

VI 数理分子生命理学専攻
・数理生命科学プログラム

1 数理分子生命理学専攻・数理生命科学プログラム

1-1 専攻・プログラムの理念と目標

数理分子生命理学専攻・数理生命科学プログラムでは、生命科学と数理科学の融合的研究教育を推進することを目標として掲げている。複雑な自然現象、特に生命体における一連の物質情報交換システムなどを含む複雑系の現象に焦点を当て、理学諸分野との協力のもとにその系統的解析を行う。これによって得られる現象の数理的認識を数理科学的モデルとして定式化し、数値シミュレーション法や新しいデータ集積・解析法を適用して、論理的・統合的に研究を体系化して、生命現象や自然現象を支配する基本法則を解明していくことを目指す。このような学問領域は、今後飛躍的に重要性が増す分野であり、本専攻・プログラムの存在は基礎科学の発展に大きく貢献するとともに、単なる学問上の意義だけに止まらず、新しい社会のニーズにも応えていくものである。

1-2 専攻・プログラムの組織と運営

【1】数理分子生命理学専攻・数理生命科学プログラムの組織

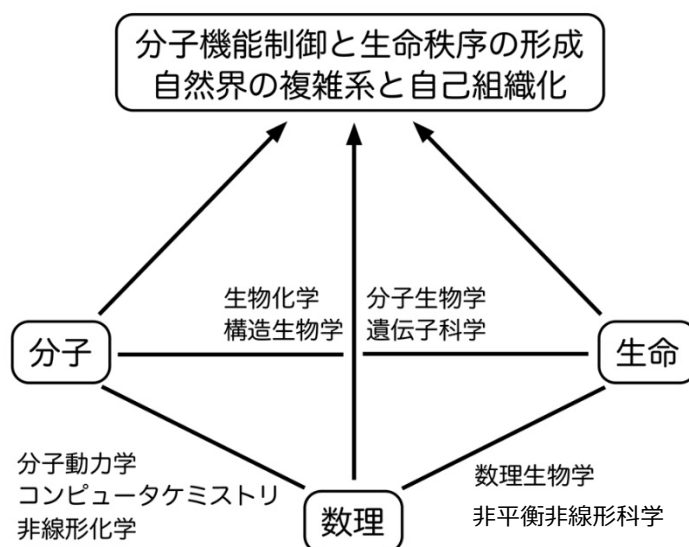
数理分子生命理学専攻・数理生命科学プログラムの概要

数理分子生命理学専攻は、生命現象に焦点を当て、生命科学・分子化学・数理科学の融合による新しい学問領域の創成と教育を目的として平成11年4月に全国に先駆けて設置された。平成31年4月に統合生命科学研究科が創設され、数理生命科学プログラムとして更に幅広い生命科学諸分野と連携することでその教育課程を発展させている。本専攻・プログラムは生物系、化学系の実験グループと数理系の理論グループから構成され、生命現象に対し分子、細胞、個体のそれぞれのレベルでの多角的な実験的研究と、計算機シミュレーションや理論的研究によって、生命現象とその関連分野を多面的かつ統合的に解明していくことを目標にしている。

本専攻・プログラムは生物系と化学系の研究グループが属する「生命理学講座」と数理系研究グループが属する「数理計算理学講座」の二つの基幹大講座からなる。本プログラムは幅広い分野からの学生募集をするので、入学する学生は、数学、物理学、化学、生物学、薬学、農芸化学など様々な分野で学部教育を受けた者であり、生命現象の解明に対してもそれぞれ異なる視点や研究方法を持っている。そこで、博士課程前期では、学生が生命科学の諸問題や学際研究の重要性を認識するために、生命科学と数理科学に共通する入門講義、ついで、分子生物学、化学、数理科学の基礎を体系的に編成した専門基礎講義、さらに各研究グループによる先端的な専門講義を段階的に行う。また、学生に入学当初から各研究グループの第一線の研究活動に加わってもらうことによって新しい研究領域への理解と興味を促す。これによって、高い専門知識のみならず、多分野の知識の組み合わせや視点をかえて発展させる能力の育成を図る。博士課程後期では、多面的な視点から創造的な研究活動が行えるように配慮し、独立した研究者としてこの新しい分野の発展を担うことのできる人材や、高度な社会的ニーズに応えることのできる創造力のある人材の育成を目指す。

本専攻・プログラムの目的の一つは、生命を統合的に研究していくと同時に、関係するいろいろな考え方や方法論を身に付けた若い人材を育てることである。生命に対して、広い視野を持って挑戦しようという意欲のある学生諸君の入学を期待する。

数理分子生命理学専攻・数理生命科学プログラム概念図



数理分子生命理学専攻・数理生命科学プログラムの組織

【生命理学講座】

生物は、遺伝情報に基づき形成され、さらに環境の変化や細胞内の状況に応じて生存していくために情報を処理し、それに基づいて物質を生合成・代謝する精緻な機構を備えている。本講座は、生物系と化学系のグループから成り、生命現象の基盤となる生体分子の構造機能相関の解明、さらに生体分子が階層的な集合体を形成することにより極めて効率よく行われる細胞情報の発現と伝達、物質変換と輸送、形質形成、環境応答などの研究や関連した分野の研究を行っている。

【数理計算理学講座】

生命現象などの複雑な自然現象を、深い洞察と認識をもって数理モデルとして表現し、これらを用いて数値シミュレーションを行う。得られる結果を体系的に解析して新しい理論的知見を積み重ねることにより、現象の数理構造と基本法則を見出してその理解を深めることを目指す。このために、現象解析に対して多角的・統合的接近法を用いる新しい科学的研究の枠組みを提示する。上記のような営みから抽出された深い数理構造への理解を目指す過程から、フィードバック、または、インスパイアされた統一的な問題を考察し、新たな解析学的定理を見出したり、新たな数学解析的な理論を構築することをもその射程とする。

【2】数理分子生命理学専攻・数理生命科学プログラムの運営

数理分子生命理学専攻・数理生命科学プログラムの運営は、数理分子生命理学専攻長・数理生命科学プログラム長を中心にして行われている。

令和2年度数理分子生命理学専攻長・数理生命科学プログラム長 坂元国望

また、数理分子生命理学専攻・数理生命科学プログラムの円滑な運営のために各種委員会等が活動している。令和2年度の各種委員会の委員一覧を次にあげる。

・数理分子生命理学専攻・数理生命科学プログラム内の各種委員会

委員会名	令和2年度
三系代表者会議	坂元, 泉, 坂本 (敦)
就職担当	井出(9月迄)/坂元(10月以降)
HP委員	○栗津, 富樫, 安田, 津田
パンフレット委員	選出せず
教務	○栗津, 片柳, 佐久間
庶務・会計	富樫
チューター	坂元, 高橋

○印 委員長

・理学研究科における各種委員会の数理分子生命理学専攻委員

委員会名	令和2年度
研究科代議委員会	坂元, 泉
人事交流委員会	なし
安全衛生委員会 (衛生管理者)	藤原 (昌)
評価委員会	中田, 山本
広報委員会	大前
地区防災対策委員会	坂元
教育交流委員会	選出せず
大学院委員会	坂本 (尚)
情報セキュリティ委員会	藤井
将来構想検討WG	選出せず

・統合生命科学研究科における各種委員会の数理生命科学プログラム委員

委員会名	令和2年度
プログラム長	坂元
副プログラム長	泉
研究推進委員会 (2年任期)	坂本(尚)

国際交流委員会（2年任期）	片柳
広報委員（2年任期）	粟津
学務委員（2年任期）	佐久間
入試委員（2年任期）	島田

1-2-1 教職員

数理分子生命理学専攻・数理生命科学プログラムは、数理計算理学講座と生命理学講座の二大講座で構成されており、各講座内でいくつかの研究グループが形成されている。令和2年度の構成員は以下の通りである。

<数理計算理学講座>

非線形数理学研究グループ：坂元国望（教授）、大西 勇（准教授）、富樫祐一（准教授）
現象数理学研究グループ：粟津暁紀（准教授）、藤井雅史（助教）
複雑系数理学研究グループ：小林 亮（教授）、李 聖林（教授）、飯間 信（准教授）

<生命理学講座>

分子生物物理学研究グループ：楯 真一（教授）、片柳克夫（准教授）、大前英司（助教）、
安田恭大（助教）、Tiwari Sandhya Premnath（助教）
自己組織化学研究グループ：中田 聡（教授）、藤原好恒（准教授）、藤原昌夫（助教）
松尾宗征（助教）
生物化学研究グループ：泉 俊輔（教授）、芦田嘉之（助教）
分子遺伝学研究グループ：山本 卓（教授）、坂本尚昭（准教授）、佐久間哲史（准教授）、
落合 博（講師）、中坪（光永）敬子（助教）、細羽康介（助教）、
坊農秀雄（特任教授）、杉 拓磨（特任准教授）
鈴木賢一（特任准教授）、栗田朋和（特任助教）
分子形質発現学研究グループ：坂本 敦（教授）、島田裕士（准教授）、高橋美佐（助教）、
岡崎久美子（共同研究講座助教）
遺伝子化学研究グループ：井出 博（教授）、津田雅貴（助教）

<数理分子生命理学専攻・数理生命科学プログラム事務>

森下朱美（契約一般職員）、平田紫穂（契約一般職員）、高藤美穂（契約一般職員）

<令和2年度の非常勤講師>

寺東宏明（岡山大学自然生命科学研究支援センター・教授）「遺伝子化学B」
村上一馬（京都大学大学院農学研究科・准教授）「天然物有機化学I」
傳田光洋（資生堂グローバルイノベーションセンター・主幹研究員）
「人間（ヒト）を創る皮膚」
上田肇一（富山大学学術研究部理学系・教授）「自己組織化現象の数理」
本田直樹（京大大学生命科学研究科・准教授）「多細胞システムの理論生物学」

1-2-2 教員の異動

令和2年度

- 令和 2年 4月 1日 松尾宗征 (自己組織化学 助教) 着任
- 令和 2年 4月 1日 坊農秀雄 (分子遺伝学 特任教授) 着任
- 令和 2年 4月 1日 杉 拓磨 (分子遺伝学 特任准教授) 着任
- 令和 3年 3月31日 井出 博 (遺伝子化学 教授) 退職
- 令和 3年 3月31日 小林 亮 (複雑系数理学 教授) 退職
- 令和 3年 3月31日 富樫祐一 (非線形数理学 准教授) 異動

1-3 専攻・プログラムの大学院教育

1-3-1 大学院教育の目標とアドミッション・ポリシー

【1】教育目標

数理分子生命理学専攻・数理生命科学プログラムは、複雑系の典型である生命現象に焦点をあて、生命科学と数理科学の融合による新しい研究領域の創成を目的として設置された。本専攻・プログラムは、生物系・化学系の実験グループと数理系の理論グループから構成され、生命現象に対して分子・細胞・固体のそれぞれのレベルでの実験的研究を行うとともに、計算機シミュレーションや理論的研究によって、生命現象を支配する基本法則を統合的に解明していくことを目標としている。このように学際的な特色を持つ本専攻・プログラムでは、教育目標として、特に次の項目に留意している。

- (1) 新しい分野を切り開いていく意欲を持った学生を自然科学の幅広い分野から受け入れる。
- (2) それぞれの専門的講義を体系的に編成し、専門的基礎を学生に教育するとともに、学際的研究の重要性を認識するために、生命科学、数理科学に共通する入門的講義を行う。また、各専門分野における先端的な研究成果をわかりやすく紹介するために、セミナー形式の講義を開講し、学生に広く興味を促す。
- (3) 多面的な視点を備えた創造的な研究者を育成するために、学生個々に対応した研究教育指導を行う。

【2】アドミッション・ポリシー

数理分子生命理学専攻・数理生命科学プログラムでは、生命現象を支配する基本法則を高度な科学的論理性のもとで系統的かつ実験的な解析を用いて探求することのできる人材や、実験的解析の成果を含む従前の知見をもとに現象の数理的構造や基本法則を見出すような高度な数理科学の問題にも対応できる人材の育成を目指している。本専攻・プログラムでは、生命科学と数理科学の融合した新しい研究分野を切り開いていく意欲を持った学生を、自然科学の幅広い分野から受け入れる。

1-3-2 大学院教育の成果とその検証

・令和2年度数理分子生命理学専攻・数理生命科学プログラム在籍学生数

	博士課程前期	博士課程後期
令和2年度	40 (12) [0 (0)] <0 (0)>	14 (2) [0 (0)] <2 (0)>

() 内は女子で内数

[] 内は国費留学生数で内数

< > 内は社会人学生数で内数

・令和2年度のチューター

	博士課程前期	博士課程後期
令和2年度生	坂元, 高橋	坂元, 高橋

・令和2年度授業科目履修表

数理生命科学プログラム (博士課程前期)					
科目区分	授業科目の名称	配当年次	単位数	担当教員	
必修科目	研究科 共通科目	統合生命科学特別講義	1	2	中田,栗津
		生命科学研究法	1	2	藤井,坂本(尚)
	プログラム 専門科目	数理計算理学概論	1	2	栗津,富樫
		生命理学概論	1	2	中田,坂本(教),岩根,島田,藤原(好),井出,泉,片柳,坂本(尚),樋,佐久間,山本
	数理生命科学特別研究	1~2	4	各教員	
大学院 共通科目	持続可能な 発展科目	Hiroshimaから世界平和を考える	1・2	1	友次,小宮山,中坪(孝),山根,河合,VAN,保田,志賀,川野, STYCZEK
		Japanese Experience of Social Development- Economy, Infrastructure, and Peace	1・2	1	金子,吉田(雄),吉田(修),張,片柳(真),市橋
		Japanese Experience of Human Development-Culture, Education, and Health	1・2	1	馬場,清水,田中,森山,MAHARJAN, KESHAV,関
		SDGsへの学問的アプローチ A	1・2	1	馬場,隈元,永田,田中,森山,実岡,石田,RAHMAN
		SDGsへの学問的アプローチ B	1・2	1	片柳(真),長谷川,佐野,河合,日比野,小池
		ダイバーシティの理解	1・2	1	北梶,大池,櫻井,坂田
	SDGsへの学問的アプローチ	1・3	2	鈴木	
	テカ シリア 開発・ データ リ	データリテラシー	1・2	1	柳原,伊森, RAMASAMY
		医療情報リテラシー	1・2	1	田中,小笹,久保,大上,三原,阿部,吉村,三木
		MOT入門	1・2	1	伊藤
		アントレプレナーシップ概論	1・2	1	牧野
		人文社会系キャリアマネジメント	1・2	2	森
		理工系キャリアマネジメント	1・2	2	原田
		ストレスマネジメント	1・2	2	原田,服部
	情報セキュリティ	1・2	2	西村	
	研究科 共通科目	生命科学社会実装論	1	2	島田,菊池,富樫,久米,岡村,細野,ヴィレヌーブ
		科学技術英語表現法	2	2	根平,三浦,久米,青井, LIAO
		コミュニケーション能力開発	1	2	中ノ,舟橋,黒田,櫻井,魚谷,山内
		海外学術活動演習	1・2	2	山崎
		プログラム共同セミナーA	1・2	2	山崎,和崎
選択 必修科目	プログラム 専門科目	数理計算理学特別演習A	1	2	坂元,大西,飯間,栗津,李,富樫,小林,藤井
		数理計算理学特別演習B	1	2	坂元,大西,飯間,栗津,李,富樫,小林,藤井
		生命理学特別演習A	1	2	樋,片柳,藤原(好),泉,坂本(教),山本,坂本(尚),佐久間,中田,島田,津田
		生命理学特別演習B	1	2	樋,片柳,藤原(好),泉,坂本(教),山本,坂本(尚),佐久間,中田,島田,津田
		数理モデリングA	1・2	2	開講なし
		数理モデリングB	1・2	2	開講なし
		数理モデリングC	1・2	2	栗津,藤井
		数理モデリングD	1・2	2	大西,富樫
		計算数理科学A	1・2	2	李,小林
		計算数理科学B	1・2	2	坂元
		数理生物学	1・2	2	李,富樫
		応用数学A	1・2	2	坂元
	応用数学B	1・2	2	飯間,坂元	
	大規模計算・データ科学	1・2	2	富樫,栗津	
	分子遺伝学	1・2	2	坂本(尚),細羽	
	分子形質発現学A	1・2	2	開講なし	
	分子形質発現学B	1・2	2	島田,坂本(教)	
	遺伝子化学A	1・2	2	開講なし	
	遺伝子化学B	1・2	2	井出,寺東,津田	
	分子生物物理学	1・2	2	樋,安田	
	プロテオミクス	1・2	2	片柳,大前	
	プロテオミクス実験法・同実習	1・2	2	泉,片柳	
	生物化学A	1・2	2	開講なし	
	生物化学B	1・2	2	泉	
	自己組織化学A	1・2	2	開講なし	
	自己組織化学B	1・2	2	中田,藤原(好)	
	数理生命科学特別講義A	1・2	1	村上,泉	
数理生命科学特別講義B	1・2	1	上田,飯間		
数理生命科学特別講義C	1・2	1	本田,栗津		
数理生命科学特別講義D	1・2	1	傳田,中田		
自由 科目	数理計算理学特論A	1・2	2	開講なし	
	数理計算理学特論B	1・2	2	開講なし	
	数理計算理学特論C	1・2	2	栗津,坂元,大西,富樫,小林,飯間,李,藤井	
	数理計算理学特論D	1・2	2	栗津,坂元,大西,富樫,小林,飯間,李,藤井	
	生命理学特論A	1・2	2	開講なし	
	生命理学特論B	1・2	2	開講なし	
	生命理学特論C	1・2	2	樋,大前,片柳,山本,中坪,坂本(尚),佐久間,中田,藤原(好),藤原(昌),泉,芦田,坂本(教),島田,高橋,井出,津田	
	生命理学特論D	1・2	2	樋,大前,片柳,山本,中坪,坂本(尚),佐久間,中田,藤原(好),藤原(昌),泉,芦田,坂本(教),島田,高橋,井出,津田	

※配当年次の記載 1:1年次に履修, 2:2年次に履修, 1~2:1年次から2年次に履修, 1・2:履修年次を問わない

※共通科目については他プログラム教員を含む。

・令和2年度開講授業科目

数理生命科学プログラム (博士課程前期)		
科目区分	授業科目の名称	授業のキーワード
必修科目	研究科共通科目	統合生命科学特別講義 異なる分野間の融合・連携事例あるいはその可能性
	研究科共通科目	生命科学研究方法 研究倫理、論文検索、実験デザイン、生物統計
	プログラム専門科目	数理計算理学概論 分子・細胞の生物物理学的考察、計算科学(特に生命科学分野)の基礎
		生命理学概論 生命現象、現象論、分子論
大学院共通科目	持続可能な発展科目	数理生命科学特別研究 問題策定、討論、研究、発表
	持続可能な発展科目	Hiroshimaから世界平和を考える 原爆、構造的暴力、積極的平和、平和構築、持続可能な開発
		Japanese Experience of Social Development-Economy, Infrastructure, and Peace グローバルイノベーション・国際協力
		Japanese Experience of Human Development-Culture, Education, and Health グローバルイノベーション・国際協力
		SDGsへの学問的アプローチA SDGs、学問的アプローチ
		SDGsへの学問的アプローチB SDGs、平和、気候変動、防災、持続可能なエネルギー、環境、経済成長、雇用、強靱(レジリエント)なインフラ、生物資源、地方自治体
		ダイバーシティの理解 ダイバーシティ、インクルージョン、ジェンダー、教育、セクシュアリティ、多文化、障がい
		SDGsへの学問的アプローチ
	キャリア開発科目	データリテラシー 統計的推論、機械学習
	キャリア開発科目	医療情報リテラシー ビッグデータ、ゲノム情報、医学研究、臨床研究、医療情報処理、情報セキュリティ、倫理、個人情報保護、法律
	キャリア開発科目	MOT入門
	キャリア開発科目	アントレプレナーシップ概論
	キャリア開発科目	人文社会系キャリアマネジメント キャリアマネジメント キュリア理論 社会人基礎力
	キャリア開発科目	理工系キャリアマネジメント コミュニケーション、対話、プレゼンテーション、傾聴、ファシリテーション
キャリア開発科目	ストレスマネジメント ストレス、ストレスマネジメント、メンタルヘルス、マインドフルネス	
キャリア開発科目	情報セキュリティ	
研究科共通科目	生命科学社会実装論 生命科学、社会実装、技術移転、起業	
	科学技術英語表現法 語学教育	
	コミュニケーション能力開発 ディベート、コミュニケーション能力、キャリア開発	
	海外学術活動演習 国際的視野、グローバルコミュニケーション能力向上	
選択必修科目	プログラム共同セミナーA	
	数理計算理学特別演習A	数学、数理科学、研究計画微分方程式系の解起動により定義される力学系、チューリング不安定性、パターン形成の数学・数理科学など数理生命科学に関する課題研究非平衡系、複雑系、生命系
		数理計算理学特別演習B 計算科学、研究発表法数理生命科学に関する課題研究非平衡系、複雑系、生命系
	生命理学特別演習A	生体高分子構造、機能、動的構造特性生体高分子構造、機能、構造生物学光化学、磁気科学生化学自己組織化学・非線形・非平衡・散逸構造 植物の形質発現や生存成長戦略に関する課題研究
		生命理学特別演習B 分子生物物理学に関する課題研究 生体高分子構造、機能、構造生物学 光化学、磁気科学 生化学 自己組織化学・非線形・非平衡・散逸構造 植物の形質発現や生存成長戦略に関する課題研究
	数理モデリングA 非平衡系の基礎、数理モデリング	
	数理モデリングB 微分方程式の解軌道、安定性、相空間とオブジェクト 力学系の応用 反応拡散方程式系 分岐理論の応用 パターン形成 チューリング不安定性 ノストック並目のシアノバクテリアの分子ダイナミクス	
	数理モデリングC	
	数理モデリングD	
	計算数理科学A 非線形動力学、力学系、モデリング	
	計算数理科学B 半線形偏微分方程式、反応拡散系、パターン形成、安定性と不安定性	
	数理生物学 生命現象の数理モデル、微分方程式	
	応用数理学A 位相方程式	
	応用数理学B 流体力学、非線形現象、生物の運動	
	大規模計算・データ科学 計算科学、データ科学、HPC、並列計算、プログラミング、統計、機械学習、バイオインフォマティクス	
	分子遺伝学	
	分子形質発現学A ストレス応答、ストレス耐性、遺伝子機能、植物生理、植物遺伝子操作、分子育種	
	分子形質発現学B	
	遺伝子化学A DNA、損傷、複製	
	遺伝子化学B	
	分子生物物理学	
	プロテオミクス 構造プロテオミクス、蛋白質X線結晶学、回折法、分光法	
	プロテオミクス実験法・同実習 プロテオミクス、タンパク質、質量分析法、X線構造解析	
	生物化学A 代謝、同化・異化、解糖系、TCAサイクル、脂質合成、2次代謝、メバロン酸経路と非メバロン酸経路	
	生物化学B	
	自己組織化学A 自己組織化、非平衡系、振動現象、パターン形成、リズム	
	自己組織化学B	
	数理生命科学特別講義A 材料・資源として利用される天然物に関する知識・理解を得る。	
	数理生命科学特別講義B 生物物理、高分子物理、統計力学	
	数理生命科学特別講義C 数理科学、反応・拡散モデル、拡散過程、偏微分方程式	
	数理生命科学特別講義D 散逸構造	
	数理計算理学特論A 文献講読	
	数理計算理学特論B 文献講読	
	数理計算理学特論C	
数理計算理学特論D		
自由科目	生命理学特論A 生命理学生体高分子構造、機能、動的構造特性 生命現象、現象論、分子論 植物サイエンス、形質発現、遺伝子機能、環境応答、遺伝子組換え	
	生命理学特論B 生命理学生体高分子構造、機能、動的構造特性 生命現象、現象論、分子論 植物サイエンス、形質発現、遺伝子機能、環境応答、遺伝子組換え	
	生命理学特論C	
	生命理学特論D	

・令和2年度授業科目履修表

数理生命科学プログラム (博士課程後期)						
科目区分		授業科目の名称	配当年次	単位数	担当教員	
必修科目	プログラム 専門科目	統合生命科学特別研究	1~3	12	山本, 中田, 楯, 李	
		選択必修科目				
選択必修科目	持続可能な 発展科目	スペシャリスト型SDGsアイデアマイニング学生セミナー	1・2・3	1	小池, 岩本, 小原, 若林, null, 吉田, 岡, 服部, 蝶	
		SDGsの観点から見た地域開発セミナー	1・2・3	1	細野	
		普遍的平和を目指して	1・2・3	1	VAN, 保田, 隈元, 掛江, 友次, 中坪(孝), 川野, 掛江, 山根, 河合, STYCZEK	
	大学院 共通科目	キャリア 開発・ データ リテラ シー 科目	事業創造概論	1・2・3		牧野
			データサイエンス	1・2・3	2	福井, 赤瀬
			パターン認識と機械学習	1・2・3	2	伊森, 赤瀬
			データサイエンティスト養成	1・2・3	1	三須, 塩崎, 赤瀬
			医療情報リテラシー活用	1・2・3	1	田中, 小笹, 阿部, 吉村, 三木, 久保, 大上
			リーダーシップ手法	1・2・3	1	三須, 原山
			高度イノベーション人材のためのキャリアマネジメント	1・2・3	1	三須
			イノベーション演習	1・2・3	2	三須, 赤瀬, 牧野
			長期インターンシップ	1・2・3	2	三須
			研究科 共通科目		生命科学研究計画法	1
	海外学術研究	1・2・3			2	中島田
	生命科学キャリアデザイン開発	1			2	和崎, 濱生, 河本, 西堀
	生物・生命系長期インターンシップ	1・2・3			2	中島田
	プログラム共同セミナーB	1・2・3			2	山崎
	プログラム 専門科目		数理生命科学特別講義E	1・2・3	1	村上, 泉
			数理生命科学特別講義F	1・2・3	1	上田, 飯間
			数理生命科学特別講義G	1・2・3	1	本田, 粟津
数理生命科学特別講義H			1・2・3	1	傳田, 中田	
※配当年次の記載 1:1年次に履修, 2:2年次に履修, 3:3年次に履修, 1~3:1年次から3年次で履修, 1・2・3:履修年次を問わない					共通科目については他プログラム教員を含む	

・令和2年度開講授業科目

数理生命科学プログラム (博士課程後期)			
科目区分	授業科目の名称	授業のキーワード	
必修科目	プログラム 専門科目	統合生命科学特別研究 非線形科学, 時空間パターン, 非平衡系, 振動反応	
	選択必修科目	持続可能な 発展科目	スペシャリスト型SDGsアイデアマイニング学生セミナー 持続可能な開発目標, ブレインストーミング, アイデアマイニング, ディスカッション, 社会実装
SDGsの観点から見た地域開発セミナー SDG's, 農村, コミュニティ, 集落再生, 6次産業化			
普遍的平和を目指して 原爆, 構造的暴力, 積極的平和, 平和構築, 持続可能な開発			
大学院共通科目		キャリア 開発・デ ータリテ ラシー科 目	事業創造概論
			データサイエンス R, データの読み込み・加工, データの視覚化, データ解析
			パターン認識と機械学習 パターン認識, 機械学習, 人工知能
			データサイエンティスト養成 ビッグデータ, 人工知能, PBL, データサイエンス, 分析
			医療情報リテラシー活用 ビッグデータ, ゲノム情報, 医学研究, 臨床研究, 医療情報処理, 情報セキュリティ, 倫理, 個人情報保護, 法律
			リーダーシップ手法 キャリア, スキル, コミュニケーション, リーダー, フォロワー, ビジョン
			高度イノベーション人材のためのキャリアマネジメント キャリア, 研究開発, イノベーション, 企業, 人材
	イノベーション演習 イノベーション, 融合, 企業, PBL		
	長期インターンシップ インターンシップ, スキル, キャリア開発		
研究科 共通科目	生命科学研究計画法 研究計画, 研究討論, 学際研究		
	海外学術研究 英語, コミュニケーション能力, 国際的ネットワーク		
	生命科学キャリアデザイン開発 キャリア, ディベート, 学際性, 生命科学		
	生物・生命系長期インターンシップ		
	プログラム共同セミナーB		
プロ gram 専 門 科 目	数理生命科学特別講義E 材料・資源として利用される天然物に関する知識・理解を得る。		
	数理生命科学特別講義F 生物物理, 高分子物理, 統計力学		
	数理生命科学特別講義G 数理科学, 反応・拡散モデル, 拡散過程, 偏微分方程式		
	数理生命科学特別講義H 散逸構造		

・各研究グループの在籍学生数

令和2年度

研究グループ名	M1	M2	D1	D2	D3	D+
数理計算理学講座	5	10	0	0	2	1
非線形数理学	0	1	0	0	1	1
現象数理学	4	6	0	0	0	0
複雑系数理学	1	3	0	0	1	0
生命理学講座	16	9	1	4	4	2
分子生物物理学	6	2	0	1	1	0
自己組織化学	2	4	0	2	1	0
生物化学	1	2	0	0	0	0
分子遺伝学	2	1	1	1	2	1
分子形質発現学	4	0	0	0	0	0
遺伝子化学	1	0	0	0	0	0
計	21	19	1	4	6	3

・博士課程修了者の進路

(修了年の5月1日現在)

修了者総数		就 職 者							左記以外	
		研 究 者	情 報 処 理 技 術 者	そ の 他 技 術 者	教 員	事 務 ・ そ の 他	公 務 員	小 計	進 学	そ の 他
令和 2年度	21	1	6	5	1	5	0	18	3	0

1-3-3 大学院生の国内学会発表実績

博士課程前期の学生が共同研究者の発表件数 29件
 博士課程後期の学生が共同研究者の発表件数 8件
 博士課程前期・後期の学生が共に共同発表した件数 3件

1-3-4 大学院生の国際学会発表実績

博士課程前期の学生が共同研究者の発表件数 10件
 博士課程後期の学生が共同研究者の発表件数 2件
 博士課程前期・後期の学生が共に共同発表した件数 3件

1-3-5 修士論文発表実績

・令和2年度修士学位授与

発表者 論文題目 指導教員名を記す。

令和2年度

坂 貴弘	ライブイメージングデータ解析に基づく分裂酵母染色体動態の解析	栗津暁紀
福田 航	タンデム質量分析によりメリチンを測定したときに観測される γ イオン- H_2O-NH_3 の発生機構の考察	泉 俊輔
野田達也	生体高分子の作る構造の断熱性の評価と細胞内の熱伝導率の推定	富樫祐一
今村優太	DIUTHAMEを用いたイメージング質量分析による粘菌の忌避物質探索と回避メカニズム	泉 俊輔
堀坂麻里	電極上に置かれた球体で生じる化学振動パターンの電圧制御	中田 聡
渡辺開智	ウニ胚原腸形成の細胞骨格観察に基づくモデル化	栗津暁紀
寺澤祐樹	核内クロマチン構造動態と遺伝情報制御の相関解析	楯 真一
安井優平	ウニの発生初期における核内染色体構造の動的および細胞特異的变化	栗津暁紀
小田竜平	Arsインスレーターコア配列及びDNA反復配列の物理的特性・機能性解析	藤井雅史
小原有水佳	動的・可塑的ネットワークモデルにおける自己組織化・相互組織化	藤井雅史
吉岡賢一	タンパク質天然変性領域によるドロップレット形成の分子科学的解明	楯 真一
高原奈穂	周期的パルス刺激に対する半導体ガスセンサの非線形応答	中田 聡
閑田葉子	昆虫の環境適応的な歩行に関する数理的研究	小林 亮
山口祐汰	価数の異なる金属イオンに対するリン脂質膜の特異的応答	中田 聡

竹藤 輝	コウモリの音響混信回避に関する強化学習を用いた検証	小林 亮
藤田雄介	非定常流れの構造依存性に基づく凹凸形状の流体力学的特徴づけについて	飯間 信
小本哲史	マウスES細胞のクロマチンドメイン変化による染色体動態制御のモデル	栗津暁紀
松藤丈郎	履歴を反映した自己駆動体の運動モードスイッチング	中田 聡
岡本翔太郎	バフンウニ胚における左右非相称性に関与する因子の解析	山本 卓

1-3-6 博士学位

授与年月日を〔 〕内に記す。

・令和2年度学位授与

熊本淳一〔令和3年3月4日〕(乙)

Establishment of a novel method for visualization of calcium dynamics and evaluation of epidermal barrier function using human skin tissue

(ヒト皮膚組織を用いた表皮カルシウム動態の可視化とバリア機能評価の新技术確立)

主査：中田 聡 教授

副査：楯 真一 教授, 泉 俊輔 教授, 小林 亮 教授, 秀 道広 教授

國井厚志〔令和3年3月23日〕(甲)

Development and optimization of CRISPR-Cas9-based artificial transcription activator systems

(CRISPR-Cas9を基盤とする人工転写活性化システムの開発と最適化)

主査：佐久間哲史 准教授

副査：井出 博 教授, 坂本 敦 教授, 山本 卓 教授, 坂本尚昭 准教授

亀田 健〔令和3年3月23日〕(甲)

Computational Analysis of Molecular Dynamics in Biomolecular Systems Including Nucleic Acids

(分子動力学計算を用いた核酸を含む生体分子系の解析)

主査：富樫祐一 准教授

副査：楯 真一 教授, 山本 卓 教授, 李 聖林 教授,

1-3-7 TAの実績

【1】ティーチング・アシスタント

令和2年度のTA

氏名	所属研究グループ	学年
巽 優希	自己組織化学	M1
平賀隆寛	複雑系数理学	D3
竹藤 輝	複雑系数理学	M2
閑田葉子	複雑系数理学	M2
藤田雄介	複雑系数理学	M2
小田竜平	現象数理学	M2
小原有水佳	現象数理学	M2
渡辺開智	現象数理学	M2
小本哲史	現象数理学	M2
安井優平	現象数理学	M2
中畑伸児郎	現象数理学	M1
有本真理子	現象数理学	M1
野田達也	非線形数理学	M2
酒井悠佑	分子形質発現学	M1
藤林大稀	分子形質発現学	M1
関本真奈美	分子形質発現学	M1
北舂海斗	遺伝子化学	M1
國井厚志	分子遺伝学	D3
諸井桂之	分子遺伝学	D2
岡山翔太郎	分子遺伝学	M2
中村志保*	分子遺伝学	M2
島田聖瑠*	分子遺伝学	M1
新谷学文*	分子遺伝学	M1
永尾昌史*	分子遺伝学	M1

*生命医科学プログラムの学生

1-3-8 大学院教育の国際化

数理分子生命理学専攻・数理生命科学プログラムでは、国内外の外部講師による講演を積極的に取り入れている。また、様々な国際共同研究が行われており、学生の国際学会への参加や海外への短期留学も行われている。

1-4 専攻・プログラムの研究活動

1-4-1 研究活動の概要

・数理生命科学プログラム主催の講演会・セミナー

富樫祐一：Biothermology Workshop, organizer（2020年12月22日～23日開催）

富樫祐一：Taiwan-Japan Joint Workshop for Young Scholars in Applied Mathematics, organizer

(2021年3月8日～9日開催)

中田 聡・松尾宗征 (世話人)：西日本非線形科学研究会 (日本化学会中国四国支部共催)，
オンライン開催 (7月他，合計4回実施)

・学生の受賞実績

藤田雄介：「数学・数理科学専攻若手研究者のための異分野・異業種研究交流会2020」，ベストポスター賞受賞

藤田雄介：令和2年度広島大学エクセレントスチューデントスカラーシップ(成績優秀学生奨学制度)獲得

・研究論文・招待講演・特許出願等の総数

数理分子生命理学専攻・数理生命科学プログラムの教員による研究論文・著書・総説・特許と国際会議・国内学会の総数を示す。

項目	令和2年度
論文	51
著書	11
総説	15
国際会議	26
国内学会 (招待・依頼・特別講演)	34
特許出願	17

・RAの実績

令和2年度のRA

大学院生氏名	平賀隆寛	所属研究グループ名	複雑系数理学
学 年	D3	指導教員	小林 亮
研究プロジェクト名	コウモリのエコーロケーションの数理的研究		
研究の内容	コウモリは超音波を発射し，そのエコー音を聞くことで，自身を取り巻く環境を認識し，自在に複雑な空間を飛翔することができる。このエコーロケーションにおいて，能動的な超音波照射がどのように行われており，得られた情報をどのように解釈しているのかを明らかにする。また，その原理を移動ロボットや移動飛行体の制御に適用する。		

大学院生氏名	亀田 健	所属研究グループ名	非線形数理学
学 年	D3	指導教員	富樫祐一
研究プロジェクト名	タンパク分子・分子複合体の構造動態への分子修飾の影響に関する計算科学研究		
研究の内容	主として分子動力学計算を用いて，タンパク質・拡散分子や分子複合体の構造動態を解析・考察する。特に，化学修飾がもたらす影響に注目する。具体的には，DNA単体やヌクレオソームなどの複合体におけるDNAメチル化の影響，リボソームと基質との相互作用などを対象とする。分子機能と修飾との関連を明らかにすることを目的とした基礎研究であるが，生理活性や病態との関連までを視野に入れて研究を進める。		

大学院生氏名	LIU SU	所属研究グループ名	分子生物物理学
学 年	D2	指導教員	楯 真一
研究プロジェクト名	天然変性タンパク質の構造動態と機能との相関解析		
研究の内容	安定な構造を持たない天然変性タンパク質がもつ独自の構造動態と機能との相関をNMRなどを用いて原子レベルで解析を行う		

大学院生氏名	Xu Yu	所属研究グループ名	自己組織化学
学 年	D2	指導教員	中田 聡
研究プロジェクト名	反応拡散系にもとづく自己駆動体のリズム運動		
研究の内容	本研究では、表面張力差を駆動力として水面滑走する自己駆動体について、反応拡散系に戻つてデザインする。具体的には非線形非平衡系の観点から、リズムを刻む自己駆動運動を発現する		

1-4-2 研究グループ別の研究活動の概要、発表論文、講演等

数理計算理学講座

非線形数理学研究グループ

構成員：坂元国望（教授）、大西 勇（准教授）、富樫祐一（准教授）

○研究活動の概要

1. (坂元)

2020年度は2019年度までの研究を引き継いで、境界相互作用によって駆動される内部拡散系の力学系的な研究を目的とし、特にTuring分岐が実際に起こることを示すために弱非線形解析に取り組むことを目標とした。取り組む問題は、領域内部で拡散する一つの成分 v と、領域境界上の反応拡散系に従うもう一つの成分 u が、非線形ロバン型境界条件を介して、領域境界上で相互作用するシステムの解析である。このシステムにおいて、漸近安定な定数平衡解がTuring不安定化を起こし、さらに、Turing分岐が実際に起こることを示すことを目的とした。この問題設定に、さらに、境界上の成分 u に対する反応項と、 u と v の相互作用を表す境界条件の非線形項が逆符号を持つ条件を付加した系（システム）に対する考察を行った。この状況下に於いて系は「質量保存則」を満たし、細胞における様々な分子種の相互作用として典型的に現れるメカニズムをモデル化していると想定されている。この系に対する研究成果として、パターン形成のオンセットとなる、Turing不安定化が起こることを証明した。すなわち、安定な空間一様定常状態が、 u の拡散係数が v のそれよりも小さくなる時、次々と高次のモードが不安定化して、空間非一様な安定モードの出現を示唆する数学的な結果を得た。これは、従来のTuring不安定化のメカニズムが、内部拡散-境界反応拡散-境界相互作用系にも拡張された形で機能していることを数学的に厳密に証明したということの意味する。しかしながら、これらの結果は数学的には厳密であるが、線形理論の範疇（固有値解析）に留まり、実際にTuring分岐がどのような形状で起こるかを決定できない。2020年度は、この固有値解析の次に取り組む弱非線形解析に様々な側面から取り組んだが、いずれの場合も大きな技術的壁に直面して乗り越えることができなかった。今後の方策を模索中である。

2. (大西)

発展方程式論は、ヒルベルト、シュミット、そして、フォン・ノイマンなどの先駆的なお仕事にまでそのプロトタイプを遡れるが、その後、無限次元の関数空間とその上で定義されるオペレーターの数学的な理論の発展は、1960から1980年代のその理論的発展期には、日本人の大先達たちが、精力的なお仕事で、その進歩の一翼を担ってこられた歴史がある重要な分野である。私の研究と関係が深かったり、実際に引用させていただいた方は、田辺広城先生、増田久弥先生、山田義雄先生、大谷光春先生などのお仕事がメインである。特に、発展方程式論を非線形偏微分方程式論に用いて、その主要な数学的なフィールドを固め、その上で、キッチンとしっかりとした数学的な議論を行って、定理を証明したり、場合によっては、セオリーの構築を目指してきた。このような抽象的な発展方程式論の枠組みは、非常に広大な適用範囲を持っていることが知られている。それについては、A. Friedman 博士, J. S. Lions 博士などの非常にきれいなお仕事をもって、例えば、抽象的な放物型偏微分方程式系で記述されるような問題における解の詳細な性質を議論する際においても、大きな成果を上げてこられた歴史がある。整理された数学的に精密な枠組みとその上に構築される美しい数学的理論や定理の証明はここでも、限りのない重要性を持っている。

私は、ある種のヘルダー連続程度の連続性しか仮定できないような“特異的な”非斉次項を持つタイプの放物型の非線形偏微分方程式系で記述される問題にここ10年ほど主たる興味を持っており、研究を続けてきた。ここでも、田辺広城先生の一般論、J.S.Lions 先生の理論を援用し、興味ある問題の数学的な枠組みを作って、さらに、その非線形性と非斉次性からくる問題の興味ある解の性質について、数学的に厳密な証明をもとにした定理の形での進歩を目指し、いくつかの結果も得ている。今後は、結果をリファインすると同時に、さらなる一般化をも視野に入れて、精力的に進めているところである。

3. (富樫)

生体内の分子動態や情報処理機構などに関して、主に計算機シミュレーションを用いた研究を進めている。近年は、集団内で相互作用を通じて少数の特異な細胞が現れる過程や、それら少数要素が集団の挙動を著しく変える現象に注目した研究を進めてきた（新学術領域「シンギュラリティ生物学」）。今年度は、以前に構築した機械集団の粗視化モデルの拡張に加え、バーテックスモデルを用いて、細胞集団の挙動に力学特性が異常な細胞が及ぼす影響について考察を進めた。

これまでのクロマチン動態数理研究拠点 (RcMcD) での研究の延長として、核酸やその複合体の力学特性や粗視的モデリング手法に関する研究を、外部の研究グループ（理化学研究所、オックスフォード大学、カンザス州立大学など）と連携して進めている。今年度は、DNAの構造動態にメチル化修飾が与える影響について成果を公表したほか (Kameda *et al.* 2021)、リボソーム中でのRNA構造変化と開始コドン認識機構との関連を新たな解析手法を導入しつつ議論した（論文発表予定）。この他、細胞内の熱伝達過程の特徴を高分子混雑下での分子構造やその変化と関連づけて明らかにすることを目標に、分子動力学計算を用いた研究を進めた。

○発表論文

・原著論文

- ◎ 1. Takeru Kameda, Miho M. Suzuki, Akinori Awazu, Yuichi Togashi, “Structural dynamics of DNA depending on methylation pattern”, *Physical Review E* 103(1), 012404 (2021).

2. Yoshihisa Morita, Kunimochi Sakamoto, “Turing type instability in a diffusion model with mass transport on the boundary”, *Discrete and Continuous Dynamical Systems, DCDS Volumr 40, No. 6*, pp. 3813-3836 (2020).

・著書

該当無し

・総説・解説

- ◎ 1. 亀田 健, 栗津暁紀, 富樫祐一, 「過渡的に生じる中間体ヌクレオソームにおけるヒストンテール動態の解析」, *生物物理* 60(5), 288-290 (2020).

○講演等

・国際会議

招待講演

1. Yuichi Togashi, “Toward Multiscale Modeling of Chromosomes in the Cell Nucleus”, *Global Meet on Computational Modeling and Simulation: Recent Innovations, Challenges & Perspectives*, 2020年10月30日, オンライン

一般講演

該当無し

・国内学会

招待講演

1. 富樫祐一, 「生化学反応の数理～分子の状態・形・数の問題」, 非平衡オンライン若手の会 2020 第3回セミナー, 2020年8月29日, オンライン
2. 富樫祐一, 「分子の状態と形態を考慮したクロマチン構造の統合的モデリングを目指して」, 第58回日本生物物理学会年会 シンポジウム「核酸が拓く新・生物物理研究」, 2020年9月17日, オンライン

一般講演

1. 富樫祐一, 「マイクロマシン集団の力学的相互干渉: 「シンギュラリティ細胞」のモデルとして」, 第64回システム制御情報学会研究発表講演会 (SCI'20), 2020年5月22日, オンライン
- ◎ 2. 亀田 健, 鈴木美穂, 二階堂 愛, 栗津暁紀, 富樫祐一, 「DNAの化学修飾と遺伝子発現制御」, 第64回システム制御情報学会研究発表講演会 (SCI'20), 2020年5月22日, オンライン
- ◎ 3. 亀田 健, 鈴木美穂, 栗津暁紀, 富樫祐一, 「DNAのメチル化パターン依存的な構造動態の解析」, 第58回日本生物物理学会年会, 2020年9月16日～18日, オンライン
4. 富樫祐一, 西本翔太, 「シンギュラリティ細胞が率いる集団のモデル化と力学的応答の解析」, 新学術領域「シンギュラリティ生物学」第4回領域会議, 2021年3月4日～5日, オンライン

現象数理学研究グループ

構成員：粟津暁紀（准教授）、藤井雅史（助教）

○研究活動の概要

(1) 生体分子内・分子間ネットワークダイナミクスの解析と生体機能実現機構に関する研究：

細胞の活動は、DNAやタンパク質の様々な生体分子の個性的な構造とその構造変化や、それによって引き起こされる分子間の相互作用による生化学反応に支えられている。このような多数の階層に渡る分子社会のダイナミクスを解明するため、まずDNAの高次構造であるクロマチンの局所的及び核内大域的な構造とそこで実現される運動の性質を解析し、その生体機能への役割を、分裂酵母及びウニ胚を用いて実験系研究者と連携しつつ理論モデルを用いて考察している。またそのような分子間の相互作用によって現れる、細胞中の酵素反応細胞膜上シグナル伝達反応等で現れる動的な秩序と、その機能性のメカニズムを理論的に提案している。さらに、実験研究者と連携し、植物の遺伝子発現ネットワーク構造とそのダイナミクス、遺伝子発現の揺らぎ、ウニの発生・形態形成に関わる遺伝子の、胚の力学・化学作用による制御、心電図の解析による心臓病患者の生理状態、放射線による染色体損傷等について、実験データの解析に基づいた研究も進めている。

(2) 生命システムの恒常性に関する研究：

ヒトを含む生命個体は様々な組織から成り立ち、それらの間での分子のやりとりを通してかなり厳密に制御されている。例えば、空腹時の血糖値は日によってほとんど変わらず、(健全な)個人間での違いも比較的小さく、一定の値を保つような仕組みがあると考えられる。一方で、アミノ酸や脂質などは比較的日によって変動が大きく、また、個人間でも違いが大きい。このような分子ごとのばらつきの違いや個人ごとの違いの由来やそれらが生体システムに与える影響を、分子レベル・細胞レベル・臓器レベルなどの様々なスケールにおいて、数理モデルやデータ解析を駆使して解明を目指している。

○発表論文

・原著論文

1. L. A. Broadfield, J. A. G. Duarte, R. Schmieder, D. Broekaert, K. Veys, M. Planque, K. Vriens, Y. Karasawa, F. Napolitano, S. Fujita, M. Fujii, M. Eto, B. Holvoet, R. Vangoitsenhoven, J. Fernandez-Garcia, J. van Elsen, J. Dehairs, J. Zeng, J. Dooley, R. Alba Rubio, J. van Pelt, T. G.P. Grünwald, A. Liston, C. Mathieu, C. M. Deroose, J. V. Swinnen, D. Lambrechts, D. D. Bernardo, S. Kuroda, K. De Bock, S. Fendt, “Fat Induces Glucose Metabolism in Nontransformed Liver Cells and Promotes Liver Tumorigenesis”, *Cancer Research*, vol.81(8), 1988-2001 (2021)
2. R. Egami, T. Kokaji, A. Hatano, K. Yugi, M. Eto, K. Morita, S. Ohno, M. Fujii, K. Hironaka, S. Uematsu, A. Terakawa, Y. Bai, Y. Pan, T. Tsuchiya, H. Ozaki, H. Inoue, S. Uda, H. Kubota, Y. Suzuki, M. Matsumoto, K.I. Nakayama, A. Hirayama, T. Soga, S. Kuroda, “Trans-Omic Analysis Reveals Obesity-Associated Dysregulation of Inter-Organ Metabolic Cycles between the Liver and Skeletal Muscle”, *iScience*, vol.24(3), 102217 (2021)
- ◎3. A. Ohara, M. Fujii, A. Awazu, “Spontaneous organizations of diverse network structures in coupled logistic maps with a delayed connection change”, *Journal of the Physical Society of Japan*, vol.89, 114801 (2020)
4. T. Kokaji, A. Hatano, Y. Ito, K. Yugi, M. Eto, S. Ohno, M. Fujii, K. Hironaka, R. Egami, H. Inoue, S.

- Uda, H. Kubota, Y. Suzuki, K. Ikeda, M. Arita, M. Matsumoto, K. I. Nakayama, A. Hirayama, T. Soga, S. Kuroda, "Trans-omic analysis reveals allosteric and gene regulation-axes for altered glucose-responsive liver metabolism associated with obesity", *Science Signaling*, vol.13, eaaz1236 (2020)
5. D. Hoshino, K. Kawata, K. Kunida, A. Hatano, K. Yugi, T. Wada, M. Fujii, T. Sano, Y. Furuichi, Y. Manabe, Y. Suzuki, N. L. Fujii, T. Soga, S. Kuroda, "Trans-omic analysis reveals Ros-dependent pentose phosphate pathway activation after high-frequency electrical stimulation in C2C12 myotubes", *iScience*, vol.23(10), 101558 (2020)
6. T. Wada, K. Hironaka, M. Wataya, M. Fujii, M. Eto, S. Uda, D. Hoshino, K. Kunida, H. Inoue, H. Kubota, T. Takizawa, Y. Karasawa, H. Nakatomi, N. Saito, H. Hamaguchi, Y. Furuichi, Y. Manabe, N. L. Fujii, S. Kuroda, "Single-cell information analysis reveals that skeletal muscles incorporate cell-to-cell variability as information not noise", *Cell Reports*, vol.32(9), 108051 (2020)
- ◎ 7. D. Aoki, A. Awazu, M. Fujii, J. Uewaki, M. Hashimoto, N. Tochio, T. Umehara, S. Tate, "Ultrasensitive Change in Nucleosome Binding by Multiple Chaperone FACT", *Journal of Molecular Biology*, vol.432(16), 4637-4657 (2020)
8. N. Matsuda, K. Hironaka, M. Fujii, T. Wada, K. Kunida, H. Inoue, M. Eto, D. Hoshino, Y. Furuichi, Y. Manabe, N. L. Fujii, H. Noji, H. Imamura, S. Kuroda, "Monitoring and mathematical modeling of mitochondrial ATP in myotubes at single-cell level reveals two distinct population with different kinetics", *Quantitative Biology*, vol.8, 228-237 (2020)

・ 著書

該当無し

・ 総説・解説

該当無し

○ 講演等

・ 国際会議

招待講演

該当無し

一般講演

- ◎1. M. Arimoto, M. Fujii, A. Awazu, "Mathematical model of spatiotemporal dynamics of plant hormones responsible for plant stress response", The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, 2020年9月16日-18日, オンライン
- ◎2. Y. Kaneshige, M. Fujii, F. Hayashi, K. Morigaki, Y. Tanimoto, H. Yamashita, A. Awazu, "Relationship between function and dynamics of rhodopsin using normal mode analysis", The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, 2020年9月16日-18日, オンライン
- ◎3. S. Nakahata, A. Awazu, M. Fujii, "A mathematical model of chromosomal dynamics in budding yeast during DNA double strand break", The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, 2020年9月16日-18日, オンライン
- ◎4. T. Oda, M. Fujii, N. Sakamoto, A. Awazu, "Analysis of physical properties and functionalities of

ArsInsC and DNA repeat sequences”, The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, 2020年9月16日-18日, オンライン

- ◎5. A. Ohara, M. Fujii, A. Awazu, “Self organized network structures in coupled dynamical system with connection plasticity inspired by cerebral nervous system”, The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, 2020年9月16日-18日, オンライン
- ◎6. T. Komoto, M. Fujii, A. Awazu, “The dynamics of chromosomes on early differentiation stage from ES cell”, The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, 2020年9月16日-18日, オンライン
- ◎7. Y. Yasui, A. Sugiyama, N. Sakamoto, A. Awazu, “Dynamic and cell specific changes in intranuclear chromosomal structures during early development of sea urchin”, The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, 2020年9月16日-18日, オンライン
- ◎8. K. Watanabe, Y. Kurose, Y. Yasui, Naoaki Sakamoto, Akinori Awazu, “Modeling of sea urchin gastrulation based on cytoskeleton imaging”, The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, 2020年9月16日-18日, オンライン
- ◎9. M. Imada, A. Sugiyama, S. Hayashi, K. Watanabe, Y. Yasui, N. Sakamoto, A. Awazu, “Imaging analysis of inter- and intra-nuclear dynamics of sea urchin”, The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, 2020年9月16日-18日, オンライン

・国内学会

招待講演

該当無し

一般講演

- ◎1. 中畑伸児郎, 藤井雅史, 栗津暁紀, 出芽酵母のDNA二本鎖切断時における染色体動態の数値モデル, 日本物理学会2020年秋季大会, 2020年9月8日-11日, オンライン
- ◎2. 小田竜平, 藤井雅史, 坂本尚昭, 栗津暁紀, ArsInsC 及びDNA 反復配列の物理的特性・機能性解析, 日本物理学会2020年秋季大会, 2020年9月8日-11日, オンライン
- ◎3. 小原有水佳, 藤井雅史, 栗津暁紀, 動的・可塑的結合logistic写像系におけるネットワーク構造の自己組織化, 日本物理学会2020年秋季大会, 2020年9月8日-11日, オンライン
- ◎4. 小本哲史, 藤井雅史, 栗津暁紀, マウスES細胞のドメイン変化による染色体動態制御のモデル, 第38回染色体ワークショップ, 2021年1月16日-21日, オンライン
- ◎5. 中畑伸児郎, 藤井雅史, 栗津暁紀, 出芽酵母DNA二本鎖切断時における染色体動態数値モデル, 第38回染色体ワークショップ, 2021年1月16日-21日, オンライン
- ◎6. 渡辺開智, 黒瀬友太, 安井優平, 坂本尚昭, 栗津暁紀, ウニ胚形態形成の細胞骨格観察に基づくモデル化, 日本動物学会第91回大会, 2020年9月4日-5日, オンライン
- ◎7. 安井優平, 杉山文香, 坂本尚昭, 栗津暁紀, ウニの発生初期における核内染色体構造の動的および細胞特異的变化, 日本動物学会第91回大会, 2020年9月4日-5日, オンライン

複雑系数理学研究グループ

構成員：小林 亮 (教授), 李 聖林 (教授), 飯間 信 (准教授),

○研究活動の概要

生物とは「物質と情報が交錯しながら、さまざまなスケールで、自発的に構造形成と機能発現を行う場」とみなすことができる。本研究グループでは、特に生物の運動、生命の発生過程における細胞機能制御の問題、生物流体现象に着目して研究を行っている。例えば、動物たちは不確実な環境下においても、しなやかにタフに動きまわることができる。我々は、動物の持つこのすばらしい能力がどのように実現されているかを、力学と制御の観点から理解し工学的に活用すべく、生物学・ロボット工学・制御工学などの研究者と協働で研究を行っている。また、臨床医学者及び実験生物学者との共同研究を通じて、皮膚病の治療を目指した研究や細胞の運命決定における研究を行っている。さらに、遊泳や飛翔に注目し、生物とそれを取りまく流体の相互作用に重点を置いた研究も行っている。ミクロなスケールの現象では、染色体ドメインのダイナミクスの研究を行っている。本研究室ではこれらの研究を通して、物理的存在であると同時に合目的な存在である生物を記述し理解するための理論的枠組みを作り上げることを目指している。

- ・非対称細胞分裂の極性形成のメカニズムを様々な観点から解明した。
- ・コウモリのエコーロケーションに学んだ超音波によるナビゲーションシステムを設計し、実証実験を行った。
- ・ある種の化学反応の反応波面の加速現象の2通りのメカニズムを、実験と数理モデルの両面から解明した。
- ・流体を含む大規模結合系における位相縮約を可能にする数値解析技術を開発した。
- ・砂丘やトンボ翼といった非流線型物体周りの流れを解析し、死水が重要な役割を果たすことを示した。

以下の研究集会を開催した。

1. 李 聖林：日本数理生物学会 2020, 企画シンポジウム「生命の体づくりと数理」, (オンライン開催), 2020.9.20-22
2. 飯間 信, 石本健太：RIMS共同研究「生物流体力学におけるモデリング」, 京都 (ハイブリッド開催), 2020.12.15-17

○発表論文

・原著論文

1. S. Seirin-Lee*, The role of cytoplasmic MEX-5/6 polarity in asymmetric cell division. *Bulletin of Mathematical Biology*. (2021) 83:29
2. S. Seirin-Lee*, E.A. Gaffney, A. Dawes*, CDC-42 interactions with Par proteins are critical for proper patterning in polarization. *Cells* (2020), 9(9), 2036
3. Yusuke Fujita, Hiraku Nishimori and Makoto Iima, Dead-water region around two-dimensional sand-dune models, *Journal of Physical Society of Japan* (2020)89, 063901.

・ 著書

該当無し

・ 総説・解説

該当無し

○講演等

・ 国際会議

招待講演

1. S. Seirin-Lee, 「Phase separation model for chromatin reorganization of eukaryotic cell nuclei」 JSPS core-to-core program conference for Establishing International Research Network of Mathematical Oncology, Fusion of Mathematics and Biology, Kobe, 2020.10.27
2. S. Seirin-Lee, 「Geometry (形); Inconspicuous regulator that determines the fate of cells」, iTHEMS Colloquium, RIKEN, 2020.12.14, <https://ithems.riken.jp/ja/events/ithems-colloquium>
3. Makoto Iima, Phase reduction of Karman's vortex street, Tianyuan international workshop on modeling and analysis of dynamical systems, Hangzhou, China (online), 2020.11.22

一般講演

1. Yusuke Fujita, Hiraku Nishimori and Makoto Iima, Why do two-dimensional dunes always merge?, The 11th Japan-Taiwan Joint Workshop for Young Scholars in Applied Mathematics, Taipei, Taiwan (online), 2021.3.8-9

・ 国内学会

招待講演

1. 李 聖林, 「社会問題解決に向けた数理:空き家と数学、そして〇〇」ものづくり企業に役に立つ応用数理手法の研究会(応用数理ものづくり研究会), 2021年2月25日 (Online)
2. 李 聖林, 「皮疹の形から紐解く皮膚医学への挑戦と数理」医学研究における数理的方法, 2021年2月24日 (Online)
3. 李 聖林, 「生命のパターン形成の数理:私の歩んできた道、現在、そしてこれから」, MIMS 現象数理学三村賞受賞講演, 2020年12月23日 (Online)
4. 李 聖林, “How the cell uses mathematics for asymmetry?”, 日本分子生物学会・シンポジウム「植物と動物の発生における非対称性創出の基盤原理の理解にむけて」, 2020年12月2日～4日 (Online)
5. 李 聖林, 「「現象-数理-数学」を繋ぐ反応拡散方程式」, 応用数学分科会・特別講演, 日本数学会年会, 熊本大学, 2020年9月24日 (Online)
6. 李 聖林, 「一つの network で細胞極性の"形成"と"維持"を分ける謎解きとめっちゃカッコいい感度解析の話」, Mini-symposium 生命の形づくりとパターン形成の数理, JSMB annual meeting, 名古屋大学, 2020年9月20日～22日 (Online)
7. 飯間 信, 「カルマン渦の位相縮約:技術的な問題と流体力学的な解釈」, 千葉大学理学部物理学科談話会, 千葉大学, 2021年2月17日
8. 飯間 信, 「大規模複雑系の位相縮約」, Nonlinear Seminar @Kashiwa, 東京大学, 2020年12月1日

一般講演

1. 藤田雄介, 飯間 信, 「ラムダ渦の崩壊によるコルゲート翼の揚力増大機構」, エアロ・アクアバイオメカニズム学会第43回定例講演会, 鳥取大学(Online), 2021年3月18日
2. 藤田雄介, 飯間 信, 「出発渦ダイナミクスによる高迎角トンボ翼の揚力増大機構」, 日本物理学会第76回年次大会, 名古屋大学(Online), 2021年3月14日
3. 飯間 信, 「一様流中の平板翼後流における位相応答」, 日本物理学会第76回年次大会, 名古屋大学(Online), 2021年3月14日
4. 藤田雄介, 飯間 信, 「トンボ翼のラムダ渦の崩壊と前縁剥離渦の形成」, 応用数学合同研究集会, 龍谷大学(Online), 2020年12月20日
5. 藤田雄介, 飯間 信, 「凹凸の深さに依存したコルゲート翼の動的特性」, 生物流体におけるモデリング, 京都, 2020年12月16日
6. 藤田雄介, 飯間 信, 「トンボ翼におけるラムダ渦の崩壊」, 第26回 日本流体力学会 中四国・九州支部講演会, 福岡(Online), 2020年11月21日
7. 藤田雄介, 西森 拓, 飯間 信, 「砂丘とトンボ翼の凹凸構造における死水の役割」, 異分野・異業種研究交流会2020, 東京(Online), 2020年10月31日
8. 藤田雄介, 飯間 信, 「低レイノルズ数領域におけるコルゲート翼の動的特性」, エアロ・アクアバイオメカニズム学会第42回定例講演会, (Online), 2020年10月30日
9. 飯間 信, 「非圧縮流れに対する部分領域の位相縮約」 日本流体力学会 年会2020, (Online), 2020年9月19日
10. 藤田雄介, 西森 拓, 飯間 信, 「砂丘模型周りの流れ構造の遷移と砂輸送ダイナミクス」, 日本流体力学会 年会2020, (Online), 2020年9月19日
11. 藤田雄介, 飯間 信, 「直接数値計算によるトンボ翼模型周りの流れ構造」, 日本物理学会2020年秋季大会, 熊本(Online), 2020年9月9日
12. 飯間 信, 「平板翼周りの流れに対する位相応答特性の空間分布」, 日本物理学会2020年秋季大会, 熊本(Online), 2020年9月11日
13. 藤田雄介, 西森 拓, 飯間 信, 「砂丘とトンボ翼を規範とした流れ構造に基づく凹凸形状の特徴づけに向けて」, 西日本非線形科学研究会2020, (Online), 2020年7月18日
14. 藤田雄介, 西森 拓, 飯間 信, 「2次元砂丘間周りの流れ解析と死水領域による砂丘間相互作用」, 第25回 日本流体力学会 中四国・九州支部講演会, 香川(Online), 2020年5月31日

生命理学講座

分子生物物理学研究グループ

構成員：楯 真一（教授），片柳克夫（准教授），大前英司（助教），安田恭大（助教），
Tiwari Sandhya Premnath（助教）

○研究活動の概要

天然変性タンパク質の構造機能研究を中心に研究を進めた。

タンパク質CPSF6が肝炎ウイルス複製過程に寄与することを見いだした。ウイルス複製過程における新たな天然変性タンパク質の役割を明らかにできる端緒を得た。

天然変性タンパク質の一つであるtauはアルツハイマー病の原因タンパク質としてよく知られ

ている。Tauタンパク質凝集過程にHisを含短鎖ペプチドが阻害的に関与する事を明らかにした。

細胞内で形成されるタンパク質-RNAからなるドロップレットのうち、ストレス環境下で形成されるストレス顆粒や、神経変性疾患組織にて形成されるFUS封入体を対象に、その構成因子変化を経時的に同定する新規技法の開発を進めた。実際にそこから得られたFUSとの相互作用候補因子、VCPタンパク質について解析し、FUS封入体の物性変化にVCPが寄与していることを見いだした。別の候補因子であるMAP7が、FUS顆粒形成を抑制することも見出し、そのメカニズム解明を進めている。また、同様の技術を用いてストレス顆粒のマーカータンパク質であるTIA-1との相互作用候補因子についても同定を進めた。その中でMatrin-3やSF3A1などのタンパク質発現がストレス顆粒形成に影響することを見出した。

ストレス顆粒の主要構成タンパク質であるTIA-1の凝集過程には、RNA結合ドメインと天然変性領域の分子間相互作用が関与することをNMRから明らかにした。RNA結合ドメイン上で、RNA結合領域と天然変性領域の結合領域を分けているという新たな知見を得た。

クロマチン動態数理研究拠点 (ReMcD) での研究としては、核内クロマチン構造解析にむけた電子顕微鏡観測技術の構築を進めた。CLEM法のための計測条件の最適化を進めた。同時に、核内の2つの領域にGFP標識を導入して、染色体間の動態データの取得も進め、核内クロマチン構造動態モデルの精密化のための基盤データを蓄積した。

○発表論文

・原著論文

1. Kawasaki,R. and Tate,S. “Impact of the Hereditary P301L Mutation on the Correlated Conformational Dynamics of Human Tau Protein Revealed by the Paramagnetic Relaxation Enhancement NMR Experiments”, *International Journal of Molecular Science*. 21, 3920 (2020).
- ◎2. Aoki, D., Awazu, A., Fujii, M., Uewaki, J., Hashimoto, M., Tochio, N., Umehara, T., and Tate, S. “Ultrasensitive Change in Nucleosome Binding by Multiple Phosphorylations to the Intrinsically Disordered Region of the Histone Chaperone FACT”, *J.Mol.Biol.* 432, 4637-4657 (2020).
3. Srivastava,A, Tiwari, SP, Miyashita,O., Tama, F. “Interactive/hybrid modeling approaches for studying biomolecules”, *J.Mol.Biol.* 17, 2846-2860 (2020).
4. Moritsugu,K., Yamamoto,N., Yonezawa,Y., Tate,S., and Fujisaki,H. “Path ensembles for Pin1-catalized cis/trans isomerization of a substrate calculated by weighted ensemble simulations”, *J. Chem. Theory Comput.*, 17, 2522-2529 (2021).
5. Tiwari,SP, Tama,F., and Miyashita,O. “Protocol for retrieving three-dimensional biological shapes for a few XFEL single-particle diffraction patterns”, *J. Chem. Inf. Model.* (2021) in press.
6. Kondo,K., Tanaka,Hikari, Fujita,Kyota, Takayama,Sumire, Yoshioka,Y., Tagawa,K., Homma,H., Liu,S., Kawasaki,R., Huang,T., Ito, N., Tate,S., and Okazawa,H. “Hepta-histidine inhibits Tau aggregation”, *ACS Chem. Neurosci.* (2021) in press.

・著書

1. 大前英司「タンパク質の揺らぎ・反応」高圧力の科学・技術事典（監修：日本高圧力学会，編集：入船徹男，加藤 稔，木村佳文，近藤 正，清水克哉，関根利守，長谷川正，舟越賢一，保科貴亮，松木 均）朝倉書店（in press）.

・総説・解説

1. 楯 真一，タンパク質天然変性領域が実現するヌクレオソーム結合能の「超高感度応答性」機構，生物物理，印刷中（2021）.
2. 大前英司，「タンパク質のアンフォールディング」熱測定 48 巻 2 号, 72-77 (2021).
3. 大前英司，「高圧力が酵素に及ぼす影響—深海微生物由来酵素の高圧力適応機構」化学と生物 58 巻 11 号, 635-639 (2020).

4. 片柳克夫, 「ユーザーとスタッフの広場 コロナ禍での測定感想: BL5A での測定」 PF NEWS Vol. 38 p 29 (2021)

○講演等

・国際会議

1. Tiwari, SP, “Retrieving potential three-dimensional biological shape matches from a small number of two-dimensional single particle XFEL diffraction patterns”, The 3rd R-CCS International Symposium (2021.02)

・国内学会

招待講演

1. 楯 真一, 「創薬標的としてのタンパク質構造研究の現状ー構造生物学から‘非’構造生物学への変遷」 第79回 日本癌学会学術総会2020
2. 楯 真一, 「天然変性領域を介した細胞内タンパク質顆粒形成と細胞機能制御」第4回 広島消化器・代謝内科セミナー

一般講演

1. Tiwari, SP, “Retrieving potential three-dimensional biological shape matches from a small number of two-dimensional single particle XFEL diffraction patterns”, 20th Annual Meeting of the Protein Society Meeting of Japan (2020.07, Japan)

自己組織化学研究グループ

構成員: 中田 聡 (教授), 藤原好恒 (准教授), 藤原昌夫 (助教), 松尾宗征 (助教)

○研究活動の概要

自己組織化学研究グループでは、「非線形・非平衡における動的な界面現象」と「強磁場下での物理化学生物現象」について研究を行ってきた。

(中田 聡)

自己駆動に基づくパターン形成として、膜・界面における自律運動系のモードスイッチング、光応答を示す化学振動反応の様相変化、非線形性を指標とした化学応答等の研究を行った。これらは、システムに内在する非線形・非平衡を、再現性よく抽出し、物理化学的に評価・活用する研究であり、国内外にない独創的な研究である。これらの研究成果に関して、Royal Society of Chemistryのe-bookの編集や招待講演・招待論文など、研究成果が国際的に評価されている。

(藤原好恒)

近未来の宇宙環境利用を想定するとき、惑星や衛星によって異なる磁場 (~15テスラ)、電磁波 (紫外光, 可視光), 重力場 (微小重力 (≒無重力), 過重力) の環境因子が、単独で或いは複数が協同して生体反応や挙動に及ぼす影響や効果を解明することは最重要課題である。最近、日本人に身近な麹菌の生長と代謝産物への影響や効果が明らかになってきており、産業利用への展開を図っている。

(藤原昌夫)

常磁性、反磁性などの磁氣的性質（磁性）は、万物の有する普遍的な性質である。したがって、物質固有の磁性を利用すると、物理過程、化学過程の制御が可能なが期待される。このような磁性による分子集団制御の重要性にいち早く着目し、世界に先駆けて10–20T級の強磁場を用いて、磁気科学の新領域を開拓すべく、磁場が物理変化、化学反応に与える影響について、基礎的な研究を行ってきている。

(松尾宗征)

超分子化学の視座から自律性が高い生物様システムの創製研究を行った。外環境に応じて表現型可塑性を示すベシクル型人工細胞を見いだし、国際誌に掲載された。次に生命起源100年にわたる謎であった原始的な分子集合体の増殖能の獲得プロセスを実験的に再現し、*Nature Commun.*誌に受理された。この成果により、日本化学会第101回年会の若い世代の特別講演に招待された。さらに、環境に応じて符号が異なるフィードバックループのスイッチングが可能なが自己駆動体を創出した。

○発表論文

・原著論文

1. Y. Xu, N. Takayama, H. Er, S. Nakata, “Oscillatory motion of a camphor object on a surfactant solution”, *The Journal of Physical Chemistry B*, 125, 1674–1679, DOI: 10.1021/acs.jpcc.0c09314.
- 2. S. Tanaka, S. Nakata, M. Nagayama, “A surfactant reaction model for the reciprocating motion of a self-propelled droplet”, *Soft Matter*, 17, 388–396, DOI: 10.1039/d0sm01500h.
3. S. Nakata, R. Fujita, “Self-propelled motion of camphor disk on nervonic acid molecular layer and its dependence on phase transition”, *The Journal of Physical Chemistry B*, 124, 5524–5529, DOI: 10.1021/acs.jpcc.0c03044.
- 4. S. Nakata, Y. Yamaguchi, K. Fukuhara, M. Hishida, H. Kitahata, Y. Katsumoto, Y. Umino, M. Denda, N. Kumazawa, “Characteristic responses of a 1,2-dioleoyl-*sn*-glycero-3-phosphocholine molecular layer to monovalent and divalent metal cations”, *Colloids and Surfaces A*, 602, 125115-1-5, DOI: 10.1016/j.colsurfa.2020.125115.
5. S. Nakata, T. Matsufuji, J. Gorecki, H. Kitahata, H. Nishimori, “Inversion probability of three-bladed self-propelled rotors after forced stops of different durations”, *Physical Chemistry Chemical Physics*, 22, 13123–13128, DOI: 10.1039/d0cp00746c.
6. M. Matsuo, Y. Hirata, K. Kurihara, T. Toyota, T. Miura, K. Suzuki, T. Sugawara, “Environment-Sensitive Intelligent Self-Reproducing Artificial Cell with a Modification-Active Lipo-Deoxyribozyme”, *Micromachines*, 11, 1-18, DOI: 10.3390/mi11060606.

・著書

1. T. Amemiya, K. Shibata, M. Watanabe, S. Nakata, K. Nakamura, T. Yamaguchi, “Glycolytic Oscillations in Cancer Cells, Chapter 15, Physics of Biological Oscillators”, A. Stefanovska, P. V. E. McClintock (Eds.), Springer, 2021, Doi: 10.1007/978-3-030-59805-1.
2. 松尾宗征, 栗原顕輔, “第12章 生命起源と人工細胞, 第I部 刷新される既存の見方, 相分離生物学の全貌”, 白木賢太郎(編), 東京化学同人, 2020, ISBN: 9784807913466.

・総説・解説

該当無し

○講演等

・国際会議

招待講演

1. S. Nakata, “Self-propelled motion based on nonlinearity”, Workshop on self-organization and active motion, Online, 2020.9.29.
2. M. Matsuo, “A proliferating coacervate droplet as a prebiotic pattern in the origin of life”, Workshop on self-organization and active motion, Online, 2020.9.29.

一般講演

1. Y. Xu, S. Nakata, “Oscillatory motion of a camphor object on a surfactant solution”, Workshop on self-organization and active motion, Online, 2020.9.29.
2. M. Kuze, S. Nakata, “Chemical oscillations and waves on microbead in Belousov-Zhabotinsky reaction”, Online, 2021.3.9.

・国内学会

招待講演

1. 松尾宗征, “若い世代の特別講演 超分子化学で迫る生命起源”, 日本化学会第101回春季年会, オンライン, 2021年3月21日

一般講演

1. 久世雅和, 堀坂麻里, 末松信彦, 雨宮 隆, Oliver Steinbock, 中田 聡, “化学振動反応が創り出す時空間パターンの電気化学的な制御”, 日本化学会第101回春季年会, A05-1pm-04, オンライン, 2021年3月19日.
- 2. 藤田理沙, 四元まい, 中田 聡, 高橋 修, 福原幸一, “中鎖アルデヒドに対するリン脂質膜の化学応答”, 日本化学会第101回春季年会, A05-3am-03, オンライン, 2021年3月21日.
3. 巽 優希, 中田 聡, 西森 拓, 山中 治, 長山雅晴, 安ヶ平裕介, “2個の6-メチルクマリン円盤による可逆的走化性”, 日本化学会第101回春季年会, A05-3am-11, オンライン, 2021年3月21日.
- ◎4. 松藤丈郎, 中田 聡, 松尾宗征, “Y字水路上で樟脳船の選択的移動”, 第71回コロイドおよび界面化学討論会, SY1-14, オンライン, 2020年9月14日～16日.
- 5. 山口祐汰, 中田 聡, 福原幸一, 菱田真史, 北畑裕之, 勝本之晶, “疎水部の異なるリン脂質膜の金属イオンに対する特異的応答”, C11, オンライン, 2020年9月14日～16日.
6. 巽 優希, 中田 聡, 山中 治, “塩基性濃度勾配に対する6-メチルクマリン円盤の可逆的走化性”, 第71回コロイドおよび界面化学討論会, SY1-15, オンライン, 2020年9月14日～16日.
7. 堀坂麻里, 久世雅和, 雨宮 隆, 中田 聡, “電極反応で生成する抑制因子とカップリングした化学振動反応の応答”, 2020日本化学会中国四国支部大会, PH07, オンライン, 2020年11月28日～29日.
8. 高原奈穂, 中田 聡, “半導体ガスセンサの周期的パルス刺激に対する非線形応答”, 2020日本化学会中国四国支部大会, AN06, オンライン, 2020年11月28日～29日.
9. 松尾宗征, “増殖するコアセルベート液滴: 生命起源における液滴ワールド仮説の可能性”, 日

生物化学研究グループ

構成員：泉 俊輔（教授），芦田嘉之（助教）

○研究活動の概要

「生体機能の化学的・生化学的解明と開発」を主題とする生命科学分野の基礎研究を行っている。特に，細胞外から加えられた化学的ストレスがどのようなメカニズムで細胞内に伝達されるのか（情報伝達機能），その情報をもとに細胞はどのように生合成・代謝システムを構築・発現するのか（生合成・代謝機能），またその生理活性情報が細胞の代謝制御や生体防御にどのようにかわるのか（生体防御機能）についての化学的・生化学的な基礎研究とそれらの生体機能を有用物質の合成・生産に活用する（生体触媒機能）ための開発研究を主に以下のテーマのもとに進めている。

- (A) 生体機能物質の構造・機能解析——微生物や植物が生産する『生理活性天然物』の探索，構造解明，構造－活性相関，生合成機構の解明
 - 1. 蜜蜂が生産するプロポリスや花粉荷からの生理活性物質の解明
 - 2. 柑橘類からの香料物質，抗肥満活性物質および抗癌活性物質の探索・解明
- (B) 生体の物質合成・代謝機能の解明——細胞に外部から化学物質を加えた場合にその細胞が示す外来基質認識能と物質変換能の解明，およびその機能（酵素反応）を『生体触媒』（Biocatalyst）として活用する方法の開発
 - 1. 植物細胞およびその酵素系を生体触媒とする不斉誘起反応の解明と開発
 - 2. 生体触媒を活用する環境浄化（Bioremediation）法の開拓
- (C) 生体の情報伝達機能と防御機能の解明——植物細胞が外部からの攻撃や環境ストレス（化学物質，温度，光など）を細胞内にどのようにして『情報伝達』し，『防御応答』して身を守るかの機構解明
 - 1. 植物細胞の情報伝達，生体防御やアポトーシスに関与している生体物質（遺伝子，蛋白質）の構造・機能およびその制御機構の解明
 - 2. 細胞のストレス応答における動的プロテオミクスの解明
- (D) 生体高分子の構造解析法の開発——質量分析法と化学的手法を組み合わせる『質量情報を構造情報に変換』することによる生体高分子の新しい解析法の開発
 - 1. MALDI法の新規マトリックスの合成及び測定法の開発
 - 2. 膜蛋白質のクロスリンカーを用いた膜トポロジーの解析
- (E) イオンモビリティ質量分析を用いた構造生物学
 - 1. 天然変性蛋白質の気相中の構造解析
 - 2. 蛋白質複合体の構造解析

○発表論文

・原著論文

- 1. Saikusa Kazumi, Hidaka Haruna, Izumi Shunsuke, Akashi Satoko, Mass spectrometric characterization of histone H3 Isolated from in-Vitro reconstituted and acetylated nucleosome core particle ; Mass Spectrometry (2020), 9(1), 189-196.

2. Kawaguchi Masahiko, Hayashi Hironobu, Iida Hiroki, Tanaka Satoshi, Fukuoka Naokazu, Izumi Shunsuke, Kakinohana Manabu, Yoshitani Kenji, A practical guide for anesthetic management during intraoperative motor evoked potential monitoring, *Journal of anesthesia* (2020), 34(1), 5-28.

・著書

該当無し

・総説・解説

該当無し

○講演等

・国際会議

招待講演

該当無し

一般講演

該当無し

・国内学会

招待講演

該当無し

一般講演

1. 稲葉昂紀, 泉 俊輔, 小谷政弘, 大村孝幸. 「モンシロチョウ (*Pieris rapae*) の紋は何のためにあるのか。」第69回質量分析総合討論会 2020年5月21日, オンライン
2. 山口愛歩, 田中耕一, 山本卓志, 泉 俊輔. 「大気圧MALDI-MSを利用したペプチドの構造解析方法」第69回質量分析総合討論会 2020年5月21日, オンライン

分子遺伝学研究グループ

構成員：山本 卓（教授），坂本尚昭（准教授），佐久間哲史（准教授），落合 博（講師），中坪（光永）敬子（助教），細羽康介（助教），坊農秀雄（特任教授），杉 拓磨（特任准教授），鈴木賢一（特任准教授），栗田朋和（特任助教）

○研究活動の概要

本研究グループでは、棘皮動物のウニをモデル動物として、動物の形態形成に関わる遺伝子の機能と作用機構について研究を展開している。初期胚での遺伝子発現ダイナミクスを解析するために、分子イメージングの技術を取り入れた定量的解析法を確立し、生命科学の新しい研究分野の開拓に努めている。さらに、人工DNA切断酵素のジンクフィンガーヌクレアーゼ（ZFN）、transcription activator-like effector（TALE）ヌクレアーゼ（TALEN）、CRISPR-Cas9の作製方法を確立し、様々な細胞（哺乳類細胞およびiPS細胞）や生物（微細藻類、ウニ、ゼブラフィッシュ、カエル、イモリ、マウス、ラット、マーモセット）での遺伝子改変技術（ゲノム編集技術）の開発を、国内外の共同研究として行っている。人工DNA切断酵素を用いたゲノム編集に関するコミュ

ニティ（日本ゲノム編集学会，ゲノム編集産学共創コンソーシアム）を形成し，この技術の情報発信と国内の共同研究体制の構築を目指している。本研究グループの研究テーマを以下に示す。

1. 人工DNA切断酵素（ZFN, TALENとCRISPR-Cas9）を用いたゲノム編集技術の開発
2. ゲノム編集による疾患モデルの細胞や動物の作製
3. ゲノム編集による有用微生物の作出
4. 転写調節の分子機構・核構造と遺伝子発現調節に関する研究
5. 両生類の発生および変態メカニズムの解明
6. 棘皮動物の成体原基細胞の形成と再生に関する研究
7. 形態形成における細胞外基質の機能に関する研究

キーワード：遺伝子発現，発現調節，ゆらぎ，形態形成，生殖細胞，発生，進化，棘皮動物，両生類，iPS細胞，疾患モデル，ZFN, TALEN, CRISPR-Cas9, ゲノム編集技術，バイオ燃料，細胞外基質

○発表論文

・原著論文

- ◎ 1. Li J, Hsu A, Hua Y, Wang G, Cheng L, Ochiai H, Yamamoto T, Pertsinidis A. Single-gene imaging links genome topology, promoter-enhancer communication and transcription control. *Nature Structural & Molecular Biology*, 27, 1032-1040, 2020
- ◎ 2. Ochiai H, Hayashi T, Umeda M, Yoshimura M, Harada A, Shimizu Y, Nakano K, Saitoh N, Liu Z, Yamamoto T, Okamura T, Ohkawa Y, Kimura H, Nikaido I. Genome-wide kinetic properties of transcriptional bursting in mouse embryonic stem cells. *Science Advances*, 6, eaaz6699, 2020
- ◎ 3. Miyamoto T, Hosoba K, Itabashi T, Iwane AH, Akutsu SN, Ochiai H, Saito Y, Yamamoto T, Matsuura S. Insufficiency of ciliary cholesterol in hereditary Zellweger syndrome. *The EMBO Journal*, 39, e103499, 2020
- ◎ 4. Kurita, T., Moroi, K., Iwai, M., Okazaki, K., Shimizu, S., Nomura, S., Saito, F., Maeda, S., Takami, A., Sakamoto, A., Ohta, H., Sakuma, T. and Yamamoto, T. Efficient and multiplexable genome editing using Platinum TALENs in oleaginous microalga, *Nannochloropsis oceanica* NIES-2145. *Genes to Cells*, 25, 695-702, 2020
- ◎ 5. Hozumi, A., Matsunobu, S., Mita, K., Treen, N., Sugihara, T., Horie, T., Sakuma, T., Yamamoto, T., Shiraishi, A., Hamada, M., Satoh, N., Sakurai, K., Satake, H. and Sasakura, Y. GABA-Induced GnRH Release Triggers Chordate Metamorphosis. *Current Biology*, 30, 1555-1561.e4, 2020
- ◎ 6. Takahashi, M., Ikeda, K., Ohmuraya, M., Nakagawa, Y., Sakuma, T., Yamamoto, T. and Kawakami, K. Six1 is required for signaling center formation and labial-lingual asymmetry in developing lower incisors. *Developmental Dynamics*, 249, 1098-1116, 2020
- ◎ 7. Sekiguchi, M., Sobue, A., Kushima, I., Wang, C., Arioka, Y., Kato, H., Kodama, A., Kubo, H., Ito, N., Sawahata, M., Hada, K., Ikeda, R., Shinno, M., Mizukoshi, C., Tsujimura, K., Yoshimi, A., Ishizuka, K., Takasaki, Y., Kimura, H., Xing, J., Yu, Y., Yamamoto, M., Okada, T., Shishido, E., Inada, T., Nakatochi, M., Takano, T., Kuroda, K., Amano, M., Aleksic, B., Yamamoto, T., Sakuma, T., Aida, T., Tanaka, K., Hashimoto, R., Arai, M., Ikeda, M., Iwata, N., Shimamura, T., Nagai, T., Nabeshima, T., Kaibuchi, K., Yamada, K., Mori, D. and Ozaki, N. ARHGAP10, which encodes Rho GTPase-activating protein 10, is a novel gene for schizophrenia risk. *Translational Psychiatry*, 10, 247, 2020
- 8. Yaguchi S, Yaguchi J, Suzuki H, Kinjo S, Kiyomoto M, Ikeo K, Yamamoto T. Establishment of homozygous knock-out sea urchins. *Curr Biol*, 30(10):R427-R429, 2020
- ◎ 9. Sanoh S, Hanada H, Kashiwagi K, Mori T, Goto-Inoue N, Suzuki KT, Mori J, Nakamura N, Yamamoto T, Kitamura S, Kotake Y, Sugihara K, Ohta S, Kashiwagi A. Amiodarone bioconcentration and suppression of metamorphosis in *Xenopus*. *Aquat Toxicol*, 228:105623, 2020

- ◎10. Iida M, Suzuki M, Sakane Y, Nishide H, Uchiyama I, Yamamoto T, Suzuki KT, Fujii S. A simple and practical workflow for genotyping of CRISPR-Cas9-based knockout phenotypes using multiplexed amplicon sequencing. *Genes Cells*, 25(7):498-509, 2020
- ◎11. Fujii, S., Tago, T., Sakamoto, N., Yamamoto, T., Satoh, T., Satoh, A.K. Recycling endosomes associate with Golgi stacks in sea urchin embryos. *Communicative & Integrative Biology*, 13(1), 59-62, 2020
- ◎12. Pieplow, A., Dastaw, M., Sakuma, T., Sakamoto, N., Yamamoto, T., Yajima, M., Oulhen, N., Wessel, G.M. CRISPR-Cas9 editing of non-coding genomic loci as a means of controlling gene expression in the sea urchin. *Developmental Biology*, 472, 85-97, 2021
13. Numakura Y, Uemura R, Tanaka M, Izawa T, Yamate J, Kuramoto T, Kaneko T, Mashimo T, Yamamoto T, Serikawa T, Kuwamura M. PHF24 is expressed in the inhibitory interneurons in rats. *Exp Anim*, 70(1):137-143, 2021
- ◎14. Nishinaka-Arai, Y., Niwa, A., Matsuo, S., Kazuki, Y., Yakura, Y., Hiroma, T., Toki, T., Sakuma, T., Yamamoto, T., Ito, E., Oshimura, M., Nakahata, T. and Saito, M.K. Down syndrome-related transient abnormal myelopoiesis is attributed to a specific erythro-megakaryocytic subpopulation with GATA1 mutation. *Haematologica*, 106, 635-640, 2021
- ◎15. Lee, J.M., Kim, U., Yang, H., Ryu, B., Kim, J., Sakuma, T., Yamamoto, T. and Park, J.H. TALEN-mediated generation of Nkx3.1 knockout rat model. *The Prostate*, 81, 182-193, 2021
- ◎16. Arima, Y., Nakagawa, Y., Takeo, T., Ishida, T., Yamada, T., Hino, S., Nakao, M., Hanada, S., Umemoto, T., Suda, T., Sakuma, T., Yamamoto, T., Watanabe, T., Nagaoka, K., Tanaka, Y., Kawamura, Y.K., Tonami, K., Kurihara, H., Sato, Y., Yamagata, K., Nakamura, T., Araki, S., Yamamoto, E., Izumiya, Y., Sakamoto, K., Kaikita, K., Matsushita, K., Nishiyama, K., Nakagata, N. and Tsujita, K. Murine neonatal ketogenesis preserves mitochondrial energetics by preventing protein hyperacetylation. *Nature Metabolism*, 3, 196-210, 2021→
- ◎17. Ezawa, M., Kouno, F., Kubo, H., Sakuma, T., Yamamoto, T. and Kinoshita, T. Pou5f3.3 is involved in establishment and maintenance of hematopoietic cells during Xenopus development. *Tissue & Cell*, 72, 101531, 2021

・著書

1. 山本 卓, ゲノム編集とはなにか, 講談社ブルーバックス (2020)
- ◎ 2. 栗田朋和, 佐久間哲史, 山本 卓, 第13章 TALENを用いた微細藻類ナンノクロロプシスでのゲノム編集. **最新ゲノム編集技術と用途展開**, CMC出版, pp105-113, (2021)
3. 佐久間哲史, 第2章 ゲノム編集の実践的方法論. **最新ゲノム編集技術と用途展開**, CMC出版, pp10-20, (2021)
- ◎ 4. 根岸洋一, 葦沢 慧, 佐久間哲史, 山本 卓, 高橋葉子, 第25章 超音波応答性ナノバブルのゲノム編集治療への応用の可能性. **最新ゲノム編集技術と用途展開**, CMC出版, pp227-232, (2021)
- ◎ 5. 佐久間哲史, 中村志穂, 山本 卓, 多様化するゲノム編集. **医学のあゆみ別冊「ゲノム編集の未来」**, 医歯薬出版株式会社, 273(9), pp700-707, (2020)
6. 落合 博, 1細胞内のRNA分子の局在可視化と絶対定量—smFISHとsmiFISH [プロトコール]. **実験医学別冊 最強のステップUPシリーズ エピゲノムをもっと見るためのクロマチン解析実践プロトコール (大川恭行, 宮成悠介/編)**, 羊土社, pp195-204 (2020)
7. 落合 博, 特定遺伝子の核内局在および転写活性の動態を同時に見る. **実験医学別冊 最強のステップUPシリーズ エピゲノムをもっと見るためのクロマチン解析実践プロトコール (大川恭行, 宮成悠介/編)**, 羊土社, pp229-232 (2020)
8. 大石裕晃, 落合 博, ライブイメージングによる1細胞動態解析. **医学のあゆみ別冊「ゲノム編集の未来」**, 医歯薬出版株式会社, 276:10, 933-939 (2021)

・総説・解説

- ◎ 1. Kunii, A., Yamamoto, T. and Sakuma, T. Various strategies of effector accumulation to improve the efficiency of genome editing and derivative methodologies. *In Vitro Cellular & Developmental Biology - Animal*, 56, 359-366, 2020
- ◎ 2. 山本 卓, 佐久間哲史, ゲノム編集がすべての研究者に開かれた. *実験医学*, 羊土社, 38(19), 3244-3245 (2020)
- ◎ 3. 佐久間哲史, 中村志穂, 山本 卓, ゲノム編集の“ゴールドスタンダード”CRISPR-Cas9が拓く未来. *化学*, 化学同人, 75(12), 12-16 (2020)
- ◎ 4. 根岸洋一, 佐久間哲史, 山本 卓, 高橋葉子, 超音波応答性ナノバブルを用いた核酸・遺伝子デリバリーシステムとゲノム編集への応用の可能性. *プレジジョンメディシン*, 北隆館, 3(6), 576-580, (2020)
- 5. 宮本達雄, 細羽康介, コレステロール欠乏による繊毛病の発症機構. *生化学*, 93:2, 1-5 (2021)
- 6. Miyamoto T, Hosoba K, Akutsu SN, Matsuura S. Imaging of the ciliary cholesterol underlying the hedgehog signal transduction. *Methods in Molecular Biology*, 2021 in press

○講演等

・国際会議

招待講演

該当無し

一般講演

- ◎ 1. Saido TC, Sato K, Sasaguri H, Kumita W, Nagata K, Sakuma T, Yamamoto T, Sasaki E. Genesis: Marmoset model of familial Alzheimer's disease. AAT-AD/PD™ 2020 Conference: Advances in Alzheimer's and Parkinson's Therapies, 2020.4.2-5, Online
- ◎ 2. Sasaguri H, Sato K, Sasaguri H, Kumita W, Nagata K, Sakuma T, Yamamoto T, Saido TC, Sasaki E. Generation of non-human primate models of Alzheimer's disease. Alzheimer's Association International Conference (AAIC) 2020, 2020.7.27-31, Online
- ◎ 3. Kunii A, Nakamura S, Yoshimi K, Mashimo T, Yamamoto T, Sakuma T. Highly organized, variously patterned accumulation platforms of transcription activators using Class 1 and Class 2 CRISPR systems. Cold Spring Harbor Laboratory Meeting – Genome Engineering: CRISPR Frontiers, 2020.8.19-21, Online
- ◎ 4. Nakamae K, Takenaga M, Nakade S, Nazuka I, Awazu A, Sakamoto N, Sakuma T, Yamamoto T. Extended analysis of amplicon sequencing data with MaChIAto for prime editing. Cold Spring Harbor Laboratory Meeting – Genome Engineering: CRISPR Frontiers, 2020.8.19-21, Online
- ◎ 5. Nakamura S, Kunii A, Yoshimi K, Mashimo T, Yamamoto T, Sakuma T. Comprehensive analysis of highly variable transcriptional activation platforms based on Class 1 and Class 2 CRISPR systems. The International CRISPR and Gene Editing Symposium, 2020.9.23, Online
- ◎ 6. Sakuma T, Nakamae K, Takenaga M, Nakade S, Mitsuhashi T, Nazuka I, Awazu A, Sakamoto N, Yamamoto T. MaChIAto: detailed profiling tool for various genomic features affecting the efficacy of gene knockout, homology-based knock-in, and Prime Editing. CRISPR and Beyond: Perturbations at Scale to Understand Genomes, 2020.9.22-25, Online
- ◎ 7. Kunii A, Nakamura S, Yamamoto T, Sakuma T. Optimization of dCas9-based transcription activator systems using a collection of variously patterned RNA aptamers and protein tags. Keystone Symposia – Precision Engineering of the Genome, Epigenome and Transcriptome, 2021.3.8-10, Online

・国内学会

招待講演

- 1. Takashi Yamamoto. Basic Principles and Applications of Genome Editing Technology. Novozymes Japan Biotechnology Forum, 2020年11月6日, オンライン
- 2. 山本 卓. ゲノム編集の基本原則と医学生物学分野での可能性. 第1回REproduction

- International new WAve Forum (REIWA Forum), 2020年11月8日, オンライン
3. 山本 卓. ゲノム編集の基本原則と基盤技術開発, 千里ライフサイエンスセミナー「ゲノム編集がもたらす革新と更なる展望」, 2020年11月10日, オンライン
 4. 山本 卓. ゲノム編集医療の可能性. 第65回日本生殖医学会学術講演会・総会, 2020年12月4日, オンライン
 5. 山本 卓. ゲノム編集の基本原則と可能性, 東京大学, OPERA第10回「機能性バイオ」ミニシンポ, 2020年12月23日, オンライン
 6. 山本 卓. ゲノム編集技術の最前線第7回京都大学-稲盛財団合同「京都賞シンポジウム」, 2020年2月12日, オンライン
 7. 山本 卓. ゲノム編集に関する最近の研究動向 141年会日本薬学会, 2021年3月27日, オンライン
 8. 佐久間哲史. ゲノム編集技術の現状と将来. 第79回日本癌学会学術総会 教育セッション・がん研究入門コース12, 2020年10月1日-3日, オンライン
 9. Tetsushi Sakuma. Development of transcriptional activation platforms of cancer-related genes using Class 1 and Class 2 CRISPR systems. 第79回日本癌学会学術総会 Symposia S2, 2020年10月1日, 広島
 10. 落合 博. クロマチン潜在能による転写バースト制御. 第43回日本分子生物学会年会, 2020年12月2日, オンライン

依頼講演

1. 山本 卓. ゲノム編集の原理と研究の現状, 国会図書館勉強会, 2020年7月2日, オンライン
- ◎ 2. 山本 卓, 佐久間哲史. 今さら聞けないゲノム編集の常識・非常識. ライフサイエンス“web”研究塾, 2020年8月27日, オンライン
3. 山本 卓. ゲノム編集技術の基本原則と最近の応用・トピックス, 情報機構セミナー, 2021.1.27, オンライン
4. 山本 卓. ノーベル賞解説セミナー, 広島大学理学融合教育研究センター, 2020年12月12日, オンライン
5. 山本 卓. Platinum TALENを用いたゲノム編集の産業利用, 富士フィルム和光純薬セミナー 2021年3月24日, オンライン
6. 山本 卓. ゲノム編集の今, 第8回コオロギ研究会, 2021年3月26日, オンライン
7. 佐久間哲史. ゲノム編集技術update -2021-. 日本ゲノム編集学会会員特別セミナー「ゲノム編集の研究動向」, 2021年3月16日, オンライン
8. 落合 博. 哺乳類細胞における転写バースト制御機構の解明. 新規モデル生物開発センター公開セミナー: ゲノム編集テクニカルセミナーIII, 2021年2月3日, オンライン
9. 落合 博. 分子の動きを「見る」ためのゲノム編集技術. 第4回 広島大学先端科学セミナー「“ゲノム編集”で未来社会を拓く」, 2020年12月10日, オンライン

一般講演

- ◎ 1. 川口達也, 中山 航, 中村美奈子, Songping Zhan, 佐久間哲史, 山本 卓, Thanutchaporn Kumrungsee, 大嶋紀安, 矢中規之. choline供給酵素GDE5の肝臓特異的欠損マウスの作製, および形質の解析. 日本ビタミン学会第72回大会, オンライン, 2020年9月4日~13日
- ◎ 2. Nanaho Hasegawa, Takakazu Kawase, Nao Yoshida, Misaki Kobayashi, Kisa Tanabe, Yasuko Honjo, Kayo Toishigawa, Taro Edahiro, Hiroyuki Sato, Kenta Magoori, Ryuji Suzuki, Tetsushi Sakuma, Takashi Yamamoto, Masatoshi Nishizawa, Tatsuo Ichinohe. Targeted knock-in of desired genes by use of Platinum TALEN for safer genome-edited T cell therapy. 第82回日本血液学会学術集会, オンライン, 2020年10月10日~11月8日
- ◎ 3. Sasaguri H, Sato K, Sasaguri H, Kumita W, Nagata K, Sakuma T, Yamamoto T, Saido TC, Sasaki E. Generation of non-human primate models of Alzheimer's disease. 第39回日本認知症学会 学術集

会, 名古屋+オンライン, 2020年11月26日~28日

- ◎ 4. 栗田朋和, 諸井桂之, 岩井雅子, 岡崎久美子, 野村誠治, 斎藤史彦, 高見明秀, 坂本 敦, 太田啓之, 佐久間哲史, 山本 卓. 油糧微細藻類*Nannochloropsis*における酵母複製起点・セントロメア配列(ARS)を利用した脱落可能プラチナTALENプラスミドを用いた外来遺伝子フリーゲノム編集. 第43回日本分子生物学会年会, オンライン, 2020年12月3日
- ◎ 5. 中前和恭, 武永充正, 中出翔太, 名塚一郎, 栗津暁紀, 坂本尚昭, 佐久間哲史, 山本 卓. MaChIAto: CRISPRによるゲノム編集結果と標的のゲノム特性との関連性プロファイリングツール. 第43回日本分子生物学会年会, オンライン, 2020年12月2日~4日
- ◎ 6. 中村志穂, 國井厚志, 吉見一人, 真下知士, 山本 卓, 佐久間哲史. Class 1 type I-E CRISPR-Casシステムに基づく転写活性化プラットフォームの最適化. 第43回日本分子生物学会年会, オンライン, 2020年12月2日~4日
- ◎ 7. 土石川佳世, 川瀬孝和, 美山貴彦, 西澤正俊, 枝廣太郎, 本庶仁子, 馬郡健太, 佐藤寛之, 鈴木隆二, 佐久間哲史, 山本 卓, 一戸辰夫. より安全で効果的な制御性T細胞(Treg)療法を見据えたゲノム編集抗原特異性Treg作出の試み. 第43回日本造血細胞移植学会総会, 東京+オンライン, 2021年3月5日~7日
- ◎ 8. 安井優平, 杉山文香, 坂本尚昭, 栗津暁紀. ウニの発生初期における核内染色体構造の動的および細胞特異的变化. 第58回日本生物物理学会年会, オンライン, 2020年9月16日~18日
- ◎ 9. 今田実子, 杉山文香, 林紗弥香, 渡邊開智, 安井優平, 坂本尚昭, 栗津暁紀. ウニ初期胚の核及び核内動態の蛍光イメージング観察・解析. 第58回日本生物物理学会年会, オンライン, 2020年9月16日~18日
- ◎ 10. 小田竜平, 藤井雅史, 坂本尚昭, 栗津暁紀. ArsInsC配列及びDNA反復配列の物理的特性・機能性解析. 第58回日本生物物理学会年会, オンライン, 2020年9月16日~18日
- ◎ 11. 渡邊開智, 黒瀬友太, 安井優平, 坂本尚昭, 栗津暁紀. ウニ胚形態形成の細胞骨格観察に基づくモデル化. 日本動物学会 第91回大会, オンライン, 2020年9月4日~5日
- ◎ 12. 安井優平, 杉山文香, 坂本尚昭, 栗津暁紀. ウニの発生初期における核内染色体構造の動的および細胞特異的变化. 日本動物学会 第91回大会, オンライン, 2020年9月4日~5日

分子形質発現学研究グループ

構成員: 坂本 敦 (教授), 島田裕士 (准教授), 高橋美佐 (助教),
岡崎久美子 (共同研究講座助教)

○研究活動の概要

本研究室では, 植物に特徴的な高次生命現象を司る分子基盤とその制御機構について, 遺伝子, 代謝, 分化・形態などの幅広い視点から研究している。とりわけ, 不断に変化する生育環境への適応・生存を可能にする代謝調節機能や, 植物の主要機能を担う葉緑体のバイオジェネシスに注目している。また, これらの植物機能の解明研究を通じて, 過酷環境でも生存可能で高い生産ポテンシャルを有する植物の創出研究も行っている。さらに, 昨年度より分子遺伝学研究グループと協力し, 微細藻類を対象にバイオ燃料の開発に取り組む共同研究講座(次世代自動車エネルギー共同研究講座・藻類エネルギー創成研究室)を開設し, 産学共創研究も推進している。

(1) 植物の成長生存戦略と代謝機能制御

独立栄養を営む植物は, 動物と比較して遙かに多様で複雑な物質代謝系を有するが, その固着性が故に厳しい環境変動を生き抜くために代謝が担う役割も極めて大きい。即ち, 過酷環境

下の適応応答や恒常性の維持などの生命現象においては様々な物質代謝が関与しているが、植物代謝系は単に多彩なだけでなく、生育環境の変動に応じて代謝の生理的役割を合目的に変換する柔軟性をも兼ね備えている。このような多機能性を有した植物代謝のダイナミズムを、運動能力の欠如を補う植物の“したたか”な成長生存戦略の一環と捉え、その制御に関わる分子機構や遺伝子ネットワークの解明研究を進めている。また、シグナル伝達やストレス傷害といった正負両面の生理作用を持つ活性酸素や活性窒素の植物代謝機能に焦点を絞った研究も展開している。亜硝酸毒性や硝酸過剰障害、大気汚染など、活性窒素の関わりが示唆されている農業・環境問題にも関心があり、大気中の活性窒素酸化物の植物生理作用なども解析している。

(2) 葉緑体の発達機構

植物細胞において葉緑体は光合成を行うだけでなく、窒素・硫黄代謝、アミノ酸合成、植物ホルモン合成等を行う重要な細胞小器官である。また、緑色組織以外において葉緑体はカロテノイドやデンプンを貯蔵する赤色・黄色・白色の色素体へと形質転換する。植物の主要機能を担う葉緑体や色素体が形成されるメカニズム解明を目的として、遺伝学・分子細胞生物学・生理学的手法等を用いて研究を行っている。また、葉緑体の重要な機能の一つである光合成に関して、発生した酸素分子による光合成タンパク質の酸化と光合成機能低下に注目して解析を行っており、これらの研究を通して光合成活性上昇植物の育種を目指している。

(3) 植物や光合成藻類の機能開発と応用研究

上記の研究から得られた成果をもとに、過酷環境でも生育する作物や、生産能力が増大した作物、環境汚染の改善に役立つ植物などを創出する研究も行っている。また、高度に脂質を蓄積する能力に優れた光合成微細藻類をプラットフォームとして、第三世代のバイオエネルギー生産にも取り組んでいる。

○発表論文

・原著論文

- ◎ 1. Busch FA, Tominaga J, Muroya M, Shirakami N, Takahashi S, Yamori W, Kitaoka T, Milward SE, Nishimura K, Matsunami E, Toda Y, Higuchi C, Muranaka A, Takami T, Watanabe S, Kinoshita T, Sakamoto W, Sakamoto A, Shimada H (2020) Overexpression of BUNDLE SHEATH DEFECTIVE 2 improves the efficiency of photosynthesis and growth in Arabidopsis. *The Plant Journal* **102(1)**: 129–137.
- ◎ 2. Tominaga J, Takahashi S, Sakamoto A, Shimada H (2020) Arabidopsis BSD2 reveals a novel redox regulation of Rubisco physiology *in vivo*. *Plant Signaling & Behavior* **15(4)**: e1740873.
- ◎ 3. Kurita T, Moroi K, Iwai M, Okazaki K, Shimizu S, Nomura S, Saito F, Maeda S, Takami A, Sakamoto A, Ohta H, Sakuma T, Yamamoto T (2020) Efficient and multiplexable genome editing using Platinum TALENs in oleaginous microalga, *Nannochloropsis oceanica* NIES-2145. *Genes to Cells* **25(10)**: 695–702.

・著書

該当無し

・総説・解説

- 1. 岡崎久美子 (2020) オーダーメイドでヘルシーオイルを作るには. 生物工学会誌 - 『バイオメディア』 第98巻 第9号 499頁.

○講演等

・国際会議

招待講演

該当無し

一般公演

該当無し

・国内学会

招待講演

該当無し

一般講演

- ◎ 1. 栗田朋和, 諸井桂之, 岩井雅子, 岡崎久美子, 野村誠治, 斎藤史彦, 高見明秀, 坂本 敦, 太田啓之, 佐久間哲史, 山本 卓. 油糧微細藻類 *Nannochloropsis* における酵母複製起点・セントロメア配列 (ARS) を利用した脱落可能プラチナTALENプラスミドを用いた外来遺伝子フリーゲノム編集. 第43回日本分子生物学会年会, 2020年12月2日~4日, オンライン開催.

遺伝子化学研究グループ

構成員: 井出 博 (教授), 津田雅貴 (助教)

○研究活動の概要

(1) ゲノム損傷修復に関する研究

生物の遺伝情報を担うゲノム DNA には, 水との接触による加水分解や好気的な代謝により発生する活性酸素による酸化が絶え間なく起こっている。さらに, 環境中の化学物質や放射線への暴露により, ゲノム損傷生成はさらに加速される。生じたゲノム損傷が適切に修復されないと, 細胞死や突然変異が誘発される。突然変異は遺伝情報が変化させ癌や遺伝病の原因となる。したがって, 生物が高い精度で遺伝情報を維持していくためには, ゲノムに生じた損傷 (きず) を効率よく修復していく必要がある。このメカニズム解明にむけて, 生化学的および分子生物学的な観点から研究を進めている。

(2) ゲノム損傷検出に関する研究

環境中の化学物質や放射線, および抗がん剤はゲノムに多様な損傷を誘発する。誘発される損傷の中で, DNA-タンパク質クロスリンク (DPC) および DNA-DNA クロスリンク (ICL) は高い細胞致死効果を示す。化学物質, 放射線, および抗がん剤の生物影響の原因を分子レベルで解明するため, DPC および ICL 損傷の高感度な検出法を開発している。

○発表論文

・原著論文

- ◎ 1. Nakano T, Shoukamy MI, Tsuda M, Sasanuma H, Hirota K, Takata M, Masunaga S, Takeda S, Ide H, Bessho T, Tano K. Participation of TDP1 in the repair of formaldehyde-induced DNA-protein

cross-links in chicken DT40. PLoS One, 15(6), e0234859 (2020).

- ◎ 2. Tsuda M*, Kitamasu K, Kumagaia C, Sugiyama K, Nakano T, Ide H*. Tyrosyl-DNA phosphodiesterase 2 (TDP2) repairs topoisomerase 1 DNA-protein crosslinks and 3'-blocking lesions in the absence of tyrosyl-DNA phosphodiesterase 1 (TDP1). DNA Repair, 91-92:102849 (2020).
- 3. Sasanuma H, Yamada S, Tsuda M, Takeda S. Restoration of ligatable “clean” double-strand break ends is the rate-limiting step in the rejoining of ionizing-radiation-induced DNA breakage. DNA Repair, 93:102913 (2020).
- 4. Rahman MM, Mohiuddin, Keka IS, Yamada K, Tsuda M, Sasanuma H, Andreani J, Guerosis R, Borde V, Charbonnier JB, Takeda S. Genetic evidence for the involvement of Mismatch Repair Proteins, PMS2 and MLH3, in a late step of homologous recombination. Journal of Biological Chemistry, 295(51):17469-17475 (2020).

・著書

該当無し

・総説・解説

- ◎ 1. 井出 博, 津田雅貴. 塩基除去修復, 産科と婦人科, 87(10):1127-1132 (2020)
- ◎ 2. 津田雅貴, 井出 博. DNA にトラップされたトポイソメラーゼの除去機構, 細胞, 52(9):53-56 (2020)
- 3. 津田雅貴. 低酸素特異的に放射線が誘発するゲノム損傷の修復機構に関する研究, 放影響ニュース, 4(103):18-19

○講演等

・国際会議

招待講演

該当無し

一般講演

該当無し

・国内学会

招待講演

- ◎ 1. 津田雅貴, 北舂海斗, 山本あかね, 諸角涼介, 井出 博, チロシル-DNA ホスホジエステラーゼが関与する新規な DNA 二本鎖切断修復経路, 第 63 回日本放射線影響学会(シンポジウム), Web 開催, 2020 年 10 月 15 日～16 日
- 2. 津田雅貴, チロシルDNAホスホジエステラーゼによるゲノム修復を標的としたがん治療法の提案, 第4回 HiHA Young Researcher Workshop, Web開催, 2021年1月20日

一般講演

- ◎ 1. 津田雅貴, 諸角涼介, 北舂海斗, 山本あかね, 井出 博, DNAにトラップされたトポイソメラーゼ1の除去機構, 第45回中国地区放射線影響研究会, Web開催, 2020年8月7日

- ◎ 2. 井出 博, 中野敏彰, 津田雅貴, 瀬畑敬文, 久保山政弥, 酸化剤によるDNA-タンパク質クロスリンク損傷生成, 第63回日本放射線影響学会, Web開催, 2020年10月15日～16日
- ◎ 3. 津田雅貴, 北舩海斗, 中野敏彰, 井出 博, チロシル-DNAホスホジエステラーゼ2 (TDP2) はDNAにトラップされたトポイソメラーゼ1を修復する, 第49回日本環境変異原学会, プラザヴェルデ, 沼津市, 2020年11月26日～27日

1-4-3 各種研究員と外国人留学生の受入状況

- ・ 広島大学研究員 (2020.9-) 山中 治
- ・ 外国人留学生 (博士課程後期) 徐 宇
- ・ 企業研究者1名 (㈱三菱商事ライフサイエンス) を受け入れ
- ・ 外国人留学生1名 盧 立達 (中国)
- ・ 外国人研究員 Tayebbeh Abedi
- ・ 外国人留学生 (博士課程前期) 宋 雨童

1-4-4 研究助成金の受入状況

- 富樫祐一：科学研究費助成事業・新学術領域研究 (研究領域提案型) 公募研究「シンギュラリティ細胞が率いる集団を表現する機械論的モデルの構成」代表
- 富樫祐一：科学研究費助成事業・国際共同研究強化 (A)「形ある生体高分子間の力学的な情報伝達・相互干渉の数理」代表
- 栗津暁紀：科学研究費助成事業・基盤研究 (C)「染色体構造動態の核内長距離相互作用をふまえた描像の確立」代表
- 栗津暁紀：科学研究費助成事業・基盤研究 (B)「光受容体タンパク質が自発的に作る2次元秩序構造についての構成的研究」分担
- 栗津暁紀：科学研究費助成事業・基盤研究 (B)「社会性昆虫の集団的機能発現機構に関する実験・理論・データ解析からの融合研究」分担
- 藤井雅史：科学研究費助成事業・若手研究「細胞に学ぶ環境の違いを感知する応答ネットワークの網羅的解析」代表
- 李 聖林：科学研究費助成事業・基盤研究 (B)「非対称細胞分裂の統合的解明及び大域的数理モデリング手法の開発」(代表)
- 李 聖林：国際共同研究加速基金 (国際共同研究強化)「細胞の空間制御による時間制御の仕組み解明及びパターン形成の新たな理論創出」(代表)
- 李 聖林：科学研究費助成事業・基盤研究 (S) JAPAN. 科研費「昆虫のゾンビ化から紐解く生物の多様な振る舞いの源泉」(H29-H33, 基盤S, 分担)
- 李 聖林：科学研究費助成事業・基盤研究 (B)「生命科学におけるパターン形成の新しいモデルと数学的解析手法の確立」(分担)
- 飯間 信：科学研究費助成事業・基盤研究 (C)「位相自由度をもつはばたき翼の摂動応答特性の解明」(代表)
- 飯間 信：RIMS研究集会「生物流体力学におけるモデリング」(代表)
- 飯間 信：公益財団法人 セコム科学技術進行財団「羽音をたてずに自在に飛翔する超小型飛行機の実現のための蝶の羽ばたき飛翔の解明」(分担)

小林 亮：基盤S「昆虫のゾンビ化から紐解く生物の多様な振る舞いの源泉」（分担）

楯 真一：科学研究費補助金 基盤B「メンブレンレスオルガネラの細胞内構造ダイナミクス解析技術の開発」代表

楯 真一：科学研究費補助金 基盤C「酵素反応のボトルネックを探る：反応経路サンプリングによる計算と実験による検証」分担

安田恭大：科学研究費助成事業・若手研究「神経変性疾患に見られる細胞質内タンパク質凝集によるRNA動態制御異常の解析」代表

安田恭大：「生命の彩」ALS研究助成基金「ALS関連タンパク質凝集を緩和する新規候補タンパク質群の病態への関わりとその分子機構解明」代表

安田恭大：加藤記念バイオサイエンス振興財団 加藤記念研究助成メディカルサイエンス分野「ストレス顆粒の純粋単離オミックス解析を用いたがん細胞化学治療抵抗性獲得機構の解明」代表

中田 聡：科学研究費助成事業・基盤研究(B)一般「時空間発展する自己駆動体の構築」（代表）

中田 聡：科学研究費助成事業・基盤研究(B)「社会性昆虫の集団的機能発現機構に関する実験・理論・データ解析からの融合研究」（分担）

中田 聡：科学研究費助成事業・基盤研究(B)「がん細胞とアストロサイトにおける解糖系振動および同期現象の解明と応用」（分担）

中田 聡：物質・デバイス領域共同研究拠点「自己駆動体による時空間パターンの構築」(20201012)（代表）

中田 聡：「リン脂質膜に及ぼす糖分子などの作用の研究」株式会社資生堂（代表）

松尾宗征：積水化学 令和元年度 自然に学ぶものづくり研究助成（基礎研究部門）「生物の細胞内液-液相分離に学ぶ自己組織化するソフトマテリアルの創製」（代表）

松尾宗征：中部科学技術センター 令和元年度 学術・みらい助成（最優秀提案）「新規ドラッグデリバリーキャリアに応用可能な自己増殖するペプチド液滴の創製」（代表）

松尾宗征：堀科学芸術振興財団 令和2年度研究助成（第3部理学）「超分子化学で迫る生命起源：自己増殖するコアセルベート液滴の創成」（代表）

松尾宗征：科学研究費助成事業・挑戦的研究(萌芽)「自己増殖液滴による生命起源仮説の統合」（分担）

山本 卓：科学研究費助成事業・基盤研究(A)「あらゆる遺伝性疾患を再現可能にするゲノム編集プラットフォームの開発」代表

山本 卓：科学研究費助成事業・挑戦的萌芽「ゲノムストレス誘導性染色体微細構造の形態特性の解明」分担

山本 卓：JST, 産学共創プラットフォーム研究推進プログラム(OPERA)「ゲノム編集による革新的な有用細胞・生物作成技術の創出」領域総括

山本 卓：JST・共創の場形成支援プログラム(COI-NEXT)「広島から世界最先端のバイオエコノミー社会を実現するBio×Digital Transformation(バイオDX)産学共創拠点」代表

山本 卓：JST・A-step産学共創(本格型)「日本市場に受け入れられやすいゲノム編集育種法の開発」代表

山本 卓：NEDO, 植物等の生物を用いた高機能品生産技術の開発プロジェクト, 課題代表

山本 卓：日本医療研究開発機構(AMED)・医療研究開発革新基盤創成事業(CICLE)「NY-ESO-1特異的高機能ゲノム編集T細胞の製造基盤技術の確立」分担

山本 卓：AMED, B型肝炎創薬実用化等研究事業「高効率感染細胞系と長期持続肝炎マウスモデル

- ルを用いたHBV排除への創薬研究」分担
- 坂本尚昭：科学研究費助成事業・基盤研究（C）「ゲノム編集を利用した非コードDNAによるインスレーター機能の解析」代表
- 坂本尚昭：科学研究費助成事業・基盤研究（C）「1分子DNAのねじれ応答測定による弾性調節型インスレーター機能の検証」分担
- 佐久間哲史：科学研究費助成事業・若手研究「拡張型TREEシステムを用いた新規エピゲノム編集技術の開発とがん研究への応用」代表
- 佐久間哲史：科学研究費助成事業・基盤研究（A）「あらゆる遺伝性疾患を再現可能にするゲノム編集プラットフォームの開発」分担
- 佐久間哲史：日本医療研究開発機構（AMED）・医療研究開発革新基盤創成事業（CiCLE）「NY-ESO-1特異的高機能ゲノム編集T細胞の製造基盤技術の確立」分担
- 佐久間哲史：JST・共創の場形成支援プログラム（COI-NEXT）「広島から世界最先端のバイオエコノミー社会を実現するBio×Digital Transformation（バイオDX）産学共創拠点」分担
- 落合 博：科学研究費助成事業・新学術領域研究(研究領域提案型)「核内RNAボディによるクロマチン制御機構の解明」分担
- 落合 博：科学技術振興機構・CREST「細胞ポテンシャル測定システムの開発」分担
- 落合 博：科学研究費助成事業・基盤研究（C）「高次ゲノム構造が織りなす複雑な遺伝子発現制御動態の解明」代表
- 落合 博：科学研究費助成事業・挑戦的研究(萌芽)「増幅遺伝子のコピー数の制御機構の解明」分担
- 細羽康介：科学研究費助成事業・基盤研究（A）「あらゆる遺伝性疾患を再現可能にするゲノム編集プラットフォームの開発」分担
- 細羽康介：科学研究費補助金・若手研究「エピゲノム編集法による癌細胞の浸潤、転移抑制技術の開発」代表
- 坂本 敦：科学研究費助成事業・基盤研究（C）（代表）「植物ウレイド研究の新展開：アラントインのストレスシグナリング作用と分子機構の解明」
- 坂本 敦：鳥取大学乾燥地研究センター共同研究（代表）「小胞体ダイナミクスに制御されたアブシシン酸の新規な迅速生成メカニズム」
- 坂本 敦：JST/OPERA（課題代表者）「高性能油脂生産藻類の開発」
- 坂本 敦：マツダ(株)共同研究（代表）「藻類生理学研究」
- 島田裕士：岡山大学資源植物科学研究所共同研究（代表）「CYO1/CYO2 遺伝子高発現による高収量イネ作出の試み」
- 島田裕士：基礎生物学研究所共同利用研究（代表）「蛍光酸素センサーを用いた光合成活性測定装置による光合成促進化合物スクリーニング法の開発」
- 高橋美佐：科学研究費助成事業・基盤研究（C）（代表）「PIF4タンパク質制御による二酸化窒素センシング機構の解明」
- 岡崎久美子：マツダ(株)共同研究（分担）「藻類生理学研究」
- 井出 博：科学研究費助成事業・基盤研究（B）（一般）「放射線が誘発するDNA-タンパク質クロスリンク損傷の生成および修復機構」代表
- 津田雅貴：科学研究費助成事業・若手研究「チロシル-DNAホスホジエステラーゼが関与する新規

なDNA二本鎖切断修復経路」代表

津田雅貴：公益財団法人 コーサーコスメトロジー研究財団・コスメトロジー研究助成「新規変異評価システムを用いた長波長の紫外線(UVA)による突然変異誘発機構の解明」代表

津田雅貴：公益財団法人 住友電工グループ社会貢献基金・学術研究助成「DNA損傷の可視化を解した新規ゲノム修復機構の解明」代表

津田雅貴：公益財団法人 テルモ生命科学振興財団・研究助成「エストロゲンによるDNA鎖切断の修復機構の可視化解析」代表

津田雅貴：公益財団法人 鈴木謙三記念医科学応用研究財団・調査研究助成「乳がん予防薬の開発を目指したMRNの動的構造解析」代表

津田雅貴：土谷記念医学振興基金・助成金「重粒子線治療の効果向上を目指した腫瘍移植モデルに基づくゲノム損傷修復機構の解明」代表

津田雅貴：公益財団法人 喫煙科学研究財団・若手研究「新規変異評価システムとヒトゲノム編集細胞を用いた喫煙による変異誘発機構の解明」代表

津田雅貴：科学研究費助成事業・国際共同研究加速基金（国際共同研究強化（B））「革新的ガン治療に向けた遺伝子シナジー解明のための国際共同研究ネットワーク」分担

1-4-5 学界ならびに社会での活動

富樫祐一：日本生物物理学会 代議員（2019～2020年度）

富樫祐一：日本生物物理学会 分野別専門委員（2021年，分野：粗視化シミュレーション）

富樫祐一：システム制御情報学会 研究発表講演会（SCI'20）実行委員（2020年5月20日～22日開催）

粟津暁紀：物性研究地方編集委員

李 聖林：文科省委託事業 「AIMaP」運営委員

李 聖林：PLOS ONE（Academic Editor）

李 聖林：日本応用数理学会 編集委員

李 聖林：日本数理生物学会 学術委員

李 聖林：日本数理生物学会 運営委員

飯間 信：エアロ・アクアバイオメカニズム学会幹事

飯間 信：日本流体力学会中四国九州支部会幹事

藤原好恒：日本磁気科学会 監事

中田 聡：Gordon Research Conference, “Oscillations and Dynamic Instabilities in Chemical Systems”,
Chair

山本 卓：日本ゲノム編集学会，会長

山本 卓：日本分子生物学会，理事

山本 卓：日本学術会議，連携会員

山本 卓：日本分子生物学会，キャリアパス委員会委員

山本 卓：基礎生物学研究所，運営会議委員

山本 卓：Mary Ann Liebert 出版・CRISPR Journal 誌 Editorial Board Member（2017年～）

山本 卓：Elsevier 出版・Gene and Genome Editing 誌 Editorial Board Member (2020年～)

山本 卓：ナショナルバイオリソース事業ネットアイツメガエル運営委員会委員

山本 卓：熊本大学生命資源研究・教育センター客員教授

山本 卓：鳥取大学染色体工学センター客員教授

山本 卓：東京工業大学非常勤講師

山本 卓：東京医科歯科大学非常勤講師

山本 卓：千里ライフサイエンスセミナー「ゲノム編集がもたらす革新と更なる展望」,オーガナイザー

山本 卓：日本ゲノム編集学会会員特別セミナー,オーガナイザー

山本 卓：卓越大学院国際シンポジウム「ゲノム編集技術の最前線」,オーガナイザー

坂本尚昭：日本ゲノム編集学会, 会計幹事

坂本尚昭：日本ゲノム編集学会, 広報委員

佐久間哲史：Nature Publishing Group・Scientific Reports誌 Editorial Board Member

佐久間哲史：Nature Publishing Group・Scientific Reports 誌 Genome Editing Collection・Guest Editor

佐久間哲史：MDPI・Cells 誌 Editorial Board Member

佐久間哲史：MDPI・Cells 誌 Special Issue Editor

佐久間哲史：文部科学省 科学技術・学術政策研究所 科学技術予測センター 科学技術専門家ネットワーク 専門調査員

佐久間哲史：日本ゲノム編集学会, 会計幹事

佐久間哲史：日本ゲノム編集学会, 教育実習委員

佐久間哲史：日本ゲノム編集学会, 理事

佐久間哲史：日本ゲノム編集学会, 教育実習委員長

佐久間哲史：日本ゲノム編集学会, 第6回大会 準備委員

山本 卓・佐久間哲史：第79回日本癌学会学術総会シンポジウムオーガナイザー

落合 博：Nature Publishing Group・Scientific Reports誌 Editorial Board Member

落合 博：文部科学省 科学技術・学術政策研究所 科学技術予測センター 科学技術専門家ネットワーク 専門調査員

中坪（光永）敬子：日本動物学会 男女共同参画委員会, 第10期委員

坂本 敦：日本植物生理学会 代議員

坂本 敦：日本農芸化学会中四国支部 参与

坂本 敦：農業・食品産業技術創業研究機構・生物系特定産業技術研究支援センター・イノベーション創出強化研究推進事業 評議委員

井出 博：Journal of Radiation Research 編集委員

井出 博：放射線医学総合研究所共同利用研究員

津田雅貴：放射線医学総合研究所共同利用研究員

○産学官連携実績

非線形数理学研究グループ

- ・理化学研究所広島大学共同研究拠点における,理化学研究所ほかとの共同研究推進

自己組織化学グループ

- ・中田 聡,「自己組織化としての皮膚バリア機能の数理的解析」,JST CREST, 長山雅晴（代表,北

海道大学電子科学研究所), 傳田光洋 (株資生堂)

- ・ 中田 聡, (株資生堂との共同研究

分子遺伝学研究グループ

- ・ 山本 卓・佐久間哲史, (株三菱商事ライフサイエンス：酵母でのゲノム編集技術開発
- ・ 山本 卓・佐久間哲史, (株マツダ：次世代バイオ燃料のための藻類でのゲノム編集技術開発
- ・ 山本 卓・佐久間哲史, (株日本ハム：ゲノム編集技術を用いたブタ細胞での遺伝子改変技術開発
- ・ 山本 卓・佐久間哲史, (株凸版印刷：ゲノム編集の効率化に関するシステム構築
- ・ 山本 卓・佐久間哲史, 非公開共同研究1件

分子形質発現学・分子遺伝学研究グループ

- ・ 次世代自動車エネルギー共同研究講座・藻類エネルギー創成研究室を継続 (マツダ株式会社との共同研究講座)

1-5 その他特記事項

- ・ 藤原好恒：広島大学総合博物館のニューズレター HUM-HUM Vol.13のフォトアルバム@キャンパス用の原稿および写真
- ・ 藤原好恒：「広島大学環境報告書2020」用の写真
- ・ 山本 卓：JSPS卓越大学院プログラム「ゲノム編集先端人材育成プログラム」プログラムコーディネーター
- ・ 山本 卓：広島大学ゲノム編集イノベーションセンター長
- ・ 山本 卓：プラチナバイオ株式会社, CTO
- ・ 山本 卓：JST-CRDS俯瞰報告書分担執筆
- ・ 山本 卓：CBCラジオ「北野誠のズバリサタデー」でゲノム編集について説明
- ・ 山本 卓：「子供の科学」でのゲノム編集特集の監修
- ・ 山本 卓：科学雑誌「Newton」でのゲノム編集記事の監修
- ・ 佐久間哲史：プラチナバイオ株式会社, 科学技術顧問
- ・ 佐久間哲史：2020年度広島大学新任教員研修プログラム・研究マネジメント研修 講師
- ・ 佐久間哲史：広島大学の特に優れた研究を行う若手教員 (DR : Distinguished Researcher)
- ・ 佐久間哲史：広島国泰寺高校 課題研究成果発表会における助言・指導
- ・ 中坪(光永) 敬子：第18回男女共同参画学協会連絡会シンポジウム, 「広島大学における産学官連携による女性研究者活躍促進の取組」(2020.10.17 web会議 資料集)
- ・ 坂本 敦：広島大学自然科学研究支援開発センター総合実験支援・研究部門会議委員

○特許取得

該当無し

○特許出願

- ・ 山本 卓, 佐久間哲史：国内出願1件, PCT出願2件, 国内移行3件, 外国出願14件
- ・ US(PCT/JP2019/035244) and EP(PCT/JP2019/035244). Microorganism and method of producing

triacylglycerol. Sakamoto A, Okazaki K, Yamamoto T, Ohta H, Hori K, Shimizu S, Takami A,
Nomura S, Saito F. March 2, 2021

