

VI 数理生命科学プログラム

- ・ 数理分子生命理学専攻

1 数理生命科学プログラム・数理分子生命理学専攻

1-1 プログラム・専攻の理念と目標

数理生命科学プログラム・数理分子生命理学専攻では、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、本プログラム・専攻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 プログラム・専攻の組織と運営

【1】数理生命科学プログラム・数理分子生命理学専攻の組織

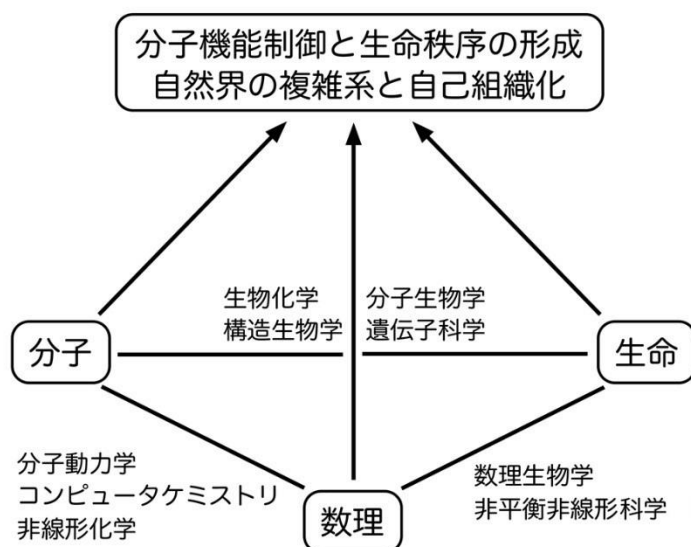
数理生命科学プログラム・数理分子生命理学専攻の概要

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。本プログラム・専攻は生物系、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。

本プログラム・専攻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。

本プログラム・専攻の目的の一つは、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。

数理生命科学プログラム・数理分子生命理学専攻概念図



数理生命科学プログラム・数理分子生命理学専攻の組織

【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】数理生命科学プログラム・数理分子生命理学専攻の運営

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

令和5年度数理生命科学プログラム長・数理分子生命理学専攻長 本田 直樹

また、数理生命科学プログラム・数理分子生命理学専攻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5年度の各種委員会の委員一覧を次にあげる。

・数理生命科学プログラム・数理分子生命理学専攻内の各種委員会

委 員 会 名	令 和 5 年 度
三系代表者会議	本田，中田，佐久間
就職担当	山本(9月迄)/本田（10月以降）
HP委員	○栗津，安田，高橋
パンフレット委員	選出せず
教務	○斉藤，坂本，片柳
庶務・会計	藤井
チューター	本田，中坪

○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 5 年 度
研究科代議委員会	本田，中田
評価委員会	本田，島田
広報委員会	栗津
地区防災対策委員会	本田
大学院委員会	藤原(好)

・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 5 年 度
プログラム長	本田
副プログラム長	中田
研究推進委員会（2年任期）	山本
国際交流委員会（2年任期）	佐久間
広報委員（2年任期）	栗津
学務委員（2年任期）	片柳
入試委員（2年任期）	大西
障害学生支援委員（1年任期）	中坪

・全学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 5 年 度
学生生活委員会	坂本(敦)

数理生命科学プログラム・数理分子生命理学専攻は、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5年度の構成員は以下の通りである。

＜数理計算理学講座＞

非線形生命数理学研究グループ：大西 勇（准教授）
 現象数理学研究グループ：栗津暁紀（准教授），藤井雅史（助教）
 生命流体数理学研究グループ：飯間 信（教授）
 データ駆動生物学グループ：本田直樹（教授），山田恭史（助教）
 複雑系生命数理学研究グループ：藤本仰一（教授）
 計算生命数理学研究グループ：斉藤 稔（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）
 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）（R6.1.1～）
 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），中坪(光永)敬子（助教），
 細羽康介（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：佐久間哲史（教授），清水直登（助教）
 ゲノム情報科学研究グループ：坊農秀雅（教授）

＜数理生命科学プログラム・数理分子生命理学専攻事務＞

平田紫穂（契約一般職員），高藤美穂（契約一般職員），筒本清佳（契約一般職員）

＜令和5年度の非常勤講師＞

木村 康之（九州大学大学院理学研究院・教授）「ソフトマター複雑系科学」
 小林 徹也（東京大学 生産技術研究所・准教授）「離散構造上の力学系と幾何学への入門とその
 応用：化学反応系から情報学まで」
 田口 善弘（中央大学理工学部物理学科・教授）「主成分分析及びテンソル分解を用いた教師無
 し学習法による変数選択法のバイオインフォマティクスへの応用」
 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」

1-2-2 教員の異動

令和5年度

令和 5年 4月 1日	佐久間哲史（遺伝子化学 教授）着任
令和 5年 4月 1日	藤本仰一（複雑系生命数理学 教授）着任
令和 5年10月 1日	坊農秀雅（ゲノム情報科学 教授）着任
令和 6年 1月 1日	松尾宗征（自己組織化学 助教）着任
令和 6年 3月31日	藤原昌夫（自己組織化学 助教）定年退職
令和 6年 3月31日	佐久間哲史（遺伝子化学 教授）退職
令和 6年 3月31日	山田恭史（データ駆動生物学 助教）退職
令和 6年 3月31日	清水直登（遺伝子化学 助教）退職

1-3 プログラム・専攻の大学院教育

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

数理生命科学プログラム・数理分子生命理学専攻は、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。本プログラム・専攻は、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にしている。このように学際的な特色を持つ本プログラム・専攻では、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

数理生命科学プログラム・数理分子生命理学専攻では、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的問題にも対応できる人材の育成を目指している。本プログラム・専攻では、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5年度数理生命科学プログラム・数理分子生命理学専攻在籍学生数

	博士課程前期	博士課程後期
令和5年度	46 (12) [0 (0)] <0 (0)>	25 (6) [0 (0)] <5 (1)>

() 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5年度のチューター

	博士課程前期	博士課程後期
令和5年度生	本田, 中坪	本田, 中坪

・令和5年度授業科目履修

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	研究科目 共通科目	統合生命科学特別講義	1	2	中田 聡, 山本 卓, 楯 真一, 栗津 暁紀, 坂本 敦, 坊農 秀雅
		生命科学研究法	1	2	和崎 淳, 鈴木 誠, 藤井 雅史, 黒川 勇三, 佐藤 明子, 鈴木 厚, 坂本 尚昭, 廣田 隆一, 北村 憲司, 川井 清司, 大村 尚
	プログラム 専門科目	数理計算理学概論	1	2	栗津 暁紀
		生命理学概論	1	2	安田 恭大, 松尾 宗征, 坂本 敦, 津田 雅貴, 落合 博, 島田 裕士, 杉 拓磨, 津田 雅貴, 中田 聡, TIWARI SANDHYA PREMNATH, 泉 俊輔, 片柳 克夫, 坂本 尚昭, 楯 真一, 佐久間 哲史, 落合 博, 山本 卓
		数理生命科学特別研究	1～2	4	楯 真一
選択必修科目	大学院 共通科目	Hiroshimaから世界平和を考える	1・2	1	友次 晋介, 小宮山 道夫, 中坪 孝之, 山根 達郎, 河合 幸一郎
		Japanese Experience of Social Development-Economy, Infrastructure, and Peace	1・2	1	馬場 卓也, 富永 美穂子, 清水 欽也, 田中 純子, 森山 美知子, 秋田 智之, MAHARJAN, KESHAV LALL, 関 恒樹
		Japanese Experience of Human Development-Culture, Education, and Health	1・2	1	馬場 卓也, 富永 美穂子, 清水 欽也, 田中 純子, 森山 美知子, 秋田 智之, MAHARJAN, KESHAV LALL, 関 恒樹
		SDGsへの学問的アプローチ A	1・2	1	永田 良太, 島津 準子, 谷口 京子, 森山 美知子, 杉山 文, 小櫃 剛人, RAHMAN MD MOSHIUR, 馬場 卓也
		SDGsへの学問的アプローチ B	1・2	1	片柳 真理, 長命 洋佑, 河合 研至, 日比野 忠史, 小池 一彦, 李 漢洙
		ダイバーシティの理解	1・2	1	北梶 陽子, 大池 真知子, 櫻井 里穂, 坂田 桐子
		SDGsへの実践的アプローチ	1・2	1	永田 忠道, 鈴木 由美子, 木下 博義
		原爆文学・芸術を通して「平和」を考える-被爆者の経験記をもとに-	1・2	1	STYCZEK URSZULA MARIA
		データリテラシー	1・2	1	伊森 晋平, 門田 麗, NUNESTENDEIRO JORGE, 滑川 裕介
		医療情報リテラシー	1・2	1	田中 純子, 吉永 信治, 阿部 伸一, 三原 直樹, 三木 大樹, 久保 達彦, 秋田 智之, 楢井 孝夫
	キャリア 開発・データ リテラシー科目	人文社会系キャリアマネジメント	1・2	2	森田 佐知子
		理工系キャリアマネジメント	1・2	2	原田 淳
		ストレスマネジメント	1・2	2	原田 淳
		MOT入門	1・2	1	伊藤 孝夫
		情報セキュリティ	1・2	1	西村 浩二, 岩沢 和男, 村上 祐子, 渡邊 英伸
		アントレプレナーシップ概論	1・2	1	濱本 亜実
		情報科学概論Ⅰ	1・2	1	岡村 寛之
		情報科学概論Ⅱ	1・2	1	岡村 寛之
		理系基礎研究者養成概論	1・2	1	木村 俊一, 山崎 勝義, 山口 頼人, 小島居 祐香, 黒田 健太, 岡本 和子, 豊倉 浩一, 中島 寛, 井上 徹
		生命科学社会実装論	1	2	島田 昌之, 菊池 裕, 三本木 至宏, 岡村 好子, 細野 賢治, 石原 康宏, ヴィレヌーヴ 真澄美, 山本 卓
	研究科目 共通科目	科学技術英語表現法	2	2	久米 一規, 安田 恭大, 根平 達夫, LIAO LAWRENCE MANZANO, 植木 龍也
		コミュニケーション能力開発	1	2	久米 一規, 井上 紀文, 黒田 章夫, 魚谷 滋己, 櫻井 正治
		海外学術活動演習	1・2	2	飯間 信
		プログラム共同セミナーA	1・2	2	飯間 信
		数理計算理学特別演習A	1	2	藤井 雅史
	プログラム 専門科目	数理計算理学特別演習B	1	2	藤井 雅史
		生命理学特別演習A	1	2	楯 真一
		生命理学特別演習B	1	2	楯 真一
		数理モデリングA	1・2	2	斉藤 稔
		数理モデリングB	1・2	2	栗津 暁紀
		数理モデリングC	1・2	2	開講なし
		数理モデリングD	1・2	2	開講なし
		計算数理科学A	1・2	2	本田 直樹
		計算数理科学B	1・2	2	藤井 雅史
		数理生物学	1・2	2	藤本 仰一
		応用数理学A	1・2	2	大西 勇
		応用数理学B	1・2	2	飯間 信
		大規模計算・データ科学	1・2	2	栗津 暁紀
		分子遺伝学	1・2	2	開講なし
		分子形質発現学	1・2	2	坂本 敦, 島田 裕士
		遺伝子化学	1・2	2	開講なし
		分子生物物理学	1・2	2	開講なし
		プロテオミクス	1・2	2	片柳 克夫, 大前 英司
		プロテオミクス実験法・同実習	1・2	2	泉 俊輔, 片柳 克夫
		生物化学A	1・2	2	泉 俊輔
		生物化学B	1・2	2	開講なし
		自己組織化学A	1・2	2	中田 聡, 藤原 好恒
		自己組織化学B	1・2	2	開講なし
		数理生命科学特別講義A	1・2	1（注）	田口 善弘, 本田 直樹
		数理生命科学特別講義B	1・2	1（注）	小林 徹也, 斉藤 稔
		数理生命科学特別講義C	1・2	1（注）	村上 一馬, 泉 俊輔
		数理生命科学特別講義D	1・2	1（注）	木村 康之, 中田 聡
	自由科目	数理計算理学特論A	1・2	2	栗津 暁紀, 藤井 雅史
		数理計算理学特論B	1・2	2	栗津 暁紀, 藤井 雅史
		数理計算理学特論C	1・2	2	開講なし
		数理計算理学特論D	1・2	2	開講なし
		生命理学特論A	1・2	2	楯 真一, 安田 恭大, 大前 英司, 片柳 克夫
		生命理学特論B	1・2	2	楯 真一, 安田 恭大, 大前 英司, 片柳 克夫
		生命理学特論C	1・2	2	開講なし
		生命理学特論D	1・2	2	開講なし

※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年次で履修, 1・2：履修年次を問わない。

※国費外国人留学生の優先配置を行う特別プログラムの対象者は, 別途履修表を参照すること。

（注）数理生命科学特別講義A～Dは, 同じ科目の単位を修得しても, 講義内容が異なる場合には修了要件単位として認める。

・令和5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	授業キーワード
必修科目	研究科目		統合生命科学特別講義	ライフサイエンス
	共通科目		生命科学研究法	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・細胞の生物物理学の考察、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
			数理生命科学特別研究	分子生物物理学に関する課題研究
選択必修科目	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	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	
			Japanese Experience of Human Development-Culture, Education, and Health	
			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	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	SDGs、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への実践的アプローチ	SDG s、学校におけるSDG s 教育、ユネスコスクール	
		原爆文学、芸術を通して「平和」を考える-被爆者の経験記をもとに-	原爆文学、芸術、被爆者、平和構築	
		キャリア開発・データリテラシー科目	データリテラシー	統計的推論、機械学習、R
			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
			人文社会系キャリアマネジメント	SDG_08、SDG_17、キャリアマネジメント、キャリア理論、社会人基礎力
			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
			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
			MOT入門	効率、費用便益分析、在庫管理、リーダーシップ、起業
	情報セキュリティ		セキュリティ基礎、セキュリティ技術、セキュリティ対策、セキュリティ管理	
	アントレプレナーシップ概論		リーダーシップ、キャリア、アントレプレナーシップ、自己認識、自己効力	
	研究科目	共通科目	情報科学概論Ⅰ	データ表現、コンピュータアーキテクチャ、オペレーティングシステム、プログラミング言語、アルゴリズムとデータ構造、データベース、ネットワーク、セキュリティ
			情報科学概論Ⅱ	ソフトウェア開発プロセス、モデリング言語、ソフトウェア設計、ソフトウェアテスト
			理系基礎研究者養成概論	
			生命科学社会実装論	生命科学、社会実装、技術移転、起業
		プログラム専門科目	科学技術英語表現法	研究発表、スライド作成、ポスター作成、英語プレゼンテーション
			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	
			プログラム共同セミナー A	生物工学、食品生命科学、生物資源科学、生命環境総合科学、基礎生物学、数理生命科学、生命医科学
			数理計算理学特別演習 A	
			数理計算理学特別演習 B	
			生命理学特別演習 A	生体高分子構造、機能、動的構造特性
			生命理学特別演習 B	分子生物物理学に関する課題研究
			数理モデリング A	非線形・非平衡系、数理モデリング
			数理モデリング B	理論生命科学
			数理モデリング C	
			数理モデリング D	
			計算数理科学 A	
			計算数理科学 B	生命現象の数理モデリング、微分方程式、確率過程
			数理生物学	細胞レベルの生命現象、数理モデリング基礎、微分方程式、確率分布、拡散
	応用数理学 A	純粋数理科学（広い意味での数学の一分野）、動的数理モデリング、微分方程式、モデル化された事物の性質の解析、説明。		
	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	光合成、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		
	遺伝子化学			
	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				
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	バイオインフォマティクス・テンソル分解			
数理生命科学特別講義 B				
数理生命科学特別講義 C	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 D	コロイド、高分子、液晶、ソフトマター、アクティブマター			
自由科目		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		
		生命理学特論 A	生体高分子構造、機能、動的構造特性	
		生命理学特論 B	生体高分子構造、機能、動的構造特性	
生命理学特論 C				
生命理学特論 D				

※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年次で履修， 1・2：履修年次を問わない。

※国費外国人留学生の優先配置を行う特別プログラムの対象者は、別途履修表を参照すること。

（注）数理生命科学特別講義A～Dは、同じ科目の単位を修得しても、講義内容が異なる場合には修了要件単位として認める。

・令和5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	楯 真一, 藤井 雅史, 大西 勇, 片柳 克夫, 泉俊輔, 坂本 敦, 山本 卓, 坂本 尚昭, 佐久間 哲史, 中田 聡, 島田 裕士, 飯間 信, 栗津 暁紀, 本田 直樹, 坊農 秀雅
	選択必修科目	持続可能な発展科目	スペシャリスト型SDGsアイディアメイニング学生セミナー	1・2・3	1	吉田 香奈,岡 広子,服部 稔,null , 小池 一彦, 小原 静夏, 柳本 大地, 岩本 洋子, 若林 香織
SDGsの観点から見た地域開発セミナー			1・2・3	1	細野 賢治,戴 容秦思,長命 洋佑	
普遍的平和を目指して			1・2・3	1	友次 晋介	
原爆文学、戦争文学と平和-被爆者と強制収容所囚人の経験記をもとに-			1・2・3	1	STYCZEK URSZULA MARIA	
キャリア開発・データリテラシー科目		データサイエンス	1・2・3	2	小田 凌也, 滑川 裕介	
		パターン認識と機械学習	1・2・3	2	柳原 宏和	
		データサイエンティスト養成	1・2・3	1	塩崎 潤一,三須 敏幸	
		医療情報リテラシー活用	1・2・3	1	田中 純子,吉永 信治,阿部 伸一,三原 直樹,三木 大樹,久保 達彦,秋田 智之,檜井 孝夫	
		リーダーシップ手法	1・2・3	1	三須 敏幸	
		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 敏幸,吉野 宏志	
		イノベーション演習	1・2・3	2	ZOLLET SIMONA	
		長期インターンシップ	1・2・3	2	三須 敏幸,吉野 宏志	
		事業創造概論	1・2・3	1	濱本 亜実	
研究共通科目		生命科学研究計画法	1	2	佐藤 明子,坊農 秀雅,生谷 尚士,嶋村 正樹,田島 誉久,加藤 亜記,新居 隆浩,栗田 朋和	
		海外学術研究	1・2・3	2	飯間 信	
		生命科学キャリアデザイン開発	1	2	西堀 正英,佐藤 明子,濱生 こずえ,和崎 淳,河本 正次,坂本 敦	
		生物・生命系長期インターンシップ	1・2・3	2	飯間 信	
		プログラム共同セミナーB	1・2・3	2	飯間 信	
プログラム専門科目		数理生命科学特別講義E	1・2・3	1	田口 善弘,本田 直樹	
		数理生命科学特別講義F	1・2・3	1	小林 徹也,斉藤 稔	
	数理生命科学特別講義G	1・2・3	1	村上 一馬,泉 俊輔		
	数理生命科学特別講義H	1・2・3	1	木村 康之,中田 聡		

※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
 ※国費外国人留学生の優先配置を行う特別プログラムの対象者は, 別途履修表を参照すること

・令和5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アイディ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、アイディアマイニング、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
		原爆文学、戦争文学と平和-被爆者と強制収容所四人の経験記をもとに-	原爆投下、原爆文学、強制収容所、人類絶滅、難民、紛争
	大学院共通科目 キャリア開発・データリテラシー科目	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、統計学、R
		データサイエンティスト養成	PBL、データサイエンス、データ分析、マーケティング分析
		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
		リーダーシップ手法	リーダー、フォロワー、ビジョン、コミュニケーション、未来博士3分間コンペティション
		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
		事業創造概論	イノベーションマネジメント、価値創造、デザインシンキング、
	研究共通科目	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	生物工学、食品生命科学、生物資源科学、生命環境総合科学、基礎生物学、数理生命科学、生命医科学
	プログラム専門科目	数理生命科学特別講義E	バイオインフォマティクス・テンソル分解
		数理生命科学特別講義F	
		数理生命科学特別講義G	生化学
		数理生命科学特別講義H	コロイド、高分子、液晶、ソフトマター、アクティブマター

※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
 ※国費外国人留学生の優先配置を行う特別プログラムの対象者は、別途履修表を参照すること

・各研究グループの在籍学生数

令和5年度

研究グループ名	M1	M2	D1	D2	D3	D+
数理計算理学講座	11	4	3	1	3	0
非線形数理学	0	0	0	0	0	0
現象数理学	4	2	0	0	2	0
生命流体数理学	1	0	0	0	1	0
データ駆動生物学	4	3	3	2	0	0
計算生命数理学	2	0	0	0	0	0
生命理学講座	14	16	6	5	2	4
分子生物物理学	5	4	1	0	0	2
自己組織化学	2	2	1	2	0	1
生物化学	0	3	0	1	0	0
分子遺伝学	2	3	1	1	2	1
分子形質発現学	1	1	1	1	0	0
遺伝子化学	2	4	0	0	0	0
ゲノム情報科学	2	0	2	0	0	0
計	25	22	9	6	5	4

・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 5年度	27	1	4	7	4	2	1	19	6	2

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	23件
博士課程後期の学生が共同研究者の発表件数	11件
博士課程前期・後期の学生が共に共同発表した件数	0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	3件
博士課程前期・後期の学生が共に共同発表した件数	0件

1-3-5 修士論文発表実績

・令和5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5年度

中川 春風	エンハンサー/プロモーター間のDNA特性による転写活性化への影響	坂本 尚昭
久保寺 裕進	2種混合の組み合わせに依存したケミカルガーデンの成長	中田 聡
永友 大暉	CRISPR-Cas3を基盤とする遺伝子ノックイン技術の開発	佐久間 哲史
塩田 千空	Type V CRISPRシステムとDNAポリメラーゼの協働による変異パターン制御技術の開発	佐久間 哲史
吉貝 壮生	複数個の樟脳自己駆動体による緊急避難用モデル実験系の構築	中田 聡
齋藤 遥平	アルカリ金属制御によるMALDI法の機構解析	泉 俊輔
宇吹 俊一郎	転写の活性化、抑制およびDNA切断を同時制御するCRISPRa/cの開発と応用	佐久間 哲史
丸山 大河	遺伝子発現データ解析による筋萎縮性側索硬化症 (ALS) 患者に稀に起こる特殊な病態進行の原因推定	栗津 暁紀
西 健太郎	最適輸送を用いた生物種間データ変換	本田 直樹
美甘 涼	モンシロチョウ (<i>Pieris rapae</i>) のオスはサナギ期に非メバロン酸経路によりモノテルペノイドの生合成を行う	泉 俊輔
東野 伊織	Data-driven decoding of optimism-pessimism bias in risk-taking behavior (リスク選択行動における楽観・悲観バイアスのデータ駆動的解読)	本田 直樹
百井 沙由紀	カリックスアレーン誘導体によるストレス顆粒形成阻害機構の解明	楯 真一
若本 環希	Optimal therapy for multiple cancers with contrastive Notch networks (対照的なNotchネットワークを持つ複数の癌の最適な治療に向けて)	本田 直樹
三澤 祐太郎	バフンウニを用いた左右非相称性決定機構の解析	坂本 尚昭

岩坂 風紗	ケミカルバイオロジーによる光合成促進技術の開発	島田 裕士
磯 僚海	アミノ酸キラリティーの相違によるストレス顆粒形成阻害の変化	楯 真一
西川 想大	改変型CRISPR-Cas9システムに基づくゲノム編集結果の制御技術の開発	佐久間 哲史
村田 実優	相互作用因子架橋技術を用いた、ストレス顆粒消失を担う因子の同定及び解析	楯 真一
越智 駿輔	粘菌の放出する物質が植物に与える影響	泉 俊輔
眞鍋 桃花	シロイヌナズナ由来の子葉における葉緑体形成因子CYO1の結晶化	片柳 克夫

1-3-6 博士学位

授与年月日を〔 〕内に記す。

・令和5年度学位授与

古仲 裕貴〔令和5年9月20日〕(甲)

意思決定における報酬と好奇心との葛藤の行動データ駆動的解読

主査：本田 直樹 教授

副査：栗田 多喜夫 教授，眞溪 歩 教授，藤本 仰一 教授

橋本 愛美〔令和5年12月26日〕(乙)

タンパク質の構造と複合体形成および機能調節に関する研究

主査：楯 真一 教授

副査：泉 俊輔 教授，中田 聡 教授

劉 蘇〔令和6年3月1日〕(甲)

Studies on protein liquid-liquid phase separation and its functional roles

主査：楯 真一 教授

副査：泉 俊輔 教授，中田 聡 教授

松崎 周〔令和6年3月1日〕(乙)

大規模遺伝子領域を標的とした多重化 CRISPR-Cas9 を用いたマイクロホモロジー媒介遺伝子置換に関する研究

主査：山本 卓 教授

副査：坂本 敦 教授，坊農 秀雅 教授，坂本 尚昭 准教授

小本 哲史〔令和 6 年 3 月 23 日〕(甲)

ゲノム配列と核内構造動態の解析による多様な転写制御機構の解明

主査：栗津 暁紀 准教授

副査：山本 卓 教授，藤本 仰一 教授，本田 直樹 教授，坂本 尚昭 准教授

渡邊 開智〔令和 6 年 3 月 23 日〕(甲)

ウニ初期発生をモデルとした原腸形成機構および染色体構造制御機構の解析

主査：栗津 暁紀 准教授

副査：山本 卓 教授，藤本 仰一 教授，本田 直樹 教授，坂本 尚昭 准教授

藤田 雄介〔令和 6 年 3 月 23 日〕(甲)

Characterizing fluid dynamics of the structure of dragonfly wing in life environments

主査：飯間 信 准教授

副査：藤本 仰一 教授，中田 聡 教授

1-3-7 TAの実績

【1】ティーチング・アシスタント

令和5年度のTA

氏 名	所属研究グループ	学年
Song Yutong	分子形質発現学	D2
四元 まい	自己組織化学	D1
竹内 優太	分子形質発現学	D1
西 健太郎	データ駆動生物学	M2
東野 伊織	データ駆動生物学	M2
三澤 祐太朗	分子遺伝学	M2
塩田 千空	遺伝子化学	M2
西川 想大	遺伝子化学	M2
今村 隆輝※		M2
岩坂 風紗	分子形質発現学	M2
鎌迫 睦	データ駆動生物学	M1
福井 雅也	データ駆動生物学	M1
高村 征矢	計算生命数理学	M1
原岡 郁弥	現象数理学	M1
仲田 覇人	現象数理学	M1
竹本 大悟	現象数理学	M1
上久保 冬野	生命流体数理学	M1
井口 大雅	分子遺伝学	M1
濱田 優作	遺伝子化学	M1
成相 壮一郎※		M2
中根 有梨奈★		B4
栗山 恭一	分子形質発現学	M1

★理学部の学生

※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

数理生命科学プログラム・数理分子生命理学専攻では，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 プログラム・専攻の研究活動

1-4-1 研究活動の概要

- ・講演会・セミナー等の開催実績

令和5年度 … 2件

- ・数理生命科学プログラム主催の講演会・セミナー

該当無し

- ・学術団体等からの受賞実績

該当無し

- ・学生の受賞実績

小本哲士：Biophysics and Physicobiology 第10回 Editors' Choice Award

藤田雄介：令和5年度広島大学エクセレントスチューデントスカラシップ(成績優秀学生奨学制度)獲得

藤田雄介：広島大学学生表彰（学術研究活動）

宇吹俊一郎：日本ゲノム編集学会第8回大会 ポスター賞 学生（学部・修士課程）の部

宇吹俊一郎：Frontiers in Genome Engineering Conference 2023 Poster Award

大古真矢：日本動物細胞工学会(JAACT)2023 Outstanding Poster Presentation Award

- ・産学官連携実績

令和5年度 … 12件

- ・国際共同研究・国際会議開催実績

該当無し

- ・研究論文・招待講演・特許出願等の総数

数理生命科学プログラム・数理分子生命理学専攻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5年度
論文	64
著書	3
総説	8
国際会議	18
国内学会（招待・依頼・特別講演）	50
特許出願	9

・RAの実績

令和5年度のRA

大学院生氏名	SONG, Yutong	所属研究グループ名	分子形質発現学
学 年	D2	指導教員	坂本 敦
研究プロジェクト名	ストレスで活性化される新規なアブシシン酸生成機構とその植物生理学的意義		
研究の内容	植物の環境適応に必須なアブシシン酸を生成する脱配糖化経路が，ストレスに応答した小胞体動態の変化によって迅速に活性化される分子機構と，新規合成経路とは峻別されるその植物生理学的役割を解明する。		

大学院生氏名	竹内 優太	所属研究グループ名	分子形質発現学
学 年	D1	指導教員	坂本 敦
研究プロジェクト名	ホルモンシグナリングを標的としたプリン代謝系の多機能性の解明		
研究の内容	選択的スプライシングで生じた代謝酵素のバリエーションが，植物ホルモン・ブラシノステロイドのシグナル伝達に機能するというプリン代謝系の多機能性を証明し，植物代謝系に秘められた巧妙な生存戦略を明らかにする。		

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

非線形生命数理学研究グループ

構成員：大西 勇（准教授）

○研究活動の概要

研究内容：私の専門は，制御システムとしての生命現象（例；シアノバクテリアの期日周期）をヒントに行う一つの応用数理科学としての非線形生命数理学である。

特に，制御工学と数理科学の交差点で，制御の理論を深める研究とそれと同様に，精緻な生命現象のメカニズムをヒントにして，実際の工学的な問題に意味のある応用を行う実践家としての研究を行うことです。生命現象を司る制御システムは，様々な理論と実践的応用へのヒントの宝庫です。そして，できた理論は，その機能と構造を抽象化したものであり，応用対象は，生物・生命現象でなくてもかまわない！さらに今後は，これまでの研究をベースに，産学協同を視野に入れた具体的な制御の問題（特に，工学的な制御問題）に取り組みたいです。具体的な工学研究をヘルプしながら，応用数理的研究を行いつつ，その数理理論的基礎付けをも行うことが理想である。私どもの研究室では，

“制御するには，まずは，きちんと理解し，それをなるべく精密に特徴付けること”

がスローガンである。

キーワード（日本語）：

数理科学的な決定論的非線形制御理論
非線形性の探求
非線形生命数理学

○発表論文

・原著論文

該当無し

・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

該当無し

現象数理学研究グループ

構成員：栗津暁紀（准教授）、藤井雅史（助教）

○研究活動の概要

(1) ゲノム・エピゲノム・遺伝子制御・細胞ネットワークの動態解析に基づく基礎生物学・基礎獣医学（栗津）

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変化や、分子間の相互作用による生化学反応に支えられており、それによって生じた個性的な細胞同士のやりとりが多細胞生物の活動を支えている。このような多数の階層に渡る分子細胞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、ウニ胚を用いて実験系研究者と連携しつつ考察している。またそのような分子間の相互作用によって現れる、液滴様核内構造体の形成・変形動態の持つ機能性とその機序を実験研究者と連携し、理論的に提案している。さらにイエネコの遺伝子発現動態に基づく疾患リスク、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、脳神経ネットワーク形成について、実験に基づく理論的考察を進めている。

(2) 生化学反応における分子の挙動と機能性の連関に関する研究（藤井）

細胞内には多くの分子が運動し、それらの相互作用によってもたらされる生化学反応を行うことで、生命システムを維持している。中でもタンパク質については、これまでの膨大な分子構造解析研究の蓄積はもとより、さらに昨今のAI技術の活用による構造推定によって、多くのタンパク質の構造が明らかになってきた。これらの分子の機能性を考えるには、分子内構造変化や分子間相互作用などの分子構造のダイナミクスの解析が必要不可欠である。このようなダイナミクスの解析において、従来では第一原理計算に基づいた大規模な分子動態シミュレーションが主流ではあったが、近年では構造の粗視化による計算の簡略化によってより長時間のシミュレーションを目指す動きもある。しかし、構造の粗視化方法は研究によって様々であり、分子内相互作用の表現が跋扈しているのが現状である。また、それらの研究によって予測される分子のダイナミクスが、必ずしも実験事実を反映していないことも多い。そこで我々は、既に大量に蓄積されてきた構造データベースに記載されている構造座標および動態データに基づいた分子動態モデル推定のフレームワークの構築を進めており、あらゆる分子における観測データと矛盾がない動態モデル手法の提供を目指して研究を行っている。さらに観測データに矛盾のない範囲で可能な限り分子を粗視化することで、分子間相互作用を取り入れた生化学反応の動態モデルの構築も進めている。また、**Chemical garden**と呼ばれるアルカリ性溶液における金属の自己組織的な構造形成現象について、プログラム内自己組織化学研究室との共同研究を行い、数理的な観点から構造形成のメカニズムの解明に取り組んでいる。

○発表論文

・原著論文

- ◎1. Y. Kubodera, Y. Xu, Y. Yamaguchi, M. Matsuo, M. Fujii, M. Kageyama, O. Steinbock, S. Nakata, “Characteristic growth of chemical gardens from mixtures of two salts”, *Physical Chemistry Chemical Physics*. 25, 12974 (2023) 査読あり
- 2. S. Wakao, N. Saitoh, A. Awazu, “Mathematical model of structural changes in nuclear speckle”, *Biophysics and Physicobiology* 20, e200020 (2023) 査読あり
- ◎3. K. Watanabe, M. Fujita, K. Okamoto, H. Yoshioka, M. Moriwaki, H. Tagashira, A. Awazu, T. Yamamoto, N. Sakamoto, “The crucial role of CTCF in mitotic progression during early development of sea urchin”, *Development, Growth & Differentiation* 65, 395-407 (2023).
- ◎4. A. Awazu, D. Takemoto, K. Watanabe, N. Sakamoto, “Possibilities of skin coat color-dependent risks and risk factors of squamous cell carcinoma and deafness of domestic cats inferred via RNA-seq data” *Genes to Cells* 28, 893-905 (2023)
- ◎5. N. Sakamoto, K. Watanabe, A. Awazu, T. Yamamoto, “CRISPR-Cas9-Mediated Gene Knockout in a Non-Model Sea Urchin, *Haliocidaris crassispina*”, *Zoological Science* 41, 159-166 (2023)

・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. H. Yamashita, A. Tsuji, F. Hayashi, K. Morigaki, M. Fujii, A. Awazu, M. Abe, “Single molecular diffusion process of G protein transducin on rhodopsin dimer rows”, The 61st Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, 2023.11.14-16, Nagoya Congress Center
- ◎2. T. Komoto, N. Sakamoto, A. Awazu, “Elucidation of sexual budding and its maturation cycle in sea urchins using genomic and transcriptomic analysis”, 56th annual meeting of the Japanese Society of Developmental Biologists, 2023.7.22-25, Sendai International Center
- ◎3. K. Watanabe, M. Fujita, K. Okamoto, H. Yoshida, M. Moriwaki, H. Tagashira, K. Akasaka, A. Awazu, T. Yamamoto, N. Sakamoto, “CTCF is essential for mitotic progression and reorganization of interphase nucleus during early development of sea urchin”, 56th annual meeting of the Japanese Society of Developmental Biologists, 2023.7.22-25, Sendai International Center
- 4. H. Nakata, A. Awazu, “Analysis of the effects of communication on individual development using a mathematical model of brain-like networks”, 56th annual meeting of the Japanese Society of Developmental Biologists, 2023.7.22-25, Sendai International Center
- 5. K. Honda, A. Awazu, “Diversity in gene expression status and disease progression in patients with late-onset Alzheimer's disease”, 56th annual meeting of the Japanese Society of Developmental Biologists,

2023.7.22-25, Sendai International Center

6. H. Nakata, A. Awazu, “A model of communication between individual organisms using dynamic-plastic coupled dynamical systems”, The 61st Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, 2023.11.14-16, Nagoya Congress Center

・国内学会

招待講演

該当無し

一般講演

- ◎1. 久保寺裕進, 松尾宗征, 藤井雅史, Oliver Steinbock, 中田 聡, ケミカルガーデンにおける流速と溶解度積の効果. 日本化学会第104春季年会, 2024年3月18日-21日, 日本大学
- 2. 藤井雅史, 粗視化シミュレーションによる分子動態と生化学反応+ α . 定量生物学の会 第11回年会, 2024年1月6日-7日, 東京大学
- ◎3. 小本哲史, 坂本尚昭, 栗津暁紀, バフンウニ性決定機構解明に向けたドラフトゲノム配列の再構築. 日本動物学会 第94回山形大会, 2023年9月7日-9日, 山形大学
- 4. 竹本大悟, 栗津暁紀, 白い被毛を持つイエネコに内在するWhite gene の機能推定. 日本動物学会 第94回山形大会, 2023年9月7日-9日, 山形大学
- ◎5. 渡邊開智, 藤田 恵, 岡本和子, 吉岡 一, 森脇三貴, 田頭英樹, 赤坂甲治, 栗津暁紀, 山本 卓, 坂本尚昭, ウニ初期発生におけるCTCFの発現と機能の解析. 日本動物学会 第94回山形大会, 2023年9月7日-9日, 山形大学
- 6. 原岡郁弥, 栗津暁紀, ヒト染色体の細胞種普遍的・特異的な3次元構造を制御するゲノム領域の特徴. 日本遺伝学会 第95回大会, 2023年9月6日-8日, くまもと県民交流館パレア 9F・10F
- 7. 本田晃誠, 栗津暁紀, 遅発性アルツハイマー病の状態・進行の多様性とその関連遺伝子群の解析. 日本遺伝学会 第95回大会, 2023年9月6日-8日, くまもと県民交流館パレア 9F・10F
- ◎8. 渡邊開智, 竹本大悟, 坂本尚昭, 栗津暁紀, 培養細胞を用いた白いネコ特有のゲノムと疾患の解析. 第46回日本分子生物学会, 2023年12月6日-8日, 神戸ポートアイランド
- 9. 本田晃誠, 栗津暁紀, 遅発性アルツハイマー病の状態・進行の多様性とその関連遺伝子群の解析. 第46回日本分子生物学会, 2023年12月6日-8日, 神戸ポートアイランド
- ◎10. 竹本大悟, 三澤祐太郎, 渡邊開智, 坂本尚昭, 栗津暁紀, ウニFLVCR遺伝子機能解析とFLVCR遺伝子ノックアウト胚の表現型観察. 第46回日本分子生物学会, 2023年12月6日-8日, 神戸ポートアイランド
- ◎11. 小本哲史, 坂本尚昭, 栗津暁紀, バフンウニ性決定機構解明に向けたドラフトゲノム配列の再構築. 第46回日本分子生物学会, 2023年12月6日-8日, 神戸ポートアイランド
- 12. 原岡郁弥, 栗津暁紀, ヒト染色体の細胞種普遍的・特異的な3次元構造を制御するゲノム領域の特徴, 第46回日本分子生物学会, 2023年12月6日-8日, 神戸国際会議場, 神戸国際展示場, 神戸ポートピアホテル

生命流体数理研究グループ

構成員：飯間 信（教授），山下博士（特任助教）

○研究活動の概要

生物とは「物質とその環境が交錯しながら、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、特に生物の運動と生物流体现象に

着目して研究を行っている。例えば、昆虫や魚といった生物は空気や水といった環境下で自由自在に運動する。しかし空気や水といった流体環境は生物にとって典型的な環境であるにも関わらず非線形性が強く予測が難しい。生物は、こうした流体環境の中でも採餌や敵からの離脱など複雑なタスクを実現している。我々は、生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、流体力学と数理解析の観点からその原理を理解し活用したいと考えている。そのために、生物運動とそれを取りまく流体の相互作用に重点を置いた研究を、生物学・物理学・機械工学などの研究者と協同で行っている。本研究グループ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。本年度は、微生物の走光性に関する研究を行った。ミドリムシの集団運動がなす局在対流の制御を走光性の知見に基づいてデザインすることに成功した。トンボ翼に代表される非流線型物体周りの流れに関しては、揚力増大に関わる渦運動の詳細を定量的に比較することに成功した。

以下の研究集会を開催した。

1. 飯間 信, 鈴木 康祐: 生物流体力学における境界の役割, 京都, 2023.10.25-10.27
2. 飯間 信: 走性行動方程式研究会 in 広島, 東広島, 2023.12.20-12.22

○発表論文

・原著論文

1. Yusuke Fujita and Makoto Iima, Dynamic lift enhancement mechanism of dragonfly wing model by vortex-corrugation interaction. Phys. Rev. Fluids (2023)8, 123101
- ◎2. Hiroshi Yamashita, Touya Kamikubo, Kazuki Muku, Nobuhiko J.Suematsu, Shunsuke Izumi and Makoto Iima, Emergence of a Euglena bioconvection spot controlled by non-uniform light. Frontiers in Ecology and Evolution (2023)11, 1132956
- ◎3. Risa Fujita, Nami Takayama, Satoshi Nakata, Muneyuki Matsuo and Makoto Iima, Height-dependent oscillatory motion of a plastic cup with a camphor disk floated on water. Physical Chemistry Chemical Physics (2023)25, 14546

・著書

該当無し

・総説・解説

該当無し

・その他

1. 飯間 信, 株式会社サイエンス社「数理科学」Vol.61-7 (2023年7月号) p.70, 書評「微生物流体力学 生き物の動き・形・流れを探る」
2. 飯間 信, 日本流体力学会学会誌「ながれ」42巻 [連載] 私のながれの学び方 No.35 「ながれをどう学ぶか?」
3. 飯間 信, JPSJ Special Topics “Advances in the Physics of Biofluid Locomotion” Editor (JPSJ Vol.92, Issue 12 (2023))

○講演等

・国際会議

招待講演

1. Makoto Iima, Flow analysis and control of vortex shedding using phase reduction theory. Vortex Dynamics: the Crossroads of Mathematics, Physics and Applications(23w5111), Institute for Advanced Study in Mathematics, Hangzhou, China, (オンライン開催), 2023.12.8

一般講演

1. Yusuke Fujita and Makoto Iima, Relationship between vortex dynamics in lift enhancement mechanism of corrugated wing. 76th Annual Meeting of the Division of Fluid Dynamics, Walter E. Washington Convention Center, Washington DC, (ポスター発表), 2023.11.20
- ◎2. Hiroshi Yamashita, Touya Kamikubo, Nobuhiko J Suematsu, Makoto Iima, The detailed structure of the bioconvection spot: the cell-cluster radiation from single sinking region. 76th Annual Meeting of the Division of Fluid Dynamics, Walter E. Washington Convention Center, Washington DC, 2023.11.21

・国内学会

招待講演

1. 飯間 信, 「計画班紹介」, 第4回領域全体会議「ジオラマ環境で覚醒する原生知能を定式化する細胞行動力学」, 札幌, 2023年9月15日
2. 飯間 信, 「計画班発表」, 第5回領域全体会議「ジオラマ環境で覚醒する原生知能を定式化する細胞行動力学」, 仙台, 2024年3月22日
3. 山下博士, 「ミドリムシの走光性による生物対流」, 研究集会「走性行動方程式in広島」, 広島, 2023年12月20日
- ◎4. 上久保冬野, 飯間 信, 山下博士, 末松 J. 信彦, 「ミドリムシ走性モデル」, 研究集会「走性行動方程式in広島」, 広島, 2023年12月20日
5. 飯間 信, 「ホヤ精子走化性の数理モデル I」, 研究集会「走性行動方程式in広島」, 広島, 2023年12月21日
6. 飯間 信, 「ホヤ精子走化性の数理モデル II」, 研究集会「走性行動方程式in広島」, 広島, 2023年12月21日

一般講演

1. 上久保冬野, 「様々な光環境下でのミドリムシ遊泳モデルと実験による3D軌道解析」, 第4回 非線形・非平衡若手研究者のための大学間研究交流会, 広島+オンライン, 2023年8月1日
2. 松本 廉, 「ミドリムシの複数の光環境下における遊泳軌道の解析」, 第4回 非線形・非平衡若手研究者のための大学間研究交流会, 広島+オンライン, 2023年8月1日
3. 鈴木拓也, 「生物対流の理解に向けた熱対流の数理解析」, 第4回 非線形・非平衡若手研究者のための大学間研究交流会, 広島+オンライン, 2023年8月1日
- ◎4. 上久保冬野, 山下博士, 末松 J. 信彦, 飯間 信, 「ミドリムシ走光性の解析: 3次元軌道解析と数理モデル」, ジオラマ行動力学第4回領域全体会議, 札幌(ポスター発表), 2023年9月14日-15日
- ◎5. 山下博士, 上久保冬野, 末松 J. 信彦, 飯間 信, 「非等方な拡散を考慮した生物対流モデルの3次元数値解析」, ジオラマ行動力学第4回領域全体会議, 札幌(ポスター発表), 2023年9月14日-15日

6. 藤田雄介, 西森 拓, 飯間 信, 「流れの可視化実験による縮小バルハン模型後方の渦構造の遷移」, 日本物理学会第78回年次大会, 仙台(ポスター発表), 2023年9月17日
- ◎7. 上久保冬野, 飯間 信, 山下博士, 末松 J. 信彦, 「ミドリムシ遊泳の光環境応答モデル」, 日本流体力学会年会2023, 東京, 2023年9月21日
- ◎8. 飯間 信, 松本 廉, 上久保冬野, 山下博士, 末松 J. 信彦, 「ミドリムシの遊泳軌道の光環境応答特性」, 日本流体力学会年会2023, 東京, 2023年9月22日
- ◎9. 山下博士, 上久保冬野, 末松 J. 信彦, 飯間 信, 「光環境操作により発現したミドリムシ生物対流スポットのパラメータ依存性」, 日本流体力学会年会2023, 東京, 2023年9月22日
10. 藤田雄介, 飯間 信, 「水槽実験による凹凸翼模型周辺の流れ構造パターンの解析」, 日本流体力学会年会2023, 東京, 2023年9月22日
11. 藤田雄介, 飯間 信, 「データ解析を活用した凹凸翼周辺の流れパターン解析」, 研究集会「生物流体力学における境界の役割」, 京都, 2023年10月27日
- ◎12. 上久保冬野, 飯間 信, 山下博士, 末松 J. 信彦, 「単一眼点をもつミドリムシ遊泳数理モデルの光環境応答」, SSTB2024 -Spring School for Theoretical Biology 2024-, 広島(ポスター発表), 2024年2月20日
- ◎13. 鈴村拓也, 山下博士, 飯間 信, 「重力走性を持つ微生物が発生させる生物対流のスペクトル法によるシミュレーション」, SSTB2024 -Spring School for Theoretical Biology 2024-, 広島(ポスター発表), 2024年2月20日
- ◎14. 上久保冬野, 飯間 信, 山下博士, 末松 J. 信彦, 「光環境変化におけるミドリムシ遊泳の3D軌道解析実験と数理モデル」, 日本物理学会2024年春季大会, オンライン開催, 2024年3月18日
15. 飯間 信, 柴 小菊, 吉田 学, 稲葉一男, 「ホヤ精子走化性の数理モデル」, 日本物理学会2024年春季大会, オンライン開催, 2024年3月19日
- ◎16. 山下博士, 山口崇幸, 末松 J. 信彦, 飯間 信, 「負の走光性と影効果に基づくミドリムシ生物対流モデル」, 日本物理学会2024年春季大会, オンライン開催, 2024年3月19日
17. 藤田雄介, 飯間 信, 「トンボ翼周りの流体挙動における定量的解析」, 日本物理学会2024年春季大会, オンライン開催, 2024年3月19日
- ◎18. 山下博士, 鈴村拓也, 山口崇幸, 末松 J. 信彦, 飯間 信, 「影効果を考慮した生物対流モデル: 局在する対流セル」, ジオラマ行動力学第5回領域全体会議, 仙台(ポスター発表), 2024年3月22日
- ◎19. 鈴村拓也, 山下博士, 飯間 信, 「重力走性を持つ微生物が発生させる生物対流のスペクトル法によるシミュレーション」, ジオラマ行動力学第5回領域全体会議, 仙台(ポスター発表), 2024年3月22日

データ駆動生物学研究グループ

構成員: 本田直樹 (教授), 山田恭史 (助教), 矢田祐一郎 (特任助教), 太田亮作 (特任助教), 坂口峻太 (研究員), 堤 真人 (研究員)

○研究活動の概要

生物学は今まさに計測技術と数理の融合を必要としている。近年, 生体イメージングや次世代シーケンサを代表とする計測技術が発展し, 生体組織における分子活性や遺伝子発現量がハイスループットに計測され, 大量のデータが蓄積されている状況である。しかしながら, データから

現象の背後に潜む規則性を抽出し、メカニズムを理解するアプローチは、未だ確立されていない。従来の数理モデリング研究では、数理モデルを構築してコンピュータ上でシミュレーション等を行うことを主としており、原因（モデル、仮説）から結果を順方向に探るという意味において「順問題」と呼ばれる。それとは逆に、結果（データ）から遡って原因（モデル）を探ることを「逆問題」と呼ぶ。しかし、逆問題は答えが複数存在しうる不良設定であるため、従来の数理モデリングで扱うことには限界がある。そこで本研究グループでは、数理モデリングと機械学習を融合することで、様々な生命現象のデータから、背後のメカニズムを数理モデリングし、理解するアプローチを展開している。本研究グループの研究テーマを以下に示す。

1. scRNA-seqデータから空間トランスクリプトームを再構成する機械学習法の開発
2. 動物行動データから意思決定を解読する機械学習法の開発
3. 神経コネクトームデータから軸索配線ルールを解読する機械学習法の開発
4. 神経変性疾患の進行度をバイオマーカーデータから推定する機械学習法の開発
5. 免疫システムにおける有害/無害識別の数理モデリング
6. 異種間データをトランスレーションする機械学習法の開発
7. 多臓器-複数タイムポイントscRNA-seqデータから臓器連関を推定する機械学習法の開発
8. コウモリのエコーロケーションに学ぶ超音波ナビゲーションシステムの設計

以下の研究集会を開催した。

1. 本田直樹（世話人）：異分野融合セミナー8月（オンライン開催）, 2023.8.24
2. 本田直樹（企画・運営）：定量生物学の会 第十一回年会, 東京大学, 2024.1.6-7
3. 本田直樹（運営委員）：第8回理論免疫学ワークショップ, 岩手, 2024.2.12-14
4. 本田直樹（主催者）：第2回理論生物学スプリングスクール, 広島大学, 2024.2.20-22

○発表論文

・原著論文

1. Ju H., Honda N., Yoshimura S.H., Kaneko M., Shigematsu T., Kiyono K.*, Multidimensional fractal scaling analysis using higher order moving average polynomials and its fast algorithm. *Signal Processing*, 208, 108997 (2023)
2. Ishino S., Kamada T., Sarpong G., Kitano J., Tsukasa R., Mukohira H., Sun F., Li Y., Kobayashi K., Honda N., Oishi N., Ogawa M.*, Dopamine error signal to actively cope with lack of expected reward. *Science Advances*, 9 (10), eade5420 (2023)
- ◎3. Hatakeyama Y., Saito N., Mii Y., Shinozuka T., Takemoto T., Honda N., Takada S.*, Intercellular exchange of Wnt ligands reduces cell population heterogeneity in embryogenesis. *Nature Communications*, 14, 1924 (2023)
4. Konaka Y., Honda N.*, Decoding reward–curiosity conflict in decision-making from irrational behaviors. *Nature Computational Science* 3, 418–432 (2023)
5. Sakaguchi S., Okochi Y., Tanegashima C., Nishimura O., Uemura T., Kadota M., Honda N., Kondo T.*, Single-cell transcriptome atlas of *Drosophila* gastrula 2.0. *Cell Reports* 42, 112707 (2023)
- ◎6. Yada Y.*, Honda N.*, Few-shot prediction of amyloid β accumulation from mainly unpaired data on biomarker candidates. *npj Systems Biology and Applications* 9, 59 (2023)

7. Nakayama T., Tanikawa M., Okushi Y., Itoh T., Shimmura T., Maruyama M., Yamaguchi T., Matsumiya A., Shinomiya A., Guh Y.J., Chen J., Naruse K., Kudoh H., Kondo Y., Honda N., Aoki K., Nagano A.J., Yoshimura T.*, A transcriptional program underlying the circannual rhythms of gonadal development in medaka. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 120, 52 e2313514120 (2023)

• 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. Naoki Honda, Decoding mental conflict between reward and curiosity in decision-making. Consciousness Club Tokyo, オンライン, 2023.7.10

- ◎2. Naoki Honda, Yuichiro Yada, Hierarchical Bayesian model for predicting amyloid β accumulation from multiple biomarkers. The 8th cijk conference on mathematical and theoretical biology, Sono Belle Jeju Resort, Korea, 2023.6.28

一般講演

1. Kana Yoshido, Honda Naoki, Adaptive discrimination between harmful and harmless antigens in the immune system by predictive coding. RIKEN-Tsinghua International Summer Program (RISP) 2023, 理化学研究所横浜キャンパス, 2023.6.28, 口頭&ポスター

- ◎2. Masaya Fukui, Nen Saito, Honda Naoki, A numerical analysis of a cytoskeletal model for self-organization of actin assembly. Statistical Physics and Information-Processing in Living Systems, 東京大学駒場キャンパス, 2023.8.3-5, ポスター

3. Kana Yoshido, Honda Naoki, Adaptive immune discrimination of antigen risks by predictive coding. 10th International Congress on Industrial and Applied Mathematics (Minisymposium: Integration of modeling and data analysis on molecular, cellular, and population dynamics in the life sciences), 2023.8.22-23, 口頭&ポスター

4. Kana Yoshido, Honda Naoki, Adaptive discrimination between harmful and harmless antigens by predictive coding in immune system. Winter q-bio 2024, Four Seasons Oahu at Ko Olina, 2024.2.21, ポスター

• 国内学会

招待講演

1. 藤原真奈, 本田直樹, Predictive control of body states by reinforcement learning of homeostasis. 京都大学病院 脳病態生理学講座（精神医学）勉強会, 京都大学病院, 2023.6.9

- ◎2. 片岡優之介, 矢田祐一郎, 本田直樹, 最適輸送による臓器間ネットワークの幾何的解析. ムーンショット目標2高橋P数理AI班対面会議, 北海道大学札幌キャンパス, 2023.6.20, 口頭

3. 藤原真奈, 本田直樹, 身体状態を能動的に制御する恒常性の強化学習—“ストレス”の制御を

モデル化し、精神疾患の実態に迫る。明治大学先端数理科学インスティテュート 共同研究集会, オンライン, 2023.7.3

4. 本田直樹, 機械学習による「心の揺れ・葛藤」の解説 ～報酬をとるか好奇心に従うか～. 若手・中堅脳科学研究者のオンライン勉強会, オンライン, 2023.7.18
5. Kana Yoshido, Honda Naoki, Adaptive immune discrimination of antigen risks by predictive coding. 2023 International Congress on Industrial and Applied Mathematics, 早稲田大学, 2023.8.22
6. 吉戸香奈, 本田直樹, 免疫系における予測符号化に基づく適応的な抗原の有害/無害識別. 日本数理生物学会年会 企画シンポジウム「理論免疫学による免疫システムの統合的な理解～基礎から臨床まで～」, 奈良女子大学, 2023.9.4
7. 本田直樹, 機械学習による「心の揺れ・葛藤」の解説: 報酬をとるか好奇心をに従うか. 第53回日本神経精神薬理学会年会 シンポジウム「ひきこもりの意思決定の基礎・臨床・理論によるトランスレーショナルリサーチ」, 東京ドームホテル, 2023.9.8
8. 本田直樹, 神経回路形成・意思決定のデータ駆動生物学. 第8回サロン・ド・脳, 京都大学 吉田キャンパス, 2023.9.21
9. 本田直樹, データ駆動生物学 ～遺伝子から細胞、臓器、心まで～, 第8回OUバイオインフォマティクスセンターセミナー, 大阪大学吹田キャンパス, 2023.10.16
- ◎10. 矢田祐一郎, 片岡優之介, 本田直樹, 多臓器1細胞RNA-seqデータから臓器連関を推定する最適輸送理論. 第96回日本生化学会大会シンポジウム「次世代生化学展望: 多様性の中に潜む普遍則の解明」, 福岡国際会議場, 2023.11.1
11. 本田直樹, 機械学習による信頼行動とバイオマーカーとの関連性の解明. 日本生物学的精神医学会年会シンポジウム「ひきこもりを生物学的に理解する: 臨床・基礎・理論の融合」, 沖縄 万国津梁館, 2023.11.17
12. 本田直樹, Marrの3レベルと計算論的生命科学. 定量生物学の会 第十一回年会, 東京大学駒場キャンパス, 2024.1.6-7
13. 矢田祐一郎, 機械学習モデルを使った神経変性疾患研究. 第15回理研けいはんなセミナー, けいはんなプラザ, 2024.3.6
14. 堤 真人, 深層学習を用いた 生物形態の定量解析手法の開発. シリーズオンラインセミナー「AIが切り開く進化生物学の未来」 第1回「画像認識AIで挑む! 行動・形態形質定量化のレベルアップ」, オンライン, 2024.3.9

一般講演

- ◎1. 矢田祐一郎, 本田直樹, アミロイド β 蓄積量の定量的な予測のための階層ベイズモデル. ムーンショット目標 2×7 技術交流会, お茶の水ソラシティ, 2023.6.16, ポスター
2. 矢田祐一郎, アミロイド β 蓄積量を定量的に予測する階層ベイズモデル. 第5回日本メディカル AI 学会学術集会, コングレスクエア日本橋, 2023.6.17-18, ポスター
- ◎3. 太田亮作, 本田直樹, Prediction of the quantitative function of artificially-designed protein from structural information. ムーンショット目標 2 ワークショップ, 北海道大学札幌キャンパス, 2023.6.19, 口頭
- ◎4. 矢田祐一郎, 本田直樹, アルツハイマー病バイオマーカー探索のための機械学習モデル・ALS 進行速度推定モデル. ムーンショット目標 2 高橋P 数理 AI 班対面会議, 北海道大学, 2023.6.20, 口頭
5. 小池二元, 本田直樹, Development of data-driven analysis methods to elucidate the wiring mechanisms of brain neural circuits. 第46回日本神経科学大会, 仙台国際センター, 2023.8.1, ポ

スター

6. 横山 寛, 本田直樹, A data assimilation method for estimating dynamics of brain network in epileptic seizures using whole-brain calcium imaging. 第 46 回日本神経科学大会, 仙台国際センター, 2023.8.2, ポスター
7. 藤原真奈, 本田直樹, Feedforward homeostatic reinforcement learning for response in classical conditioning. 第 46 回日本神経科学大会, 仙台国際センター, 2023.8.3, ポスター
- ◎8. 矢田祐一郎, 本田直樹, Estimation of hidden progression speed in amyotrophic lateral sclerosis. 第 46 回日本神経科学大会, 仙台国際センター, 2023.8.4, 口頭
- ◎9. 太田亮作, 本田直樹, 立体構造に基づく人工機能性タンパク質の性能予測. 日本数理生物学会年会, 奈良女子大学, 2023.9.4, 口頭
10. 藤原真奈, 本田直樹, 古典的条件付けにおける応答を説明する予測的恒常性強化学習. 日本数理生物学会年会, 奈良女子大学, 2023.9.4, 口頭
11. 曹 子牧, ドードレンモニカ夏美, 松島敏夫, 加藤隆弘, 疋田貴俊, 本田直樹, 機械学習における信頼行動と生物学的マーカーとの隠れた関連性を解明する. 日本数理生物学会年会, 奈良女子大学, 2023.9.4, ポスター
- ◎12. 矢田祐一郎, 本田直樹, 連続時間隠れマルコフモデルによる個人差の大きい筋萎縮性側索硬化症進行のモデル化. 日本数理生物学会年会, 奈良女子大学, 2023.9.4, 口頭
13. 鎌迫 睦, 山田恭史, コウモリの採餌飛行における超音波センシングの意思決定メカニズムについての数理解析. 日本数理生物学会年会, 2023.9.4, ポスター
- ◎14. 片岡優之介, 矢田祐一郎, 本田直樹, 最適輸送による臓器間ネットワークの幾何的解析. 第 63 回生物物理若手の会夏の学校, 滋賀県高島市白浜荘, 2023.9.4-6, ポスター
15. 東野伊織, 横山 寛, 伊東 諒, 加藤利佳子, 雨森賢一, 本田直樹, リスク選択行動時における過去の経験と現在の観測の間の心理的葛藤. 第 33 回日本神経回路学会全国大会, 東京大学 弥生講堂, 2023.9.5, ポスター
16. 横山 寛, 本田直樹, ゼブラフィッシュ幼生の全脳カルシウムイメージングデータを用いた脳ネットワーク動態推定のためのデータ同化手法. 第 33 回日本神経回路学会全国大会, 東京大学 弥生講堂, 2023.9.6, 口頭
- ◎17. 西 健太郎, 矢田祐一郎, 片岡優之介, 本田直樹, 最適輸送を用いた種間データ変換. 2023 年日本バイオインフォマティクス学会年会第 12 回生命医薬情報学連合大会 (IIBMP2023), 柏の葉カンファレンスセンター, 2023.9.7-8, ポスター
- ◎18. 片岡優之介, 矢田祐一郎, 本田直樹, 最適輸送による臓器間ネットワークの幾何的解析. 2023 年日本バイオインフォマティクス学会年会第 12 回生命医薬情報学連合大会 (IIBMP2023), 柏の葉カンファレンスセンター, 2023.9.7-8, ポスター
- ◎19. 矢田祐一郎, 本田直樹, Modeling of heterogeneity of amyotrophic lateral sclerosis progress by continuous hidden Markov model. 第 12 回生命医薬情報学連合大会, 柏の葉カンファレンスセンター, 2023.9.7-9, ポスター
20. 小池二元, 本田直樹, 脳神経回路の配線規則を読み解くデータ駆動型解析. 第 63 回生物物理若手の会夏の学校, 滋賀県高島市白浜荘, 2023.9.4-7, ポスター
21. 曹 子牧, ドードレンモニカ夏美, 松島敏夫, 加藤隆弘, 疋田貴俊, 本田直樹, 機械学習における信頼行動と生物学的マーカーとの隠れた関連性を解明する. AMED 精神・神経疾患メカニズム解明プロジェクト第 2 回分科会, ビジョンセンター品川, 2023.9.27, ポスター
- ◎22. 太田亮作, 本田直樹, 人工機能性タンパク質開発の効率化に関する in silico 研究. 数理生命

- 科学プログラムシンポジウム, 広島大学東広島キャンパス, 2023.9.28, ポスター
23. 藤原真奈, 本田直樹, Feedforward Homeostatic Reinforcement Learning for Response in Classical Conditioning. 数理生命科学プログラム シンポジウム, 広島大学東広島キャンパス, 2023.9.28, ポスター
- ◎24. 矢田祐一郎, 本田直樹, Modeling of heterogeneity of amyotrophic lateral sclerosis progress by continuous hidden Markov model. 数理生命科学プログラム シンポジウム, 広島大学東広島キャンパス, 2023.9.28, ポスター
25. 吉戸香奈, 本田直樹, 免疫系における予測符号化に基づく適応的な応答強度の決定. 数理生命科学プログラムシンポジウム, 広島大学東広島キャンパス, 2023. 9.28, ポスター
26. 鎌迫 睦, 山田恭史, コウモリの採餌飛行における超音波センシングの意思決定メカニズムについての数理解析. 数理生命科学プログラムシンポジウム, 広島大学東広島キャンパス, 2023.9.28, ポスター
27. 山田恭史, コウモリから学ぶ超音波ナビゲーション-耳介動態を利用した 3 次元音源定位メカニズムについて. 数理生命科学プログラムシンポジウム, 広島大学東広島キャンパス, 2023.9.28, ポスター
- ◎28. 西 健太郎, 矢田祐一郎, 片岡優之介, 本田直樹, 最適輸送を用いた種間データ変換. 数理生命科学プログラムシンポジウム, 広島大学東広島キャンパス, 2023.9.28, ポスター
- ◎29. 川田龍輔, 太田亮作, 斎藤 稔, 本田直樹, ガウス過程回帰を用いた人工タンパク質の性能予測. 数理生命科学プログラムシンポジウム, 広島大学東広島キャンパス, 2023.9.28, ポスター
- ◎30. 片岡優之介, 矢田祐一郎, 本田直樹, 最適輸送による臓器間ネットワークの幾何的解析. 数理生命科学プログラムシンポジウム, 広島大学東広島キャンパス, 2023.9.28, ポスター
31. 曹 子牧, ドードレンモニカ夏美, 松島敏夫, 加藤隆弘, 疋田貴俊, 本田直樹, 機械学習における信頼行動と生物学的マーカーとの隠れた関連性を解明する. 数理生命科学プログラムシンポジウム, 広島大学東広島キャンパス, 2023.9.28, ポスター
- ◎32. 西 健太郎, 矢田祐一郎, 片岡優之介, 本田直樹, 最適輸送を用いた種間データ変換. 研究会「理論と実験」, 広島大学東広島キャンパス, 2023.10.5, ポスター
- ◎33. 矢田祐一郎, 本田直樹, 定量的にアミロイド β 蓄積量を予測する階層ベイズモデル. 研究会「理論と実験」, 広島大学東広島キャンパス, 2023.10.5, 口頭
34. 山田恭史, コウモリのエコーロケーションに学ぶ超音波ナビゲーション. 研究会「理論と実験」, 広島大学東広島キャンパス, 2023.10.5, 口頭
35. 藤原真奈, 本田直樹, 能動的な恒常性制御の強化学習モデル. 研究会「理論と実験」, 広島大学東広島キャンパス, 2023.10.6, 口頭
36. 堤 真人, 斎藤 稔, 小藪大輔, 古澤 力, 深層学習を用いた 生物形態の定量解析手法の開発. 研究会「理論と実験」, 広島大学東広島キャンパス, 2023.10.6, ポスター
- ◎37. 西 健太郎, 矢田祐一郎, 片岡優之介, 本田直樹, 最適輸送を用いた種間データ変換. 第 26 回情報論的学習理論ワークショップ (IBIS2023), 北九州国際会議場, 2023.10.30, ポスター
38. 東野伊織, 横山 寛, 伊東 諒, 加藤利佳子, 雨森賢一, 本田直樹, 自由エネルギー原理に基づいた楽観・悲観バイアスのデータ駆動的解説. 第 26 回情報論的学習理論ワークショップ (IBIS2023), 北九州国際会議場, 2023.10.30, ポスター
- ◎39. 片岡優之介, 矢田祐一郎, 本田直樹, 最適輸送による臓器間ネットワークの幾何的解析. 第 26 回情報論的学習理論ワークショップ (IBIS2023), 北九州国際会議場, 2023.10.31, ポスター

40. 東野伊織, 横山 寛, 伊東 諒, 加藤利佳子, 雨森賢一, 本田直樹, リスク選択行動における楽観・悲観のバイアスのデータから読み解く. 第 5 回共調的社会脳研究会, 箱根湯本ホテル, 2023.11.4, ポスター
- ◎41. 太田亮作, 本田直樹, Prediction of the quantitative function of artificially-designed protein from structural information. 日本生物物理学会第 61 回年会, 名古屋国際会議場, 2023.11.14-16, ポスター
42. 小池二元, 本田直樹, Data-driven analysis to decipher the wiring rules of brain neural circuits. 第 61 回日本生物物理学会年会, 名古屋国際会議場, 2023.11.15, ポスター
- ◎43. 福井雅也, 斎藤 稔, 本田直樹, Formation of lamellipodia-like and filopodia-like structures by self-organization of actin filaments. 第 61 回日本生物物理学会年会, 名古屋国際会議場, 2023.11.15, ポスター
44. 坂口峻太, 水野苑子, 大河内康史, 種子島千春, 西村 理, 門田満隆, 本田直樹, 近藤武史, 空間情報を付加したショウジョウバエ原腸胚の 1 細胞トランスクリプトームアトラス. 第 46 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2023.12.8, ポスター
45. 坂口峻太, 堤 真人, 月田和人, 安田 謙, 田口智之, 錦織隆成, 眞木崇州, 山門穂高, 高橋良輔, 本田直樹, 1 細胞トランスクリプトームにおけるバッチ効果とグループ特異的生物学的シグナルの分離. 定量生物学の会 第 11 回年会, 東京大学駒場キャンパス, 2024.1.6-7, ポスター
- ◎46. 矢田祐一郎, 本田直樹, 個人差の大きい筋萎縮性側索硬化症進行のモデリング. 定量生物学の会 第 11 回年会, 東京大学駒場キャンパス, 2024.1.6-7, ポスター
- ◎47. 片岡優之介, 矢田祐一郎, 本田直樹, 多臓器 1 細胞 RNA-seq データから臓器連関を推定する最適輸送理論. 定量生物学の会 第 11 回年会, 東京大学駒場キャンパス, 2024.1.6-7, ポスター
48. 小池二元, 本田直樹, 脳神経回路の配線規則を読み解くデータ駆動型解析. 定量生物学の会 第 11 回年会, 東京大学駒場キャンパス, 2024.1.6-7, ポスター
49. 堤 真人, 東野伊織, 福井雅也, 本田直樹, 自由エネルギー原理を用いた脳内反芻思考の数理モデル. 定量生物学の会 第 11 回年会, 東京大学駒場キャンパス, 2024.1.6-7, ポスター
- ◎50. 福井雅也, 斎藤 稔, 本田直樹, 糸状仮足と葉状仮足を統一的に理解するための数理モデル. 定量生物学の会 第 11 回年会, 東京大学駒場キャンパス, 2024.1.6-7, ポスター
51. 東野伊織, 横山 寛, 伊東 諒, 加藤利佳子, 雨森賢一, 本田直樹, リスク選択行動における認識の歪みとしての楽観・悲観バイアスのデータ駆動的解釈. 定量生物の会 第 11 回年会, 東京大学駒場キャンパス, 2024.1.6-7, ポスター
52. 小池二元, 本田直樹, 脳神経回路の配線規則を読み解くデータ駆動型解析. 第 6 回 ExCELLS シンポジウム, 岡崎カンファレンスセンター, 2024.1.22, ポスター
- ◎53. 川田龍輔, 太田亮作, 斎藤 稔, 本田直樹, データ駆動型アプローチによる人工タンパク質の探索戦略: ベイズ最適化の視点から. 第 8 回理論免疫学ワークショップ, いわて県民情報交流センター, 2024.2.13, 口頭
54. 坂口峻太, 空間情報を付加したショウジョウバエ原腸胚の 1 細胞トランスクリプトームアトラス. 第 8 回理論免疫学ワークショップ, いわて県民情報交流センター, 2024.2.14, 口頭
55. 矢田祐一郎, 速度とパターンによる筋萎縮性側索硬化症の層別化手法. 第 8 回理論免疫学ワークショップ, いわて県民情報交流センター, 2024.2.14, 口頭
56. 堤 真人, 深層学習を用いた生物形態の定量解析手法の開発. 第 8 回理論免疫学ワークショップ, いわて県民情報交流センター, 2024.2.12-14, 口頭
57. 坂口峻太, 水野苑子, 大河内康史, 種子島千春, 西村 理, 門田満隆, 本田直樹, 近藤武史,

- 空間情報を付加したショウジョウバエ原腸胚の 1 細胞トランスクリプトームアトラス. 理論生物学スプリングスクール 2024, 広島大学東広島キャンパス, 2024.2.20-22, ポスター
- ◎58. 矢田祐一郎, 本田直樹, 疾患進行のパターンと速度による層別化. 理論生物学スプリングスクール 2024, 広島大学東広島キャンパス, 2024.2.20-22, ポスター
59. 東野伊織, 横山 寛, 伊東 諒, 加藤利佳子, 雨森賢一, 本田直樹, リスク選択行動における認識の歪みとしての楽観・悲観バイアスのデータ駆動的解説. 理論生物学スプリングスクール 2024, 広島大学東広島キャンパス, 2024.2.20-22, ポスター
- ◎60. 片岡優之介, 矢田祐一郎, 本田直樹, 多臓器 1 細胞 RNA-seq データから臓器連関を推定する最適輸送理論. 理論生物学スプリングスクール 2024, 広島大学東広島キャンパス, 2024.2.20-22
61. 藤原真奈, 本田直樹, 能動的な恒常性制御の強化学習モデル. 理論生物学スプリングスクール 2024, 広島大学東広島キャンパス, 2024.2.20-22, ポスター
- ◎62. 川田龍輔, 太田亮作, 斎藤 稔, 本田直樹, データ駆動型アプローチによる人工タンパク質の探索戦略: ベイズ最適化の視点から. 理論生物学スプリングスクール 2024, 広島大学東広島キャンパス, 2024.2.20-22, ポスター
- ◎63. 中尾敬太, 矢田祐一郎, 本田直樹, 自然言語処理技術を用いた臨床診断時系列の数値表現法の開発. 理論生物学スプリングスクール 2024, 広島大学東広島キャンパス, 2024.2.20-22, ポスター
- ◎64. 矢田祐一郎, 片岡優之介, 本田直樹, ワッサースタイン距離に基づくシングルセルデータからの臓器連関解析. ムーンショット目標 2 技術交流会, 日本科学未来館, 2024.3.23, ポスター
65. 堤 真人, 東野伊織, 福井雅也, 本田直樹, 数理モデルを用いた社会的敗北ストレス下でのマウス行動の定量化. CPSY TOKYO 2024, 国立精神・神経医療研究センター, 2024.3.28-29, ポスター
66. 東野伊織, 横山 寛, 伊東 諒, 加藤利佳子, 雨森賢一, 本田直樹, データ駆動的アプローチによってリスク選択行動における楽観・悲観バイアスを読み解く. CPSY TOKYO 2024, 国立精神・神経医療研究センター・教育研修棟, 2024.3.28-29, ポスター

生命流体数理研究グループ

構成員: 藤本仰一 (教授), 松下勝義 (特任准教授)

○研究活動の概要

本研究グループでは、数理モデリングと実験データ数理解析を連携して、生命や社会現象を駆動する数理を探究している。主な対象は、細胞-多細胞-器官-個体-社会の多階層にわたる動物や植物の動的な振舞い(形づくり, 動き, 遺伝子発現)とその多様性である。生物学・農学・物理学などの研究者と協働して、現象の背後で働く階層間の相互作用や遺伝子のネットワーク等を介した複雑な因果を明らかにすることを通じて、複雑なシステムを理解し予測することをめざしている。

以下の研究集会を開催した。

1. 藤本仰一 (オーガナイザー): 第2回理論生物学スプリングスクール, 広島大学, 2024.2.20-22

○発表論文

・原著論文

1. Kazuya Horibe, Gentaro Taga, Koichi Fujimoto, Geodesic theory of long association fibers arrangement in the human fetal cortex. *Cerebral Cortex* (2023) 33(17): 9778–9786,
2. Alice Tsuboi, Koichi Fujimoto, Takefumi Kondo, Spatiotemporal remodeling of extracellular matrix orients epithelial sheet folding. *Science Advances* (2023). 9: eadh2154
3. Safiye E. Sarper, Miho S. Kitazawa, Tamami Nakanishi, Koichi Fujimoto, Size-correlated polymorphisms in phyllotaxis-like periodic and symmetric tentacle arrangements in hydrozoan *Coryne uchidai*. *Frontiers in Cell and Developmental Biology* (2023) 11: 10.3389/fcell.2023.1284904
4. Maki Sudo, Koichi Fujimoto, Diffusive mediator feedbacks control the health-to-disease transition of skin inflammation. *PLOS Comp. Biol.* (2024) 20(1): e1011693

・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. Koichi Fujimoto, Kazuya Horibe, Motohiro Fujiwara, Taikou Arakaki, Growth constraints and potential functions of biological shapes. Invited seminar at Niels Bohr Institute, Copenhagen, Denmark., 2023年8月28日

一般講演

- ◎1. K. Matsushita, T. Arakaki, N. Kamamoto, M. Sudo, K. Fujimoto, Contact-Triggered Motion and Collective Cell Migration. Statphys28, University of Tokyo, 2023年8月7日

・国内学会

招待講演

1. Sarper S.E., Nakanishi T., Kitazawa M., Kuratani S., Fujimoto K., 刺胞動物の器官配置に現れる対称性の多型. 日本植物学会, 北海道大学, 2023年9月4日
2. Sarper S.E., Nakanishi T., Kitazawa M., Kuratani S., Fujimoto K., Symmetry polymorphism in Cnidarian organ arrangements. 日本進化学会, 琉球大学, 2023年9月1日
3. 藤原基洋, 鎌本直也, 津川 暁, 郷達 明, 宮島俊介, 藤本仰一, 植物器官を形づくる多細胞力学. 日本機械学会M&M材料力学カンファレンス, 筑波大学, 2023年9月28日
4. 藤本仰一, 動植物の細胞から個体に至る形が持ちうる役割と生まれる数理. 数学科談話会, 広島大学, 2023年5月23日
5. 藤本仰一, 生き物の形に現れる数学: 私たちの理解に、そして生き物に、どう役立つのか? 広島大学 オープンキャンパス 2023, 広島大学, 2023年8月17日
6. 藤本仰一, 数理から予測する動植物の形の発生機構と機能. 統合生命科学研究科シンポジウム

ム2023, 広島大学, 2023年11月28日

一般講演

1. 陸野里音, 藤原基洋, 藤浪理恵子, 犬飼義明, 郷達 明, 藤本仰一, 根端分裂組織の輪郭の形は維管束植物で共通するか—数理解析から—. 日本植物形態学会第 35回総会, 北海道大学, 2023年9月6日
2. 藤本仰一, 動植物の細胞から個体に至る形が持ちうる役割と生まれる数理. Dynamics Days 2023 preworkshop, 東京工業大学, 2023年7月4日
3. 堀部和也, 多賀巖太郎, 藤本仰一, 長距離に情報伝達する神経ネットワークは脳表面の最短経路に配線される --- ヒト胎児脳の形の数理解析. SSTB2024, 広島大学, 2024年2月20日
4. Kazuya Horibe, Gentaro Taga, Koichi Fujimoto, Geodesic theory of long association fibers arrangement in the human fetal cortex. 日本生物物理学会年会, 名古屋, 2023年11月15日
5. 毛利佳乃, 藤本仰一, なぜ花器官の数は $3 \cdot 4 \cdot 5$ の倍数なのか - 花発生による数理モデルによる研究. SSTB2024, 広島大学, 2024年2月20日
6. 鈴木透也, 藤本仰一, 根の波打つ形の多様性を生む細胞の成長と力学. SSTB2024, 広島大学, 2024年2月20日
- ◎7. 松下勝義, 新垣大幸, 藤本仰一, 極性-極性及び極性-無極性相互作用が誘導する細胞の運動秩序形成. 数理生物学会2023 数理生物学会2023, 奈良女子大学, 2023年9月4日
- ◎8. 松下勝義, 新垣大幸, 藤本仰一, 細胞相互作用の対称性と集団運動. 研究会「理論と実験」, 2023年10月5日, 広島大学
- ◎9. 松下勝義, 新垣大幸, 藤本仰一, 細胞性粘菌と神経細胞の集団運動模型. 第13回細胞性粘菌学会例会, 九州工業大学, 2023年10月21日
- ◎10. 松下勝義, 新垣大幸, 藤本仰一, 低い感受性下での細胞間接触が誘発する細胞集団運動. 第29回交通流・自己駆動粒子系シンポジウム, オンライン, 2023年12月1日
- ◎11. 松下勝義, 新垣大幸, 藤本仰一, 混合極性を持つ細胞の集団運動の安定性. SSTB2024, 広島大学, 2024年2月20日
- ◎12. 松下勝義, 新垣大幸, 藤本仰一, 細胞間相互作用の混合対称性と集団運動安定性. 日本物理学会春季大会, 2024年3月18日
13. 新垣大幸, 藤本仰一, 脊椎動物の生活史多様性は個体群増殖率により制限される. 日本生態学会, 横浜国立大学, 2024年3月16日
14. 新垣大幸, 藤本仰一, 脊椎動物の生活史多様性は個体群増殖率により制限される. SSTB2024, 広島大学, 2024年2月20日
15. 新垣大幸, 藤本仰一, 脊椎動物の生活史多様性は個体群増殖率により制約される. 個体群生態学会, 北海道大学, 2023年10月27日
16. 新垣大幸, 藤本仰一, 脊椎動物の生活史には分類階級によらない二種類の表現型多様性が存在する. 日本数理生物学会, 奈良女子大学, 2023年9月4日
17. 新垣大幸, 藤本仰一, 脊椎動物の生活史には分類階級によらない二種類の表現型多様性が存在する. 日本進化学会, 琉球大学, 2023年8月31日
18. 北條拓也, 藤本仰一, 被食捕食ネットワーク構造に基づく食物連鎖超制御要因の理論的探索. 日本生態学会, 横浜国立大学, 2024年3月16日
19. 北條拓也, 藤本仰一, 被食捕食ネットワーク構造に基づく食物連鎖超制御要因の理論的探索. SSTB2024, 広島大学, 2024年2月20日

20. 北條拓也, 藤本仰一, 被食捕食モデルで生態系の持続的な多様化機構を探る. 定量生物学の会, 東京大学, 2024年1月5日
21. Sarper S.E., Hirai T., Fujimoto K., Transient disturbance of tetradial symmetry in the feeding-dependent tentacle initiations of jellyfish polyps. 日本発生学会年会, 仙台, 2023年7月21日

計算生命数学グループ

構成員：斉藤 稔（准教授）

○研究活動の概要

動的で複雑な生命現象を対象として、**数理生物・生物物理学**の観点から理論的研究を行う。**数理モデル**解析や**大規模数値計算**、**機械学習**解析を通して様々な生物種に共通する普遍的な性質の理解を目指す。特に、細胞や組織に現れる形態・形状の理解を目指した研究を行っている。我々が生物を観察する時、その形状や動きから「生き物らしさ」を感じ取ることができる。どのような特徴がその「生き物らしさ」を生むのだろうか、またその特徴はどのようなプロセス/メカニズムから生じるのだろうか。これを理解するために、細胞や組織の数理モデリングによるアプローチや、機械学習による生物形状の定量化などを行っている。

1. 一細胞動体の数理モデリング及びシミュレーション
2. 多細胞動体の数理モデリング及びシミュレーション
3. 画像データから生物形状を定量化する機械学習法の開発
4. 進化の数理モデル

○発表論文

・原著論文

- ◎1. Yudai Hatakeyama, Nen Saito, Yusuke Mii, Ritsuko Takada, Takuma Shinozuka, Tatsuya Takemoto, Honda Naoki, Shinji Takada, Intercellular exchange of Wnt ligands reduces cell population heterogeneity during embryogenesis. Nature Communications 14 (1), 1924, 2023.4.6
2. Yuji Omachi, Nen Saito, Chikara Furusawa, Rare-event sampling analysis uncovers the fitness landscape of the genetic code. PLOS Computational Biology 19 (4), e1011034, 2023.4.17
3. Masato Tsutsumi, Nen Saito, Daisuke Koyabu, Chikara Furusawa, A deep learning approach for morphological feature extraction based on variational auto-encoder: an application to mandible shape. NPJ systems biology and applications 9 (1), 30, 2023.7.6
4. Yoshiyuki T Nakamura, Yusuke Himeoka, Nen Saito, Chikara Furusawa, Evolution of hierarchy and irreversibility in theoretical cell differentiation model. PNAS nexus 3 (1), pgad454, 2024.1

・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. Nen Saito, “Cell Deformability Drives Fluid-to-Fluid Phase Transitions in Active Cell Monolayers”, The 9th International Discussion Meeting on Relaxations in Complex Systems (9 IDMRCS), Makuhari messe, 2023 年 8 月, 口頭
2. Nen Saito, “Mathematical modeling of cell morphology dynamics: from single-cell to multicellular systems”, RIMS conference: Multidisciplinary Research on Nonlinear Phenomena: Modeling, Analysis and Applications, Kyoto University, 2023 年 11 月, 口頭

一般講演

1. Nen Saito, “Active Deformable Cells Exhibits Cell Shape Transition Mediated by Percolation of Topological Defects”, 28th International Conference on Statistical Physics, Statphys28, University of Tokyo, 2023 年 8 月, 口頭
2. Thoma Itoh, Yohei Kondo, Kazuhiro Aoki, Nen Saito, “Evolutionary mechanism of bow-tie architecture in signaling network”, 28th International Conference on Statistical Physics, Statphys28, University of Tokyo, 2023 年 8 月, ポスター
3. Thoma Itoh, Yohei Kondo, Kazuhiro Aoki, Nen Saito, “Evolutionary mechanism of bow-tie architecture in signaling network”, EMBL AI and Biology, Heidelberg, 2024 年 3 月, ポスター

・国内学会

招待講演

1. 斉藤 稔, 細胞変形動態の数理モデリングおよび機械学習的アプローチ. 第 96 回日本生化学会大会, 福岡国際会議場・マリンメッセ福岡 B 館, 2023 年 11 月, 口頭

一般講演

1. 斉藤 稔, 大町祐史, 古澤 力, マルチカノニカル法を用いた遺伝暗号の適応度地形解析. 日本物理学会 第 78 回年次大会, 2023 年 9 月, 口頭
2. 高村征矢, 斉藤 稔, 自己駆動能を有する Brownian Bug モデルにおける配向秩序の出現. 第 14 回日本生物物理学会 中国四国支部大会, 鳥取県, 2023 年 5 月, 口頭
3. 高村征矢, 斉藤 稔, 自己駆動能を有する Brownian Bug モデルにおける配向秩序の出現. 日本物理学会 2024 年春季大会, オンライン開催, 2024 年 3 月, 口頭
4. 高村征矢, 斉藤 稔, 自己駆動能を有する Brownian Bug モデルにおける配向秩序の出現. 計測自動制御学会 システム・情報部門 学術講演会 2023, 東京都, 2023 年 11 月, ポスター
5. 窪田隆正, 斉藤 稔, 遊走細胞の形状と運動を表現するフーリエ輪郭モデル. 日本物理学会 2024 年春季大会, オンライン開催, 2024 年 3 月, 口頭
6. 窪田隆正, 斉藤 稔, 遊走細胞の形状と運動を表現するフーリエ輪郭モデル. 定量生物学の会 第 11 回年会, 東京, 2024 年 1 月, ポスター
7. 窪田隆正, 斉藤 稔, A Fourier contour model for shape dynamics in migrating cells. 第 6 回 ExCELLS シンポジウム, 愛知, 2024 年 1 月, ポスター
8. 伊藤冬馬, 近藤洋平, 青木一洋, 斉藤 稔, 細胞内ネットワークにおける bowtie 構造の進化原理. 進化学会, 沖縄, 2023 年 8 月, ポスター
9. 伊藤冬馬, 近藤洋平, 青木一洋, 斉藤 稔, Evolutionary mechanism of bow-tie architecture in

intracellular signaling network. 生物物理学会, 名古屋, 2023 年 11 月, 口頭

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），

○発表論文

・原著論文

該当無し

・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. 安田恭大, 三原里菜, Hyun-Woo Rhee, 楯 真一, Proximity labeling identified a protein essential for the proper formation and function of stress granule. 第61回日本生物物理学学会年会, 名古屋国際会議場, 2023.11.15, ポスター
- ◎2. 木村仁美, 多根奈津美, 安田恭大, 楯 真一, タンパク質液液相分離過程の細胞内と試験管での違いとその機構の解明. 第61回日本生物物理学学会年会, 名古屋国際会議場, 2023.11.15, ポスター
- ◎3. 村田実優, 三原里菜, Rhee Hyun-Woo, 安田恭大, 楯 真一, 相互作用因子架橋技術を用いた、ストレス顆粒消失を担う因子の同定及び解析. 第46回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2023.12.6, ポスター
- ◎4. 安田恭大, 三原里菜, Hyun-Woo Rhee, 楯 真一, ストレス顆粒構成因子のリクルートを制御する因子の時空間的プロテオミクス解析による探索と機能解析. 第46回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2023.12.8, ポスター

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た。

（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。自励振動する有機系を共同で複数開発し、関連の研究も含め9報の論文が掲載された。本アプローチは、その独創性ゆえに国内外で一定の評価を得ており、本年度は4件（国際2件、国内2件）の招待講演を行った。現在は、分子からの非線形性設計を志向し、核酸をつかったデジタルな非線形性制御を模索している。特に、新規SELEX法により特定標的分子への既存抗体医薬品以上の結合定数をもつ新規核酸配列の取得に多数成功し、複数の論文を投稿中である（アクセプト1報、審査中2報）。

○発表論文

・原著論文

- ◎1. M. Yotsumoto, R. Fujita, M. Matsuo, S. Nakanishi, M. Denda, S. Nakata, Effects of the Molecular Structure of Malodor Substances and Their Masking on 1,2-Dioleoyl-sn-glycero-3-phosphocholine Molecular Layers. *Langmuir*, **2024**, 40, 6878-6883.
- ◎2. E. Hua, J. Gao, Y. Xu, M. Matsuo, S. Nakata, Self-Propelled Motion Controlled by Ionic Liquids. *Physical Chemistry Chemical Physics*, **2024**, 26, 8488-8493.

- ◎3. R. Fujita, M. Matsuo, S. Nakata, Self-Propelled Object that Generates a Boundary with Amphiphiles at an Air/Aqueous Interface. *Journal of Colloid and Interface Science*, **2024**, 663, 329-335.
- ◎4. M. Yoshikai, M. Matsuo, N.J. Suematsu, H. Nishimori, S. Nakata, Can Self-Propelled Objects Escape from Compression Stimulation? *Journal of Colloid and Interface Science*, **2024**, 20, 3458-3463.
- ◎5. M. Yotsumoto, M. Matsuo, H. Kitahata, S. Nakanishi, M. Denda, M. Nagayama, S. Nakata, Phospholipid Molecular Layer that Enhances Distinction of Odors Based on Artificial Sniffing. *ACS Sensors*, **2023**, 8(12), 4494-4503.
- ◎6. Y. Kubodera, K. Kagawa, M. Matsuo, I. Lagzi, N.J. Suematsu, S. Nakata, The Up-and-Down Motion of a Belousov-Zhabotinsky Bead in Couple with Chemical Oscillation. *Front. Phys.* **2023**, 11, 1306533.
- ◎7. T. Fujino, M. Matsuo, V. Pimienta, S. Nakata, Oscillatory Motion of an Organic Droplet Reflecting a Reaction Scheme. *The Journal of Physical Chemistry Letters*, **2023**, 14, 9279-9284.
- ◎8. R. Fujita, N. Takayama, M. Matsuo, M. Iima, S. Nakata, Height-Dependent Oscillatory Motion of a Plastic Cup with a Camphor Disk Floated on Water. *Physical Chemistry Chemical Physics*, **2023**, 25, 14546-14551.
- ◎9. Y. Kubodera, Y. Xu, Y. Yamaguchi, M. Matsuo, M. Fujii, M. Kageyama, O. Steinbock, S. Nakata, Characteristic Growth of Chemical Gardens from Mixtures of Two Salts. *Physical Chemistry Chemical Physics*, **2023**, 25(18) 12974-12978.

・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. Nakata, Self-propelled Objects Exhibiting Spatio-temporal Pattern under Nonequilibrium. Dynamics Days Europe, Naple, Italy, 2023.9.3-8
2. M. Matsuo, Self-Reproducing Peptide Droplets: Do Autocatalytic Supramolecules Dream of Autonomous Drugs? NRCT-JSPS Joint Research Program Meeting 2023 “Development of Highly Efficient and -Selective Cancer Therapy via Cell-Membrane Disruption by Chitosan-based Molecular Blocks”, NRCT-JSPS Joint Research Program, Thailand, 2023.6.29
3. M. Matsuo, Supramolecular Recursion due to Complex Motility. International workshop: Complex motile matter from single agents to collective behaviors, Meiji Institute for Advanced Study of Mathematical Sciences, Japan, 2023.7.21

一般講演

- ◎1. M. Yotsumoto, M. Matsuo, M. Nagayama, H. Kitahata, S. Nakata, Dynamic Responses of the Surface Tension of the Phospholipid Molecular Layers to Adsorption / Desorption of Odor Molecules. Dynamics Days Europe, Naple, Italy, 2023.9.3-8

・国内学会

招待講演

1. 松尾宗征, “化学で創る自律性”. 分子科学研究所-生命創成探究センター合同研究セミナー「生命の分子システムの理解に向けて何を創れば良いか?」, 分子科学研究所-生命創成探究センター, 2023年5月27日
2. 松尾宗征, “分子集団の回帰性の化学”. 「理論と実験」研究会2023, 「理論と実験」研究会, 2023年10月6日

一般講演

- ◎1. 藤野拓也, 松尾宗征, 中田 聡, “水中の界面活性剤濃度による酢酸チモール液滴の運動モードスイッチング”. 日本化学会第104春季年会, A1454-3am-02, 日本大学理工学部船橋キャンパス, 2024年3月25日
- ◎2. 立石 舞, 松尾宗征, 中田 聡, “樟脳自己駆動体の運動様相に対する水相中の陰イオンの効果”. 日本化学会第104春季年会, A1454-3am-03, 日本大学理工学部船橋キャンパス, 2024年3月24日
- ◎3. 久保寺裕進, 松尾宗征, 藤井雅史, Oliver Steinbock, 中田 聡, “ケミカルガーデンにおける流速と溶解度積の効果”. 日本化学会第104春季年会, A1454-3am-04, 日本大学理工学部船橋キャンパス, 2024年3月24日
- ◎4. 久世雅和, 松尾宗征, 白石允梓, 中田 聡, 西森 拓, “酸化剤濃度に依存した運動・変形が発現する化学振動反応を内包した自己駆動液滴”. 日本化学会第104春季年会, A1455-3am-06, 日本大学理工学部船橋キャンパス, 2024年3月24日
- ◎5. 四元まい, 松尾宗征, 中田 聡, “匂い分子のリン脂質膜への吸着脱離に基づく動的応答”. 日本化学会第104春季年会, A1443-3am-04, 日本大学理工学部船橋キャンパス, 2024年3月24日
- ◎6. 久保寺裕進, 松尾宗征, 末松信彦, Lagzi Istvan, 中田 聡, “Belousov-Zhabotinsky反応と同調した周期的浮上運動”. 第74回コロイドおよび界面化学討論会, 1C01, 信州大学長野キャンパス, 2023年9月12日
- ◎7. 吉貝壮生, 松尾宗征, 末松信彦, 西森 拓, 中田 聡, “圧縮される空間に置かれた複数の樟脳自己駆動体の脱出挙動”. 第74回コロイドおよび界面化学討論会, 1C07, 信州大学長野キャンパス, 2023年9月12日
- ◎8. 藤田理沙, 松尾宗征, 中田 聡, “駆動体分子と分子間相互作用する両親媒性分子の単分子膜による自己駆動体の運動様相制御”. 第74回コロイドおよび界面化学討論会, 1C11, 信州大学長野キャンパス, 2023年9月12日
- 9. 立石 舞, 中田 聡, “樟脳円板の自己駆動における水相中の塩効果”. 第74回コロイドおよび界面化学討論会, P3-19, 信州大学長野キャンパス, 2023年9月12日
- ◎10. 藤野拓也, 松尾宗征, Pimienta Veroniqu, 中田 聡, “酢酸チモール液滴のpHに応答した2種類の振動運動”. 第74回コロイドおよび界面化学討論会, P3-18, 信州大学長野キャンパス, 2023年9月12日
- 11. 川井望未, 藤野拓也, 藤田理沙, 中田 聡, “なぜしっぽが伸びるのか~樟脳の振動運動”. 西日本非線形科学研究会2023, No.10, KDDI維新ホール (山口), 2023年7月15日
- 12. 湯原颯汰, 久保寺祐進, 中田 聡, “スパイラルを制御する”. 西日本非線形科学研究会2023, No.12, KDDI維新ホール (山口), 2023年7月15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『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分析法の開発

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

○発表論文

・原著論文

該当無し

・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. 山口愛歩, 福山裕子, 田中耕一, 泉 俊輔, MALDI-MSにおけるペプチド分析のための新規マトリックスalkylated hydroxy chalcone. 日本質量分析学会 第71回質量分析総合討論会, グランキューブ大阪, 2023年5月15日-17日 (ポスター)

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），中坪（光永）敬子（助教），細羽康介（助教），栗田朋和（特任准教授）

○研究活動の概要

本研究室では、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。本研究室の研究テーマを以下に示す。

1. 人工DNA切断酵素（ZFN、TALENとCRISPR）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. 棘皮動物の成体原基細胞の形成と再生に関する研究
6. 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、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、

○発表論文

・原著論文

- ◎1. Newman D., Young L.E., Waring T., Brown L., Wolanska K.I., MacDonald E., Charles-Orszag A., Goult B.T., Caswell P.T., Sakuma T., Yamamoto T., Machesky L.M., Morgan M.R., Zech T., 3D matrix adhesion feedback controls nuclear force coupling to drive invasive cell migration. **Cell Rep**, 42, 113554, 2023
- ◎2. Ezaki R., Sakuma T., Kodama D., Sasahara R., Shiraogawa T., Ichikawa K., Matsuzaki M., Handa A., Yamamoto T., Horiuchi H., Transcription activator-like effector nuclease-mediated deletion safely eliminates the major egg allergen ovomucoid in chickens. **Food Chem Toxicol**, 1175, 113703, 2023
- ◎◎3. Watanabe K., Fujita M., Okamoto K., Yoshioka H., Moriwaki M., Tagashira H., Awazu A., Yamamoto T., Sakamoto N., The crucial role of CTCF in mitotic progression during early development of sea urchin. **Dev Growth Differ**, 65, 395-407, 2023
- ◎4. Tanihara F., Hirata M., Namula Z., Do L.T.K., Yoshimura N., Lin Q., Takebayashi K., Sakuma T., Yamamoto T., Otoi T., Pigs with an INS point mutation derived from zygotes electroporated with CRISPR/Cas9 and ssODN. **Front Cell Dev Biol**. 11, 884340, 2023
- ◎5. Ohga H., Shibata K., Sakanoue R., Ogawa T., Kitano H., Kai S., Ohta K., Nagano N., Nagasako T., Uchida S., Sakuma T., Yamamoto T., Kim S., Tashiro K., Kuhara S., Gen K., Fujiwara A., Kazeto Y., Kobayashi T., Matsuyama M., Development of a chub mackerel with less-aggressive fry stage by genome editing of arginine vasotocin receptor V1a2. **Sci Rep**, 13, 3190, 2023
- ◎6. Matsuzaki S., Sakuma T., Yamamoto T., EMOVER-PITCH: microhomology-assisted long-range gene replacement with highly multiplexed CRISPR-Cas9. **In Vitro Cell Dev Biol Anim**. 60, 697-707, 2024
- ◎7. Nakatani K., Kogashi H., Miyamoto T., Setoguchi T., Sakuma T., Kugou K., Hasegawa Y., Yamamoto T., Hippo Y., Suenaga Y., Inhibition of OCT4 binding at the MYCN locus induces neuroblastoma cell death accompanied by downregulation of transcripts with high-open reading frame dominance. **Front Oncol**. 14, 1237378, 2024
- ◎8. Awazu A., Takemoto D., Watanabe K., Sakamoto N., Possibilities of skin coat color-dependent risks and risk factors of squamous cell carcinoma and deafness of domestic cats inferred via RNA-seq data. **Genes to Cells**. 14, 893-905, 2023

○著書

- 1. 山本 卓, ゲノム編集の現在 (総論), 細胞培養・組織培養の技術(第4版), 2023年

○総説・解説

- ◎1. 栗田朋和, 山本 卓, 微細藻類の分子育種における外来遺伝子フリーゲノム編集の重要性, アグリバイオ, 153, 49-53, 2024年
- 2. 山本 卓, ゲノム編集・エピゲノム編集, ライフサイエンス・臨床医学分野, JST-CRDS, 調査報告書, 471-487, 2023年

○国際会議での講演

招待講演

- 1. Yamamoto T., Recent advances in genome editing technology and its application in various fields.

JAACCT, Nagoya, 2023.11.28-12.1

一般講演

該当無し

○国内学会での講演

招待講演

1. 山本 卓, ゲノム編集技術とアンチエイジング. 第 23 回日本抗加齢医学会総会, 東京国際フォーラム, 2023 年 6 月 11 日
2. 山本 卓, ゲノム編集治療の基礎と最近の進展. 第 20 回日本免疫治療学会, 東京大学伊藤国際学術研究センター, 2023 年 6 月 10 日
3. 山本 卓, ゲノム編集技術の医学・医療分野での大きな可能性と求められる安全性. 第 44 回中部生殖医学会学術集会, 2023 年 6 月 17 日
4. 山本 卓, ゲノム編集を利用した治療研究の現状と可能性. 第 26 回 MPS 患者家族の会/合同シンポジウム, AP 日本橋, 2023 年 8 月 19 日
5. 山本 卓, 医学・医療分野におけるゲノム編集技術の展開. 細胞デザイン医科学研究所設立記念シンポジウム, 山口県宇部市, 2024 年 2 月 28 日

依頼講演

1. 山本 卓, ゲノム編集とバイオものづくりへの展開. 令和 5 年度ひろしまバイオ DX フォーラム, 広島大学, 2024 年 3 月 1 日
2. 山本 卓, 私の起業体験. ゲノム編集関連スタートアップ・プラチナバイオ(2), アカデミスト起業研究会, 2023 年 12 月 6 日

一般講演

- ◎◎1. 渡辺開智, 藤田 恵, 岡本和子, 吉岡 一, 森脇三貴, 田頭英樹, 栗津暁紀, 山本 卓, 坂本尚昭, ウニのCTCFは初期発生において分裂期の進行に必須である. 第46回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2023年12月7日
- ◎2. 渡辺開智, 竹本大悟, 坂本尚昭, 栗津暁紀, 培養細胞を用いた白いネコ特有のゲノムと疾患の解析. 第46回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2023年12月6日
- 3. 大石裕晃, 新海創也, 大和田一志, 新谷 学, 山本 卓, 大川恭行, 落合 博, 転写バーストにおける高次ゲノム構造と転写制御関連因子クラスターの空間的關係. 第46回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2023年12月6日
- ◎◎4. 渡辺開智, 藤田 恵, 岡本和子, 吉岡 一, 森脇三貴, 田頭英樹, 赤坂甲治, 栗津暁紀, 山本 卓, 坂本尚昭, ウニ初期発生におけるCTCFの発現と機能の解析. 日本動物学会 第94回大会, 山形大学 小白川キャンパス, 2023年9月9日
- ◎5. 小本哲史, 坂本尚昭, 栗津暁紀, バフンウニ性決定機構解明に向けたドラフトゲノム配列の再構築. 日本動物学会 第94回大会, 山形大学 小白川キャンパス, 2023年9月7日
- ◎6. 佐藤賢哉, 笹栗弘貴, 汲田和歌子, 盛岡朋恵, 佐久間哲史, 山本 卓, 西道隆臣, 佐々木えりか, TALENを用いた*Presenilin1*遺伝子Exon 9 skippingマーマーモセットの作出と解析. 第13回日本マーマーモセット研究会大会, 国立精神・神経医療研究センター, 2024年2月20日
- 7. 大石裕晃, 新海創也, 大和田一志, 藤井 健, 細田一史, 大浪修一, 山本 卓, 大川恭行, 落合博, 転写活性化状態における遺伝子周辺の粘性上昇がエンハンサーとプロモーターの接触時間を延長させる. 第41回染色体ワークショップ・第22回核ダイナミクス研究会, 小田原, 2024

年1月29日

- ◎8. 栗田朋和, 岩井雅子, 岡崎久美子, 前田真一郎, 高見明秀, 坂本 敦, 太田啓之, 佐久間哲史, 山本 卓, 微細藻類ナンノクロロプシスにおけるNICSシステムを用いた外来遺伝子フリーノックインの開発. 日本ゲノム編集学会第8回大会, 東京都江戸川区タワーホール船堀, 2023年6月7日
- ◎9. 栗田朋和, 岩井雅子, 岡崎久美子, 前田真一郎, 高見明秀, 坂本 敦, 太田啓之, 佐久間哲史, 山本 卓, 微細藻類ナンノクロロプシスにおける非インテグレーション型切断依存選択(NICS)システムを用いた最終的に外来遺伝子の残らないノックインシステム. 第46回日本分子生物学会, 神戸国際展示場, 2023年12月6日
- 10. 栗田朋和, 高機能藻類の屋外培養を可能にする外来遺伝子フリーゲノム編集システム. 超異分野学会東京大会2024, ベルサール新宿グランド コンファレンスセンター, 2024年3月8日-9日
- ◎11. 栗田朋和, 岩井雅子, 岡崎久美子, 前田真一郎, 高見明秀, 坂本 敦, 太田啓之, 佐久間哲史, 山本 卓, ゲノム編集藻類の屋外培養を可能にする外来遺伝子フリーゲノム編集システムの開発. 日本農芸化学会 2024年度大会, 東京農業大学 世田谷キャンパス, 2024年3月26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、平成29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、光合成機能の強化を通じて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や高付加価値物質の探索にも取り組んでいる。

○発表論文

・原著論文

該当無し

・著書

該当無し

・総説・解説

1. 岡崎久美子 (2024) バイオ燃料生産の現状とナンノクロロプシスゲノム編集技術の構築. アグリバイオ **8(2)**: 14-18.

○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. 栗田朋和, 岩井雅子, 岡崎久美子, 前田真一郎, 高見明秀, 坂本 敦, 太田啓之, 佐久間哲史, 山本 卓, ゲノム編集藻類の屋外培養を可能にする外来遺伝子フリーゲノム編集システムの開発. 日本農芸化学会2024年度大会（創立100周年記念大会）, 東京（東京農業大学世田谷キャンパス）, 2024年3月24日-27日

- ◎2. Yutong Song, Tayebah Abedi, Yuma Mitsuzono, Hiroshi Shimada, Atsushi Sakamoto, BGLU18, an Arabidopsis enzyme required for quick ABA production, contributes to early transcriptomic responses to drought stress. 第65回日本植物生理学会年会, 神戸 (神戸国際会議場), 2024年3月17日-19日
- ◎3. Yuta Takeuchi, Hiroshi Shimada, Atsushi Sakamoto, Physiological roles of two allantoin synthase variants, produced by alternative splicing and differing in subcellular localization. 第65回日本植物生理学会年会, 神戸 (神戸国際会議場), 2024年3月17日-19日
- ◎4. 栗田朋和, 岩井雅子, 岡崎久美子, 前田真一郎, 高見明秀, 坂本 敦, 太田啓之, 佐久間哲史, 山本 卓, 微細藻類ナンノクロロプシスにおける非インテグレーション型切断依存選択 (NICS) システムを用いた最終的に外来遺伝子の残らないロックインシステム. 第46回日本分子生物学会年会, 神戸 (神戸国際会議場, 神戸国際展示場, 神戸ポートピアホテル), 2023年12月6日-8日
- ◎5. 栗田朋和, 岩井雅子, 岡崎久美子, 前田真一郎, 高見明秀, 坂本 敦, 太田啓之, 佐久間哲史, 山本 卓, 微細藻類ナンノクロロプシスにおける NICS システムを用いた外来遺伝子フリーロックインの開発. 日本ゲノム編集学会第8回大会, 東京 (東京都江戸川区タワーホール船橋), 2023年6月6日-8日

遺伝子化学研究グループ

構成員：佐久間哲史 (教授), 清水直登 (助教)

○研究活動の概要

(1) ゲノム編集に関する研究

生命の設計図ともよばれるゲノムの情報を任意に改変することのできる技術「ゲノム編集」の基礎技術開発を行っている。ゲノム編集においては、ゲノムを構成するDNA上の特定の位置を切断し、細胞内にもともと備わる修復の機構を利用することで、配列を書き換えるのが一般的である。そのため我々は、DNAを切断するツールを高性能化したり、切断後の修復が起こりやすくしたりすることで、効率よくかつ正確にゲノム編集を実行できるシステムの開発に取り組んでいる。

(2) 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氣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場合、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。

(3) 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. Tasnim A., Kawasumi R., Taniguchi T., Abe T., Terada K., Tsuda M., Shimizu N., Tsurimoto T., Takeda S., Hirota K., The proofreading exonuclease of leading-strand DNA polymerase epsilon prevents replication fork collapse at broken template strands. *Nucleic Acids Research*. 51(22), 12288-12302, 2023年11月8日
2. Shimizu N., Hamada Y., Morozumi R., Yamamoto J., Iwai S., Sugiyama K., Ide H., Tsuda M., Repair of topoisomerase 1-induced DNA damage by tyrosyl-DNA phosphodiesterase 2 (TDP2) is dependent on its magnesium binding. *Journal of Biological Chemistry*. 299(8), 104988-104988, 2023年6月29日
- ◎3. Newman D., Young L.E., Waring T., Brown L., Wolanska K.I., MacDonald E., Charles-Orszag A., Goult B.T., Caswell P.T., Sakuma T., Yamamoto T., Machesky L.M., Morgan M.R., Zech T., 3D matrix adhesion feedback controls nuclear force coupling to drive invasive cell migration. *Cell Reports*. 42(12), 113554, 2023年12月14日
- ◎4. Matsuzaki S., Sakuma T., Yamamoto T., REMOVER-PITCh: microhomology-assisted long-range gene replacement with highly multiplexed CRISPR-Cas9. *In Vitro Cellular & Developmental Biology – Animal*. 60(7), 697-707, 2024年2月9日
- ◎5. Nakatani K., Kogashi H., Miyamoto T., Setoguchi T., Sakuma T., Kugou K., Hasegawa Y., Yamamoto T., Hippo Y., Suenaga Y., Inhibition of OCT4 binding at the MYCN locus induces neuroblastoma cell death accompanied by downregulation of transcripts with high-open reading frame dominance. *Frontiers in Oncology*. 14, 1237378, 2024年2月8日
- ◎6. Ninagawa S., Matsuo M., Ying D., Aso S., Matsushita K., Fueki A., Saito S., Imami K., Kizuka Y., Sakuma T., Yamamoto T., Yagi H., Kato K., Mori K., UGGT1/2-mediated reglucosylation of N-glycan competes with ER-associated degradation of unstable and misfolded glycoproteins. *Elife Reviewed Preprint*. 12, RP93117, 2023年12月20日

・著書

該当無し

・総説・解説

1. 清水直登, 津田雅貴, 新規 DNA 修復機構に着目した新たながん治療法. 月刊細胞, 56(2), 36-38, 2024 年 1 月 20 日
2. 清水直登, 放射線が誘発する DNA 二本鎖切断の修復中間体解消機構の解明. 放影協ニュース, 4(114), 15-16, 2023 年 4 月
- ◎3. Kurita T., Iwai M., Ohta H., Sakuma T., Yamamoto T., Genome editing for biodiesel production in oleaginous microalga, *Nannochloropsis* species. *Gene and Genome Editing*. 6, 100027, 2023 年 12 月
4. 佐久間哲史, 赤瀬まりな, 多様化する CRISPR テクノロジー. 実験医学, 41(19), 3144-3151, 2023 年 11 月

○講演等

・国際会議

招待講演

1. Tetsushi Sakuma, Two-pronged approach to genome editing and transcriptional control using

CRISPR-Cas9/Cas12a and CRISPR-Cascade/Cas3. 16th International Symposium on Nanomedicine (ISNM2023), Osaka Metropolitan University, 2023 年 11 月 20 日-22 日

2. Tetsushi Sakuma, Nahoko Nishibori, Hina Kubota, Tadahiko Yoshima, CRISPR-free Nuclear Base Editing by the Cooperation of Novel Single-molecule Nickase and Deaminase Fused with TAL Effectors. JAACT2023 Nogoya, Nagoya Congress Center, 2023 年 11 月 28 日-12 月 1 日

一般講演

1. Tetsushi Sakuma, Nahoko Nishibori, Hina Kubota, Tadahiko Yoshima, TALE-based nuclear base editing by the cooperation of novel single-molecule nickase and deaminase. Frontiers in Genome Engineering 2023 (FGE2023), BITS Pilani, India, 2023 年 11 月 14 日-16 日
2. Shunichiro Usui, Atsushi Kunii, Tetsushi Sakuma, Simultaneous, orthogonal, and high-efficiency control of the activation and repression of transcription and DNA cleavage by CRISPRa/c system. Frontiers in Genome Engineering 2023 (FGE2023), BITS Pilani, India, 2023 年 11 月 14 日-16 日
3. Sota Nishikawa, Mizuki Sato, Tetsushi Sakuma, Efficient genome engineering with controllable editing outcomes through expansion of the LoAD system. 16th International Symposium on Nanomedicine (ISNM2023), Osaka Metropolitan University, 2023 年 11 月 20 日-22 日
4. Daiki Nagatomo, Kazuto Yoshimi, Tomoji Mashimo, Tetsushi Sakuma, Development and optimization of CRISPR-Cas3-mediated gene knock-in technology. JAACT2023 Nogoya, Nagoya Congress Center, 2023 年 11 月 28 日-12 月 1 日
5. Shunichiro Usui, Atsushi Kunii, Tetsushi Sakuma, CRISPRa/c: simultaneous, orthogonal, and high-efficiency control of the activation and repression of transcription and DNA cleavage. JAACT2023 Nogoya, Nagoya Congress Center, 2023 年 11 月 28 日-12 月 1 日
6. Sota Nishikawa, Mizuki Sato, Tetsushi Sakuma, Expansion of the LoAD system for efficient genome engineering by strongly biasing the editing outcomes. JAACT2023 Nogoya, Nagoya Congress Center, 2023 年 11 月 28 日-12 月 1 日
7. Maya Oko, Atsushi Kunii, Kazuto Yoshimi, Tomoji Mashimo, Tetsushi Sakuma, Development of a high-performance transcriptional activation system using Class 1 CRISPR system. JAACT2023 Nogoya, Nagoya Congress Center, 2023 年 11 月 28 日-12 月 1 日
8. Tetsushi Sakuma, Nahoko Nishibori, Hina Kubota, Tadahiko Yoshima, Nuclear base editing in human cells by the cooperation of novel single-molecule nickase and deaminase fused with TAL effectors. KEYSTONE SYMPOSIA - PRECISION GENOME ENGINEERING, Fairmont Banff Springs, Canada, 2024 年 1 月 22 日-25 日
9. Maya Oko, Atsushi Kunii, Kazuto Yoshimi, Tomoji Mashimo, Tetsushi Sakuma, High-performance transcriptional activation using Class 1 Type I-E CRISPR system. KEYSTONE SYMPOSIA - PRECISION GENOME ENGINEERING, Fairmont Banff Springs, Canada, 2024 年 1 月 22 日-25 日
- ©10. Kazuma Nakatani, Hiroyuki Kogashi, Tetsushi Sakuma, Takashi Yamamoto, Yoshitaka Hippo, Yusuke Suenaga, Inhibition of OCT4 binding at the MYCN locus induces neuroblastoma cell death accompanied by alteration of protein-coding potential of RNAs. Advances in Neuroblastoma Research Meeting, Beurs van Berlage, Netherlands, 2023 年 5 月 25 日-28 日

・国内学会

招待講演

1. 佐久間哲史, 多様化するゲノム編集の“今”. 日本ゲノム編集学会 第 8 回大会, タワーホール船堀, 2023 年 6 月 6 日-8 日
2. 佐久間哲史, 多様化するゲノム編集の基盤技術開発. 神戸大学 学術講演会, 2023 年 12 月 5 日
3. 佐久間哲史, 西堀奈穂子, 久保田日菜, 吉間忠彦, 新規単分子ニッカーゼとデアミナーゼの協働による Cas9 非依存型核ゲノム塩基編集技術の開発. 第 46 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2023 年 12 月 6 日-8 日
4. 佐久間哲史, ゲノム編集技術の現状と 2050 年展望. 日本生物工学会 創立 100 周年記念シンポジウム, 早稲田大学, 2024 年 2 月 1 日

一般講演

1. 津田雅貴, 濱田優作, 清水直登, 相同組換え中間体解消における動的変化の可視化. 第 46 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2023 年 12 月 7 日
2. 濱田優作, 清水直登, 津田雅貴, 相同組換え中間体解消における動的変化を可視化する技術の開発. 第 46 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2023 年 12 月 7 日
3. 津田雅貴, 清水直登, 相同組換え中間体解消における動的変化を可視化する技術の開発. 日本環境変異原ゲノム学会第 52 回大会, 福岡大学, 2023 年 11 月 12 日
4. 清水直登, 井出 博, 津田雅貴, チロシル-DNA ホスホジエステラーゼ 2(TDP2)による新たな DNA 修復機構の解明. 日本環境変異原ゲノム学会第 52 回大会, 福岡大学, 2023 年 11 月 12 日
5. 津田雅貴, 濱田優作, 清水直登, 相同組換え中間体解消における動的変化を可視化する技術の開発. 日本放射線影響学会第 66 回大会, グランドニッコー東京 台場, 2023 年 11 月 6 日
6. 津田雅貴, 清水直登, 笹沼博之, 武田俊一, 井出 博, DNA にトラップされたタンパク質が引き起こすゲノム毒性とその関連疾患. 第 50 回日本毒性学会学術年会, パシフィコ横浜, 2023 年 6 月 20 日
7. 西川想大, 佐藤瑞貴, 佐久間哲史, 拡張型 LoAD システムを用いたゲノム編集結果の制御技術の開発. 日本ゲノム編集学会 第 8 回大会, タワーホール船堀, 2023 年 6 月 6 日-8 日
8. 宇吹俊一郎, 國井厚志, 佐久間哲史, 転写の活性化、抑制および DNA 切断を同時制御する CRISPRa/c システムの開発. 日本ゲノム編集学会 第 8 回大会, タワーホール船堀, 2023 年 6 月 6 日-8 日
9. 塩田千空, 中出翔太, 中前和恭, Lu Timothy K., 佐久間哲史, DNA ポリメラーゼを用いた Cas9 および Cas12a により誘発される変異パターンの制御技術の開発. 日本ゲノム編集学会 第 8 回大会, タワーホール船堀, 2023 年 6 月 6 日-8 日
10. 大古真矢, 國井厚志, 吉見一人, 真下知士, 佐久間哲史, CRISPR-Cascade を用いた高機能転写活性化システムの開発. 日本ゲノム編集学会 第 8 回大会, タワーホール船堀, 2023 年 6 月 6 日-8 日
11. 永友大暉, 吉見一人, 真下知士, 佐久間哲史, CRISPR-Cas3 を用いた遺伝子ノックインの最適化. 日本ゲノム編集学会 第 8 回大会, タワーホール船堀, 2023 年 6 月 6 日-8 日
12. 宇吹俊一郎, 國井厚志, 佐久間哲史, CRISPRa/c : 転写の活性化、抑制および DNA 切断を同時制御可能なシステムの開発と応用. 第 46 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2023 年 12 月 6 日-8 日
13. 西川想大, 佐藤瑞貴, 佐久間哲史, LoAD システムの拡張がゲノム編集結果に高度なバイア

- スをかける. 第 46 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2023 年 12 月 6 日-8 日
14. 永友大暉, 吉見一人, 真下知士, 佐久間哲史, 長鎖欠失ツール CRISPR-Cas3 を用いた遺伝子ノックイン技術の開発. 第 46 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2023 年 12 月 6 日-8 日
15. 塩田千空, 中出翔太, 中前和恭, Lu Timothy K., 佐久間哲史, DNA ポリメラーゼは Cas9 および Cas12a により誘発される変異パターンの制御を可能にする. 第 46 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2023 年 12 月 6 日-8 日
- ◎16. 栗田朋和, 岩井雅子, 岡崎久美子, 前田真一郎, 高見明秀, 坂本 敦, 太田啓之, 佐久間哲史, 山本 卓, 微細藻類ナンノクロロプシスにおける NICS システムを用いた外来遺伝子フリーノックインの開発. 日本ゲノム編集学会 第 8 回大会, タワーホール船堀, 2023 年 6 月 6 日-8 日
- ◎17. 中川佳子, 佐久間哲史, 中潟直己, 竹尾 透, 山本 卓, 凍結受精卵を用いたゲノム編集個体の作製～同一染色体二か所切断におけるノックイン個体作製の最適化～. 日本ゲノム編集学会 第 8 回大会, タワーホール船堀, 2023 年 6 月 6 日-8 日
- ◎18. 高品智記, 佐久間哲史, 山本 卓, 石坂幸人, 人工転写因子を用いた肝幹細胞誘導における GATA6 遺伝子発現機序と遺伝子ネットワーク形成の解明. 第 46 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2023 年 12 月 6 日-8 日
- ◎19. 福永早央里, 佐藤寛之, ブディラハルジャイエミマ, 馬郡健太, 土石川佳世, 枝廣太郎, 嬉野博志, 佐久間哲史, 山本 卓, 一戸辰夫, 鈴木隆二, TAL-HDR 法で作成した NY-ESO-1 がん抗原反応性 TCR-T 細胞の機能解析. 第 46 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2023 年 12 月 6 日-8 日
- ◎20. 栗田朋和, 岩井雅子, 岡崎久美子, 前田真一郎, 高見明秀, 坂本 敦, 太田啓之, 佐久間哲史, 山本 卓, 微細藻類ナンノクロロプシスにおける非インテグレーション型切断依存選択 (NICS) システムを用いた最終的に外来遺伝子の残らないノックインシステム. 第 46 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 2023 年 12 月 6 日-8 日
- ◎21. 蜷川 暁, 松尾將生, 鄧 桜, 阿曾伸哉, 松下和俊, 笛木 茜, 斎藤俊介, 今見考志, 木塚康彦, 佐久間哲史, 山本 卓, 矢木宏和, 加藤晃一, 森 和俊, UGGTs は構造異常糖タンパク質の早期分解を抑制する. 第 42 回日本糖質学会年会, とりぎん文化会館, 2023 年 9 月 7 日-9 日
22. 黒須航太郎, 齊藤峻介, 佐久間哲史, 森 和俊, 遺伝性運動神経変性疾患 Seipinopathy の原因タンパク質である Seipin の無糖鎖型変異をノックインした細胞の解析. 第 96 回日本生化学会大会, 福岡国際会議場, 2023 年 10 月 31 日-11 月 2 日
- ◎23. 佐藤賢哉, 笹栗弘貴, 汲田和歌子, 佐久間哲史, 山本 卓, 西道隆臣, 佐々木えりか, TALEN を用いた Presenilin1 遺伝子 Exon 9 skipping マーモセットの作出と解析. 第 13 回 日本マーモセット研究会大会, 国立精神・神経医療研究センター, 2024 年 2 月 20 日-21 日
- ◎24. 栗田朋和, 岩井雅子, 岡崎久美子, 前田真一郎, 高見明秀, 坂本 敦, 太田啓之, 佐久間哲史, 山本 卓, ゲノム編集藻類の屋外培養を可能にする外来遺伝子フリーゲノム編集システムの開発. 日本農芸化学会 2024 年度大会, 東京農業大学, 2024 年 3 月 24 日-27 日
- ◎25. 竹内 諒, 大野 薫, 大賀浩史, 伊藤武彦, 長野直樹, 藤原篤志, 佐久間哲史, 山本 卓, Tapas Chakraborty, 太田耕平, 松山倫也, ゲノム編集により作出したおとなしいマサバのオフターゲット解析. 令和 6 年度日本水産学会春季大会, 東京海洋大学, 2024 年 3 月 27 日-30 日

ゲノム情報科学研究グループ

構成員：坊農秀雅（教授）

○研究活動の概要

本研究室では、さまざまな生物のゲノム配列を解読し、データ駆動型ゲノム育種（デジタル育種）に向けたバイオDXと呼ばれるバイオインフォマティクスを主軸とした遺伝子機能解析技術を開発、ゲノム編集に応用する研究を行っている。特に、データ駆動型ゲノム育種（デジタル育種）技術の開発に注力して研究を推進しており、また生命科学分野のデータベース構築とその利用技術開発も行っている。本研究室の研究テーマを以下に示す。

1. バイオDX基盤技術開発
 - オミックスデータ測定・解析技術の開発
 - ゲノム編集データ解析手法とその統合化ワークフローの開発
 - 有用物質生産パスウェイデザインシステムの開発
2. バイオインフォマティクスによる遺伝子機能解析
 - 公共データベースからのメタ解析
 - デジタル育種に向けた比較ゲノム解析
3. 生命科学分野のデータベース構築とその利用技術開発
 - 公共データベース利用技術の開発
 - FANTOM国際共同研究におけるデータベース開発

○発表論文

・原著論文

1. Shintani M., Tamura K., Bono H., Meta-analysis of public RNA sequencing data of abscisic acid-related abiotic stresses in *Arabidopsis thaliana*. **Frontiers in Plant Science**, 15, pp. fpls.2024.1343787, 20240322
2. Suzuki T., Bono H., A systematic exploration of unexploited genes for oxidative stress in Parkinson's disease. **bioRxiv**, pp. 2024.03.11.583425, 20240313
3. Masuoka Y., Jouraku A., Tsubota T., Ono H., Chiba H., Sezutsu H., Bono H., Yokoi K., Time-course transcriptome data of silk glands in day 0-7 last-instar larvae of *Bombyx mori* (w1 pnd strain). **bioRxiv**, pp. 2024.03.02.582034, 20240303
4. Takenaka Y., Hirasaki M., Bono H., Nakamura S., Kakinuma Y., Transcriptome Analysis Reveals Enhancement of Cardiogenesis-Related Signaling Pathways by S-nitroso-N-pivaloyl-D-penicillamine (SNPiP): Implications for Improved Diastolic Function and Cardiac Performance. **Journal of Cardiovascular Pharmacology**, 83(5), pp. 433-445, 20240229
5. Tamura K., Chiba H., Bono H., Triterpene RDF: Developing a database of plant enzymes and transcription factors involved in triterpene biosynthesis using the Resource Description Framework. **bioRxiv**, pp. 2024.01.08.574260, 20240109
6. Nakano M., Sakamoto T., Kitano Y., Bono H., Simpson R.J., Tabunoki H., An extract from the frass of swallowtail butterfly (*Papilio machaon*) larvae inhibits HCT116 colon cancer cell proliferation but not other cancer cell types. **BMC Genomics**, 24(1), pp. 735, 20231204
7. Oec N., Hirota T., Nozu R., Bono H., Efforts to analyze pathways in non-model organisms. **BioHackRxiv**, pp. spf3q, 20231025

8. Toga K., Sakamoto T., Kanda M., Tamura K., Okuhara K., Tabunoki H., Bono H., Long-read genome assembly of the Japanese parasitic wasp *Copidosoma floridanum* (Hymenoptera: Encyrtidae). *bioRxiv*, pp. 2023.09.24.559078, 20230925
9. Yonezawa S., Bono H., Meta-Analysis of Heat-Stressed Transcriptomes Using the Public Gene Expression Database from Human and Mouse Samples. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(17), pp. 13444, 20230830
10. Nakamae K., Bono H., DANGER analysis: Risk-averse on/off-target assessment for CRISPR editing without a reference genome. *Bioinformatics Advances*, 3(1), pp. vbad114, 20230823
11. Masuoka Y., Jouraku A., Kuwazaki S., Yoshiyama M., Horigane-Ogihara M., Maeda T., Suzuki Y., Bono H., Kimura K., Yokoi K., Genome assembly reconstruction of the Japanese honey bee, *Apis cerana japonica* (Hymenoptera: Apidae), using homology-based assembly and nanopore long-reads. *bioRxiv*, pp. 2023.07.26.550500, 20230726
12. Pico A., Ono H., Nozu R., Oec N., Bono H., BioHackJP 2023 Report R3: Expand the pathway analysis environment to non-model organisms. *BioHackRxiv*, pp. 4uskb, 20230712
13. Nozu R., Kadota M., Nakamura M., Kuraku S., Bono H., Meta-analysis of gonadal transcriptomes in protogynous fishes provides novel perspective into sex change machinery. *bioRxiv*, pp. 2023.07.09.545663, 20230710
14. Kawamura Y., Oka K., Semba T., Takamori M., Sugiura Y., Yamasaki R., Suzuki Y., Chujo T., Nagase M., Oiwa Y., Fujioka S., Homma S., Yamamura Y., Miyawaki S., Narita M., Fukuda T., Sakai Y., Ishimoto T., Tomizawa K., Suematsu M., Yamamoto T., Bono H., Okano H., Miura K., Cellular senescence induction leads to progressive cell death via the INK4a-RB pathway in naked mole-rats. *The EMBO Journal*, 42:e111133, 20230711
15. Takenaka Y., Hirasaki M., Bono H., Nakamura S., Kakinuma Y., Transcriptome Analysis Reveals Enhancement of Cardiogenesis-Related Signaling Pathways by S-nitroso-N-pivaloyl-D-penicillamine (SNPiP): Implications for Improved Diastolic Function and Cardiac Performance. *bioRxiv*, 20230620
16. Toga K., Bono H., Meta-Analysis of Public RNA Sequencing Data Revealed Potential Key Genes Associated with Reproductive Division of Labor in Social Hymenoptera and Termites. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(9), pp. 8353, 20230506
17. Yonezawa S., Bono H., Meta-analysis of heat-stressed transcriptomes using the public gene expression database from human and mouse samples. *bioRxiv*, pp. 2023.04.30.537112, 20230501
18. Shintani M., Tamura K., Bono H., Meta-Analysis of Public RNA Sequencing Data of Abscissic Acid-Related Abiotic Stresses in *Arabidopsis thaliana*. *bioRxiv*, pp. 2023.04.17.537107, 20230418

○著書

1. 坊農秀雅, 生命科学者のための Dr.Bono データ解析道場 第2版, メディカル・サイエンス・インターナショナル
2. 坊農秀雅, 改訂版 RNA-Seq データ解析 WET ラボのための超鉄板レシピ ヒトから非モデル生物まで 公共データの活用も充実, 羊土社

○総説・解説

1. 田村啓太, 坊農秀雅, PacBio HiFi リードによるアカシソゲノム配列解読の実際, 実験医学, 41巻, 9号, pp. 1443-1449, 2023

○国際会議での講演

招待講演

該当無し

一般講演

1. Ryo Nozu, Mitsutaka Kadota, Masaru Nakamura, Shigehiro Kuraku, Hidemasa Bono, Uncovering New Insights into Sex Change Mechanisms: A Meta-analysis of Gonadal Transcriptomes in Protogynous Fish Species. Plant and Animal Genome Conference / PAG 31, San Diego, CA, USA, 2024.1
- 2. Kennosuke Ichikawa, Yoshiaki Nakamura, Hidemasa Bono, Ryo Ezaki, Mei Matsuzaki, Mike McGrew, Hiroyuki Horiuchi, Identification of feminization-related potential factors and processes in chicken primordial germ cells. 11th Avian Model Systems Meeting, The University of Portsmouth, UK, 2023.9
3. Mitsuo Shintani, Keita Tamura, Hidemasa Bono, Meta-Analysis of Public RNA Sequencing Data of Multiple Abiotic Stresses in Arabidopsis thaliana Provides New Insights into both ABA-Dependent and ABA-Independent Stress Responsive Genes. The 33rd International Conference on Arabidopsis Research, Chiba, Japan, 2023.6
4. Keita Tamura, Hidemasa Bono, Meta-Analysis of RNA Sequencing Data of Arabidopsis and Rice under Hypoxia. The 33rd International Conference on Arabidopsis Research, Chiba, Japan, 2023.6

○国内学会での講演

招待・依頼講演

1. 坊農秀雅, PacBio HiFi リードによるゲノム配列解読の実際. PacBio HiFi Sequencing Experience Tour ロードショーイベント, PacBio, 千里, 大阪, 2023年5月18日
2. 坊農秀雅, バイオDXによるデータ駆動型生命科学研究. みんなのバイオDXセミナー～社会課題解決に向けたイノベーション創出～, 公益財団法人鳥取県産業振興機構バイオフロンティア推進室, 米子, 鳥取, 2023年5月22日
3. 坊農秀雅, バイオDXによるゲノム編集技術への応用. 第15回遺伝子組換え実験安全研修会, 遺伝子研究安全管理協議会, オンライン, 2023年7月22日
4. 梅 浩平, 坊農秀雅, 公共RNAシーケンスデータを利用したメタ解析による発現変動遺伝子の特定. 昆虫DNA研究会第19回研究集会, 昆虫DNA研究会, 大阪, 2023年7月23日
5. 坊農秀雅, バイオDXによるゲノム編集基盤技術開発におけるバイオインフォマティクスの役割. 沖縄ならではのSociety5.0実現に向けて, 健康・医療データサイエンス人材育成委託業務受託コンソーシアム, 沖縄, 2023年8月9日
- 6. 井川 武, 白神賢人, Priambodo Bagus, 浅枝優花, 坊農秀雅, 荻野 肇, 温泉ガエルの新規ゲノム決定と遺伝子発現解析による高温適応因子の同定. 第46回日本分子生物学会年会, 日本分子生物学会, 神戸ポートアイランド, 2023年12月6日
7. 小野擁子, 坊農秀雅, バイオDXを活用した新規低酸素応答遺伝子の探索手法の開発. 第46回日本分子生物学会年会, 日本分子生物学会, 神戸ポートアイランド, 2023年12月6日
8. 坊農秀雅, 昆虫のDNA配列データ解析を始めよう. 日本昆虫学会第84回大会・第68回日本応用動物昆虫学会大会 合同大会, 日本昆虫学会, 日本応用動物昆虫学会, 仙台, 2024年3月28日
9. 坊農秀雅, 遺伝子機能アノテーションワークフローFanflow4Insects. 日本昆虫学会第84回大会・第68回日本応用動物昆虫学会大会 合同大会, 日本昆虫学会, 日本応用動物昆虫学会, 仙台, 2024年3月28日
10. 梅 浩平, 田村啓太, 坊農秀雅, PacBio HiFi リードシーケンスによるキンウワバトビコバチのゲノム解読と機能アノテーション. 日本昆虫学会第84回大会・第68回日本応用動物昆虫学会大会 合同大会, 日本昆虫学会, 日本応用動物昆虫学会, 仙台, 2024年3月28日

一般講演

1. 中前和恭, 坊農秀雅, DANGER Analysis:表現型への影響を評価する新規オフターゲット解析ツール. 日本ゲノム編集学会 第8回大会, 日本ゲノム編集学会, 東京, 2023年6月6日
2. 鈴木貴之, 坊農秀雅, 網羅的なゲノム編集メタデータベース構築とその解析. 日本ゲノム編集学会 第8回大会, 日本ゲノム編集学会, 東京, 2023年6月6日
3. 米澤奏良, 坊農秀雅, 公共遺伝子発現データベースを用いた熱ストレス関連遺伝子のメタ解析. 日本ゲノム編集学会 第8回大会, 日本ゲノム編集学会, 東京, 2023年6月6日
4. 田村啓太, 坂本美佳, 谷澤靖洋, 望月孝子, 松下修司, 加藤義啓, 石川 武, 奥原啓輔, 中村保一, 坊農秀雅, PacBio HiFi リードによるアカシソのゲノム配列の解読. 第40回日本植物バイオテクノロジー学会 (千葉) 大会, 日本植物バイオテクノロジー学会, 千葉, 2023年9月10日
- 5. 井川 武, Bagus Priambodo, 白神賢人, 浅枝優花, 坊農秀雅, 荻野 肇, 温泉ガエルの高温耐性に関わる比較ゲノム及び集団ゲノミクス. 極限環境適応研究会 2023, 生理学研究所, 岡崎コンファレンスセンター, 2023年11月9日
6. 米澤奏良, 坊農秀雅, ヒト、マウス、イネを対象とした公共遺伝子発現データベースを用いた熱ストレス関連遺伝子のメタ解析. 第46回日本分子生物学会年会, 日本分子生物学会, 神戸ポートアイランド, 2023年12月6日
7. 新谷光雄, 田村啓太, 坊農秀雅, シロイヌナズナ公共RNA-Seqデータのメタ解析による新規のアブシジン酸および非生物的ストレス応答性遺伝子の探索. 第46回日本分子生物学会年会, 日本分子生物学会, 神戸ポートアイランド, 2023年12月6日
8. 鈴木貴之, 坊農秀雅, パーキンソン病における酸化ストレスを対象とした研究候補遺伝子探索手法の開発. 第46回日本分子生物学会年会, 日本分子生物学会, 神戸ポートアイランド, 2023年12月6日
9. 梶 浩平, 坂本卓磨, 神田美幸, 田村啓太, 奥原啓輔, 天竺桂弘子, 坊農秀雅, 日本産キンウワバトビコバチのロングリードシーケンスによるゲノムアセンブリの構築, 第46回日本分子生物学会年会, 日本分子生物学会, 神戸ポートアイランド, 2023年12月6日
10. 野津 了, 門田満隆, 中村 将, 工樂樹洋, 坊農秀雅, 雌性先熟魚における生殖腺トランスクリプトームのメタ解析. 第46回日本分子生物学会年会, 日本分子生物学会, 神戸ポートアイランド, 2023年12月6日
- 11. 井川 武, 白神賢人, Priambodo Bagus, 浅枝優花, 坊農秀雅, 荻野 肇, カジカガエル類2種の新規ゲノム決定と温度適応関連遺伝子の同定. 日本爬虫両棲類学会 第62回船橋大会, 日本爬虫両棲類学会, 東邦大学習志野キャンパス, 2023年12月9日
12. 關 光, 森田遥絵, 北村実紗子, 岡本有平, 田村啓太, 坊農秀雅, 村中俊哉, ダイズにおいてソヤサポニン生合成を制御するbHLH 型転写因子の機能解析. 第65回日本植物生理学会年会, 日本植物生理学会, 神戸, 2024年3月17日
13. 田村啓太, 坊農秀雅, ロングリードシーケンサーによる植物ゲノム解析とそのデータ駆動型ゲノム育種への応用. 第65回日本植物生理学会年会, 日本植物生理学会, 神戸, 2024年3月17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（2021.10-） 矢田裕一郎
- ・広島大学研究員（2022.4-） 太田亮作
- ・広島大学研究員（2023.4-） 鎌本直也
- ・広島大学研究員（2023.4-6） 松下優貴
- ・日本学術振興会・外国人特別研究員（一般）（2023.4-2024.1辞職） Tayebbeh ABEDI
- ・外国人留学生（博士課程後期） Yutong SONG
- ・外国人留学生（博士課程後期） 鞠 涵秋
- ・外国人留学生（博士課程後期） LIU SU
- ・外国人留学生（理学研究科博士課程後期） CHEN JINGQIU
- ・企業研究者1名（㈱ダイセル）

1-4-4 研究助成金の受入状況

- 栗津暁紀：科学研究費助成事業・基盤研究（C）「非コードDNAをコアとする核内構造体による転写制御のライブ観察駆動型数理研究」代表
- 栗津暁紀：科学研究費助成事業・基盤研究（B）「社会性昆虫に学ぶ柔軟で頑健な組織づくりと機能発現の実験的および理論的研究」分担
- 栗津暁紀：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」分担
- 栗津暁紀：科学研究費助成事業・挑戦的研究（開拓）「3次元電子顕微鏡像と粗視化モデルによる核内クロマチン立体構造決定法の開発」分担
- 藤井雅史：武田科学振興財団 特定研究助成 「核膜障害を起源とする細胞・個体老化の分子機構解明と治療戦略の基盤構築」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
- 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：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
- 飯間 信：科学研究費助成事業・学術変革領域研究（A）「微生物の行動および環境とのクロストークアルゴリズムの解明」代表
- 飯間 信：科学研究費助成事業・学術変革領域研究（A）「ジオラマ環境で覚醒する原生知能を定式化する細胞行動力学」分担
- 飯間 信：RIMS共同研究（グループ型A）「生物流体力学における境界の役割」代表
- 本田直樹：科学研究費助成事業・学術変革領域研究（B）総括班「あいまい環境に対峙する脳・生命体の情報獲得戦略の解明」分担
- 本田直樹：科学研究費助成事業・学術変革領域研究（B）計画班「新自由エネルギー原理の確立」代表
- 本田直樹：AMED 脳とこころの研究推進プログラム（領域横断的かつ萌芽的脳研究プロジェクト）「光学的膜電位計測を応用した神経ネットワーク解析技術の開発」分担
- 本田直樹：AMED 脳とこころの研究推進プログラム（領域横断的かつ萌芽的脳研究プロジェクト）

- ト)「数理モデルに基づいたニューロモデュレーションによる前頭前野機能と自閉症
状への効果に関する研究開発」分担
- 本田直樹：AMED 脳とこころの研究推進プログラム（精神・神経疾患メカニズム解明プロジェ
クト）「精神疾患横断的なひきこもり病理における意思決定行動異常とその脳回路・
分子ネットワークの解明」分担
- 本田直樹：科学研究費助成事業・基盤研究（B）「多細胞動態を司る支配方程式のデータ駆動的解
読」代表
- 本田直樹：JST ムーンショット型研究開発事業「臓器連関の包括的理解に基づく認知症関連疾患
の克服に向けて」分担（数理AI班統括）
- 本田直樹：ExCELLS連携研究「生体情報処理のデータ駆動的解読と数理モデリング」代表
- 矢田祐一郎：科学研究費助成事業・若手研究「脆弱X症候群モデル神経細胞における活動パター
ンの多様性とその応用」代表
- 藤本仰一：科学研究費助成事業・挑戦的研究（萌芽）「刺胞動物の放射対称性と左右対称性を調節
する原理の構成的理解：実験と数理モデル」代表
- 藤本仰一：科学研究費助成事業・新学術領域研究 公募班「器官配置の周期を構成し変調するメリ
ステム動態の理論生物学」代表
- 藤本仰一：JST・CREST「生命情報の低次元化を起点とする多階層モデル駆動型研究戦略の創出」
分担
- 斉藤 稔：トポロジカル欠陥に駆動される3D形態形成解明のための数理研究（学術変革A公募研
究）
- 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）「自己駆動体の集団運動に対する数理モデリング
と数理解析」分担
- 中田 聡：物質・デバイス領域共同研究拠点「非平衡下で時空間発展する自己駆動体の構築」
(20231004) 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
- 中田 聡：池谷科学技術振興財団「環境に適応した運動様相を自動選択する自己駆動体の構築」
(0351181-A) 代表

松尾宗征：文部科学省 卓越研究員事業「超越分子が示すダイナミクス」代表

松尾宗征：科学研究費助成事業・若手研究「物理的自触媒反応で実現する自己増殖アクティブマター」代表

松尾宗征：科学研究費助成事業・学術変革B「核酸および高精度分離法を利用する精密高分子の進化システム」分担

松尾宗征：「アプタマーを利用した微生物の見える化に関する技術開発」(株)ダイキン工業 分担

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・共創の場形成支援プログラム (COI-NEXT) スタートアップ創出/成長の促進支援代表

山本 卓：JST・A-step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：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を用いたHBV排除への創薬研究」分担

山本 卓：NEDO, グリーンイノベーション基金「光合成によるCO₂直接利用を基盤とした日本発グローバル産業構築」分担

山本 卓：科学研究費助成事業・基盤研究 (A)「糖鎖応答B細胞による癌免疫回避機構の解明と制御法の開発」分担

坂本尚昭：科学研究費助成事業・基盤研究 (C)「非コードDNAをコアとする核内構造体による転写制御のライブ観察駆動型数理研究」分担

細羽康介：創薬支援推進事業・創薬総合支援事業「多発性嚢胞腎に対する新規治療剤の探索」分担

栗田朋和：科学研究費助成事業・基盤研究 (C)「微細藻類における導入遺伝子サイズや導入回数制限を解除する新規ノックイン法の開発」代表

坂本 敦：科学研究費助成事業・基盤研究 (C)「オルガネラ動態が駆動するアブシシン酸の迅速生成機構の解明と膜交通モデルの検証」代表

坂本 敦：科学研究費助成事業・外国人特別研究員奨励費「Emerging role of organellar dynamics-driven protein transport in phytohormone production」受入研究者

坂本 敦：共同研究費「藻類生理学研究」代表 (マツダ株式会社)

坂本 敦：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

島田裕士：科学研究費助成事業・基盤研究 (B)「二酸化炭素固定化酵素Rubiscoの酸化失活・分解の生理生態学的意義の再定義」代表

島田裕士：科学研究費助成事業・挑戦的研究 (萌芽)「光合成を標的としたケミカルバイオロジーによる植物成長促進剤の開発研究」代表

島田裕士：共同研究費「光合成活性促進技術の研究」代表 (太平電業株式会社)

高橋美佐：科学研究費助成事業・基盤研究 (C)「二酸化窒素による転写制御因子の翻訳後修飾を介した植物成長制御機構の解明」代表

岡崎久美子：共同研究費「藻類生理学研究」分担 (マツダ株式会社)

佐久間哲史：科学研究費助成事業・基盤研究 (C)「マルチクラスCRISPRによる多重・大規模かつ高精細なゲノム編集技術の開発」代表

佐久間哲史：科学研究費助成事業・基盤研究 (C)「マウスin vivo エピゲノム編集による焦点性てんかん発症機序の解明」分担

佐久間哲史：科学研究費助成事業・基盤研究（B）「オルガノイドを用いた肺大細胞神経内分泌癌の分子病態および発癌メカニズムの解明」分担

佐久間哲史：科学研究費助成事業・基盤研究（C）「微細藻類における導入遺伝子サイズや導入回数制限を解除する新規ノックイン法の開発」分担

佐久間哲史：NIH・Vision Research Grant「A two-pronged approach to generating novel models of photoreceptor degeneration for regenerative cell therapy」分担

清水直登：科学研究費助成事業・若手研究「MRE11の新機能に着目したMRNの動的構造解析」代表

清水直登：公益財団法人 放射線影響協会・研究奨励助成「放射線が誘発するDNA二本鎖切断の修復中間体解消機構の解明」代表

坊農秀雅：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

坊農秀雅：NEDO, グリーンイノベーション基金「光合成によるCO₂直接利用を基盤とした日本発グローバル産業構築」分担

坊農秀雅：科学研究費助成事業・挑戦的研究（開拓）「組織擬態を成立させる識別制御の仕組みの解明」分担

坊農秀雅：科学研究費助成事業・基盤研究（A）「新規脳内小タンパク質NPGLによる生活習慣病発症防止メカニズムの解明」分担

坊農秀雅：科学研究費助成事業・基盤研究（B）「最長寿・がん化耐性ハダカデバネズミにおける生体内発がん抑制機構の解明」分担

1-4-5 学界ならびに社会での活動

大西 勇：社会活動として, youtube, Note, com など, 2023年度に行った, 学部4年生, 大学院生向けの講義の記録を残し, だれでもみれるようにしている。その他, 一般的な啓蒙記事もいくつか (20くらい) 2023年度中に書いている。

栗津暁紀：物性研究地方編集委員

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

飯間 信：日本流体力学会 理事

飯間 信：Journal of the Physical Society of Japan 編集委員

飯間 信：Hiroshima Mathematical Journal 編集委員

本田直樹：京都大学生命科学・特命教授

本田直樹：生命創成探究センター・客員教授

本田直樹：名古屋大学理学研究科・客員教授

本田直樹：Frontier in Physiology 誌 Guest Editor

本田直樹：定量生物学の会第10回年会：企画・運営委員

藤本仰一：大阪大学理学研究科・招へい教授

藤本仰一：Frontier in Cell Developmental Biology誌 Review Editor

斉藤 稔：Nen Saito, Statistical Physics and Information-Processing in Living Systems (国際会議) 2023.8.3-5, 東京大学 (駒場キャンパス)

斉藤 稔：斉藤 稔, 藤井雅史, 研究会「理論と実験」2023, 広島大学, 2023.10.5-6

齊藤 稔：本田直樹, 齊藤 稔, SSTB2024 -Spring School for Theoretical Biology 2024, 広島大学,
 (学士会館) 2024.2.20-22
 中田 聡：Gordon Research Conference, “Oscillations and Dynamic Instabilities in Chemical Systems”,
 Chair
 中田 聡：北方民族大学 客員教授
 中田 聡：コロイドおよび界面化学討論会 実行委員
 中田 聡：西日本非線形科学研究会 世話人
 中田 聡：日本化学会 2024年度学術賞・進歩賞選考委員会委員
 藤原好恒：日本磁気科学会 理事
 藤原好恒：第15回日本磁気科学会年会 実行委員
 松尾宗征：東京大学 特任助教
 松尾宗征：Frontier in Physics誌 Guest Editor
 松尾宗征：バイオ分析研究会 運営委員
 山本 卓：日本ゲノム編集学会 副会長
 山本 卓：日本学術会議 連携会員
 山本 卓：日本学術会議 遺伝学分子科会・幹事
 山本 卓：国立研究開発法人科学技術振興機構(JST) CREST領域アドバイザー
 山本 卓：バイオDX推進機構 代表理事
 山本 卓：広島バイオテクノロジー推進協議会 理事
 山本 卓：Mary Ann Liebert出版・CRISPR Journal誌 Editorial Board Member
 山本 卓：Elsevier出版・Gene and Genome Editing誌 Executive Editor
 山本 卓：ナショナルバイオリソース事業ネットイニシアチブ運営委員会委員
 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：東京医科歯科大学非常勤講師
 山本 卓：山口大学医学部非常勤講師
 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
 中坪(光永) 敬子：日本動物学会男女共同参画委員会第11期委員
 佐久間哲史：Nature Publishing Group・Scientific Reports誌 Editorial Board Member
 佐久間哲史：Springer Nature・In Vitro Cellular & Developmental Biology - Animal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 第9回大会 準備委員
 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9回ゲノム編集講習会 講師
 坂本 敦：国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構 生物系特定産業技術研究支援セン
 ター, 「オープンイノベーション研究・実用化推進事業」評議委員
 坊農秀雅：ナショナルバイオリソース事業情報運営委員会委員
 坊農秀雅：情報・システム研究機構・データサイエンス共同利用基盤施設・ライフサイエンス統

合データベースセンター客員教授
坊農秀雅：一般社団法人バイオDX推進機構理事

○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

データ駆動生物学研究グループ

- ・ トヨタ自動車-京都大学におけるモビリティ基盤数理との共同研究推進

複雑系生命数理グループ

- ・ 藤本 仰一, P&Gとの共同研究

自己組織化学グループ

- ・ 中田 聡, (株)資生堂との共同研究
- ・ 中田 聡, (株)におい科学研究所との共同研究
- ・ 松尾宗征, (株)ダイキン工業との共同研究

分子遺伝学研究グループ

- ・ 山本 卓, (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, (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, (株)小林製薬：ゲノム編集技術に関する研究
- ・ 山本 卓, 坂本尚昭, リージョナルフィッシュ(株)：ゲノム編集を用いた海産生物での遺伝子改変技術の開発
- ・ 山本 卓, 栗田朋和, (株)ダイセル：ゲノム編集技術に関する研究
- ・ 山本 卓, 佐久間哲史, (株)VC Gene Therapy：ゲノム編集を用いた遺伝子治療技術の開発
- ・ 坂本尚昭, 山本 卓, (株)FOOD & LIFE COMPANIES：ウニの品種改良（育種）に関する研究
- ・ 佐久間哲史, 住友化学(株)：ゲノム編集技術に関する研究

分子形質発現学グループ

- ・ 坂本 敦, 岡崎久美子：マツダ株式会社との共同研究講座（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）における産学共創研究を実施継続

遺伝子化学研究グループ

- ・ 佐久間哲史, 住友化学(株)：ゲノム編集技術に関する研究

ゲノム情報科学研究グループ

- ・ 坊農秀雅：ゲノム編集イノベーションセンター バイオDX研究室（プラチナバイオ共同研究講座）を継続（プラチナバイオ株式会社との共同研究）
- ・ 坊農秀雅：アース製薬株式会社との共同研究
- ・ 坊農秀雅：フマキラー株式会社との共同研究
- ・ 坊農秀雅：株式会社Food & Life Companiesとの共同研究
- ・ 坊農秀雅：株式会社ちとせ研究所との共同研究

1-5 その他特記事項

大西 勇：2023年度の2月ごろから、産学協働について、シリアスに動いている。2025年度には、相応の研究費にも応募したい。

藤田雄介, 飯間 信：「Physical Review Fluids」に掲載された論文「Dynamic lift enhancement mechanism of dragonfly wing model by vortex-corrugation interaction」がEditors' Suggestionsに選定された

藤田雄介, 飯間 信：テレビ新広島(TSS)「ライク！」にて報道「昆虫型ドローンへの応用に期待 トンボのハネ断面の凹凸によって揚力10%アップ 広島大学が研究」2023年12月20日

藤田雄介, 飯間 信：朝日新聞広島版にて掲載「トンボ 飛行機より飛ぶ？」2023年12月26日

藤田雄介, 飯間 信：中国新聞にて掲載「羽に凸凹 トンボ揚力増」2024年1月11日

藤田雄介, 飯間 信：Hiroshima University Update, “Dragonfly wings used to study relationship between corrugated wing structure and vortex motions”, 2024年3月19日

藤原好恒：広島大学総合博物館のニューズレター HUM-HUM Vol.14・15のフォトアルバム@キャンパス用の原稿および写真

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

坂本尚昭：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」教育委員

中坪敬子：広島大学財務・総務室 人事部 福利厚生グループ 男女共同参画推進室協力教員

栗田朋和：2023年度 数理生命科学プログラム シンポジウムで発表「藻類バイオディーゼル実用化のための真核微細藻類におけるゲノム編集システムの開発」

栗田朋和, 岩井雅子, 岡崎久美子, 前田真一郎, 坂本 敦, 太田啓之, 佐久間哲史, 山本 卓：特願2023-82263, 「DNA挿入方法及びこれを用いた細胞製造方法, 並びに, これらの方法に用いるためのDNA挿入用ベクター及びDNA挿入用キット」

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：リージョナルフィッシュ株式会社, 科学技術顧問

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：広島大学組換えDNA実験安全委員会委員

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

坊農秀雅：特別授業&体験型ワークショップ「分子系統樹をつくろう」, 特別授業：研究がつなぐ未来 バイオインフォマティクスの役割にて講師 一般社団法人バイオDX推進機構主催 2023年11月12日開催

○特許取得

山本 卓, 佐久間哲史：国内取得4件, 外国取得12件

坂本 敦：国内取得1件, 外国取得1件

坂本 敦, 岡崎久美子：外国取得1件

○特許出願

山本 卓, 佐久間哲史：国内出願5件, PCT出願1件, 外国移行2件

佐久間哲史：PCT出願1件