

## 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

分担者：矢野 健太郎

### 成果の概要

本実施項目では、バイオインフォマティクス手法に基づく網羅的なシステムズバイオロジー解析を展開し、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を行った。矢野らがこれまでに開発した大規模トランスクリプトーム解析手法を応用し、ラットの遺伝子発現ネットワーク構築を実施した。そのために、NCBI から発現遺伝子に関するデータセットを取得し、参照配列にマッピングすることにより発現量を得た。そして、発現プロファイルが類似する遺伝子群を探索した上で、機能アノテーション情報をオントロジーにより付与したネットワーク情報を整備することによって、生体組織形成に関わる遺伝子探索の加速化に資するオミックス情報基盤を確立した。次いで、オミックス情報を統合・俯瞰するためのゲノムブラウザを構築した。

各遺伝子に機能アノテーション情報を付与し、多面的な遺伝子探索を可能とした。これらには、Gene Ontology, KEGG 代謝パスウェイ、BLAST アノテーション、InterProScan、文献テキスト情報に対するテキストマイニング（自然言語処理）結果が含まれる。以上のマルチ・オミックス情報をデータベース化し、下垂体・ドラフト知識情報データベース Pituitary NLP Search として構築した。今後、さらに、複合オミックス統合解析を導入することにより、より高精度な知識情報取

得が期待できる。

## 研究成果

### 1. 生殖内分泌系のオミックス解析

オミックス情報の蓄積により、バイオインフォマティクス手法に基づく大規模な網羅的解析が可能となっている。これらのオミックス情報には、ゲノムやトランスクリプトーム、メタボロームなどの個々のオミックス要素の情報が含まれる。大規模なオミックス情報を活用することにより、形質や環境応答などに関連するオミックス因子（遺伝子や代謝経路など）を網羅的・効率的・迅速に探索できる。さらに、ゲノムやトランスクリプトームなど複数の異なるオミックス要素を統合解析するシステムズ・バイオロジーでは、形質などに関わる個々のオミックス因子を抽出するだけでなく、オミックス要素・因子間の相互作用の解明も実現する。そのため、オミックス情報解析を基盤としたアプローチは、遺伝子機能の解明などを目的とする基礎研究だけではなく、医学などの応用研究・高度利用化に至る多くの科学・産業の発展をもたらす。

解析に用いるオミックス情報の大規模化によって、遺伝子探索などの網羅的な解析が可能となる一方で、要求される計算機リソースの増大といった課題も存在する。また、複数のオミックス情報や解析手法を併用した多角的な解析が重要となってくる。ここでは、当プロジェクトで用いた効率的な大規模オミックス情報解析手法について述べる。

### 遺伝子発現情報解析

マイクロアレイや高速シーケンサーから得られる遺伝子発現情報は、行列形式で表される。遺伝子発現行列には、各行に遺伝子、各列に実験条件（処理区、反復など）を配置し、各要素には遺伝子発現量を記載する。たとえば、30,000 遺伝子×1,000 実験条件の遺伝子発現行列に対して、個々の遺伝子の状態（発現パターン）は1,000 個の発現量を要素にもつベクトル形式で記述できる（次元数 1,000）。

遺伝子発現行列に対する解析では、階層的クラスタリング手法（HCL）が広く用いられている。HCL では、遺伝子群とサンプル群のそれぞれに対して、発現パターンの類似性に基づく分類（クラスタリング）を行う。遺伝子間やサンプル間の発現パターンの類似性は、デンドログラム（ツリー描画）によって簡便に把握できる。これら遺伝子群・サンプル群のデンドログラムに遺伝子の発現量を示すヒートマップを配置し、解析結果を視覚化する（図 1）

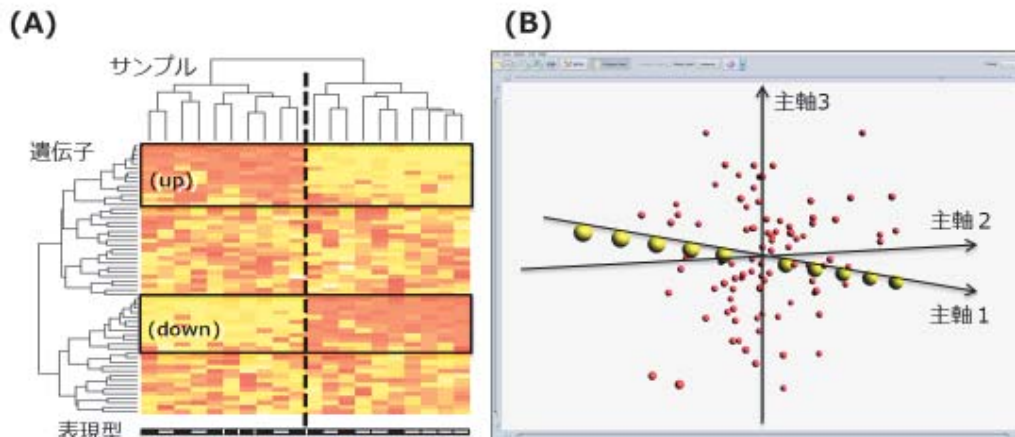


図1. 遺伝子発現データ解析と結果の視覚化。(A) 階層的クラスタリングによって得られるヒートマップとデンドログラムの模式図。遺伝子とサンプルは、遺伝子発現パターンの類似性によってクラスター化される(デンドログラム)。ヒートマップの各セルの色の濃淡が、対応する遺伝子とサンプルにおける発現量を表す。デンドログラムとヒートマップを組み合わせることで、実験条件に応じて発現量が増加する遺伝子群を探索できる(図中のupおよびdownと記した領域)。また、他の情報(表現型値など)を併記することにより、クラスター分類や遺伝子探索の妥当性を評価できる。例では、サンプル(個体)の表現型を2色(白・黒)で表す。(B) 対応分析による遺伝子発現行列の解析結果。遺伝子発現プロファイルを、より少ない次元数をもつ空間に要約できる。遺伝子やサンプルには座標値が与えられ、主軸1～主軸3などの任意の3次元を用いることで3Dビューワーによる視覚化(プロット図)ができる。図中のプロットは遺伝子を表す。直線上に並ぶ遺伝子群(大きなプロット)は発現プロファイルが次第に変化する遺伝子群である。

さらに、表現型値など他の情報を付加することにより、発現パターンの類似性に基づくサンプル(個体)分類が個体間の表現型値の差異を説明し得るか検討できる。たとえば、サンプル群のデンドログラムは、通常、いくつかのサブ・クラスターに分かれる。各サブ・クラスターに属する個体の表現型が概ね一致するかを検証する。次いで、表現型値の差異に応じて発現量が異なる遺伝子群を探索できる。HCLは、多くのフリーソフトウェア(RやCLUSTERなど)や有償ソフトウェアで実行でき、ビューワーによる視覚化機能を実装したツールも多い。

近年のトランスクリプトーム情報の大規模化に伴い、より効率的な解析手法と視覚化法の確立が求められる。HCLは、遺伝子発現行列の大規模化に伴い、膨大な計算機リソース(計算機メモリー、解析時間など)を要求し、大型計算機でも解析を実行できない。また、結果

をデンドログラムとヒートマップによって視覚化するため、遺伝子数やサンプル数の増加に伴い画像サイズが大きくなる。そのため、大規模解析では、コンピューター・モニターで結果の全体を俯瞰し、遺伝子探索を実施することができない。個々の研究者が自身の研究室において遺伝子発現解析を実施するためには、大規模な遺伝子発現行列を短時間・低コストに解析し得る解析基盤が必要となる。計算機リソースへの要求性が低い統計手法の1つとして多変量解析が有用である。当プロジェクトでは、多変量解析の1つである対応分析（CA；correspondence analysis）をオミックス解析に導入し、大規模な遺伝子発現解析のための統計手法とGUI解析ソフトウェア（CA\_Plot\_Viewer）の開発を進めている。

CAでは、遺伝子発現行列を迅速・低コストに解析し、遺伝子間あるいはサンプル間の発現プロファイルの類似性を評価する。ここで、本稿では、発現パターンと発現プロファイルを次のように定義する。発現パターンは遺伝子発現量を要素にもつベクトルであり、発現プロファイルは発現パターンをグラフ化した際に得られる波形である。たとえば、4つの実験条件下での遺伝子Xと遺伝子Yの発現パターンが、それぞれ、(1, 3, 2, 5)、(2, 6, 4, 10)のとき、発現量はすべての実験条件において2倍の関係にあり、両遺伝子の発現プロファイルは同一となる。CAは、その理論的特性から、遺伝子間の発現量の違いは無視し、発現プロファイルの類似性のみを比較する。発現量の大きさに依らず、発現プロファイルが類似する遺伝子群は同様の生物学的機能をもつと推察する場面は多く、CAによって遺伝子発現プロファイルの類似性を評価することは極めて有用である。

CAは、遺伝子やサンプルの発現プロファイルを元の次元数よりも

低い次元数 ( $n$ ) をもつベクトルに要約する。個々の遺伝子やサンプルに、新たな  $n$  次元空間上での座標値が与えられる。また、各次元（主軸 1～主軸  $n$ ）に対して、発現プロファイルを説明する重み（寄与率）が与えられ、最初の主軸（主軸 1）ほど大きな寄与率をもつ。また、主軸 1 から主軸  $n$  までの累積寄与率は 100% となる。CA の実行結果は、三次元または二次元空間への遺伝子やサンプルのプロット図として視覚化できる。通常は寄与率の高い最初の三次元を用いるが、任意の 3 つの主軸を用いた視覚化と解釈が可能である。ここで、発現プロファイルが同一である遺伝子群は同じ座標値をもち、波形が変化するに従い、異なる座標値を取る。すなわち、縮約された次元空間に遺伝子群をプロットしたとき、互いに近傍に位置する遺伝子群は発現プロファイルが類似することを意味する。したがって、縮約空間における遺伝子間距離は、発現プロファイルの類似性の指標となる。この特性を応用することにより、たとえば、ある転写因子遺伝子と発現プロファイルが類似する遺伝子群は、その転写因子遺伝子の近傍にプロットされた遺伝子として容易に選抜・同定できる。なお、距離計算に用いる次元数についても考慮が必要である。累積寄与率を吟味することにより、十分な精度で遺伝子を探索するための次元数を決定し、計算コストを低減できる。

分担者・矢野らは、CA に基づく発現プロファイル解析の実行と視覚化（3D ビューワー）を実現するための GUI ソフトウェア（CA\_Plot\_Viewer）を開発し、アカデミック・フリーで提供している。本ソフトウェアには、機能アノテーション情報を取り込むこともできる。そのため、遺伝子発現プロファイル情報と機能アノテーション情報の両面から遺伝子探索ができる。



## CAに基づく遺伝子発現ネットワーク構築

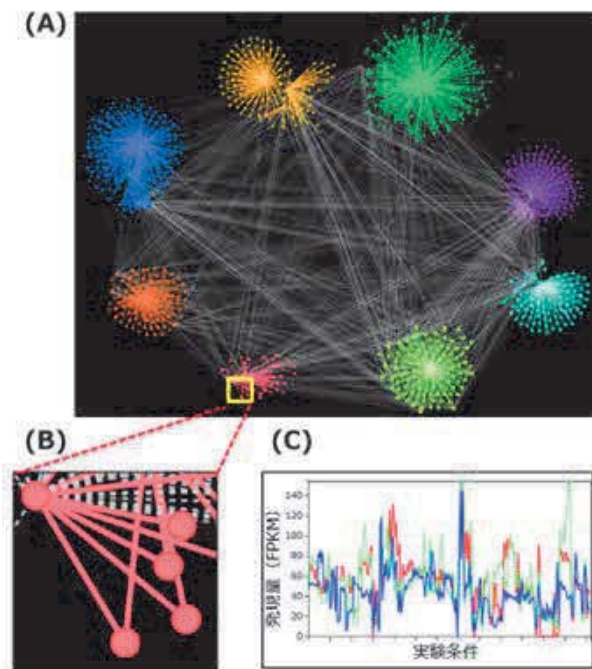


図 2. 遺伝子発現ネットワークの模式図. (A) ノードは遺伝子を表し、ノード間を結ぶエッジ (線分) は遺伝子間の関係性を表す。(B) エッジの線分によって発現プロファイルの類似性 (実線) やホモログ (点線) が示唆され

多数の遺伝子について発現プロファイルの類似性を俯瞰する場合、ネットワーク描画が極めて有用である (図 2)。

遺伝子発現ネットワークは、ノード (点、遺伝子を表す) およびノード間を結ぶエッジ (線分、類似性を表す) から構成される。遺伝子発現ネットワーク情報はゲノムワイドな遺伝子探索に有効であるため、多くの Web データベースなどから提供されている。従来法では、発現パターンや発現プロファイルのゲノムワイドな類似性評価は、膨大な計算リソースを要求するため困難であった。CA では大規模な類似性評価を短時間で実行できるため、遺伝子発現ネットワークを迅速に構築できる。そのため、CA に基づく発現ネットワーク情報を提供しているデータベースでは、短い期間で情報のアップデートができる。

CA の縮約空間上での遺伝子間距離によって発現ネットワークを構築する場合、発現プロファイルの類似性を示す有意距離を事前に決定しておく。そして、有意距離内に位置する 2 つの遺伝子は発現プロ

ファイルが有意に類似すると判定し、遺伝子（ノード）間をエッジで結合する。最適な有意距離は目的やデータセットによって異なるので、既知情報や種々の遺伝子発現ネットワーク解析手法などを活用して検討する。たとえば、分担者・矢野らは、複数の生物種で構築したネットワーク情報をオーソログ情報によって統合し、データベースから提供している。ネットワークの種間比較より、遺伝子発現ネットワークの種間保存性や特異性を解明できる（図 2）。これらの活用により、形質関連遺伝子の探索が進むと期待される。

組織名	サンプル数
pituitary	24
anterior lobe(前葉)	0
intermediate lobe(中葉)	0
posterior lobe(後葉)	0
adenohypophysis(下垂体前葉)	0
neurohypophysis(神経下垂体)	0
Rathke's pouch(ラトケのう)	0
遺伝子	
下垂体特異的	
prop1 (prop-1)	0
pit1 (pit-1)	0
比較的下垂体特異的	
pitx1	0
pitx2	0
hesx1	0
ホルモン	
GH (growth hormone)	0(0)
PRL (prolactin)	0( )
TSH (thyroid-stimulating hormone)	0
FSH (follicle-stimulating hormone)	0(rFSHは6)
LH (luteinizing hormone)	0
POMC (pro-opiomelanocortin)	0
ACTH (adrenocorticotrophic hormone)	0
異常	
dwarf	0
hypogonadism	0
hypergonadism	0
pituitary adenoma	0

## ラットの遺伝子発現ネットワーク構築

ラットの遺伝子発現ネットワークを構築するために、NCBI から発現遺伝子に関するデータセットを取得した（図 3）

図 3-1 遺伝子発現ネットワーク構築のために取得したデータセットと用いたキーワード



プラットフォーム	取得数
Illumina Genome Analyzer	28
Illumina Genome Analyzer II	111
Illumina Genome Analyzer IIx	91
Illumina HiScanSQ	113
Illumina HiSeq 1500	12
Illumina HiSeq 2000	991
合計	1346

図 3-2 遺伝子発現ネットワーク構築のために取得したデータセット

リファレンスゲノムにリードをマップし、マップ率 80%以上のサンプル (1218) を用いた。マップ率が低いデータセットのほとんどは ncRNA (主に miRNA) であり、今回は対象から除去した。また、発現遺伝子数の割合が極端に低くないデータセットを抽出するために、得られた fpkm から基本統計量を算出した。ペアエンドで片方のリードのみマップ率が低いデータセットも除去した結果、1215Run となった。これらのヒストグラムを図 4 に示す。

ネットワーク構築において結合する遺伝子ペアを選抜するための閾値を検討した。ネットワーク構築の結果、結合される遺伝子の GO に類似性が期待できる。そこで、エンリッチメントテストを行い、妥当性を検討した。

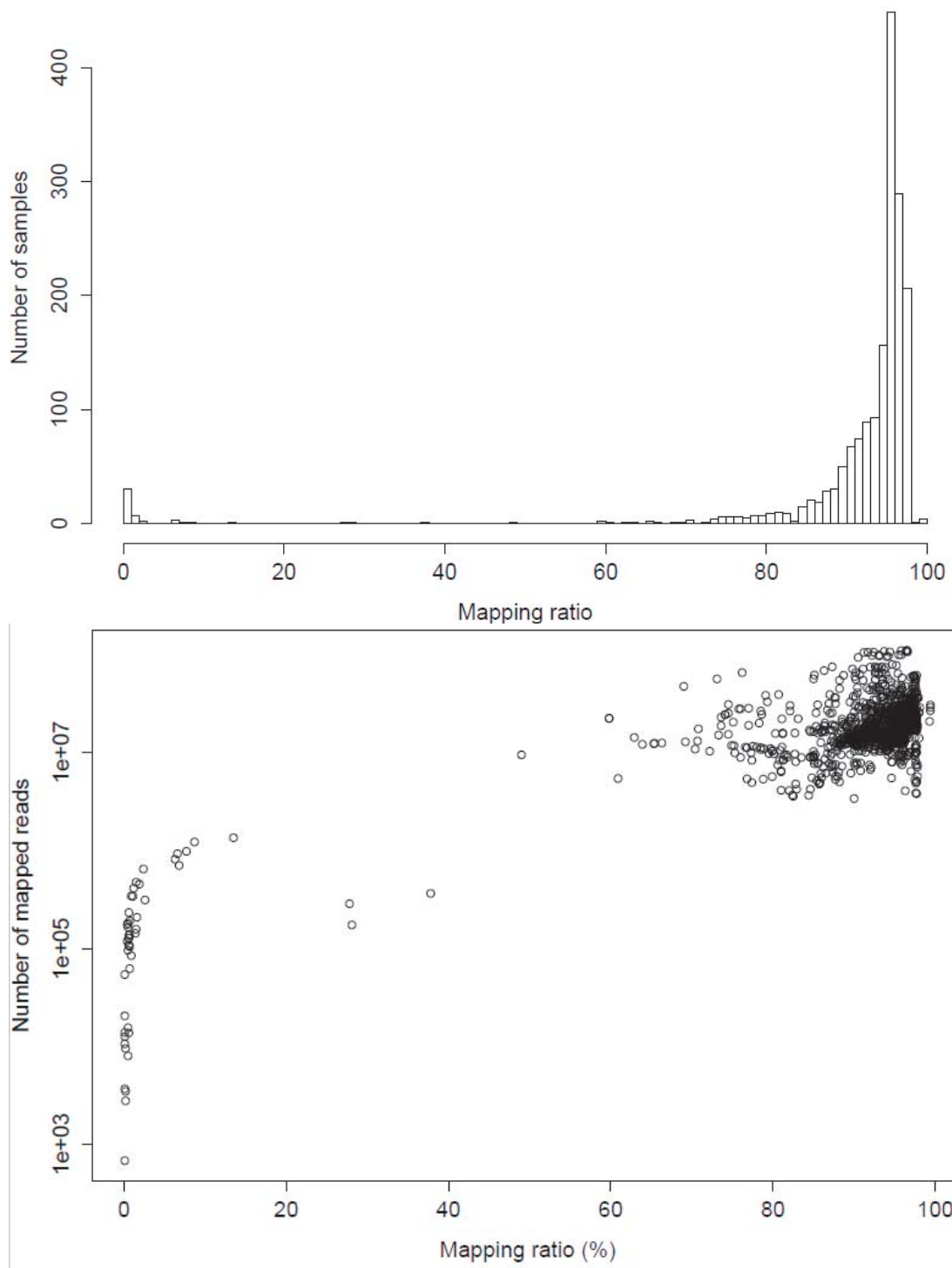


図4 マッピングによるサンプル選抜

たとえば、CA で得られた縮約空間における距離に対する閾値を 1 とした場合、全ペア数の 0.2% が結合された。経験的な閾値 0.1% に近いことから、ネットワークを構築した。その結果、ネットワーク数:781、最小ネットワークサイズ:2 ノード、最大ネットワークサイズ:11985、参加ノード:51.351% (14976 / 29164)、最小発現類似遺伝子数:0 遺伝子、最大発現類似遺伝子数:1385 遺伝子となった。

### ゲノム・ブラウザーの開発

オミックス情報を統合・俯瞰するためのゲノムブラウザーを構築した。染色体情報のみ抽出し、RGD のアノテーションに合わせて染色体名を変換したゲノム配列を用意した。遺伝子構造情報は RGD より取得した。ChIP-Chip については FDR < 0.05 を適用した。SAGE タグ配列、マイクロアレイのプローブ配列をゲノムにマッピングした。

Kal's Z-test 結果にアノテーションを付加するために、RGD の FTP サイトから、ラットの GO 情報をダウンロードすると共に、Gene Ontology Consortium から GO データをダウンロード取得した。次いで、RGD ID と GO の対応表 (GO slim) を作成した。

## 2. 生殖内分泌系の機能解析

遺伝子探索などを目的とした網羅的なバイオインフォマティクス解析では、通常、100 個以上の候補遺伝子が得られる。これらの候補遺伝子群から目的の遺伝子を選抜する際には、遺伝子の機能アノテーション情報の活用が極めて有効である。以下、本プロジェクトにおいて実施した機能アノテーション情報整備について述べる。

従来、機能アノテーション情報は、塩基やアミノ酸の配列相同性解

析（BLAST など）が広く用いられている。しかし、配列相同性解析に基づく遺伝子機能の推定は極めて類推的であり、その正確さについては十分な注意が必要である。BLAST アノテーションの不正確さの要因として以下の3点がある。第1に、検索に用いる配列データベースが保持している各遺伝子の機能アノテーション（記述内容）の質が不均一な点である。そのため、高い配列相同性を示す遺伝子に対して記述されている情報を、そのまま機能推定に用いることにはリスクを伴う。第2に、BLAST 検索では生物学的に重要な配列領域、例えばタンパク質機能ドメインなどを考慮しない点にある。機能ドメインの存在を調べる場合、InterProScan<sup>11)</sup>を実行すべきである。InterProScan より、Gene Ontology 情報<sup>12)</sup>も取得できる。第3に、アミノ酸の一次配列の相同性のみでは、高次構造に依存するタンパク質の機能の類似性を保証しない点がある。

遺伝子の機能アノテーション情報を得るには、文献調査や知識ベースの利用が望まれる。UniProtKB/Swiss-Prot<sup>13)</sup>では、キュレーターが論文を読み、関連情報との比較・確認をした上で、タンパク質に機能アノテーションを付加し、知識ベースを運営している。このような方法は、極めて正確な機能アノテーション情報を整備できる一方で、時間的・経済的コストを要する。分担者・矢野らは、マニュアル・キュレーションを効率化するために、文献テキスト情報に対する計算機処理（自然言語処理）を併用している（図4）。まず、自然言語処理によって大量の文献テキスト情報から知識情報を機械的に抽出し、次いで、抽出された情報をキュレーターが精査して計算機処理のエラーを修正している。こうして得られた、高信頼度な遺伝子機能アノテーション情報は、順次、データベースより提供している。

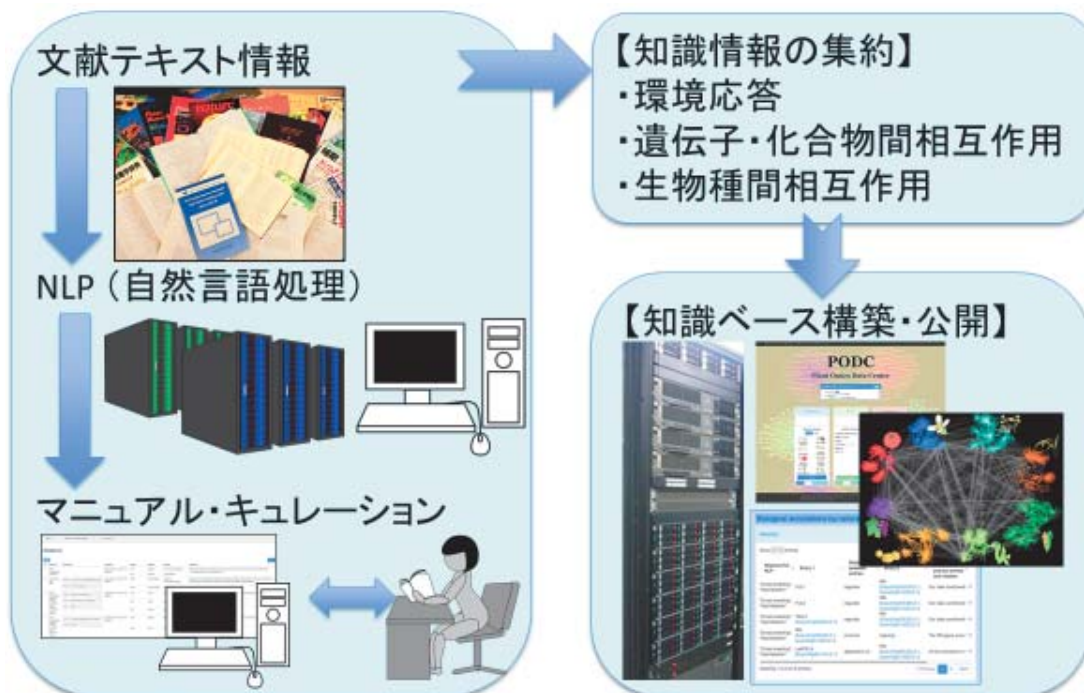


図4 文献テキスト情報からの高信頼度機能アノテーション情報の抽出と知識ベースの構築。自然言語処理とマニュアル・キュレーションの併用により、膨大なテキスト情報を迅速に処理し、高い信頼度をもつ機能アノテーション情報を整備できる。

自然言語処理を利用した高効率・高信頼度な機能アノテーション整備には、以下の課題がある。研究者が命名した遺伝子名や系統・品種名は専門用語であり、文献から抽出が望まれる知識情報である。

しかし、これらの名称については計算機もキュレーターも事前に知ることが困難なため、抽出できない。一方、DDBJなどに遺伝子配列情報が登録されている場合やゲノム配列情報と構造アノテーション情報が公開されている場合には、アクセッション番号や遺伝子 ID を事前にリスト化できるため、文献情報から抽出できる。したがって、対応するアクセッション番号や遺伝子 ID が存在する場合には、遺伝子名と共に論文に併記してあると、それらの知識情報を一括して抽出できる。研究者が、命名した遺伝子やタンパク質などの名称だけでなく、アクセッション番号などを論文中に併記することが、知識情報の集約を

効率化する鍵となる。また、新たな遺伝子名が増加することは明らかであり、情報共有の利便性からも、研究コミュニティ内で遺伝子名などの情報を早期から蓄積・共有していくことが強く望まれる。

### テキストマイニングによる遺伝子機能推定

遺伝子や化合物の生物学的機能情報は、機能未知遺伝子の機能推定を推進するだけでなく、同一機能を有する遺伝子ファミリーの同定や様々な生物学的プロセスの遺伝子カスケードの解明を促進する。遺伝子や化合物の高信頼度な生物学的機能情報を整備する上で、学術論文に記述されている知識情報の収集が有効である。しかし、専門家による論文の精読を要するマニュアル・キュレーションでは、膨大な人件費・労力・時間が掛かる一方で、単位時間あたりに得られるレコード件数は少ない。そこで、ディープランニングにより、学術論文に頻出する英文構造を解明するためのパイプラインの開発を進めており、これまでに、品詞の同定などを実現する解析基盤プロトタイプを構築している。

### 自然言語処理による遺伝子機能情報整備

Human, Rat, Mouse, Zebrafish 用の遺伝子、化合物の関連を探索するツール LSKB を用いて、テキストマイニングを実施した (図 5)。ここで、マイニングに用いたキーワードを図 6 に示す。



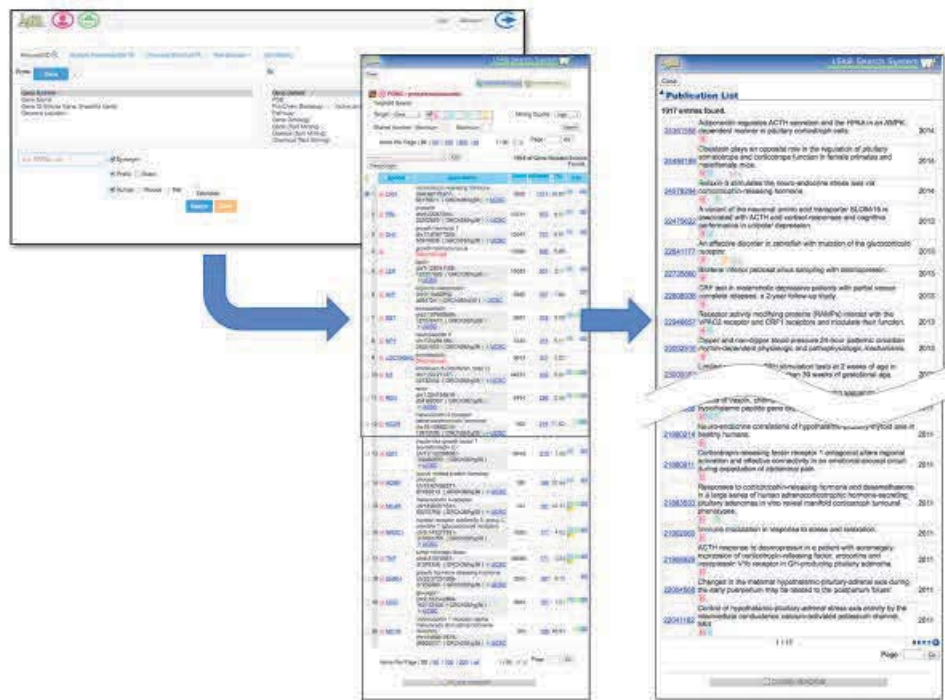


図 5 LSKB を用いた自然言語処理のワークフロー

original	name/symbol	filtering
adenohypophysis	ACTH	Gene Symbol
	adenohypophysis	Tissue
hesx1	hesx1	Gene Symbol
hypogonadism	hypogonadism	Disease
hypergonadism	hypergonadism	Disease
leuteinizing hormone	LH	anything
	luteinizing hormone	Tissue
neurohypophysis	neurohypophysis	Tissue
pituitary	pituitary	Tissue
pituitary adenoma	pituitary adenoma	Disease
pitx1	pitx1	Gene Symbol
pitx2	pitx2	Gene Symbol
pro-opiomelanocortin	POMC	Gene Symbol
	pro-opiomelanocortin	Gene Name
prolactin	prolactin	Tissue
	PRL	anything
prop1	prop1(prop-1)	Gene Symbol
adrenocorticotrophic hormone	adrenocorticotrophic hormone	Tissue
Rathke's pouch	Rathke's pouch	anything

図 6 LSKB で用いたキーワード例

また、文献テキスト情報から遺伝子・化合物の相互作用を抽出するために、ツール Pathway Studio を用いた。ここでは、human と rat を対象としたマイングを実施し、図 7 に示すキーワードを

用いた。

ACTH / adrenocorticotrophic hormone  
adenohypophysis  
anterior lobe  
dwarf  
FSH / follicle-stimulating hormone  
GH / growth hormone  
hesx1  
hypergonadism  
hypogonadism  
intermediate lobe  
LH / luteinizing hormone  
neurohypophysis  
pit1 / pit-1  
pituitary  
pituitary adenoma  
pitx1  
pitx2  
POMC / pro-opiomelanocortin  
posterior lobe  
prolactin / PRL  
prop1 / prop-1  
Rathke's pouch  
TSH / thyroid-stimulating hormone

図 7 Pathway Studio において用いたキーワード例

## 下垂体・ドラフト知識情報データベース Pituitary NLP Search の構築

下垂体に関わる遺伝子機能についての自然言語処理結果を網羅的に集約したドラフト知識情報データベース Pituitary NLP Search を構築した(図 8)。Pituitary NLP Search の構築は、Linux サーバー上で MySQL、PHP を用いて実施した。

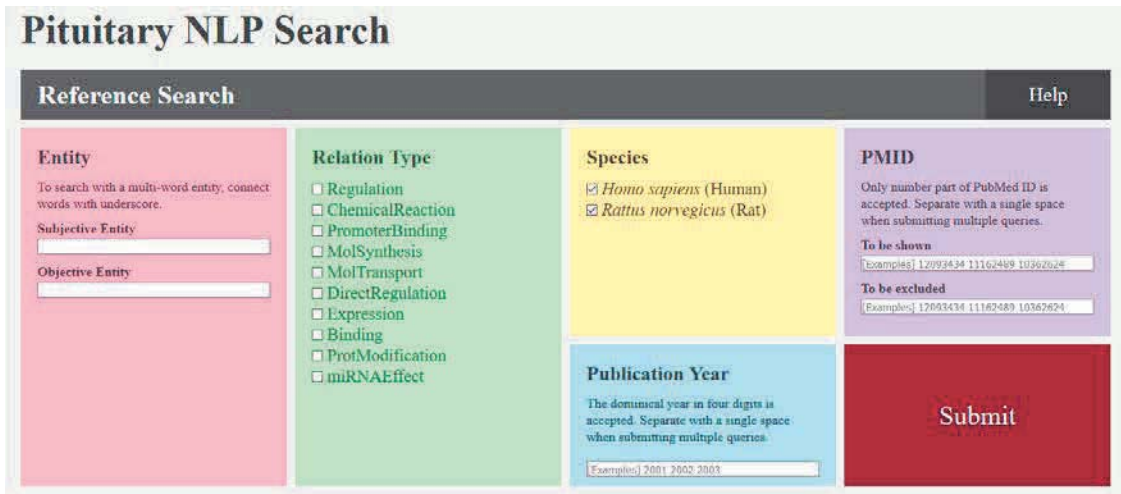


図 8-1 ドラフト知識情報データベース Pituitary NLP Search の検索インターフェース

```
mysql> show tables;
+-----+
| Tables_in_KKPJ_DBv1_TK |
+-----+
| Reference_human_v1      |
| Relation_human_v1      |
+-----+
2 rows in set (0.00 sec)
```

図 8-2 MySQL のテーブル

Field	Type	Null	Key	Default	Extra
Number	int(11)	NO	PRI	NULL	
Relation	varchar(200)	YES		NULL	
Status	varchar(200)	YES		NULL	
Type	varchar(200)	YES		NULL	
Sentence	text	YES		NULL	
MedLine_Reference	varchar(200)	YES		NULL	
Location	int(11)	YES		NULL	
MedlineTA	varchar(200)	YES		NULL	
PubYear	varchar(4)	YES		NULL	
NLP_search	varchar(200)	YES		NULL	

Field	Type	Null	Key	Default	Extra
Number	int(11)	NO	PRI	NULL	
Entity1	varchar(200)	YES		NULL	
Entity2	varchar(200)	YES		NULL	
Relation_Type	varchar(30)	YES		NULL	
Sentence	text	YES		NULL	
Journal	varchar(200)	YES		NULL	
PubYear	varchar(4)	YES		NULL	
PMID	varchar(15)	YES		NULL	
NLP_Search	varchar(200)	YES		NULL	
Type	varchar(16)	YES		NULL	
Sentence_Loc	int(11)	YES		NULL	
Arrow	varchar(4)	YES		NULL	
Relation	text	YES		NULL	

図 8-3 MySQL のテーブル構造

Number	Relation	Status	Type	Sentence
1	TNF --> apoptosis		Regulation	TNFalpha was used to induce apoptosis.
2	TNF --> apoptosis		Regulation	"Furthermore, Betulinic acid enhanced TNF-induced apoptosis."
3	TNF --> apoptosis		Regulation	Bcl2-L10 cannot block TNFalpha-induced apoptosis.
4	TNF --> apoptosis		Regulation	TNF induces apoptosis in a variety of cells.
5	TNF --> apoptosis		Regulation	Silybin could not reproduce this TNF-alpha-enhanced apoptosis.

5 rows in set (0.00 sec)

MedLine_Reference	Location	MedlineTA	PubYear	NLP_search
17854498	3	Breast Cancer Res	2007	human_ACTH_2
12960358	10	J Immunol	2003	human_ACTH_2
11689480	3	Hum Mol Genet	2001	human_ACTH_2
10369700	1	Gut	1999	human_ACTH_2
18063863	7	Chemotherapy	2008	human_ACTH_2

図 8-4 MySQL にインポートしたレコード例

ユーザーは、Pituitary NLP Search を用いることで、下垂体関連遺伝子の機能情報を取得でききる。以下、実装したデータベース検索・ブラウザ機能について記述する。

検索は以下のステップで実施する。データベースの機能特性とともに述べる。

#### 1. 検索キーワードの入力

Subjective Entity(主語側)、 Objective Entity(目的語側)に検索したい単語を入力する。ここでは、部分一致検索ができる。Subjective Entity と Objective Entity は AND 検索となる。Subjective Entity と Objective Entity に入れられる Entity は 1 つずつとなる。ユーザーは、検索にアンダーバーは使用できないこと、また、OR 検索ができない点に留意が必要である。また、入力された文字の大文字、小文字の区別は行わ

ない。

2. Relation Type の選択

選択しなかった場合はすべての Relation Type が検索対象となる。Relation Type の詳細は後述する。

3. Species の選択 (必須項目)

初期画面では Human, Rat とも選択される。少なくともいずれか一方を選択する必要がある。

4. Publication Year の入力

検索したい論文の発表年を入力する。複数の年を入力する場合は、半角スペースで区切ることで可能である。現バージョンでは、範囲検索には対応していない。

5. PMID の入力

PubMed ID による特定の論文の検索ができる。複数の PubMed ID を入力する場合は、半角スペースで区切ることで実行できる。また、PubMed ID によって検索結果から任意の論文を除外できる。複数の PubMed ID を入力する場合は、半角スペースで区切ることで可能である。

6. 上記 1~5 の選択、入力を行った後、Submit ボタンをクリックする。

以下、検索から表示に至るステップ例を示す (図 9~図 11-2)



Subjective Entity	TNF
Objective Entity	apoptosis
Relation Type	Regulation
Species	Homo sapiens (Human)
Publication Year	2013
PMID	-

図 9 Pituitary NLP Search での検索例

The screenshot shows the 'Reference Search' interface with the following sections:

- Entity:** Includes 'Subjective Entity' (TNF) and 'Objective Entity' (apoptosis).
- Relation Type:** A list of checkboxes with 'Regulation' selected.
- Species:** Includes 'Homo sapiens (Human)' (selected) and 'Rattus norvegicus (Rat)'.
- Publication Year:** A text input field containing '2013'.
- PMID:** A section for entering PubMed IDs, currently empty.
- Submit:** A red button at the bottom right.

図 10. インターフェースへの入力例

## Result Summary

*Homo sapiens* (Human): 87 record(s)  
*Rattus norvegicus* (Rat): record(s)

### Search Result in Human

Relation	Type	Sentence	PMID	Journal	Year
TNF --t--> apoptosis	Regulation	"Finally, this review will briefly summarize recent advances in understanding TNF-induced cell survival, apoptosis and necrosis (also called necroptosis)."	<a href="#">23085193</a>	Cancer Lett	2013
TNF --t--> apoptosis	Regulation	Bcl-2 and SLUG silencing by siRNA led to a significant increase in TNF- $\beta$ and A(B)-induced apoptosis for 48 h.	<a href="#">23339680</a>	World J Surg Oncol	2013
TNF --t--> apoptosis	Regulation	CF31 inhibition of TNF- $\beta$ and A(B) activation of AKT also results in TNF- $\beta$ and A(B)-dependent activation of caspase-8 and apoptosis.	<a href="#">23151904</a>	Cancer Res	2013
TNF --t--> apoptosis	Regulation	TNF- $\beta$ and A(B) (1007U/ml) was used as the stimulus for treating the A-253 cells to induce cellular apoptosis.	<a href="#">23266598</a>	Inflamm Res	2013
TNF --t--> apoptosis	Regulation	Aptamer VR11 was also able to prevent TNF- $\beta$ and A(B)-induced apoptosis as well as reduce nitric oxide production in cultured cells for up to 24 h.	<a href="#">23046187</a>	ACS Chem Biol	2013
TNF --t--> apoptosis	Regulation	We investigated the effect of casticin on apoptosis induced by tumor necrosis factor (TNF)-related apoptosis-inducing ligand (TRAIL).	<a href="#">23135489</a>	Oncol Rep	2013
TNF --t--> apoptosis	Regulation	Apoptosis induced by TNF- $\beta$ and A(B) under these conditions is dependent on jun nuclear kinase1/2 JNK1/2-dependent Bim upregulation.	<a href="#">23412386</a>	Cell Death Dis	2013
TNF --t--> apoptosis	Regulation	USP4 negatively regulates RIP1-mediated NF- $\beta$ and I(BB) activation and promotes TNF- $\beta$ and A(B)-induced apoptosis in FaDu cells.	<a href="#">23313255</a>	FEBS Lett	2013
TNF --t--> apoptosis	Regulation	"Oncrasin reduced glioma cell viability, inhibited TNF- $\beta$ and A(B)-mediated nuclear factor-kappaB activation and sensitized cells to TNF- $\beta$ and A(B)-induced apoptosis."	<a href="#">23125226</a>	Carcinogenesis	2013
TNF --t--> apoptosis	Regulation	"Here, we report that inactivation of the BHL3-only protein BAD by I- $\beta$ and J(BB) kinase complex independently of NF- $\beta$ and I(BB) activation suppresses TNF- $\beta$ and A(B)-induced apoptosis."	<a href="#">23332762</a>	Cell	2013
TNF --t--> apoptosis	Regulation	"We show here that activated $\beta$ and B(B)-catenin is required to suppress caspase-8 activation, but only in colon cancer cells that are resistant to tumor necrosis factor- $\beta$ and A(B) (TNF)-induced apoptosis."	<a href="#">23264463</a>	Mol Biol Cell	2013
TNF --t--> apoptosis	Regulation	"Inhibitor of apoptosis protein antagonists hypersensitize tumor cells to TNF- $\beta$ and A(B)-mediated apoptosis, an effect that may work in synergy with that of cancer vaccines."	<a href="#">22923192</a>	Cancer Immunol Immunother	2013

図 10. Pituitary NLP Search での検索結果例

ここで、検索結果の各フィールドは次の内容を有する。

#### *Result Summary*

ヒットした文献情報件数が Species ごとに表示する。

#### *Search Result in Human/Rat*

##### *Relation*

Entity 間の関係性が 6 種類の記号で表現される。

例) TNF --+> apoptosis

意味 TNF は apoptosis に対して positive な関係をもつ

##### *Type*

2 つの Entity 間での関係性を表す (テキストマイニングツール PathwayStudio による定義)。

##### *Sentence*

Relation の抽出元になった論文中の文章を示す。

##### *PMID*

抽出元論文の PubMed ID を示す。該当論文のページへのハイパーリンクがあり、オリジナル情報を取得できる。

##### *Journal*

抽出元論文の掲載誌を示す。

##### *Year*

抽出元論文の出版年を示す。

ここで、検索結果が 1001 件を超えるレコードから構成される場合、計算量軽減するために 1000 件目までのみ表示される。検索画面より絞り込みを行うと効果的である。

以下、Pituitary NLP Searchにおいて用いている用語について記す。

☆ *Entity*

遺伝子、病名などの用語を示す。ここでは、Subjectiveは主語(左)側、Objectiveは目的語(右)側のEntityである。

☆ *Relation*

2つのEntity同士の関係性を表す。テキストマイニングツールPathwayStudioの定義に従い、以下のTypeがある(図11)。

(“Pathway Studio Desktop トレーニング資料 (Plant) Basic コース” から引用)

Type	Positive	Negative	Unknown	Catalyzes	Catalyzed	(No direction)
Regulation	<b>R→</b>	<b>R←</b>	<b>R●</b>			
MolSynthesis?	<b>S→</b>	<b>S←</b>	<b>S●</b>			
MolTransport?	<b>T→</b>	<b>T←</b>	<b>T●</b>			
Expression	<b>E→</b>	<b>E←</b>	<b>E●</b>			
miRNAEffect		<b>mi↓</b>				
DirectRegulation?	<b>D→</b>	<b>D←</b>				
ChemicalReaction?				<b>⇨⇨</b>	<b>⇩⇩</b>	
Binding						<b>—</b>
PromoterBinding?						<b>└</b>
ProtModification?			<b>P●</b>			
(Unknown)			<b>?</b>			

図 11-1. Pituitary NLP Search での Relation を示すシンボル

Regulation	直接または間接的なメカニズムによるターゲットの活性の変化
ChemicalReaction	低分子を含む酵素による触媒反応
PromoterBinding	遺伝子のプロモーター領域に結合する制御関係
MolSynthesis	制御因子による（低分子）ターゲットの濃度変化
MolTransport	ターゲット分子の局在を変化させる制御関係
DirectRegulation	直接の物理的な相互作用によるターゲットの活性制御（主に Protein 同士を繋ぐ関係）
Expression	遺伝子の転写またはタンパク質の安定化において、制御因子によるタンパク質量変化
Binding	2つの Entity 間の物理的な相互作用
ProtModification	直接の相互作用によりターゲット分子の修飾を変化させる制御関係
miRNAEffect	ターゲット mRNA に対する miRNA によるタンパク質翻訳阻害作用

図 11-2. Pituitary NLP Search での Type

## Pituitary NLP Search を用いた情報基盤整備

今後、人工知能や機械学習を活用することにより、膨大なテキスト情報から遺伝子や化合物の生物学的機能情報を高精度に抽出することが可能になると期待できる。これらには、文法解釈だけではなく、専門用語の理解などが含まれる。

また、他のオミックス情報を用いた遺伝子機能推定への発展が見込める。

たとえば、大規模遺伝子発現情報解析においては、高速シーケンサーを活用した大規模なトランスクリプトーム情報が、公開データベースに蓄積しており、網羅的な解析が可能となっている。そこで、NCBI SRA データベースよりモデル生物の RNA-seq データを取得すると共に、解析を効率的に実施するためのパイプラインを整備することにより、機械学習に資する情報取得が可能である（図 1 2）。

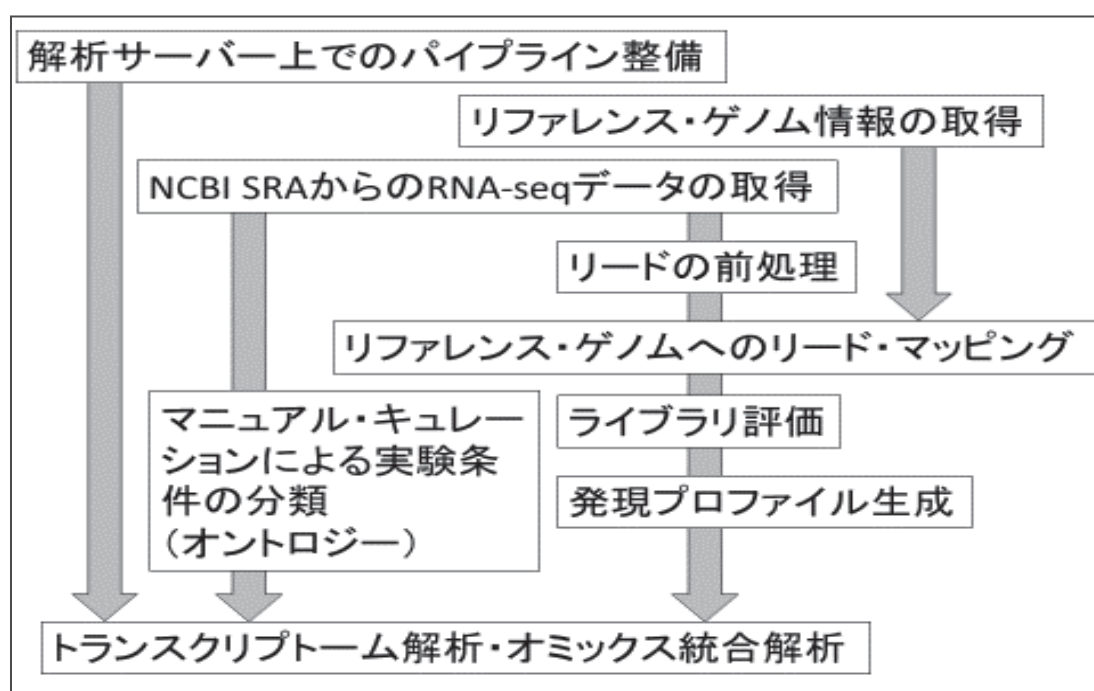


図 1 2. トランスクリプトーム情報の収集と解析フロー



収集した RNA-seq データは、前処理を行い、アダプター配列や低精度領域を除去した。得られた高精度配列セットに対して、別途取得したリファレンス・ゲノム情報（DNA 配列情報、ゲノム構造情報）を用い、マッピングにより遺伝子発現量を算出した。そして、利用した全サンプル(実験条件)に渡る遺伝子発現プロファイル情報を整備した。この解析の過程において、マッピング率の評価を実施し、ライブラリー（サンプル）のクオリティー評価を行った。得られた遺伝子発現プロファイル情報は、矢野ら（2006）が開発した大規模トランスクリプトーム解析手法を用い、短時間（数分～数時間）で処理できる。

解析に用いた RNA-seq データに対して、実験条件の分類を実施した。NCBI SRA に登録されている実験条件の記述（用語、形式）が登録者間によって統一性がないため、既存のデータベースでは、同一または異なる実験条件から得られた実験データをただちに抽出できない。そこで、NCBI SRA に登録されている実験条件の記述情報に対してマニュアル・キュレーションを実施し、実験条件を分類できる。この分類は、オントロジー・タームを用いることで効率化できる。

これらの情報の整備・解析を円滑に実施するために、解析サーバー上にパイプラインを整備・活用することにより、各解析ステップ（マッピングおよびその結果比較など）を効率的に展開できる。

さらに、複合オミックス統合解析を導入することにより、より高精度な知識情報取得が期待できる（図 1 3）。

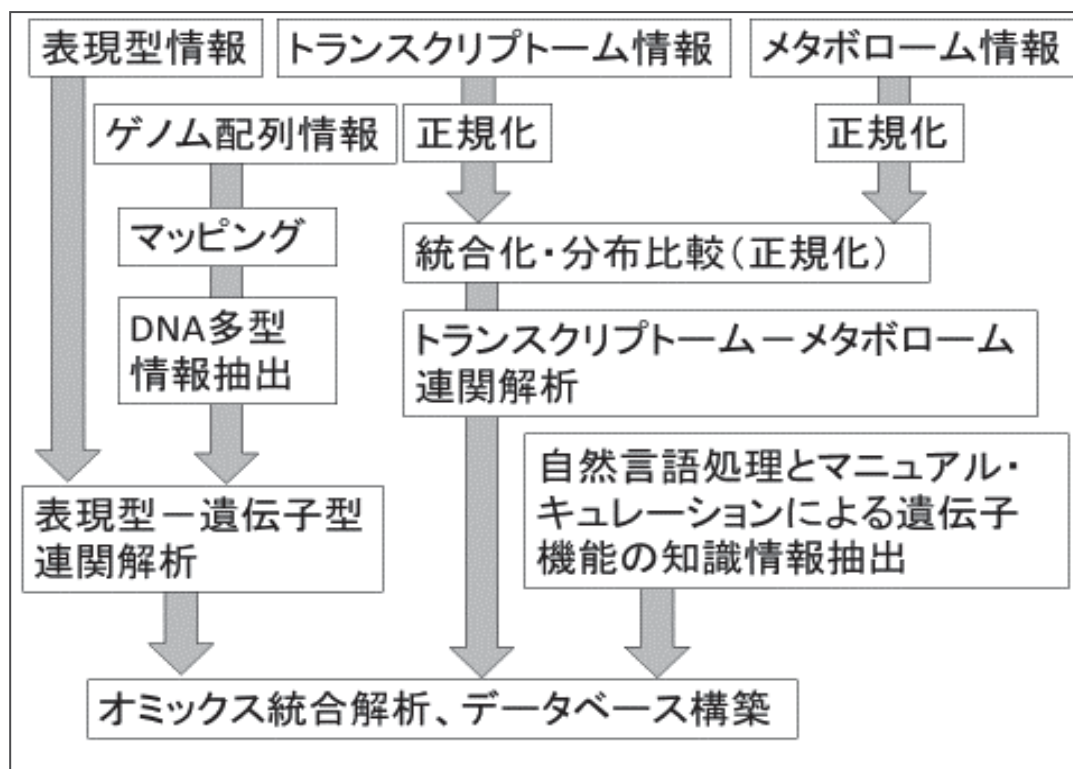


図 1 3 . トランスクリプトーム情報とメタボローム情報の統合解析フロー

RNA-seq より得られたトランスクリプトーム情報と質量分析より得られメタボローム情報を統合した統計解析を的確に実施するための正規化法を検討すると共に、両者の関連解析を進めている。また、各個体の表現型と遺伝子型の情報の統合化を実施している。特に、遺伝子型情報として、網羅的な SNP 情報の利用を検討しており、高速シーケンサーから得られたゲノム配列情報からの SNP 探索を進めている。

今後、オミックス解析手法の確立を目指すと共に、データベース・プロトタイプの開発を進める。

## 業績リスト

研究代表者：戸村 秀明

### 1 原著論文

- 1-1) 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.
- 1-2) 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.
- 1-3) \*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.
- 1-4) \*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.
- 1-5) \*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.

- 1-6) 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.
- 1-7) \*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.
- 1-8) \*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.
- 1-9) \*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.
- 1-10) \*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.

## 2 学会発表

- 2-1) 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.

- 2-2) 小島遼太郎, 戸村秀明. マウスゴナドトロフ細胞株 (L $\square$ 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.
- 2-3) 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.
- 2-4) 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.
- 2-5) 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.
- 2-6) 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.
- 2-7) 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.
- 2-8) 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.
- 2-9) 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.
- 2-10) Mochimaru Y, Murakami S, Yoshimura N, Tomura H. Metal ions may modulate proton induced OGR1 activation. WCRB 2017, Okinawa, Japan, 2017.9.27-29.
- 2-11) 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.
- 2-12) 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.
- 2-13) 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.
- 2-14) 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.
- 2-15) 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.



- 2-16) 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.
- 2-17) 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.
- 2-18) 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.
- 2-19) 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.
- 2-20) Mochimaru Y, Satou K, Shindo M, Kato Y, Tomura H. Analysis  
of L $\beta$ 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.
- 2-21) 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.
- 2-22) 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.
- 2-23) 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.
- 2-24) 佐藤一裕, 根岸潤, 中倉敬, 草田智之, 大森由花, 加藤幸雄, 戸村秀明. ガウシアルシフェラーゼの L $\beta$ T2 ウシア細胞におけるホルモン分泌アッセイ系の構築への利用. 第 30 回日本下垂体研究会, 宇奈月国際会館セレネ, 2015. 8. 5-7. (優秀発表賞受賞)
- 2-25) 持丸雄太, 新堂真実, 西田真実, 金子諒, 加藤幸雄, 戸村秀明. プロトン刺激によるマウス下垂体細胞株 L $\beta$ T2 の応答解析. 第 30 回日本下垂体研究会, 宇奈月国際会館セレネ, 2015. 8. 5-7. (優秀発表賞受賞)
- 2-26) Mochimaru Y, Oshima N, Nakakura T, Mogi C, Sato K, Okajima F, Tomura H. Characterization of OGR1 and GPR4 homologues in zebrafish genome. The 39th JSCE and 8th ISAREN 合同大会, 岡崎カンファレンスセンター, 2014. 11. 7-9.
- 2-27) 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.
- 2-28) 佐藤一裕, 加藤幸雄, 戸村秀明. L $\beta$ T2 細胞における性腺刺激ホルモン放出ホルモンに対するシグナル応答解析. 第 87 回日本生化学会大会, 京都国際会議場, 2014. 10. 15-17.
- 2-29) 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.

- 2-30) 佐藤一裕, 加藤幸雄, 戸村秀明.  $L\beta T2$  細胞における GnRH に対するシグナル活性化パターンの解析. 第 107 回日本繁殖生物学会, 帯広畜産大学, 2014.8.20-23.
- 2-31) 佐藤一裕, 一條裕太, 高橋邑和, 立石裕貴, 草田智之, 根岸潤, 佐藤聡恵, 加藤幸雄, 戸村秀明.  $L\beta T2$  細胞における GnRH に対するシグナル活性化様式の解析. 第 29 回日本下垂体研究会学術集会, 八王子セミナーハウス, 2014.8.8-10.
- 2-32) 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.

研究分担者: 加藤 幸雄

## 1 原著論文

- 1-1) 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.
- 1-2) 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 embryogenesis and start to express S100beta. *Cell Tissue Res*, 2018; 372: 77-90.
- 1-3) 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.
- 1-4) 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;
- 1-5) 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.
- 1-6) Kanno N, Yoshida S, Kato T, Kato Y. SOX10-positive cells emerge in the rat pituitary gland during late embryogenesis and start to express *S100beta*. *bioRxiv*, 47169; doi: <https://doi.org/10.1101/447169> 2018.
- 1-7) 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 $\beta$ /SOX2-positive adult pituitary stem/progenitor cell fraction differentiate into endothelial cells through expression of CX3CR1. *Sci Rep*, 2018 (Submitted)
- 1-8) Kanno N, Yoshida S, Kato T, Kato Y. SOX10-positive cells emerge in the rat pituitary gland during late embryogenesis

- and start to express S100beta. J, Histochem Cytochem, (Submitted)
- 1-9) Kanno N, Yoshida S, Kato T, Kato Y. SOX10-positive cells emerge in the rat pituitary gland during late embryogenesis and start to express S100beta. Cell Tissue Res, (Submitted)
- 1-10) Chen M, Kato T, Kato Y. SOX10-positive cells emerge in the rat pituitary gland during late embryogenesis and start to express S100beta. Data in Chief, (Submitted)
- 1-11) Tsukada T, Isowa Y, Kito K, Yoshida S, Toneri S, Horibuchi K, Fujiwara K, Yashiro T, Kato T, Kato Y. Identification of TGF $\beta$ -induced proteins in non-endocrine mouse pituitary cell line TtT/GF by SILAC-assisted quantitative mass spectrometry. Cell Tissue Res, (Submitted)
- 1-12) 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.
- 1-13) 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 embryogenesis and start to express S100beta. Cell Tissue Res, 2018; 372(1): 77-90 doi:10.1007/s00441-017-2724-7.
- 1-14) 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
- 1-15) 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.
- 1-16) 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.
- 1-17) 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.
- 1-18) 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.
- 1-19) \*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.
- 1-20) 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.
- 1-21) 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.
- 1-22) Horiguchi K, Yako H, Yoshida S, Fujiwara K, Tsukada T, Kanno N, Ueharu H, Nishihara H, Kato T, Yashiro T, Kato Y. S100 $\beta$ -positive cells of mesenchymal origin reside in the anterior lobe of the embryonic pituitary gland. *PLoS One*, 2016; 11: e0163981.
- 1-23) \*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.
- 1-24) Moriyama R, Yamazaki T, Kato T, Kato Y. Long-Chain Unsaturated Fatty Acids Reduce the Transcriptional Activity

- of the Rat Follicle-Stimulating Hormone  $\beta$ -Subunit Gene. *J Reprod Dev*, 2016; doi:10.1262/jrd.2015-138.
- 1-25) \*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.
- 1-26) \*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.
- 1-27) \*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.
- 1-28) \*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).
- 1-29) 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.
- 1-30) \*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.
- 1-31) 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 $\beta$  protein-positive cells of the postnatal developing rat anterior pituitary gland. *Cell Tissue Res*, 2016; 363: 513-524.
- 1-32) \*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.
- 1-33) \*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.
- 1-34) \*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 $\beta$ -positive cells of the rat anterior pituitary differentiate into hormone-producing cells. *Cell Tissue Res*, 2014; 357: 767-779.
- 1-35) \*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.
- 1-36) 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 $\beta$ -positive cells in rat anterior pituitary gland. *Cell Tissue Res*, 2014; 357: 757-765.
- 1-37) 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 $\beta$ -positive cells in rat anterior pituitary gland. *Cell Tissue Res*, 2014; 357: 301-308.
- 1-38) 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 $\beta$ -positive cells of rat anterior pituitary gland: GPR68 induces interleukin-6 gene expression in extracellular acidification. *Cell Tissue Res*, 2014; 358: 515-525.
- 1-39) \*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.
- 1-40) 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.
- 1-41) 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.

1-42) 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.

## 2 新聞発表

2-1) 加藤幸雄 「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

## 3 学会発表

3-1) 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.

3-2) 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

3-3) 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.

3-4) 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.
- 3-5) 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.
- 3-6) 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 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.
- 3-7) 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 $\beta$  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.
- 3-8) 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.
- 3-9) 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 Maffected. WCRB 2017, Okinawa, Japan, 2017. 9. 27-29.
- 3-10) 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  $\beta$ -positive cells in the rat anterior lobe of the pituitary. WCRB 2017, Okinawa, Japan, 2017.9.27-29.
- 3-11) 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.
- 3-12) 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  $\beta$  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.
- 3-13) 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  $\beta$  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.
- 3-14) 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.
- 3-15) 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.
- 3-16) \*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.
- 3-17) 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.
- 3-18) 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.
- 3-19) 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.
- 3-20) 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.
- 3-21) 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.
- 3-22) 堀口幸太郎, 中倉敬, 吉田彩舟, 長谷川瑠美, 瀧上周, 大迫俊二, 加藤たか子, 加藤幸雄. ラット下垂体前葉内 TSH 産生細

胞における細胞表面抗原 CD90 の発現. 第 109 回日本繁殖生物学会大会, 相模原・麻布大学, 2016.9.11-15.

3-23) 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.

3-24) 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)

3-25) Kanno N, Yoshida S, Ueharu H, Kato T, Kato Y. Neuronatin progresses cell differentiation by participating in regulation of intracellular Ca<sup>2+</sup>-level. International Society for Stem Cell Research (ISSCR2016), San Francisco, 2016.6.22-25.

3-26) Ueharu H, Yoshida S, Kanno N, Nishimura N, Kato T, Kato Y. SOX10-positive cells emerge in the rat pituitary gland from the late embryonic stage and settle in the postnatal pituitary as stem/progenitor cells. International Society for Stem Cell Research (ISSCR2016), San Francisco, 2016.6.22-25.

3-27) 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.

- 3-28) 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)
- 3-29) 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.
- 3-30) Mochimaru Y, Satou K, Shindo M, Kato Y, Tomura H. Analysis of L $\beta$ T2 cell responses through ovarian cancer G-protein coupled receptor 1. CompBiol 2015 広島大会, 広島・JMS アステールプラザ, 2015. 12. 11-13.
- 3-31) 佐藤一裕, 根岸潤, 中倉敬, 草田智之, 加藤幸雄, 戸村秀明. ガウシアルシフエラーゼを利用した高感度ホルモン分泌アッセイ系の構築の試み. 第 108 回日本繁殖生物学会, 宮崎大学, 2015. 9. 17-20. (優秀発表賞受賞)
- 3-32) 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.
- 3-33) 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）

3-34) 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）

3-35) 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.

3-36) 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 $\beta$  の発現．第 119 回日本畜産学会，宇都宮大学，2015.3.27-30.

3-37) 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.

3-38) 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.

3-39) Higuchi M, Yoshida S, Nishimura N, Ueharu H, Kato T, Kato Y. Murine pituitary tumor-derived non-endocrine cell line, Tpit/F1, differentiateis capable of differentiating into growth hormone-producing cell, but is not dependent on pituitary-specific positive transcription factor 1, Pit1. The 97th Annual Meeting of American Endocrinology Society,

SanDiego, USA, 2015. 3. 5-8.

- 3-40) 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.
- 3-41) 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.
- 3-42) 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 $\beta$  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.
- 3-43) 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)
- 3-44) 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- $\gamma$  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.
- 3-45) 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.

- 3-46) 佐藤一裕, 加藤幸雄, 戸村秀明.  $L\beta T2$  細胞における性腺刺激ホルモン放出ホルモンに対するシグナル応答解析. 第87回日本生化学会大会, 京都国際会議場, 2014.10.15-17.
- 3-47) 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.
- 3-48) 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.
- 3-49) 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.
- 3-50) 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.
- 3-51) 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 $\beta$ -positive cells into pituitary gland during embryonic

- period. World Congress of Reproductive Biology 2014, Edinburgh, UK, 2014.9.2-4.
- 3-52) 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.
- 3-53) 佐藤一裕, 加藤幸雄, 戸村秀明. L $\beta$ T2 細胞における GnRH に対するシグナル活性化パターンの解析. 第 107 回日本繁殖生物学会, 帯広畜産大学, 2014.8.20-23.
- 3-54) 上春浩貴, 樋口雅司, 吉田彩舟, 西村直人, 加藤たか子, 加藤幸雄. 神経堤細胞由来細胞は下垂体に侵入し S100 $\beta$  陽性となる. 第 29 回日本下垂体研究会学術集会, 八王子セミナーハウス, 2014.8.8-10. (最優秀発表賞受賞)
- 3-55) 佐藤一裕, 一條裕太, 高橋邑和, 立石裕貴, 草田智之, 根岸潤, 佐藤聡恵, 加藤幸雄, 戸村秀明. L $\beta$ T2 細胞における GnRH に対するシグナル活性化様式の解析. 第 29 回日本下垂体研究会学術集会, 八王子セミナーハウス, 2014.8.8-10.
- 3-56) 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.
- 3-57) 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.

- 3-58) 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.
- 3-59) 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.
- 3-60) 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.
- 3-61) 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.
- 3-62) 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）

**研究分担者：大鐘 潤**

## 1 原著論文

- 1-1) Maekawa R, Ito R, Iwasaki Y, Saito K, Akutsu K, Takatori S, Ishii R, Kondo F, Arai Y, Ohgane J, Shiota K, Makino T, Sugino N. Evidence of exposure to chemicals and heavy metals during pregnancy in Japanese women. *Reprod Med Biol*, 2017; 16,

337-348.

- 1-2) \*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; 63(2): 157-165. doi: 10.1262/jrd.2016-158.
- 1-3) \*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.
- 1-4) 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.
- 1-5) \*Arai Y, Hayakawa K, Arai D, Ito R, Iwasaki Y, Saito K, Akutsu K, Takatori S, Ishii R, Hayashi R, Izumi S, Sugino N, Kondo F, Horie M, Nakazawa H, Makino T, Hirosawa M, Shiota K, Ohgane J. Putative epimutagens in maternal peripheral and cord blood samples identified using human induced pluripotent stem cells. *Biomed Res Int*, 2015; 876047.
- 1-6) Arai D, Hayakawa K, Ohgane J, Hirosawa M, Nakao Y, Tanaka S, Shiota K. An epigenetic regulatory element of the *Nodal* gene in the mouse and human genomes. *Mech Dev*, 2015; 136:

143-154.

## 2 学会発表

- 2-1) 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.
- 2-2) Ohgane J, Arai Y, Takeuchi K, Okazaki N, Yashima S, Nakano K, Umeyama K, Nagashima H. DNA methylation as an epigenetic modifier of the *FBN1* Transcription. In 10<sup>th</sup> International Research Symposium on Marfan Syndrome and Related Disorders, Amsterdam, 2018.5.3-5.
- 2-3) 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.
- 2-4) 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.
- 2-5) 梅山一大, 新井良和, 中野和明, 内倉鮎子, 渡邊将人, 松成ひとみ, 齋藤正寛, 木村徳宏, 渡邊航太, 堀内圭輔, 北城雅照, 有馬好美, サンペトラオルテア, 小崎健次郎, 佐谷秀行, 松本守雄, 長屋昌樹, 大鐘潤, 長嶋比呂志. 変異型 fibrillin-1 遺伝子を有するブタの上行大動脈の病理解析. 第 57 回日本脈管学会, 奈良・ホテル日航奈良, 2016.10.13-15.

- 2-6) 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.
- 2-7) 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.
- 2-8) 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.
- 2-9) 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.
- 2-10) 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.
- 2-11) 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.

- 2-12) 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.
- 2-13) 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.

研究分担者：紀藤 圭治

## 1 原著論文

- 1-1) \*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.
- 1-2) 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.
- 1-3) Tsukada T, Yoshida S, Kito K, Fujiwara K, Yako H, Horiguchi K, Isowa Y, Yashiro T, Kato T, Kato Y. TGF $\beta$  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.
- 1-4) 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.
- 1-5) Kiba T, Inaba J, Kudo T, Ueda N, Konishi M, Mitsuda N, Takiguchi Y, Kondou K, Yoshizumi T, Ohme-Takagie M, Matsui M, Yano K, Yanagisawa S, Sakakibara H. Repression of Nitrogen Starvation Responses by Members of the Arabidopsis GARP-Type Transcription Factor NIGT1/HRS1 Subfamily. *The Plant Cell*, (2018 Apr;30(4):925-945. doi: 10.1105/tpc.17.00810.).
- 1-6) \*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.
- 1-7) 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.
- 1-8) \*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.

- 1-9) \*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.

## 2 学会発表

- 2-1) 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.
- 2-2) 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.
- 2-3) 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.
- 2-4) 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.
- 2-5) 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.

- 2-6) 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.
- 2-7) 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.
- 2-8) 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.
- 2-9) 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.
- 2-10) 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.
- 2-11) 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.

- 2-12) 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.
- 2-13) 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.
- 2-14) 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.
- 2-15) 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 $\beta$  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.
- 2-16) 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. 14<sup>th</sup> International Symposium on Biomineralization, Tukuba International Congress Center, 筑波, 2017.10.9-13.
- 2-17) 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 $\beta$  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.
- 2-18) 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．ホテル阪急エクスポパーク，2017.7.26-28.
- 2-19) 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，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.
- 2-20) 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.
- 2-21) 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.
- 2-22) 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.
- 2-23) 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.
- 2-24) 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.
- 2-25) 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.
- 2-26) 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.
- 2-27) 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.
- 2-28) 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.
- 2-29) 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.

- 2-30) 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.
- 2-31) 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.
- 2-32) 吉田一誠, 鈴木丸陽, 須藤健吉, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 元山記子, 高橋昌平, 大西美帆子, 石橋裕子, 出崎能丈, 賀来華江, 紀藤圭治, 渋谷直人. キチン受容体キナーゼ CERK1 の自己リン酸化による制御機構の解析. 日本植物病理学会平成28年度植物感染生理談話会, 神戸市須磨浦海岸, シーパル須磨, 2016.8.10-12.
- 2-33) 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.
- 2-34) 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.
- 2-35) 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.



- 2-36) 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.
- 2-37) 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.
- 2-38) Desaki Y, Takahashi S, Koizumi H, Miura K, 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.
- 2-39) 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.
- 2-40) 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 回日本植物生理学学会年会, 岩手大学, 2016. 3. 18-20.

- 2-41) 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.
- 2-42) 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.
- 2-43) 古澤和俊, 石橋裕子, 寺川瑛, 鳥居幸也, 紀藤圭治. *S. cerevisiae* と *C. glabrata* における熱ストレス耐性に関わるプロテオーム発現プロファイルの比較解析. 第 38 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2015. 12. 1-4.
- 2-44) 岡田充弘, 楠俊太, 杉山知史, 石橋裕子, 紀藤圭治. 出芽酵母の細胞分裂におけるタンパク質不均等分配のプロテオミクス解析. 第 38 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2015. 12. 1-4.
- 2-45) 矢島宙岳, 完戸麻里香, 石橋裕子, 伊藤遼, 野原健弘, 紀藤圭治. 出芽酵母における遺伝子重複によるタンパク質発現量への影響. 第 38 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2015. 12. 1-4.
- 2-46) 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.

- 2-47) 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.
- 2-48) 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.
- 2-49) 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.
- 2-50) 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.
- 2-51) 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.
- 2-52) 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.
- 2-53) 古澤和俊，武田大祐，伊藤遼，大西美帆子，野原健弘，佐賀柁孝，矢島宙岳，紀藤圭治．母種間におけるタンパク質発現プロファイルの比較解析．第 37 回日本分子生物学会年会，パシフィコ横浜，2014. 11. 25-27.
- 2-54) 岡田充弘，佐藤慶，楠竣太，武田大佑，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.
- 2-55) Kito K, Ito H, Nohara T, Ohnishi M, Daisuke. Conserved and diverse aspect of proteome profile across multiple yeast species. 13th Human Proteome Organization World Congress in IFEMA. Madrid, Spain, 2014. 10. 5-8.
- 2-56) 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.
- 2-57) 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.
- 2-58) 岡田充弘，佐藤慶，武田大佑，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.

研究分担者：矢野 健太郎

## 1 原著論文

- 1-1) 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*, 9(1):3843. doi:10.1038/s41467-018-06116-1.
- 1-2) Asiche W O, Mitalo O W, Kasahara Y, Tosa Y, Mworia 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*, 20018; 18(1):47. doi:10.1186/s12870-018-1264-y.
- 1-3) 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; 30:925-945.
- 1-4) 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.
- 1-5) 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* L. subsp. *nipposinica* L. H. Bailey): evidence from QTL analysis. *J Plant Res*, 2017; 130: 539-550.
- 1-6) 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 Modeling. *Front Plant Sci*, 2017; 8: 421.
- 1-7) 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 Res*, 2017; 24: 397-405.
- 1-8) 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: 47.
- 1-9) Ueno S, Nakamura Y, Kobayashi M, Terashima S, Ishizuka W, Uchiyama K, Tsumura Y, Yano K, Goto S. TodoFirGene: Developing transcriptome resources for genetic analysis of

*Abies sachalinensis*. Plant Cell Physiol, doi:10.1093/pcp/pcy058.

- 1-10) \*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; 1:58(1) e3. doi: 10.1093/pcp/pcw199.
- 1-11) \*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; 2017; 1:58(1) e1. doi: 10.1093/pcp/pcw208.
- 1-12) \*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; 1:58(1) e8. doi: 10.1093/pcp/pcw207.
- 1-13) Kawakatsu Y, Nakayama H, Kaminoyama K, Igarashi K, Yasugi M, Kudoh H, Nagano JA, Yano K, Kubo N, Kimura S. A GLABRA1 ortholog on LG A9 controls trichome number in the Japanese leafy vegetables Mizuna and Mibuna (*Brassica rapa* subsp. *nipposinica*): evidence from QTL analysis. Journal of Plant Research 2017; 130:539-550.
- 1-14) \*Yamamoto N, Kudo T, Fujiwara S, Takatsuka Y, Hirokawa Y, Tsuzuki M, Takano T, Kobayashi M, Suda K, Asamizu E, Yokoyama

- K, Shibata D, Tabata S, Yano K. Pleurochrysome: a web database of pleurochrysis transcripts and orthologs among heterogeneous algae. *Plant Cell Physiol*, 2016; 57: e6.
- 1-15) 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.
- 1-16) Thagun C, Imanishi S, Kudo T, Nakabayashi R, Ohyama K, Mori T, Kawamoto K, Nakamura Y, Katayama M, Nonaka S, Matsukura C, Yano K, Ezura H, Saito K, Hashimoto T, Shoji T. Jasmonate-Responsive ERF Transcription Factors Regulate Steroidal Glycoalkaloid Biosynthesis in Tomato. *Plant Cell Physiol*, 2016; 57: 961-975.
- 1-17) Ohyanagi H, Obayashi T, Yano K. Editorial: Plant and Cell Physiology's 2016 Online Database Issue. *Plant Cell Physiol*, 2016; 57: 1-3.
- 1-18) Maeda S, Sakazono S, Masuko-Suzuki H, Taguchi M, Yamamura K, Nagano K, Endo T, Saeki K, Osaka M, Nabemoto M, Ito K, Kudo T, Kobayashi M, Kawagishi M, Fujita K, Nanjo H, Shindo T, Yano K, Suzuki G, Suwabe K, Watanabe M. Comparative analysis of microRNA profiles of rice anthers between cool-sensitive and cool-tolerant cultivars under cool-temperature stress. *Genes Genet Syst*, 2016; 91: 97-109.
- 1-19) \*Kudo T, Sasaki Y, Terashima S, Matsuda-Imai N, Takano T,



- Saito M, Kanno M, Ozaki S, Suwabe K, Suzuki G, Watanabe M, Matsuoka M, Takayama S, Yano K. Identification of reference genes for quantitative expression analysis using large-scale RNA-seq data of *Arabidopsis thaliana* and model crop plants. *Genes Genet Syst*, 2016; 91: 111-125.
- 1-20) \*Yamamoto N, Takano T, Tanaka K, Ishige T, Terashima S, Endo C, Kurusu T, Yajima S, Yano K, Tada Y. Comprehensive analysis of transcriptome response to salinity stress in the halophytic turf grass *Sporobolus virginicus*. *Front Plant Sci*, 2015; 6: 241.
- 1-21) Ohyanagi H, Takano T, Terashima S, Kobayashi M, Kanno M, Morimoto K, Kanegae H, Sasaki Y, Saito M, Asano S, Ozaki S, Kudo T, Yokoyama K, Aya K, Suwabe K, Suzuki G, Aoki K, Kubo Y, Watanabe M, Matsuoka M, Yano K. Plant omics data center: an integrated web repository for interspecies gene expression networks with NLP-based curation. *Plant Cell Physiol* 2015; 56: e9.
- 1-22) Ohyanagi H, Obayashi T, Yano K. Editorial: Plant and Cell Physiology's 2015 database issue. *Plant Cell Physiol* 2015; 56: 4-6.
- 1-23) Hirose Y, Suda K, Liu YG, Sato S, Nakamura Y, Yokoyama K, Yamamoto N, Hanano S, Takita E, Sakurai N, Suzuki H, Nakamura Y, Kaneko T, Yano K, Tabata S, Shibata D. The arabidopsis TAC position viewer: a high-resolution map of transformation-competent artificial chromosome (TAC) clones

aligned with the arabidopsis thaliana columbia-0 genome.  
Plant J, 2015; 83: 1114-1122.

- 1-24) Aya K, Kobayashi M, Tanaka J, Ohyanagi H, Suzuki T, Yano K, Takano T, Yano K, Matsuoka M. De novo transcriptome assembly of a fern, *Lygodium japonicum*, and a web resource database, Ljtrans DB. Plant Cell Physiol, 2015; 56: e5.
- 1-25) Nakatsuka A, Nakagawa T, Yano K, Sun N, Sakata H, Koyama K, Kobayashi N, Esumi T, Itamura H. Gene expression of pectic polysaccharide degrading enzymes in on-tree softened 'Hiratanenashi' Persimmon Fruit Food Preservation Science, 2014; 40: 185-193.
- 1-26) Kobayashi M, Ohyanagi H, Yano K. Omics databases and gene expression networks in plant science. In: Benkeblia N, ed. Omics Technologies and Crop Improvement: CRC Press, 2014: 1-14.
- 1-27) Hamada H, Kurusu T, Nokajima H, Kiyoduka M, Yano K, Kuchitsu K. Regulation of xylanase elicitor-induced expression of defense-related genes involved in phytoalexin biosynthesis by a cation channel OsTPC1 in suspension-cultured rice cells. Plant Biotechnology, 2014; 31: 329-334.

## 2 著書・総説，論説等

- 2-1) 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.
- 2-2) 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.
- 2-3) 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.
- 2-4) 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.
- 2-5) 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.
- 2-6) 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).

- 2-7) 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).
- 2-8) 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](https://doi.org/10.10-16) (2015年12月12日).
- 2-9) 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).
- 2-10) 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) (2014年07月17日).
- 2-11) Ohyanagi H, Nakamura Y, Yano Y. *Plant and Cell Physiology's* 2018 Database Issue and Beyond. *Plant and Cell Physiology*, 59 (1): 1-2. [doi:10.1093/pcp/pcy002](https://doi.org/10.1093/pcp/pcy002) (January 2018).
- 2-12) Ohyanagi H, Obayashi T, Yano K. Editorial: *Plant and Cell Physiology's* 2016 Online Database Issue. *Plant and Cell Physiology* 57 (1): 1-3. [doi:10.1093/pcp/pcv205](https://doi.org/10.1093/pcp/pcv205) (January 2016).
- 2-13) Ohyanagi H, Obayashi T, Yano K. Editorial. *Plant and Cell Physiology* 56 (1): 4-6. [doi:10.1093/pcp/pcu206](https://doi.org/10.1093/pcp/pcu206) (January 2015, Epub: January 20, 2015).
- 2-14) Obayashi T, Yano Y. Editorial. *Plant and Cell Physiology* 55 (1): 1-2. [doi:10.1093/pcp/pct193](https://doi.org/10.1093/pcp/pct193) (January 2014).

### 3 学会発表

- 3-1) 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.
- 3-2) 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.
- 3-3) 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.
- 3-4) 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.
- 3-5) 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.
- 3-6) Kentaro Y. Plant Omics Databases: Plant Omics Data Center (PODC), CATchUP and TOMATOMICS [The 15th Solanaceae Conference](#), Chiang Mai, Thailand, 2018.9.30-10.4.
- 3-7) Yano K. The 15th Solanaceae Conference, Chiang Mai, Thailand, 2018.9.30-10.4.

- 3-8) 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.
- 3-9) 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.
- 3-10) 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.
- 3-11) 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.
- 3-12) 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.
- 3-13) 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.

- 3-14) 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ユアル・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.
- 3-15) 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.
- 3-16) 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.
- 3-17) 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.
- 3-18) 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.
- 3-19) 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□道□活動

センター) , 2018. 5. 24-25.

3-20)

3-21) 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.

3-22) 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.

3-23) 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.

3-24) 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, 九州大学, 2018. 3. 24-26.

3-25) 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, 石網史子, 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，九州大学 2018. 3. 24-26.
- 3-26) 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.
- 3-27) 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.
- 3-28) 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.
- 3-29) 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.
- 3-30) 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．日本育種学会・第 132 回講演会，岩手大学，2017. 10. 7-8.

- 3-31) 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.
- 3-32) 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.
- 3-33) 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, 岩田浩佳, 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.
- 3-34) 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.
- 3-35) 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.
- 3-36) 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.

- 3-37) 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.
- 3-38) 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.
- 3-39) 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.
- 3-40) 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.
- 3-41) 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.
- 3-42) 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.

- 3-43) Yoshida S, Yurino H, Kobayashi M, Nishimura N, Kanno 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.
- 3-44) 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.
- 3-45) 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.
- 3-46) 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.
- 3-47) 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.
- 3-48) 工藤徹， 寺島伸， 高木諭乃， 菅野真麻， 横山幸治， 矢野健太郎.  
イネのマイクロアレイ遺伝子発現データベース OryzaExpress.  
日本育種学会 129 回講演会， 第 58 回シンポジウム， 横浜市立大  
学， 2016. 3. 21-22.
- 3-49) 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.
- 3-50) 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.
- 3-51) 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.
- 3-52) 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.
- 3-53) 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.
- 3-54) 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.
- 3-55) 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.
- 3-56) 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.
- 3-57) 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.
- 3-58) 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.

- 3-59) Kudo T, Sasaki Y, S. T, Matsuda N, Takano T, Saito M, Kanno M, Suwabe K, Suzuki G, Watanabe M, Matsuoka M, Takayama S, Yano K. Identification of 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. (2017)
- 3-60) 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.
- 3-61) 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.
- 3-62) 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.

- 3-63) 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田(今井)典子, 寺島伸, 矢野健太郎.  
自然言語処理とマニュアル・キュレーションを併用した高信頼度機能アノテーションの作成. 第12回日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 明治大学, 2015.9.4-5.
- 3-64) 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.
- 3-65) 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.
- 3-66) 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.
- 3-67) 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.
- 3-68) 浅野さとみ, 高野知之, 寺島伸, 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田典子, 工藤徹, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 横山幸治, 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎. 植物オミックスデータベース PODC (Plant Omics Data Center) を用いた環境応答遺伝子の解析事例. 第33



- 回日本植物細胞分子生物学会，東京大学，2015.8.10-12.
- 3-69) 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.
- 3-70) Kudo T, Sasaki Y, S. T, Matsuda-Imai N, Takano T, Saito M, Kanno M, Ozaki S, Suwabe K, Suzuki G, Watanabe M, Matsuoka M, Takayama S, Yano K. Identification of Reference Genes for Quantitative Expression Analysis in Broad Experimental Conditions Using Large-scale RNA-seq Data of *Arabidopsis thaliana* and Model Crop Plants. 第 12 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会，明治大学，2015.9.4-5.
- 3-71) 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.
- 3-72) 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.

- 3-73) 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.
- 3-74) 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 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.
- 3-75) 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.
- 3-76) 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.
- 3-77) 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.
- 3-78) 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.
- 3-79) 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.
- 3-80) 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.
- 3-81) 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.

- 3-82) 高野知之, 寺島伸, 工藤徹, 菅野真麻, 森本恭子, 鐘ヶ江弘美, 佐々木陽平, 小林正明, 尾崎崇一, 齋藤美沙, 浅野さとみ, 横山幸治, 安益公一郎, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎. 遺伝子発現ネットワーク情報と高精度アノテーション情報を搭載した Web データベース PODC の開発. 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015. 3-20-22.
- 3-83) 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.
- 3-84) 浅野さとみ, 高野知之, 寺島伸, 菅野真麻, 齋藤美沙, 森本恭子, 鐘ヶ江弘美, 工藤徹, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 横山幸治, 小林正明, 安益公一郎, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎. 植物オミックスデータベース PODC (Plant Omics Data Center) を用いた環境応答遺伝子の網羅的な解析例. 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015. 3-20-22.
- 3-85) 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.

- 3-86) 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.
- 3-87) 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.
- 3-88) 尾崎崇一, 高沢舞, 菅野真麻, 森本恭子, 浅野さとみ, 齋藤美沙, 小林正明, 大柳一, 青木考, 矢野健太郎. トマトの統合オミックス・データベース TOMATOMICS. 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015. 3-20-22.
- 3-89) 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.
- 3-90) 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.

- 3-91) 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.
- 3-92) 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.
- 3-93) 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 Animal Genome XXIII, San Diego, CA, USA, 2015.1.10-14.
- 3-94) 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.

- 3-95) Nakamura E, Otani M, Sasaki Y, Yano K. A Comparative Transcriptome Analysis on Growth Regulation Between Seeds and Buds of Arabidopsis. International Plant and Animal Genome XXIII, San Diego, CA, USA, 2015.1.10-14.
- 3-96) 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.
- 3-97) 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.
- 3-98) 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.
- 3-99) 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.

- 3-100) 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.
- 3-101) 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.
- 3-102) 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.
- 3-103) 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.

3-104) 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.

3-105) 工藤徹, 高野知之, 寺島伸, 小林正明, 森本恭子, 菅野真麻, 鐘ヶ江弘美, 尾崎崇一, 松村駿斗, 佐々木陽平, 齋藤美沙, 浅野さとみ, 横山幸治, 安益公一朗, 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.

3-106) 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.

3-107) 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.

- 3-108) Aoki K, Hazama M, Hirakawa H, Yano K. Update of DNA resource of NBRP tomato. 第 11 回 日本ナス科コンソシウム (JSOL) 年会, 名古屋大学, 2014. 10. 25-26.
- 3-109) 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.
- 3-110) 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.
- 3-111) 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.
- 3-112) 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.
- 3-113) 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.

- 3-114) 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.
- 3-115) 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.
- 3-116) 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.
- 3-117) 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.
- 3-118) 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.

3-119) 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.

3-120) 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.

3-121) 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.