /SOX2-positive adult pituitary stem/progenitor cell fraction differentiate into endothelial cells through expression of CX3CR1. *Sci Rep*, 2018 (Submitted)
12. Kanno N, Yoshida S, Kato T, Kato Y. Characteristic localization of neuronatin in prenatal and adult rat olfactory, intestine, pancreas, liver, ovary, and testis. *J Histochem Cytochem* 2019 (In press)
13. Chen M, Kato T, Kato Y. Data on localization of coxsackievirus and adenovirus receptor (CAR) in the embryonic rat brain. Data in Chief, (in press)
14. Tsukada T, Isowa Y, Kito K, Yoshida S, Toneri S, Horibuchi K, Fujiwara K, Yashiro T, Kato T, Kato Y. Identification of TGF β -induced proteins in non-endocrine mouse pituitary cell line TtT/GF by SILAC-assisted quantitative mass spectrometry. *Cell Tissue Res*, (In press)
15. *Tsukada T, Isowa Y, Kito K, Yoshida S, Toneri S, Horibuchi K, Fujiwara K, Yashiro T, Kato T, Kato Y. Identification of TGF β -induced proteins in non-endocrine mouse pituitary cell line TtT/GF by SILAC-assisted quantitative mass spectrometry. *Cell Tissue Res*, (In press)
16. *Horiguchi K, Fujiwara K, Yoshida S, Nakakura T, Arae K, Tsukada T, Hasegawa R, Takigami S, Ohsako S, Yashiro T, Kato T, Kato Y. Isolation and characterisation of CD9-positive pituitary adult stem/progenitor cells in rats. *Sci Rep*, 2018; 8: 5533.
17. *Yoshida S, Fujiwara K, Inoue T, Sasaki E, Kametani Y, Takekoshi S, Inoshita N, Kato T, Kato Y. Localization of SOX2-positive stem/progenitor cells in the anterior lobe of the common marmoset (*Callithrix jacchus*) pituitary. *J Reprod Dev*, 2018; 64: 417-422.
18. *Chen M, Cai LY, Yoshida S, Takekoshi S, Kajiwara H, Nishimura N, Wang H, Kato T, Izumi SI, Kato Y. Presence of human herpes virus 1-thymidine kinase in testis of azoospermic infertile herpes-infected patients. *Reprod Toxicol*. 2018;82:57-62.
19. *Yoshida S, Nishimura N, Yurino H, Kobayashi M, Horiguchi K, Yano K, Hashimoto S I, Kato T, Kato Y. Differentiation capacities of PS-clusters, adult pituitary stem/progenitor cell clusters located in the parenchymal-niche, of the rat anterior lobe. *PLoS One*, 2018; 13: e0196029.
20. Characteristic Localization of Neuronatin in Rat Testis, Hair Follicle, Tongue, and Pancreas. *bioRxiv*, 47169; doi: <https://doi.org/10.1101/447169> 2018.
21. *Yoshida S, Fujiwara K, Nishihara H, Kato T, Yashiro T, Kato Y. Retinoic acid signalling is a candidate regulator of the expression of pituitary-specific transcription factor *Prop1* in the developing rodent pituitary. *J Neuroendocrinol*, 2018; doi: 10.1111/jne.12570.
22. *Ueharu H, Yoshida S, Kanno N, Horiguchi K, Nishimura N, Kato T, Kato Y. SOX10-positive cells emerge in the rat pituitary gland during late

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- embryogenesis and start to express S100beta. *Cell Tissue Res*, 2018; 372(1): 77-90 doi:10.1007/s00441-017-2724-7.
23. *Yoshida S, Kato T, Kanno N, Nishimura N, Nishihara H, Horiguchi K, Kato Y. Cell type-specific localization of Ephs pairing with ephrin-B2 in the rat postnatal pituitary gland. *Cell Tissue Res*, 2017; 370(1): 99-122 doi: 10.1007/s00441-017-2646-4.
 24. *Tsukada T, Yoshida S, Kito K, Fujiwara K, Yako H, Horiguchi K, Isowa Y, Yashiro T, Kato T, Kato Y. TGFbeta signaling reinforces pericyte properties of the non-endocrine mouse pituitary cell line TtT/GF. *Cell Tissue Res*, 2017; 371: 339-350.
 25. Ohta A, Tsunoda Y, Tamura Y, Iino K, Nishimura N, Nishihara H, Takanashi H, Yoshida S, Kato T, Kato Y. Construction and expression of vectors encoding biologically active rodent gonadotropins. *J Reprod Dev*, 2017; 63: 605-609. doi: 10.1262/jrd.2017-091.
 26. *Higuchi M, Yoshida S, Kanno N, Mitsuishi H, Ueharu H, Chen M, Nishimura N, Kato T, Kato Y. Clump formation in mouse pituitary-derived non-endocrine cell line Tpit/F1 promotes differentiation into growth-hormone-producing cells. *Cell Tissue Res*, 2017; 369: 353-368. doi: 10.1007/s00441-017-2603-2.
 27. 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; 63(2): 199-204.
 28. *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.
 29. *Horiguchi K, Fujiwara K, Tsukada T, Yoshida S, Higuchi M, Tateno K, 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.
 30. *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.
 31. *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.
 32. *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.
 33. 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.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

34. *Chen M, Cai L-Y, Kato T, Kato Y. Ectopic expression of human herpesvirus 1 thymidine kinase induces male infertility. In: Ongradi J, ed. Herpesviridae, 2016:75-101.
35. *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.
36. *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.
37. 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.
38. Yoshida S, Kato T, Kato Y. EMT Involved in Migration of Stem/Progenitor Cells for Pituitary Development and Regeneration. J Clin Med, 2016; 5(4).
39. 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.
40. *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.
41. *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.
42. *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.
43. *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.
44. 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.
45. *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.
46. *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

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- pituitary gland. *Cell Tissue Res*, 2014; 357: 757-765.
47. *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.
48. *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.
49. 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.
50. 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.
51. *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.
52. 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.

研究分担課題: 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(主に矢野健太郎が担当)

53. Ando T, Matsuda T, Goto K, Hara K, Ito A, Hirata J, Yatomi J, Kajitani R, Okuno M, Yamaguchi K, Kobayashi M, Takano T, Minakuchi Y, Seki M, Suzuki Y, Yano K, Itoh K, Shigenobu S, Toyoda A, Niimi T. Repeated inversions within a *pannier* intron drive diversification of intraspecific colour patterns of ladybird beetles. *Nature Communications*, 2018;9(1):3843. doi:10.1038/s41467-018-06116-1.
54. Kiba T, Inaba J, Kudo T, Ueda N, Konishi M, Mitsuda N, Takiguchi Y, Kondou Y, Yoshizumi T, Ohme-Takagie M, Matsui M, Yano K, Yanagisawa S, Sakakibara H. Direct repression of nitrogen-starvation responses by the Arabidopsis GARP-type transcription factor AtNIGT1 subfamily members. *The Plant Cell*, 2018;30(4):925-945. doi:10.1105/tpc.17.00810.
55. Asiche W O, Mitalo O W, Kasahara K, Tosa Y, Eric G. Mworio E G, Owino W O, Ushijima K, Nakano R, Yano K, Kubo Y. Comparative transcriptome analysis reveals distinct ethylene-independent regulation of ripening in response to low temperature in kiwifruit. *BMC Plant Biol*, 2018;18(1):47. doi:10.1186/s12870-018-1264-y.
56. Ueno S, Nakamura Y, Kobayashi M, Terashima S, Ishizuka W, Uchiyama K, Tsumura Y, Yano K, Goto S. (†; Contributed equally to this study, *; Corresponding authors) *TodoFirGene*: Developing transcriptome resources for genetic

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- analysis of *Abies sachalinensis*. *Plant Cell Physiol*, 2018; 59(6):1276–1284. doi:10.1093/pcp/pcy058.
57. Kobayashi M, Ohyanagi H, Takanashi H, Asano S, Kudo T, Kajiya-Kanegae H, Nagano A J, Tainaka H, Tokunaga T, Sazuka T, Iwata H, Tsutsumi N, Yano K. Heap: a highly sensitive and accurate SNP detection tool for low-coverage high-throughput sequencing data. *DNA Research*, 2017;24(4):397–405. doi: 10.1093/dnares/dsx012.
 58. Watanabe K, Guo W, Arai K, Takanashi H, Kajiya-Kanegae H, Kobayashi M, Yano K, Tokunaga T, Fujiwara T, Tsutsumi N, Iwata H. High-throughput phenotyping of sorghum plant height using an unmanned aerial vehicle and its application to genomic prediction modelling. *Frontiers in Plant Science*, 2017;8:421. doi:10.3389/fpls.2017.00421.
 59. Kawakatsu Y, Nakayama H, Kaminoyama K, Igarashi K, Yasugi M, Kudoh H, Nagano A J, 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; 130(3):539–550. doi:10.1007/s10265-017-0917-5.
 60. Endo C, Yamamoto N, Kobayashi M, Nakamura Y, Yokoyama K, Kurusu T, Yano K, Tada Y. Development of simple sequence repeat markers in the halophytic turf grass *Sporobolus virginicus* and transferable genotyping across multiple grass genera/species/genotypes. *Euphytica*, 2017;213:56. doi:10.1007/s10681-017-1846-z.
 61. 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; 1:58(1) e1. doi: 10.1093/pcp/pcw208.
 62. 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; 58(1) e8. doi.org: 10.1093/pcp/pcw207.
 63. 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;58(1) e3. doi: 10.1093/pcp/pcw199.
 64. Suzuki T, Yamamoto N, Choi J-H, Takano T, Sasaki Y, Terashima Y, Ito A, Dohra H, Hirai H, Nakamura Y, Yano K, Kawagishi H. The biosynthetic pathway of 2-azahypoxanthine in fairy-ring forming fungus. *Scientific Reports*, 2016; 6:39087. doi:10.1038/srep39087.
 65. 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(5):961–975 doi:10.1093/pcp/pcw067.
 66. 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

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- large-scale RNA-seq data of *Arabidopsis thaliana* and model crop plants. *Genes & Genetic Systems*, 2016; 91(2):111-125. doi:10.1266/ggs.15-00065
67. 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 & Genetic Systems*, 2016; 91:97-109. doi:10.1266/ggs.15-00056
68. 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. (†These authors contributed equally to this work, *. Authors for correspondence) Pleurochrysome: A web-database of Pleurochrysis transcripts and orthologues among heterogeneous algae. *Pleurochrysome: a web database of pleurochrysis transcripts and orthologs among heterogeneous algae*. *Plant & Cell Physiology*, 2016; 57(1): e6. doi:10.1093/pcp/pcv195
69. 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. *The Plant Journal*, 2015; 83(6): 1114-1122. doi: 10.1111/tpj.12949
70. 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*. *Frontiers in Plant Science*, 2015; 6: 241. doi:10.3389/fpls.2015.00241.
71. 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 Physiology*, 2015; 56(1): e9. doi:10.1093/pcp/pcu188.
72. 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 Physiology*, 2015; 56(1): e5. doi:10.1093/pcp/pcu184.
73. Yamamoto Naoki †, Suzuki Tomohiro †, Kobayashi Masaaki, Dohra Hideo, Sasaki Yohei, Hirai Hirofumi, Yokoyama Koji, Kawagishi Hirokazu *, Yano Kentaro * (†; Equal contributors, *Corresponding author) A-WINGS: an integrated genome database for *Pleurocybella porrigens* (Angel's wing oyster mushroom, Sugihiratake). *BMC Research Notes*, 2014;7:866, doi:10.1186/1756-0500-7-866.
74. 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(4): 329-334. doi:10.5511/plantbiotechnology.14.0805b.
75. Nakatsuka A, Nakagawa T, Yano K, Sun N, Sakata H, Koyama K, Kobayashi N, Esumi

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

T, Itamura H. Gene Expression of Pectic Polysaccharide Degrading Enzymes in On-tree Softened 'Hiratanenashi' Persimmon Fruit. *Food Preservation Science*, 2014; 40(4): 185-193.

著書

76. Kudo T, Terashima S, Takaki Y, Nakamura Y, Kobayashi M, Yano K. Practical Utilization of OryzaExpress and Plant Omics Data Center Databases to Explore Gene Expression Networks in Oryza Sativa and Other Plant Species. Plant Genomics Databases. Editors: van Dijk, Aalt-Jan, Springer, 2017; 229-240.
77. Kobayashi M, Ohyanagi H, Yano K. Databases for Solanaceae and Cucurbitaceae Research. Functional Genomics and Biotechnology in Solanaceae and Cucurbitaceae Crops. Ezura H., Ariizumi T., Garcia-Mas J., Rose J. (Editors), Springer, 2016; 31-42.
78. Kobayashi M, Ohyanagi H, Yano K. Expression Analysis and Genome Annotations with RNA Sequencing. Advances in the Understanding of Biological Sciences Using Next Generation Sequencing (NGS) Approaches. Sablok, G. et al. (Editors), Springer, 2015; 1-12.
79. Kobayashi M, Ohyanagi H, Yano K. Omics Analysis and Databases for Plant Science. Genomics (Chapter 13) Proteomics and Metabolomics in Nutraceuticals and Functional Foods, Second Edition. Debasis Bagchi, Anand Swaroop, Manashi Bagchi. (Editors), John Wiley & Sons, Ltd., Published Online, 2015; 150-159.
80. Kobayashi M, Ohyanagi H, Yano K. Omics databases and gene expression networks in plant sciences. Omics Technologies and Crop Improvement. Nouredine Benkeblia (Editor), CRC Press, 2014; 1-14.
81. 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎 「遺伝子治療・診断の最先端技術と新しい医薬品・診断薬の開発」, 第 15 章 3 節 「植物遺伝情報データベースの活用方法」, 技術情報協会. (2014 年 5 月 31 日刊行).

総説, 論説

82. Ohyanagi H, Nakamura Y, Yano K. Plant and Cell Physiology's 2018 Database Issue and Beyond. *Plant Cell Physiol* 59 (1): 1-2.
83. Ohyanagi H, Obayashi T, Yano K. Editorial: Plant and Cell Physiology's 2016 Online Database Issue. *Plant Cell Physiol*, 2016; 57: 1-3.
84. 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, 矢野健太郎. 「Perl 講習会」 育種学研究, Vol.18, No.1, p.27-33. [doi:10.1270/jsbbr.18.27](https://doi.org/10.1270/jsbbr.18.27) (2016 年 3 月 25 日).
85. 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 年 12 月号, p.10-16 (2015 年 12 月 12 日).
86. Ohyanagi H, Obayashi T, Yano K. Editorial: Plant and Cell Physiology's 2015 database issue. *Plant Cell Physiol* 2015; 56: 4-6.
87. 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, Vol.17, No.2, p.88-93. [doi:10.1270/jsbbr.17.88](https://doi.org/10.1270/jsbbr.17.88) (2015 年 7 月 3 日).
88. 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, Vol.16, No.2, p.93-99. [doi:10.1270/jsbbr.16.93](https://doi.org/10.1270/jsbbr.16.93)

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

(2014年07月17日).

89. Obayashi T, Yano Y. Editorial. *Plant and Cell Physiology* 55 (1): 1-2.
doi:10.1093/pcp/pct193

研究分担課題: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(主に紀藤圭治が担当)

90. *Tsukada T, Isowa Y, Kito K, Yoshida S, Toneri S, Horiguchi K, Fujiwara K, Yashiro T, Kato T, Kato Y. Identification of TGF β -induced proteins in non-endocrine mouse pituitary cell line TtT/GF by SILAC-assisted quantitative mass spectrometry. *Cell Tissue Res.* In press. 2019 Jan 21. doi: 10.1007/s00441-018-02989-2.
91. Shimizu K, Kimura K, Isowa Y, Oshima K, Ishikawa M, Kagi H, Kito K, Hattori M, Chiba S, Endo K. Insights into the evolution of shells and love darts of land snails revealed from their matrix proteins. *Genome Biol. Evol.* In press. 2018 Nov 2. doi: 10.1093/gbe/evy242.
92. Eguchi Y, Makanae K, Hasunuma T, Ishibashi Y, Kito K, Moriya H. Estimating the Protein Burden Limit of Yeast Cells by Measuring Expression Limits of Glycolytic Proteins. *Elife*, Vol. 7. pii: e34595. Aug. 10 2018. doi: 10.7554/eLife.34595.
93. *Tsukada T, Yoshida S, Kito K, Fujiwara K, Yako H, Horiguchi K, Isowa Y, Yashiro T, Kato T, Kato Y. TGF β signalling reinforces pericyte properties of the non-endocrine mouse pituitary cell line TtT/GF. *Cell Tissue Res*, 2018; 371:339-350. doi: 10.1007/s00441-017-2758-x.
94. Okada M, Kusunoki S, Ishibashi Y, Kito K. Proteomics analysis for asymmetric inheritance of preexisting proteins between mother and daughter cells in budding yeast. *Genes Cell*, 2017; 22:591-601. doi: 10.1111/gtc.12497.
95. 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.
96. 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.
97. 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.
98. 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.

研究分担課題: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(主に大鐘潤が担当)

99. Arai D, Hayakawa K, Ohgane J, Hirosawa M, Nakao Y, Tanaka S, Shiota K. An

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

epigenetic regulatory element of the Nodal gene in the mouse and human genomes. Mech Dev 2015; 136: 143-154.

100. *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, Hirose 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.
101. *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.
102. *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.
103. *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.

<図書>

なし

<学会発表>

国際学会

研究分担課題:「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」に関する研究成果(主に戸村秀明が担当)

1. *Musha S, Tomura H. TDAG8 activation response by protons differs according to species. THE 29TH CONFERENCE OF EUROPEAN COMPARATIVE ENDOCRINOLOGISTS (CECE2018), Glasgow, Scotland, UK, 2018. 8. 19-8. 22.
2. *Ueharu H, Mochimaru Y, Tomura H. Activation of ovarian cancer G protein-coupled receptor 1 by metal differs among species. THE 29TH CONFERENCE OF EUROPEAN COMPARATIVE ENDOCRINOLOGISTS (CECE2018), Glasgow, Scotland, UK, 2018. 8. 19-8. 22.
3. *Kojima R, Tomura H. Analysis of molecular mechanism of elevation of intracellular calcium concentration in gonadotroph cell line by extracellular protons. THE 29TH CONFERENCE OF EUROPEAN COMPARATIVE ENDOCRINOLOGISTS (CECE2018), Glasgow, Scotland, UK, 2018. 8. 19-8. 22.
4. *Negishi J, Musha S, Nagayama S, Tomura H. Effect of metals on the activation of zebrafish ovarian cancer G-protein-coupled receptor 1 and GPR4. WCRB 2017, Okinawa, Japan, 2017. 9. 27-29.
5. *Mochimaru Y, Murakami S, Yoshimura N, Tomura H. Metal ions may modulate proton induced OGR1 activation. WCRB 2017, Okinawa, Japan, 2017. 9. 27-29.
6. *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.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

7. *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.
8. *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.
9. *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.

研究分担課題:「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」に関する研究成果(主に加藤幸雄が担当)

10. Yoshida S, Yurino H, Kobayashi M, Nishimura N, Kanno N, Yano K, Hashimoto S-i, Kato T, Kato Y. Analysis of the differentiation capacity of adult stem/progenitor cells in the parenchymal-niche of the rodent pituitary gland. The 2017 ISSCR Annual Meeting, Boston, MA, US, 2017.6.14-17.
11. Kondo A, Nakaoku D, Yamasaki M, Morine M, Hinokio K, Kato Y, Shinoda M, Izumi S, Maeda K. Cytogenetics of Primary Amenorrhea: An Investigation on 14 Mfected. WCRB 2017, Okinawa, Japan, 2017.9.27-29.
12. Horiguchi K, Nakakura T, Tsukada T, Yoshida S, Hasegawa R, Takigami S, Ohsako S, Kato T, Kato Y. Analysis of a novel gene expressed by S100 β -positive cells in the rat anterior lobe of the pituitary. WCRB 2017, Okinawa, Japan, 2017.9.27-29.
13. 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.
14. Ueharu H, Yoshida S, Kanno N, Nishimura N, Kato T, Kato Y. SOX10-postiive 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.
15. 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.
16. Nishihara H, Yoshida S, Fuziwara 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)
17. 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.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

18. 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, San Diego, USA, 2015. 3.5-8.
19. 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.
20. 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.
21. 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.
22. 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.
23. 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.
24. 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.

研究分担課題: 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(主に矢野健太郎が担当)

25. Koshimizu S, Nakamura Y, Saito M, Kanno M, Nambara E, Yano K. Update of the omics databases PODC and CatchUP, and introduction of an application CA Plot Viewer. Plant & Animal Genome XXVII, San Diego, CA, USA, 2019. 1.12-16.
26. Ohki S, Senbokuya M, Saito M, Kanno M, Ohyanagi H, Aoki K, Yano K. TOMATOMICS: Integrated web database for omics data and knowledge-based functional annotation in tomato. Plant & Animal Genome XXVII, San Diego, CA, USA, 2019. 1.12-16.
27. Yano K. Plant Omics Databases: Plant Omics Data Center (PODC), CATchUP and TOMATOMICS The 15th Solanaceae Conference, Chiang Mai, Thailand, 2018. 9.3-10.4.
28. Koshimizu S, Hisaoka A, Senbokuya M, Nakamura Y, Saito M, Kanno M, Nambara E, Ohyanagi H, Yano K. Statistical Analyses, Text-Mining and Web Databases for Plant Science. The PAG Asia Conference, Plant Omics Workshop, Conrad Seoul, South Korea, 2018. 5-30-6-1.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

29. Rahman H, Toda E, Kobayashi M, Kudo T, Ohnishi Y, Yano K, Okamoto T. Possible contribution of a paternally expressed AP2-type transcription factor to early zygotic development in rice. Taiwan-Japan 2017 Plant Biology Conference, Taipei, Taiwan, 2017.11.3-6.
30. Kawakatsu Y, Nakayama H, Kaminoyama K, Igarashi K, Yano K, Kubo N, Kimura S. Analysis of leaf shape variation for Japanese traditional leafy vegetables Mizuna and Mibuna (cultivars of *Brassica rapa* subsp. *nipposinica*) by genetic analysis and survey of historical literature. Taiwan-Japan 2017 Plant Biology Conference, Taipei, Taiwan, 2017.11.3-6.
31. Hoshikawa K, Ariizumi T, Fukuda N, Yano K, Aoki K, Kanayama Y, Kubo Y, Ezura H. Development of saturated micro-tom mutant populations. Solcuc2017, Valencia, Spain, 2017.9.3-6.
32. Goto T, Uchida K, Kobayashi M, Takayama M, Yano K, Ariizumi T, Ezura H. Analysis of transcription factors which regulate expression of genes related to gaba accumulation in tomato fruits. Solcuc2017, Valencia, Spain, 2017.9.3-6.
33. Nakamura Y, Kudo T, Kobayashi M, Terashima S, Saito M, Kanno M, Shenton M, Nambara E, Ohyanagi H, Yano K. Web databases for omics data with knowledge-based functional annotations in tomato. Solcuc2017, Valencia, Spain, 2017.9.3-6.
34. Yoshida S, Yurino H, Kobayashi M, Nishimura N, Kanno N, Yano K, Hashimoto S, Kato T, Kato Y. Analysis of the differentiation capacity of adult stem/progenitor cells in the parenchymal-niche of the rodent pituitary gland. International Society for Stem Cell Research, Boston, 2017.6.14-17.
35. Toda E, Kobayashi M, Ohnishi Y, Yano K, Okamoto T. Effects of imbalanced parental genome ratio on zygotic development and possible function of genes expressing in zygotes with paternal allele-specific manner. Cold Spring Harbor Asia Conference on Plant Cell and Developmental Biology, Suzhou, China, 2017.5.22-26.
36. Shichijo M, Takanashi H, Sano Y, Fujimoto M, Kajiya-Kanegae H, Kobayashi M, Yano K, Koshiha T, Tokunaga T, Iwata H, Sakamoto W, Tsutsumi N. GWAS and QTL Analysis of Anthocyanin Pigmentation in Sorghum, PLANT & ANIMAL GENOME XXV, San Diego, US. 2017.1.14-18.
37. Takanashi H, Kajiya-Kanegae H, Ishimori M, Kobayashi M, Yano K, Hijiya R, Ohnishi N, Wacera F, Iwata H, Sakamoto W, Tsutsumi N. Mapping of QTLs Associated with Awn Length in Sorghum Recombinant Inbred Lines, PLANT & ANIMAL GENOME XXV, San Diego, US. 2017.1.14-18.
38. Ishimori M, Yamazaki K, Kajiya-Kanegae H, Fujimoto M, Takanashi H, Minamikawa M, Hori T, Koshiha T, Kobayashi M, Yano K. Tsuyoshi Tokunaga, Nobuhiro Tsutsumi, Toru Fujiwara, Hiroyoshi Iwata, Genomic Prediction of the F1 Performance in Sorghum, PLANT & ANIMAL GENOME XXV, San Diego, US. 2017.1.14-18.
39. Hori T, Takanashi H, Fujimoto M, Kajiya-Kanegae H, Yamazaki K, Hakoyama T,

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- Minamikawa M, Nagano A, Kobayashi M, Sazuka T, Yano K, Tokunaga T, Fujiwara T, Tsutsumi N, Iwata H. Multi-Task Learning for Genomic Prediction Robust .to Missing Data in Multi-Environmental Trials, PLANT & ANIMAL GENOME XXV, San Diego, US. 2017.1.14-18.
40. Kobayashi M, Ohyanagi H, Takanashi H, Asano S, Kudo T, Kajiya-Kanegae H, Nagano A J, Tainaka H, Tokunaga T, Sazuka T, Iwata H, Tsutsumi N, Yano K. Heap: A Highly Sensitive and Accurate SNP Calling Tool with Low-Coverage High-Throughput Sequencing Data, PLANT & ANIMAL GENOME XXV, San Diego, US. 2017.1.14-18.
41. Yano K, Terashima S, Nakamura Y, Kanno M, Saito M, Yokoyama K, Ohyanagi H, Kudo T, Kobayashi M. A GUI Application "CA Plot Viewer": Large-Scale Gene Expression Network Analysis and Web Databases for Crops, PLANT & ANIMAL GENOME XXV, San Diego, US. 2017.1.14-18.
42. Kudo T, Kobayashi M, Terashima S, Katayama M, Saito M, Kanno M, Yokoyama K, Ohyanagi H, Yano K. Prediction of Gene Structures Using Public Sequencing Data of RNA-Seq and cDNA in Solanum lycopersicum, , PLANT & ANIMAL GENOME XXV, San Diego, US. 2017.1.14-18.
43. Nakamura Y, Kudo T, Terashima S, Saito M, Nambara E, Yano K. CATchUP: A Web Database for Spatiotemporally Expressed Genes, PLANT & ANIMAL GENOME XXV, San Diego, US. 2017.1.14-18.
44. 「Omics- and Knowledge-based approaches for the exploration of plant genetic resources.」, East AsiaAgricultural Genome ScientistForum 2016, Haeundae Centum Hotel, Busan, Korea.2016.12.19.
45. Yano K. Omics- and Knowledge-based approaches for the exploration of plant genetic resources. Tront University, Canada.2016.11.1.
46. Shenton M, Ohyanagi H, Kobayashi M, Ohmido N, Copetti D. One other tbc, Masahiro Fujita, Atsushi Toyoda, David Kudrna, Rod Wing, Tomoyuki Takano, Shin Terashima, Hiroshi Ikawa, Kentaro Yano, Asao Fujiyama, Hiroyasu Furuumi, Takahiko Kubo, Ken-Ichi Nonomura, Yutaka Sato, Nori Kurata, Sequencing and assembly of a reference genome for Oryza officinalis reveals widespread expansion, disruption and rearrangement in the Oryza C genome, 14th International Symposium on Rice Functional Genomics.
47. Terashima S, Nakamura Y, Kudo T, Kanno M, Saito M, Asano S, Matsuda-Imai N, Yokoyama K, Kobayashi M, Ohyanagi H, Yano K. Databases PODC and TOMATOMICS: OMICS- and knowledge-based approaches for accurate and rapid identification of novel genes, The 13th Annual Solanaceae Conference.
48. Yano K, Terashima S, Nakamura Y, Kudo T, Kanno M, Saito M, Asano S, Yokoyama K, Kobayashi M, Ohyanagi H. Omics- and Knowledge-based approaches for new advances in the use of valuable genetic resources of crops, Plant & Animal Genome ASIA 2016, Singapore.
49. Yano K, Terashima S, Nakamura Y, Kudo T, Kanno M, Saito M, Asano S, Yokoyama K, Kobayashi M, Ohyanagi H. Plant Omics Data Center: An Integrated Web Repository for Interspecies Gene Expression Networks and Knowledge-based

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- Information on Gene Functions, Plant & Animal Genome ASIA, 2016, Singapore.
50. Yano K. Systems biology for new advances in the use of valuable genetic resources of crops. Institute of Tropical Plant Sciences, National Cheng Kung University, Taiwan, 2016.
 51. Yano K, Terashima S, Nakamura Y, Katayama M, Takaki Y, Onosato K, Takano T, Sasak 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.
 52. 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.
 53. 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.
 54. Kudo T, Sasaki Y, Terashima S, Matsuda N, Takano T, Saito M, Kanno M, 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. International Plant and Animal Genome XXIV, San Diego, CA, USA, 2016. 1. 9-13.
 55. 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.
 56. Kobayashi M, Ohyanagi H, Takanashi H, Nagano A J, 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.
 57. *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.
 58. Matsuda T, Matsushima M, Nabemoto M, Osaka M, Sakazono S, Masuko-Suzuki H, Nakazono M, Takahashi H, Nakazono M, Iwano M, Takayama S, Shimizu K K, Yano K, Suzuki G, Watanabe M, Suwabe K. Comparative Transcriptome Analysis Between Pre- and Post-Pollination in Arabidopsis thaliana. International Plant and

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- Animal Genome XXIII, San Diego, CA, USA, 2015.1.10-14.
59. 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.
60. Nakamuran 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.
61. *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, 2015.1.10-14.
62. *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.
63. *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.
64. *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.
65. *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.
66. *Ohyanagi H, Takano T, Terashima S, Kobayashi M, Kanno M, Morimoto K, 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.
67. *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.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

研究分担課題: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(主に紀藤圭治が担当)

68. *Kito K. A genetic approach toward mass spectrometry-based comprehensive and sensitive quantification of yeast proteome. 17th Human Proteome Organization World Congress, Orland, Florida, USA. 2018.9.30-10-3.
69. Isowa Y, Kito K, Endo K. An Immunological Study of the Shell Matrix Protein ICP-1 in Brachiopods. 8th International Brachiopod Congress, Milan, Italy, 2018.9.11-14.
70. Ishikawa A, Shimizu K, Isowa Y, Takeuchi T, Kito K, Fujie M, Sunamura M, Satoh N, Endo K. A combined proteomic and transcriptomic analysis of shell matrix proteins in the pond snail *Lymnaea stagnalis*. The 5th International Palaeontological Congress (IPC5), Paris, France, 2018.7.9-13.
71. Isowa Y, Sarashina I, Kito K, Oshima K, Hattori M, Kawashima T, Fujie N, Satoh N, Endo K. Proteomic identification and comparative analysis of shell matrix proteins in brachiopods. 14th International Symposium on Biomineralization, Tukuba International Congress Center, 筑波, 2017.10.9-13.
72. 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, Taiwan, 2016.9.18-22.
73. 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.
74. 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.
75. Kito K, Okada M, Kusunoki S, Ishibashi Y. A strategy for large-scale analysis of asymmetric inheritance of old-age proteins at cell division. A strategy for large-scale analysis of asymmetric inheritance of old-age proteins at cell division. Vancouver, Canada, 2015.9.27-30.
76. Kito K, Ito H, Nohara T, Ohnishi M, Takeda D. 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.

研究分担課題: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(主に大鐘潤が担当)

77. *Ohgane J, Arai Y, Takeuchi K, Okazaki N, Yashima S, Nakano K, Umeyama K, Nagashima H. DNA methylation as an epigenetic modifier of the *FBNI* Transcription. In 10th International Research Symposium on Marfan Syndrome and Related Disorders, Amsterdam, 2018.5.3-5.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

国内学会

研究分担課題:「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」に関する研究成果(主に戸村秀明が担当)

78. *武者詩織, 永山純礼, 戸村秀明. 生物種によってプロトンによる TDAG8 の活性化応答は異なる. 第 43 回日本比較内分泌学会大会, 東北大学 青葉山コモンズ, 2018. 11. 9-11.
79. *小島遼太郎, 戸村秀明. マウスゴナドトロフ細胞株 (L β T2) に発現する OGR1 を介した細胞応答解析. 第 43 回日本比較内分泌学会大会, 東北大学 青葉山コモンズ, 2018. 11. 9-11.
80. *村上奨, 戸村秀明. ゼブラフィッシュ OGR1 に対する Ogerin のモジュレータ作用について. 第 43 回日本比較内分泌学会大会, 東北大学 青葉山コモンズ, 2018. 11. 9-11.
81. *武者詩織, 根岸潤, 永山純礼, 持丸雄太, 戸村秀明. 金属イオンによる OGR1, GPR4 を介した応答解析. ConBio2017, 神戸ポートアイランド, 2017. 12. 6-9.
82. *村上奨, 持丸雄太, 東野瑚子, 吉村名央, 戸村秀明. 金属イオンによる OGR1 活性化の差を生む部位の探索. ConBio2017, 神戸ポートアイランド, 2017. 12. 6-9.
83. *持丸雄太, 戸村秀明. OGR1 の金属応答性は生物種間で異なる. 第 32 回日本下垂体研究会学術集会, 鬼怒川グランドホテル, 2017. 8. 2-4.
84. 村上奨, 持丸雄太, 戸村秀明. ACTH 産生細胞株における GPHR の機能解析. 第 32 回日本下垂体研究会学術集会, 鬼怒川グランドホテル, 2017. 8. 2-4
85. *武者詩織, 根岸潤, 永山純礼, 持丸雄太, 戸村秀明. ゼブラフィッシュ OGR1, GPR4 の金属による応答解析. 第 32 回日本下垂体研究会学術集会, 鬼怒川グランドホテル, 2017. 8. 2-4.
86. *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.
87. *鳥海拓也, 持丸雄太, 金子涼, 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.
88. *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.
89. *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.
90. *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.
91. *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.
92. *持丸雄太, 新堂真実, 西田真実, 金子涼, 加藤幸雄, 戸村秀明. プロトン刺激

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- 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.
93. *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 β T2 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)
94. *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 β 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)
95. *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.
96. *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.
97. *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.
98. *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.
99. *佐藤一裕, 一條祐太, 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 β 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.
100. *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.

研究分担課題:「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」に関する研究成果(主に加藤幸雄が担当)

101. 吉田彩舟, 藤原研, 西原大翔, 堀口幸太郎, 加藤たか子, 屋代隆, 加藤幸雄. レチノイン酸シグナルは下垂体特異的転写因子 Prop1 の発現を制御している. 第 45 回神経内分泌学会, 東京・日本医科大学, 2018. 10. 27-28.
102. 堀口幸太郎, 吉田彩舟, 藤原研, 塚田岳大, 長谷川瑠美, 瀧上周, 大迫俊二, 屋代隆, 加藤たか子, 加藤幸雄. ラット上衣細胞における膜タンパク質 CD9 の発現. 第 45 回神経内分泌学会, 東京・日本医科大学, 2018. 10. 27-28. 411.
103. 吉田彩舟, 藤原研, 西原大翔, 堀口幸太郎, 加藤たか子, 屋代隆, 加藤幸雄. 下垂体発生過程における転写因子 Prop1 のレチノイン酸シグナルによる発現制御解析. 第 111 回日本繁殖生物学会大会, 長野県・上田・信州大学繊維学部, 2018. 9. 12-16.
104. 加藤幸雄, 加藤たか子. 異なる起源の細胞が下垂体を構築している. 日本下垂体研究会第 33 回学術集会, 国民宿舎 桂浜荘(高知市), 2018. 8. 17-19.
105. 吉田彩舟, 藤原研, 西原大翔, 堀口幸太郎, 加藤たか子, 屋代隆, 加藤幸雄. 下垂体特異的転写因子 Prop1 の発現はレチノイン酸による制御を受ける. 日本下垂体研究会第 33 回学術集会, 国民宿舎 桂浜荘(高知市), 2018. 8. 17-19.
106. 堀口幸太郎, 吉田彩舟, 中倉敬, 藤原研, 塚田岳大, 長谷川瑠美, 瀧上周, 大迫俊二, 屋代隆, 加藤たか子, 加藤幸雄. 下垂体中葉側 Marginal Cell Layer

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- に存在する SOX2 陽性細胞の解析. 日本下垂体研究会第 33 回学術集会, 国民宿舎 桂浜荘(高知市), 2018. 8. 17-19.
107. 堀口幸太郎, 吉田彩舟, 中倉敬, 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. ラット下垂体前葉に存在する幹・前駆細胞性 S100 β 陽性細胞の単離と分化誘導. 第 91 回日本内分泌学会学術総会, フェニックス・シーガイア・リゾート (宮崎), 2018. 4. 26-28.
 108. 吉田彩舟, 百合野秀朗, 小林正明, 矢野健太郎, 橋本真一, 加藤たか子, 加藤幸雄. 成体下垂体の実質層に存在する幹・前駆細胞ニッチの解析. 第 32 回日本下垂体研究会学術集会, 鬼怒川グランドホテル, 2017. 8. 2-4.
 109. 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, 周瀧, 大迫俊二, 屋代隆, 加藤幸雄. 下垂体前葉の S100 β 陽性細胞が発現する CD 抗原の解析. 第 32 回日本下垂体研究会学術集会, 鬼怒川グランドホテル, 2017. 8. 2-4.
 110. 磯和幸延, 塚田岳大, 吉田彩舟, 舎人勢奈, 紀藤圭治, 堀口幸太郎, 藤原研, 屋代隆, 加藤たか子, 加藤幸雄. マウス下垂体由来の TtT/GF 細胞における TGF β の作用: SILAC 解析法を用いたタンパク質の網羅的な比較定量解析. 第 32 回日本下垂体研究会学術集会, 鬼怒川グランドホテル, 2017. 8. 2-4.
 111. 加藤幸雄, 上春浩貴, 吉田彩舟, 加藤たか子. 下垂体の幹・前駆細胞の多様性. 第 90 回日本内分泌学会学術集会, ロームシアター京都, 2017. 4. 20-22.
 112. 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, 周瀧, 大迫俊二, 屋代隆, 加藤幸雄. 下垂体前葉内濾胞星状細胞の新規マーカーの探索. 第 90 回日本内分泌学会学術集会, ロームシアター京都, 2017. 4. 20-22.
 113. 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.
 114. 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.
 115. 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. TGF β 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.
 116. 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 TGF β 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.
 117. 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.
 118. 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.
 119. 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

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- 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.
120. 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.
121. 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)
122. 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.
123. 佐藤一裕, 根岸潤, 中倉敬, 草田智之, 加藤幸雄, 戸村秀明. ガウシアルシグナール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)
124. 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.
125. 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)
126. 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)
127. 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.
128. 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.
129. 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.
130. 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.
131. 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.
132. 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.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

133. 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.
134. 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)
135. 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.
136. 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.
137. 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.
138. 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.
139. 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 β 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)
140. 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 β 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.
141. 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.
142. 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.
143. 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.
144. 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.
145. 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.
146. 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.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

147. 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)
- 研究分担課題: 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(主に矢野健太郎が担当)**
148. Siriwach R, Matsuzaki J, Saito T, Sato M, Sawada Y, Arita M, Higashide T, Yano K, Yokota Hirai M Y. Anthesis rate prediction of greenhouse tomatoes through metabolomics using Lasso regularized linear regression model. 第 60 回日本植物生理学会, 名古屋大学, 2019. 3. 13-15.
149. Yano K. Introduction -The current status of plant omics databases -第 60 回日本植物生理学会・データベース講習会, 名古屋大学, 2019. 3. 13-15.
150. 越水静, 中村幸乃, 齋藤美沙, 菅野真麻, 南原英司, 矢野健太郎. データベース、PODC および CatchUP の更新情報. 第 60 回日本植物生理学会, 名古屋大学, 2019. 3. 13-15.
151. 越水静, 中村幸乃, 工藤徹, 齋藤美沙, 菅野真麻, 青木考, 南原英司, 矢野健太郎. 植物オミックス情報データベース PODC、TOMATOMICS、CatchUP の情報更新. 日本育種学会・第 134 回講演会, 岡山大学, 2018. 9. 21-24.
152. 坂本莉沙, 藤本優, 高梨秀樹, 鐘ヶ江弘美, 野下浩司, 小林正明, 矢野健太郎, 小童谷利恵, 大西紀和, 堤伸浩, 坂本亘, 岩田 洋佳. Phenomics に適した QTL 解析手法の提案: ソルガム RIL 集団の葉形態を例に. 日本育種学会・第 134 回講演会, 岡山大学, 2018. 9. 21-24.
153. 永田博基, 小野明美, 福田友一, 貴島裕治, 矢野健太郎, 木下哲. イネ胚乳におけるトランスポゾンの発現動態. 第 90 回日本遺伝学会, 奈良先端科学技術大学院大学, 2018. 9. 19-22.
154. 矢野健太郎, 菅野真麻, 齋藤美沙, 越水静, 仙北谷海青, 久岡亜梨亜, 中村幸乃, 小林正明, 工藤徹, MattShenton, 佐藤(早石)綾, 大柳一. オミックス情報と知識情報の整備・融合による解析プラットフォームの開発. 第 1 回植物インフォマティクス研究会, 明治大学, 2018. 9. 10.
155. 齋藤美沙, 菅野真麻, 仕田原容, 矢野健太郎. NLP を用いたトマト *Solanum lycopersicum* 文献におけるテキストマイニング結果の解析. 第 1 回植物インフォマティクス研究会, 明治大学, 2018. 9. 10.
156. 越水静, 中村幸乃, 工藤徹, 齋藤美沙, 菅野真麻, 青木考, 南原英司, 矢野健太郎. 植物オミックス情報データベース PODC、TOMATOMICS、CatchUP の情報更新. 第 1 回植物インフォマティクス研究会, 明治大学, 2018. 9. 10.
157. 菅野真麻, 齋藤美沙, 仕田原容, 矢野健太郎. 自然言語処理とマニュアル・キュレーションの併用による高信頼度機能アノテーションの作成. 第 1 回植物インフォマティクス研究会, 明治大学, 2018. 9. 10.
158. 永田博基, 小野明美, 福田友一, 貴島祐治, 矢野健太郎, 木下哲. イネ胚乳におけるトランスポゾンのトランスクリプトーム解析. 第 1 回植物インフォマティクス研究会, 明治大学, 2018. 9. 10.
159. 越水静, 中村幸乃, 工藤徹, 齋藤美沙, 菅野真麻, 青木考, 南原英司, 矢野健太郎. 植物オミックス情報データベース PODC. 第 36 回日本植物細胞分子生物学会(金沢)大会, 金沢商工会議所会館・石川県文教会館, 2018. 8. 26-28.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

160. 星川健, 伊藤直子, 有泉亨, 福田直也, 久保康隆, 金山喜則, 矢野健太郎, 青木考, 江面浩. トマトモデル品種マイクロトムを基盤としたリソース整備. 第36回日本植物細胞分子生物学会(金沢)大会, 金沢商工会議所会館・石川県文教会館, 2018.8.26-28.
161. 永田博基, 小野明美, 福田友一, 貴島祐治, 矢野健太郎, 木下哲. イネ胚乳におけるトランスポゾンの発現ダイナミクス. 第12回日本エピジェネティクス研究会年会, 北海道立道民活動センター, 2018.5.24-25.
162. Rahman H, Toda E, Kobayashi M, Kudo T, Ohnishi Y, Yano K, Okamoto T. "Paternally expressed 「AP2-type transcription factor, OsASGR-BBML1, possibly contribute to early zygotic development in rice」. 第59回日本植物生理学会年会, 札幌コンベンションセンター, 2018.3.28-29.
163. Hisaoka A, Nakamura Y, Kanno M, Saito M, Matthew S, Kudo T, Ohyanagi H, Yano K. Plant Omics Databases: Plant Omics Data Center (PODC) and TOMATOMICS. 第59回日本植物生理学会年会, 札幌コンベンションセンター, 2018.3.28-29.
164. 川勝弥一, 坂本智昭, 中山北斗, 上ノ山華織, 五十嵐香理, 矢野健太郎, 久保中央, 木村成介. ミズナとミブナ (Brassica rapa) に見られる葉形変異の遺伝学的背景と育種の歴史の解明. 第59回日本植物生理学会年会, 札幌コンベンションセンター, 2018.3.28-29.
165. 坂本莉沙, 鐘ヶ江弘美, 野下浩司, 石森元幸, 小林正明, 藤本優, 高梨秀, 永野惇, 佐塚隆志, 矢野健太郎, 徳永毅, 堤伸浩, 岩田洋佳. 輪郭形状のゲノミック予測のための定量化手法の比較. 日本育種学会・第133回講演会, 九州大学, 2018.3.24-26.
166. 三輪幸哉, 七条光年, 高梨秀樹, 藤本優, 鐘ヶ江弘美, 石森元幸, 矢野健太郎, 山崎清志, 藤原徹, 米田淳一, 徳永毅, 石綱史子, 小童谷利恵, 大西紀和, 坂本亘, 岩田洋佳, 堤伸浩. ソルガム毛状突起の先端構造に関する遺伝子座の探索. 日本育種学会・第133回講演会, 2018.3.24-26, 九州大学
167. 西村明日香, 七条光年, 三輪幸哉, 高梨秀樹, 藤本優, 鐘ヶ江弘美, 小林正明, 矢野健太郎, 小柴太一, 徳永毅, 岩田洋佳, 坂本亘, 堤伸浩. ソルガム未熟胚の培養応答性に関する GWA 解析および QTL 解析. 日本育種学会・第133回講演会. 2018.3.24-26, 九州大学
168. 三輪幸哉, 七条光年, 高梨秀樹, 藤本優, 鐘ヶ江弘美, 石森元幸, 小林正明, 矢野健太郎, 山崎清志, 藤原徹, 米田淳一, 徳永毅, 小童谷利恵, 大西紀和, 坂本亘, 岩田洋佳, 堤伸浩. ソルガム苞穎毛の先端構造に関する遺伝子座の探索. 日本育種学会・第132回講演会, 岩手大学, 2017.10.7-8.
169. 坂本莉沙, 藤本優, 高梨秀樹, 鐘ヶ江弘美, 野下浩司, 小林正明, 矢野健太郎, 七条光年, 小童谷利恵, 大西紀和, 堤伸浩, 坂本亘, 岩田. QTL 解析に価値ある画像解析: ソルガム RIL 集団の葉形態を例に. 日本育種学会・第132回講演会, 岩手大学, 2017.10.7-8.
170. 中村幸乃, 小林正明, 西谷千佳子, 山本俊哉, 矢野健太郎. ニホンナシ網羅的トランスクリプトーム配列決定と Web データベースの構築. 日本育種学会・第132回講演会, 岩手大学, 2017.10.7-8.
171. 工藤徹, 小林正明, 中村幸乃, 齋藤美沙, 菅野真麻, 青木考, 矢野健太郎. Web データベース TOMATOMICS、PODC、CatchUP、PlantExpress のアップデート. 日

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- 本育種学会・第 132 回講演会, 岩手大学, 2017. 10. 7-8.
172. 山内卓樹, 高梨秀樹, 藤本優, 鐘ヶ江弘美, 石森元幸, 小林正明, 矢野健太郎, 小童谷利恵, 大西紀和, 岩田洋佳, 坂本亘, 堤伸浩. ソルガム RIL 集団を用いた塩・浸透圧ストレス耐性に関する QTL 解析. 日本育種学会・第 132 回講演会, 岩手大学, 2017. 10. 7-8.
173. 岩見百華, 戸田絵梨佳, 小林正明, 高原美嶺, 大西由之佑, 関本弘之, 矢野健太郎, 岡本龍史. イネ受精卵初期発生における父性鍵因子の探索および解析. 日本植物学会第 81 回大会, 東京理科大学, 2017. 9. 8-10.
174. 川勝弥一, 中山北斗, 上ノ山華織, 五十嵐香理, 矢野健太郎, 久保中央, 木村成介. ミズナとミブナ (*Brassica rapa*) に見られる葉形変異の遺伝学的背景と育種の歴史の解明. 日本植物学会第 81 回大会, 東京理科大学, 2017. 9. 8-10.
175. 松田(今井)典子, 川本宗孝, 國生龍平, 勝間進, 矢野健太郎. 対応分析法を用いたバキュロウイルス感染カイコのトランスクリプトーム解析. 第 76 回昆虫病理研究会, 東京大学, 2017. 9. 8-10.
176. 中村幸乃, 工藤徹, 寺島伸, 齋藤美沙, 南原英司, 矢野健太郎. 時空間特異的発現遺伝子の網羅的探索および Web データベース・CATchUP の構築. 第 35 回日本植物細胞分子生物学会(さいたま)大会, 大宮ソニックシティー, 2017. 8-29-31.
177. 星川健, 有泉亨, 福田直也, 久保康隆, 金山喜則, 矢野健太郎, 青木考, 江面浩. トマトモデル品種マイクロトムリソース整備の成果. 第 35 回日本植物細胞分子生物学会(さいたま)大会, 大宮ソニックシティー, 2017. 8. 29-31.
178. 工藤徹, 寺島伸, 齋藤美沙, 菅野真麻, 矢野健太郎. PlantExpress: 植物のマイクロアレイデータを用いた遺伝子発現ネットワークの種間比較解析のための Web データベース・解析ツール. 第 35 回日本植物細胞分子生物学会(さいたま)大会, 大宮ソニックシティー, 2017. 8. 29-31.
179. 鐘ヶ江弘美, 高師知紀, 高梨秀樹, 藤本優, 石森元幸, 山崎清志, 小柴太一, 小林正明, 永野惇, 矢野健太郎, 佐塚隆志, 藤原徹, 徳永毅, 堤伸浩, 岩田洋佳. n RAD-Seq のデータを最大限に活かすには? ~ 欠測の補完と遺伝子型修正. NGS 現場の会第五回研究会, 仙台国際センター, 2017. 5. 22-24.
180. 吉田彩舟, 小林正明, 百合野秀朗, 西原大翔, 上春浩貴, 菅野尚子, 矢野健太郎, 橋本真一, 加藤たか子, 加藤幸雄. 成体下垂体前葉から単離した幹細胞ニッチを用いた分化誘導と制御因子の探索. 第 90 回日本内分泌学会学術総会, ロームシアター京都, 2017. 4. 20.
181. 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.
182. Toru Kudo, Masaaki Kobayashi, Shin Terashima, Minami Katayama, Maasa Kanno, Misa Saito, Koji Yokoyama, Hajime Ohyanagi, Koh Aoki, Kentaro Yano. TOMATOMICS: A Web Database for Integrated Omics Information in Tomato, 第 13 回日本ナス科コンソシアム年会, 国際基督教大学, 2016. 11. 25.
183. Koh Aoki, Nobuaki Chiba, Hideki Hirakawa, Kenta Shirasawa, Hideki Nagasaki, Sachiko Isobe, Kentaro Yano, Yasutaka Kubo, Yoshinori Kanayama, Ken Hoshikawa, Tohru Ariizumi, Hiroshi Ezura. NBRP Tomato DNA resources:

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- update and application of Micro-Tom genome information, 第13回日本ナス科コンソシアム年会, 国際基督教大学, 2016. 11. 25.
184. 上野真義, 中村幸乃, 小林正明, 寺島伸, 石塚航, 内山憲太郎, 津村義彦, 矢野健太郎, 後藤晋. TodoFirGene: トドマツのトランスクリプトームデータベースの構築, 森林遺伝育種学会第5回大会, 東京大学, 2016. 11. 11.
185. 岩田 洋佳, 石森 元幸, エリタイプ アミン, 鐘ヶ江 弘美, 高梨 秀樹, 藤本 優, 服部 智宏, 南川 舞, 米田 淳一, 小柴 太一, 永野 惇, 小林 正明, 矢野 健太郎, 佐塚 隆志, 徳永 毅, 堤 伸浩. ゲノム領域間の関係行列の異質性を考慮したマルチカーネル学習に基づくゲノミック予測モデル, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016. 9. 24-25.
186. 服部 智宏, 石森 元幸, 鐘ヶ江 弘美, 高梨 秀樹, 藤本 優, 南川 舞, 小柴 太一, 小林 正明, 永野 惇, 矢野 健太郎, 徳永 毅, 堤 伸浩, 岩田 洋佳. メキシコおよび福島におけるソルガム栽培試験データを用いたゲノミックセレクションの精度評価, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016. 9. 24-25.
187. 石森 元幸, 山崎 清志, 鐘ヶ江 弘美, 高梨 秀樹, 藤本 優, 小柴 太一, 小林 正明, 矢野 健太郎, 徳永 毅, 堤 伸浩, 藤原 徹, 岩田 洋佳. ゲノムワイドマーカーを用いたソルガム F1 バイオマスの予測について, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016. 9. 24-25.
188. 高梨 秀樹, 鐘ヶ江 弘美, 石森 元幸, 小林 正明, 矢野 健太郎, 小童谷 利恵 4, 大西 紀和, Wacera Fiona, 岩田 洋佳, 堤 伸浩. ソルガム RIL 集団を用いた芒長に関する QTL 解析 II, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016. 9. 24-25.
189. 鐘ヶ江 弘美, 高師 知紀, 高梨 秀樹, 藤本 優, 石森 元幸, 山崎 清志, 小柴 太一, 小林 正明, 永野 惇, 矢野 健太郎, 佐塚 隆志, 藤原 徹, 徳永 毅, 堤 伸浩, 岩田 洋佳. RAD-Seq を用いた分離集団のジェノタイピングパイプラインの構築と QTL 解析・ゲノミックセレクションへの利用, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016. 9. 24-25.
190. Fiona Wahinya, 小童谷 利恵, 鐘ヶ江 弘美, 高梨 秀樹, 藤本 優, 石森 元幸, 小林 正明, 矢野 健太郎, 大西 紀和, 岩田 洋佳, 草場 信, 堤 伸浩, 坂本 亘. ソルガムの RIL 系統を用いたステイグリーン形質の QTL 解析, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016. 9. 24-25.
191. 佐野 悠樹, 藤本 優, 高梨 秀樹, 鐘ヶ江 弘美, 小林 正明, 矢野 健太郎, 小柴 太一, 徳永 毅, 岩田 洋佳, 草場 信, 坂本 亘, 堤 伸浩. ソルガムの穂の形態に関する QTL 解析, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016. 9. 24-25.
192. 七条 光年, 高梨 秀樹, 佐野 悠樹, 藤本 優, 鐘ヶ江 弘美, 小林 正明, 矢野 健太郎, 小柴 太一, 徳永 毅, 岩田 洋佳, 坂本 亘, 堤 伸浩. ソルガムにおけるアントシアニン着色の GWA 解析・QTL 解析, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016. 9. 24-25.
193. 中村 幸乃, 工藤 徹, 寺島 伸, 齋藤 美沙, 松田 典子, 菅野 真麻, 浅野 さとみ, 矢野 健太郎. Web データベース・CATchUP に搭載された時空間特異的発現遺伝子の解析事例と種間比較, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016. 9. 24-25.
194. 工藤 徹, 片山 南, 寺島 伸, 小林 正明, 齋藤 美沙, 菅野 真麻, 浅野 さとみ, 青木 考, 矢野 健太郎. トマト・オミックス統合データベース TOMATOMICS :

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- オミックス情報の更新, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016. 9. 24-25.
195. 小林 正明, 中村 幸乃, 西谷 千佳子, 横山 幸治, 大柳 一, 山本 俊哉, 矢野 健太郎. ニホンナシにおける網羅的なトランスクリプトーム配列決定, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016. 9. 24-25.
196. 川勝弥一, 中山北斗, 上ノ山華織, 五十嵐香理, 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, 日本植物学会・第 80 回大会, 沖縄コンベンションセンター, 2016. 9. 16-19.
197. 川勝弥一, 中山北斗, 上ノ山華織, 五十嵐香理, 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, 日本植物形態学会・第 28 回大会, 琉球大学, 2016. 9. 15.
198. 寺島 伸, 工藤 徹, 齋藤 美沙, 菅野 真麻, 松田 典子, 浅野 さとみ, 横山 幸治, 小林 正明, 大柳 一, 矢野 健太郎. Plant Omics Data Center: 複数植物種の遺伝子発現ネットワークと遺伝子機能に関する知識情報を格納した Web データベース, 第 34 回日本植物細胞分子生物学会 (上田) 大会, 信州大学, 2016. 9. 1-3.
199. 工藤 徹, 片山 南, 寺島 伸, 齋藤 美沙, 菅野 真麻, 小林 正明, 浅野 さとみ, 青木 考, 矢野 健太郎. トマト・オミックス・データベース TOMATOMICS: 機能強化と情報更新, 第 34 回日本植物細胞分子生物学会 (上田) 大会, 信州大学, 2016. 9. 1-3.
200. 中村 幸乃, 工藤 徹, 寺島 伸, 齋藤 美沙, 松田 典子, 菅野 真麻, 浅野 さとみ, 矢野 健太郎. CATchUP: 時空間特異的発現遺伝子の網羅的探索とデータベース構築, 第 34 回日本植物細胞分子生物学会 (上田) 大会, 信州大学 2016. 9. 1-3.
201. 小林 正明, 中村 幸乃, 西谷 千佳子, 山本 俊哉, 矢野 健太郎. ニホンナシの網羅的なトランスクリプトーム配列決定, 第 34 回日本植物細胞分子生物学会 (上田) 大会, 信州大学 2016. 9. 1-3.
202. 七条光年, 高梨秀樹, 佐野悠樹, 藤本優, 鐘ヶ江弘美, 小林正明, 矢野健太郎, 小柴太一, 徳永毅, 岩田洋佳, 坂本亘, 堤伸浩. ソルガムにおけるアントシアニン着色の GWA 解析・QTL 解析, イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ 2016, 名古屋大学, 2016. 7. 4-5.
203. 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: 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.
204. 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.
205. 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.
206. 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,

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- 第 58 回シンポジウム, 横浜市立大学, 2016. 3. 21-22.
207. 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
208. 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.
209. 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.
210. 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.
211. 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.
212. 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.
213. 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.
214. 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.
215. 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.
216. 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.
217. 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.
218. 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

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- 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.
219. 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.
220. 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.
221. 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.
222. 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.
223. 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 127 回講演会, 玉川大学, 2015. 3-20-22.
224. 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.
225. 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.
226. 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.
227. 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.
228. 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

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- 例. 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015. 3-20-22.
229. 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.
230. 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, 安益公一朗, 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.
231. 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.
232. 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ピ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.
233. 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・第 56 回年会, 東京農業大学, 2015. 3. 16-18.
234. 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. 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.
235. 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.
236. 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.
237. 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, 正夫 渡, 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

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- 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.
238. 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 GeneExpression Networks. 日本植物生理学会・第 56 回年会, 東京農業大学, 2015. 3. 16-18.
239. 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.
240. 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.
241. 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, 安益公一朗, 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.
242. 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, 安益公一朗, 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.
243. 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, 安益公一朗, 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.
244. 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.
245. 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.
246. 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.
247. 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

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- 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.
248. 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
249. 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.
250. 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.
251. 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.
252. 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.
253. 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, , 2014. 8. 21-22.
254. 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, アイーナ・岩手, 2014. 8. 21-22.
255. 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 アイーナ・岩手, 2014. 8. 21-22.
256. 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.
- 研究分担課題: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(主に紀藤圭治が担当)**
257. 田口広和, 紀藤圭治. 出芽酵母における機能グループごとのタンパク質発現量とその細胞増殖能への影響. 第 41 回日本分子生物学会年会, 2018. 11. 28-30.
258. 野谷大樹, 岡田充弘, 紀藤圭治. 出芽酵母におけるタンパク質不均等分配の包括的解析. 第 41 回日本分子生物学会年会, 2018. 11. 28-30.
259. 岩川織奈, 嶋倉邦嘉, 紀藤圭治, 大迫一史. 黒瀬光一オオグソクムシ トロポ

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- ミオシンの潜在的アレルギー性と cDNA クローニング. 第 41 回日本分子生物学会年会, パシフィコ横浜, 2018. 11. 28-30.
260. 磯和幸延, 澤田均, 紀藤圭治, 遠藤一佳. 腕足動物における殻体タンパク質 ICP-1 の免疫学的研究. 第 13 回バイオミネラルリゼーションワークショップ, 千葉県, 東京大学大気海洋研 2 階講堂, 2018. 11. 9-10.
261. 紀藤圭治. タグペプチドを用いたプロテオーム解析最適化酵母の作製. 酵母遺伝学フォーラム第 51 回研究報告会, 九州大学医学部百年講堂, 2018. 9. 10-12.
262. 田口広和, 紀藤圭治. 異なる炭素源におけるタンパク質発現量の変化とその細胞増殖能への影響. 酵母遺伝学フォーラム第 51 回研究報告会, 九州大学医学部百年講堂, 2018. 9. 10-12.
263. 野谷大樹, 岡田充弘, 紀藤圭治. 出芽酵母の *sir2* 欠損株と野生株におけるタンパク質不均等分配の比較解析. 酵母遺伝学フォーラム第 51 回研究報告会, 九州大学医学部百年講堂, 2018. 9. 10-12.
264. 紀藤圭治. 様々な技術融合によるプロテオームの量的および質的解析手法. 日本プロテオーム学会 2018 年大会 (MSP2018), ホテル阪急エキスポパーク, 2018. 5. 15-18.
265. 田口広和, 寺川瑛, 紀藤圭治. 異なる炭素源におけるタンパク質発現量の変化とその細胞増殖能への影響. 日本プロテオーム学会 2018 年大会 (MSP2018), ホテル阪急エキスポパーク, 2018. 5. 15-18.
266. 野谷大樹, 岡田充弘, 紀藤圭治. 出芽酵母の短寿命株と野生株におけるタンパク質不均等分配の比較解析. 日本プロテオーム学会 2018 年大会 (MSP2018), ホテル阪急エキスポパーク, 2018. 5. 15-18.
267. Matsui S, Nakashima M, Koizumi H, Kito K, Desaki Y, Shibuya N, Kaku H. Ubiquitination of Arabidopsis chitin elicitor receptor kinase CERK1. 第 59 回日本植物生理学会年会, 札幌コンベンションセンター, 2018. 3. 28-30.
268. 磯和幸延, 紀藤圭治, 遠藤一佳. 腕足動物における殻体タンパク質 ICP-1 の免疫学的研究. 日本古生物学会第 167 回例会, 愛媛大学, 城北キャンパス, 2018. 2. 2-4.
269. 杉山知史, 紀藤圭治, 岡田光弘, 楠竣太, 谷車亮, 野谷大樹, 六本木智裕. 出芽酵母におけるタンパク質不均等分配とその分裂寿命への影響. 第 40 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2017. 12. 6-9.
270. 磯和幸延, 更科功, 紀藤圭治, 大島健志朗, 服部正平, 川島武士, 藤江学, 佐藤, 矩行, 遠藤一佳. 腕足動物における殻体タンパク質のプロテオーム解析. 第 40 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2017. 12. 6-9.
271. 塚田岳大, 磯和幸延, 吉田彩舟, 舎人勢奈, 紀藤圭治, 堀口幸太郎, 藤原研, 屋代隆, 加藤たか子, 加藤幸雄. TtT/GF 細胞における TGF β の作用: SILAC を用いた網羅的プロテオーム解析. 第 44 回日本神経内分泌学会学術集会, 札幌コンベンションセンター, 2017. 10. 21-22.
272. 磯和幸延, 塚田岳大, 吉田彩舟, 舎人勢奈, 紀藤圭治, 堀口幸太郎, 藤原研, 屋代隆, 加藤たか子, 加藤幸雄. マウス下垂体由来の TtT/GF 細胞における TGF β の作用: SILAC 解析法を用いたタンパク質の網羅的な比較定量解析. 第 32 回日本下垂体研究会学術集会, 鬼怒川グランドホテル, 2017. 8. 2-4.
273. 出崎能丈, 小泉春樹, 松井紗樹, 鈴木丸陽, 三浦駿希, 石橋裕子, 紀藤圭治,

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- 渋谷直人, 賀来華江. ユビキチンリガーゼ PUB4 は CERK1 によるリン酸化修飾を受けて活性化する. 平成 29 年度日本植物病理学会大会, マイオス, アイーナいわて, 2017. 4. 26-28.
274. 日本プロテオーム学会 2017 年大会. シンポジウム「Basic Biology 1 (non-mammal)». オーガナイザー: 農業・食品産業技術総合研究機構・小松 節子, 明治大学・紀藤圭治. ホテル阪急エキスポパーク, 2017. 7. 26-28.
275. 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.
276. 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.
277. 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.
278. 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.
279. 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.
280. 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.
281. 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.
282. 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.
283. 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.
284. 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. 日本遺伝学会第 88 回大会 (招待講演), 静岡県, 日本大学, 2016. 9. 7-9.
285. 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.
286. 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

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- 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.
287. 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，シーパル須磨，2016. 8. 10-12.
288. 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.
289. 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.
290. 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.
291. 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.
292. 須藤健吉，鈴木丸陽，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.
293. 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.
294. 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.
295. 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.
296. 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.
297. 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.
298. 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.

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

299. 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.
300. 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.
301. 古澤和俊, 武田大祐, 伊藤遼, 大西美帆子, 野原健弘, 佐賀証孝, 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.
302. 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.
303. 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.
304. 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.
305. 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.
- 研究分担課題: 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(主に大鐘潤が担当)**
306. *新井良和, 梅山一大, 岡崎なつみ, 隠地健斗, 福川斐昭, 高澤健, 西野光一郎, 長嶋比呂志, 大鐘潤. アリルごとの DNA メチル化に着目したハプロ不全優性遺伝病の発症機序解明に向けた新たな試み: ブタフィブリリン 1 (FBN1) を例として. 第 111 回 日本繁殖生物学会, 信州大学 上田キャンパス, 2018. 9. 12-16.
307. *隠地健斗, 新井良和, 長嶋比呂志, 大鐘潤. DNA メチル化によるブタ MSTN 遺伝子の組織特異的発現調節機構の解析. 第 124 回 日本畜産学会, 東京大学 農学部, 2017. 3. 27-30.
308. 茂田遼平, 新井良和, 松成ひとみ, 長嶋比呂志, 大鐘潤. ブタにおける OTC 欠損症原因遺伝子のエピジェネティック解析. 第 124 回 日本畜産学会, 東京大学 農学部, 2017. 3. 27-30.
309. 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.
310. *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.
311. *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

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

- 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.
312. *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.
313. *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.
314. *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.
315. 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.
316. *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.
317. 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.

招待講演等

318. Kudo T, Nakamura Y, Kobayashi M, Yano K. Current status of bio-databases for plant and Solanaceae research. 第 14 回日本ナス科コンソーシアム年会, 日本大学生物資源科学部, 2017. 9. 12-13.
319. Yano K. Lage-Scale Analyses for Genome, Transcriptome and Knowledgeome in Plant Science. The PAG Asia Conference, Gene Mapping by Segregation Workshop, Conrad Seoul, South Korea, 2017. 5. 29-31.

<研究成果の公開状況>(上記以外)

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

<既に実施しているもの>

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/>)
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」

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

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 能丈(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. シンポジウム講演

中村幸乃, 工藤徹, 小林正明, 有泉亨, 櫻井哲也, 中村保一, 矢野健太郎. 第58回日本植物生理学会年会シンポジウム, 「NGS 解析相談会」, 鹿児島大学, 2017.3.16-18

3. 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)

4. 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現制御 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:「細胞内でタンパク質の発現限界を決める要素はなにか?」

2015年6月22日

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:「生殖細胞:イツ・ア・スモールワールド! ?」

2015年11月27日

松居靖久先生(東北大学加齢医学研究所教授)

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

平成 29 年度(2017 年度)

「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 先生

5. 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 日

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 日

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 日

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 日

塚田 岳大 先生、東邦大学・理学部・生物分子科学科・講師

平成 29 年度(2017 年度)

第 1 回ワークショップ「下垂体株化細胞の分化誘導とその解析法」 2017 年 5 月 19 日

塚田 岳大 先生、東邦大学・理学部・生物分子科学科・講師

平成 29 年度(2017 年度)

細胞分化誘導に関するの実技講習(2-3回)

6. 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)。

平成 30 年度(2018 年度)

研究室の成果を、研究室のホームページを通じて本平成 26 年度(2014 年度)私立大学戦略的研究基盤形成支援事業」の成果を含めて更新の準備をした。

<これから実施する予定のもの>

<研究期間終了後の展望>の項で述べられた各研究の展開を図るとともに、その研究成果を学術論文、学会発表、シンポジウム等を利用して最大限に公表していく予定である。また本研究の班員は明治大学内に設置されている特定課題研究所:内分泌研究所に所属している。上記研究の展開に関してもこれら異なる分野を専門とするメンバー間で協力し、本生命科学 Research Hub のさらなる飛躍をはかる。また本研究の共同研究者や、外部に研究職を得た 5 名の若手研究者たちとも連携し研究を進めていく予定である。

14 その他の研究成果等

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

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
日本プロテオーム学会 2017 年大会. シンポジウム「Basic Biology 1 (non-mammal)」.
2017 年 7 月

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

15 「選定時」及び「中間評価時」に付された留意事項及び対応

<「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

<「中間評価時」に付された留意事項>

なし

<「中間評価時」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 担 負	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	13,595	9,834	21,805			
平成29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, (国研)理化学研究所 科研費:4件 11,400千円
	装置	0						
	設備	0						
	研究費	48,060	11,413	8,857	27,790			
平成30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, (国研)理化学研究所 科研費:3件 10,300千円
	装置	0						
	設備	0						
	研究費	54,388	11,638	8,324	34,426			
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	223,385	67,036	41,667	0	114,682	0	
総 計	261,382	81,527	65,173	0	114,682	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)							
レーザーマイクロダイセクションシステム	平成26年	LMD7000-3	1	1020	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	765	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	26700	h	7,499	4,999 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	2550	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	1020	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	15300	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	積算内訳		
小科目	支出額	主な用途	金額	主な内容
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	インビトロシェーカー, リボヌクレアーゼ, カスタムDNA
光熱水費	0		0	
通信運搬費	0		0	
印刷製本費	97		97	研究論文印刷製本費
旅費交通費	1,049	交通費・宿泊費・日当	1,049	海外学会(ベルギー), 国内学会(北海道, 栃木)
報酬・委託料	199	支払手数料	199	論文掲載, 英文校閲, 講演謝金
()				
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	時給 1,000円, 年間時間数 912時間 実人数 3人
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	ワークステーション, EM2210B3シリーズ
図書	0		0	
計	2,261		2,261	
研 究 ス タ ッ プ 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	学内1人
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	学内3人
計	5,466		5,466	学内4人

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

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 プ 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
計	14,236	修繕費	23
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 プ 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		4,298

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411021

年 度	平成 29 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	12,816	試薬, 実験器具, 研究用品	12,816
光 熱 水 費	0		0
通 信 運 搬 費	0	運搬費	0
印 刷 製 本 費	10	印刷製本費	10
旅 費 交 通 費	1,564	交通費・宿泊費・日当	1,564
報 酬 ・ 委 託 料	1,105	支払手数料, 業務委託費	1,105
()	0		0
計	15,495		15,495
ア ル バ イ ト 関 係 支 出			
人 件 費 支 出	1,272	アルバイト	1,272
(兼 務 職 員)			
教育研究経費支出	0		0
計	1,272		1,272
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	2,374	教育研究用機器	2,374
図 書			
計	2,374		2,374
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	276	ポスト・ドクター	276
研究支援推進経費	853	研究支援者・研究推進員	853
計	1,129		1,129

年 度	平成 30 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	10,610	試薬, 実験器具, 研究用品	10,610
光 熱 水 費	0		0
通 信 運 搬 費	21	運搬費	21
印 刷 製 本 費	91	印刷製本費	91
旅 費 交 通 費	2,319	交通費・宿泊費・日当	2,319
報 酬 ・ 委 託 料	1,521	支払手数料, 業務委託費	1,521
()			
計	14,562		14,562
ア ル バ イ ト 関 係 支 出			
人 件 費 支 出	2,487	アルバイト	2,487
(兼 務 職 員)			
教育研究経費支出	0		0
計	2,487		2,487
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	2,032	教育研究用機器	2,032
図 書			
計	2,032		2,032
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	0	ポスト・ドクター	0
研究支援推進経費	881	研究支援者・研究推進員	881
計	881		881