

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

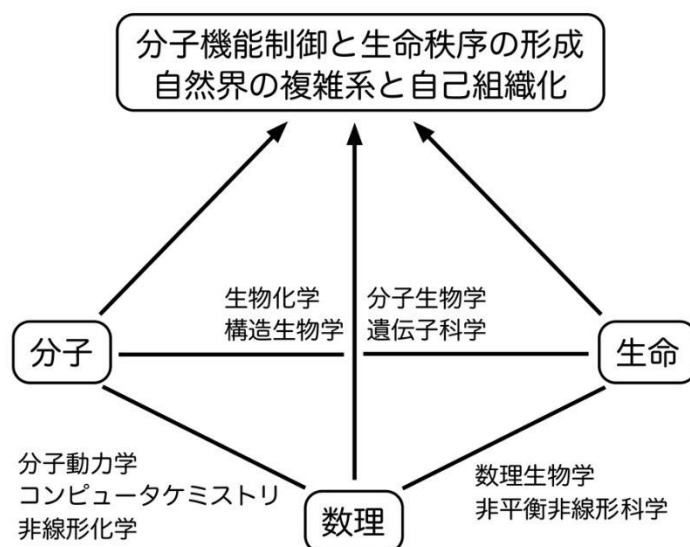
数理生命科学プログラム・数理分子生命理学専攻の概要

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6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 中田 聡

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6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 6 年 度
三系代表者会議	藤本, 中田, 大森
就職担当	本田(9月迄)/中田 (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	松尾
チューター	中田, 高橋

○印 委員長

・理学研究科における各種委員会の数理分子生命理学専攻委員

委 員 会 名	令 和 6 年 度
研究科代議委員会	中田
評価委員会	藤本, 坊農
広報委員会	栗津
地区防災対策委員会	中田
大学院委員会	島田

・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 6 年 度
プログラム長	中田
副プログラム長	大森
研究推進委員会 (2年任期)	山本
国際交流委員会 (2年任期)	本田
広報委員 (2年任期)	栗津
学務委員 (2年任期)	斉藤
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 6 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6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），藤田雄介（助教）
 データ駆動生物学グループ：本田直樹（教授）
 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），松尾宗征（助教），
 久世雅和（助教）
 生物化学研究グループ：泉 俊輔（教授），芦田嘉之（助教）
 分子遺伝学研究グループ：山本 卓（教授），坂本尚昭（准教授），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）
 ゲノム機能科学グループ：大森義裕（教授）
 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6年度の非常勤講師＞

雨宮 隆（横浜国立大学 大学院環境情報研究院 自然環境と情報部門・教授）
 「細胞の中の化学反応ダイナミクスの基礎と応用」
 山道 真人（東京大学 生産技術研究所・准教授）
 「迅速な進化と生態-進化フィードバックの数理モデリング」
 河口 理紗（東京大学 大学院薬学系研究科・准教授）
 「高次元生命情報の数理」
 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6年度

令和 6年 4月 1日 大森義裕（ゲノム機能科学 教授）着任
令和 6年 4月 1日 藤田雄介（生命流体数理学 助教）着任
令和 6年 4月 1日 久世雅和（自己組織化学 助教）着任
令和 6年 9月30日 本田直樹（データ駆動生物学 教授）併任
令和 7年 3月31日 楯 真一（分子生物物理学 教授）定年退職
令和 7年 3月31日 中坪敬子（分子遺伝学 助教）定年退職

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の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6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6年度	43 (8) [0 (0)] <0 (0)>	27 (6) [0 (0)] <6 (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6年度のチューター

	博士課程前期	博士課程後期
令和6年度生	中田，高橋	中田，高橋

・令和6年度授業科目履修表

数理生命科学プログラム （博士課程前期）

科目区分			授業科目の名称	配当年次	単位数	履修方法及び修了要件				
必修科目	研究科共通科目		統合生命科学特別講義	1	2	12単位	○履修方法 1 必修科目 研究科共通科目 4単位 プログラム専門科目 8単位			
			生命科学研究法	1	2					
	プログラム専門科目		数理計算理学概論	1	2					
			生命理学概論	1	2					
			数理生命科学特別研究	1～2	4					
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	1・2	1	1単位以上	2 選択必修科目 大学院共通科目 1単位以上 持続可能な発展科目 1単位以上 キャリア開発・データリテラシー科目 1単位以上 研究科共通科目 2単位以上 プログラム専門科目 8単位以上 (数理計算理学特別演習A・B 又は 生命理学特別演習A・B の4単位を含む)			
			Japanese Experience of Social Development-Economy, Infrastructure, and Peace	1・2	1					
			Japanese Experience of Human Development-Culture, Education, and Health	1・2	1					
			SDGsへの学問的アプローチA	1・2	1					
			SDGsへの学問的アプローチB	1・2	1					
			ダイバーシティの理解	1・2	1					
			SDGsへの実践的アプローチ	1・2	1					
			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					
			キャリア開発・データリテラシー科目	データリテラシー	1・2			1		
				医療情報リテラシー	1・2			1		
		人文社会系キャリアマネジメント		1・2	2					
		理工系キャリアマネジメント		1・2	2					
		ストレスマネジメント		1・2	2					
		研究科共通科目		MOT入門	1・2			1	1単位以上	3 選択科目 他プログラム及び他研究科専門科目 6単位以上 (履修に当たっては、指導教員グループに相談の上、履修科目を決定する。)
				情報セキュリティ	1・2			1		
			アントレプレナーシップ概論	1・2	1					
			情報科学概論Ⅰ	1・2	1					
			情報科学概論Ⅱ	1・2	1					
			理系基礎研究者養成概論	1・2	1					
	研究科共通科目			生命科学社会実装論	1	2	2単位以上	○修了要件 1 必修科目 12単位 選択必修科目 12単位以上 選択科目 6単位以上 合 計 30単位以上 2 研究指導 3 修士論文 若しくは 所定の基準による研究成果の審査及び最終試験 又は 博士論文研究基礎力審査に合格すること		
				科学技術英語表現法	2	2				
				コミュニケーション能力開発	1	2				
				海外学術活動演習	1・2	2				
	プログラム専門科目			プログラム共同セミナーA	1・2	2	4単位以上	◎自由科目について 自由科目は、修了要件上のプログラム専門科目や他プログラム専門科目に加えることができないことに注意すること。なお、教育職員免許状を取得する場合、数理計算理学特論A～Dは数学、生命理学特論A～Dは理科の「教科及び教科の指導法に関する科目」としてそれぞれの教科の専修免許状に必要な修得単位数に加えることができる。		
				数理計算理学特別演習A	1	2				
				数理計算理学特別演習B	1	2				
				生命理学特別演習A	1	2				
				生命理学特別演習B	1	2				
				数理モデリングA	1・2	2				
				数理モデリングB	1・2	2				
		数理モデリングC		1・2	2					
		数理モデリングD		1・2	2					
		計算数理科学A		1・2	2					
		計算数理科学B		1・2	2					
		数理生物学		1・2	2					
		応用数理学A		1・2	2					
		応用数理学B		1・2	2					
		大規模計算・データ科学		1・2	2					
		分子遺伝学		1・2	2					
		分子形質発現学		1・2	2					
		遺伝子化学		1・2	2					
		分子生物物理学		1・2	2					
プロテオミクス		1・2		2						
プロテオミクス実験法・同実習		1・2		2						
生物化学A		1・2		2						
生物化学B		1・2		2						
自己組織化学A		1・2		2						
自己組織化学B		1・2		2						
数理生命科学特別講義A		1・2		1(注)						
数理生命科学特別講義B		1・2		1(注)						
数理生命科学特別講義C		1・2		1(注)						
数理生命科学特別講義D		1・2		1(注)						
自由科目			数理計算理学特論A	1・2	2	2単位以上				
		数理計算理学特論B	1・2	2						
		数理計算理学特論C	1・2	2						
		数理計算理学特論D	1・2	2						
		生命理学特論A	1・2	2						
		生命理学特論B	1・2	2						
		生命理学特論C	1・2	2						
		生命理学特論D	1・2	2						

・令和6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	履修方法及び修了要件		
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	12単位	○履修方法 1 必修科目 プログラム専門科目 12単位	
		持続可能な発展科目	1・2・3	1	1単位以上	2 選択必修科目 大学院共通科目 持続可能な発展科目 1単位以上 キャリア開発・データリテラシー科目 1単位以上 研究科共通科目 4単位以上 プログラム専門科目 2単位以上	
選択必修科目	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	1・2・3	2	1単位以上	○修了要件 1 必修科目 12単位 選択必修科目 8単位以上 合 計 20単位以上 2 研究指導 3 博士論文 博士論文の審査及び最終試験に合格すること
		パターン認識と機械学習	1・2・3	2			
		データサイエンティスト養成	1・2・3	1			
		医療情報リテラシー活用	1・2・3	1			
		リーダーシップ手法	1・2・3	1			
		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			
		イノベーション演習	1・2・3	2			
		長期インターンシップ	1・2・3	2			
		事業創造概論	1・2・3	1			
		研究共通科目	生命科学研究計画法	1	2		4単位以上
	海外学術研究		1・2・3	2			
	生命科学キャリアデザイン開発		1	2			
	生物・生命系長期インターンシップ		1・2・3	2			
	プログラム共同セミナーB		1・2・3	2			
	プログラム専門科目	数理生命科学特別講義E	1・2・3	1	2単位以上		
		数理生命科学特別講義F	1・2・3	1			
		数理生命科学特別講義G	1・2・3	1			
		数理生命科学特別講義H	1・2・3	1			

・各研究グループの在籍学生数

令和6年度

研究グループ名	M1	M2	D1	D2	D3	D+
数理計算理学講座	9	11	4	4	0	0
非線形数理学	0	0	0	0	0	0
現象数理学	1	4	0	0	0	0
生命流体数理学	1	1	0	0	0	0
データ駆動生物学	3	4	3	4	0	0
複雑系生命数理学	2	0	1	0	0	0
計算生命数理学	2	2	0	0	0	0
生命理学講座	10	13	5	5	5	4
分子生物物理学	3	4	0	1	0	0
自己組織化学	3	2	1	1	2	1
生物化学	1	0	0	0	1	0
分子遺伝学	2	4	0	1	1	3
分子形質発現学	1	1	0	1	1	0
ゲノム機能科学	0	0	0	0	0	0
ゲノム情報科学	0	2	4	1	0	0
計	19	24	9	9	5	4

・博士課程修了者の進路

(修了年の5月1日現在)

		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 6年度	27	5	4	1	2	2	0	14	9	4

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	34件
博士課程後期の学生が共同研究者の発表件数	26件
博士課程前期・後期の学生が共に共同発表した件数	1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	1件
博士課程後期の学生が共同研究者の発表件数	8件
博士課程前期・後期の学生が共に共同発表した件数	0件

1-3-5 修士論文発表実績

・令和6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6年度

烏野 素生	博士論文研究基礎力審査（QE1）対象	坊農 秀雅
WALEED AHMED	Enantio-dependent change in the inhibitory activities of amino acids against stress granule formation. （ストレス顆粒形成に対するアミノ酸の阻害活性のエナントオ依存的变化）	楯 真一
藤野 拓也	Self-propelled object exhibiting characteristic motions by chemical reactions （化学反応で特徴的な運動を示す自己駆動体）	中田 聡
片岡 優之介	Identifying Multi-Organ Networks from Single Cell Data using Optimal Transport （多臓器1細胞RNA-seqデータから臓器関連を測定する最適輸送理論）	本田 直樹
大古 真矢	Enhancement of functionality and application of transcriptional regulation technologies using Class 1 Type I-E CRISPR system （Class 1 Type I-E CRISPRシステムを用いた転写制御技術の高度化と応用）	坂本 尚昭
窪田 隆正	Fourier Contour Cell model for Migration Cell Shapes and Analysis of Collective Cell Migration （フーリエ輪郭モデルを用いた遊走細胞形状の表現と細胞集団運動の解析）	斉藤 稔
NGUYEN THUY TRANG	Structural Biology of the Regulatory Mechanism of Hepatitis B Virus Replication by Intrinsically Disordered Proteins （天然変性タンパク質によるB型肝炎ウイルス複製制御機構の構造生物学的解析について）	楯 真一
上久保 冬野	Euglena's photomovement analysis : comparison between mathematical model and three-dimensional trajectory analysis （ミドリムシの光応答運動の解析：数理モデルと3D軌道解析実験の比較）	飯間 信
本田 晃誠	Relationships among Late-onset Alzheimer's disease progression, epigenetic status, and APOE genotype by public data analysis （公共データ解析による遅発性アルツハイマー病の病態進行-エピゲノム状態 -APOE遺伝型間関係の考察）	栗津 暁紀
竹本 大悟	Choline transport function of the heme transporter FLVCR in sea urchins and its evolutionary conservation （ヘムトランスポーターFLVCRによるウニでのコリン輸送機能とその進化的保存性）	栗津 暁紀
弓矢 誠	博士論文研究基礎力審査（QE1）対象	坊農 秀雅
福井 雅也	Simulation of multilevel life processes for cellular morphological adaptation （細胞の形態適応を対象とした多階層生命プロセスのシミュレーション解析の基盤構築）	本田 直樹

結城 孝志朗	Elucidation of NANOS gene function in sea urchin, <i>Hemicentrotus pulcherrimus</i> . (バフンウニにおけるNANOS遺伝子の機能解明)	坂本 尚昭
栗山 恭一	In silico and experimental exploration of a novel enzyme in allantoin biosynthesis in <i>Arabidopsis</i> (シロイヌナズナの新規アラントイン生合成系酵素の in silico および実験的探索)	坂本 敦
赤瀬 まりな	Development of FirmCut Platinum TALE nickases for highly efficient and precise gene knock-in (高効率かつ正確な遺伝子ノックイン技術の確立に向けた FirmCut Platinum TALE ニッカーゼの開発)	坂本 尚昭
川田 龍輔	Protein Optimization Strategy via Bayesian Optimization and Multicanonical MCMC (ベイズ最適化とMulticanonicalMCMC によるタンパク質最適化戦略)	本田 直樹
高村 征矢	Formation of spatial order in a mathematical model of dividing cells (分裂を考慮した細胞集団モデルによる空間秩序形成)	斉藤 稔
谷井 宏暢	Elucidation of the mechanism of intracellular accumulation of hepatitis B virus core protein (B型肝炎ウイルス内殻タンパク質の細胞内集積機構の解明)	楯 真一
原岡 郁弥	Identification of specific genomic regions regulating three-dimensional chromosome structures and consideration of their functions and mechanisms (染色体の3次元構造を制御する特異的ゲノム領域の同定及びその機能と機序の考察)	栗津 暁紀
AKBAR MARIA	Exploring the Molecular Mechanism for the Liquid-Liquid Phase Separation of TIA-1 Protein. (TIA-1タンパク質の液液相分離の分子機構を探る)	楯 真一
仲田 覇人	Mathematical modeling of communication between individual organisms and spontaneous firing activity in neurons using dynamic plastic coupled dynamical systems with spatial local interactions. (空間的局所相互作用を伴う動的・可塑的結合力学系による生物個体間コミュニケーションおよび自発発火活動のモデル化)	栗津 暁紀
立石 舞	Oscillatory motion of a self-propelled camphor object in response to inorganic salts (無機塩に応答する樟脳自己駆動体の振動運動)	中田 聡
井口 大雅	博士論文研究基礎力審査 (QE1) 対象	坂本 尚昭

1-3-6 博士学位

授与年月日を〔 〕内に記す。

・令和6年度学位授与

藤田 理沙〔令和7年3月23日〕（甲）

Nature of Self-Propulsion Sensitive to 2- and 3-Dimensional Fields

（2次元場および3次元場に応答する自己駆動体の運動様相）

主査：中田 聡 教授

副査：飯間 信 教授，泉 俊輔 教授，田中 晋平 准教授

鞠 涵秋〔令和7年3月23日〕（甲）

機械学習を用いたAFMライブイメージングから細胞骨格ネットワークの再構成法

（A Reconstruction Method for Cytoskeleton Network from Live-cell AFM Images using Machine Learning）

主査：本田 直樹 教授

副査：藤本 仰一 教授，斉藤 稔 准教授，中江 健 特任准教授

池田 秀也〔令和7年3月23日〕（甲）

大規模言語モデルを用いた生命科学データベースからの知識抽出手法の開発

（Development of knowledge extraction methods from life science databases using large language models）

主査：坊農 秀雅 教授

副査：大森 義裕 教授，井川 武 准教授，栗津 暁紀 准教授，大田 達郎 准教授

1-3-7 TAの実績

【1】ティーチング・アシスタント

令和6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	D3
竹内 優太	分子形質発現学	D2
東野 伊織	データ駆動生物学	D1
久保寺 裕進	自己組織化学	D1
鎌迫 睦	データ駆動生物学	M2
福井 雅也	データ駆動生物学	M2
高村 征矢	計算生命数理学	M2
仲田 覇人	現象数理学	M2
竹本 大悟	現象数理学	M2
栗山 恭一	分子形質発現学	M2
井口 大雅	分子遺伝学	M2
結城 孝志朗	分子遺伝学	M2
毛利 佳乃	複雑系生命数理学	M1
鈴木 透也	複雑系生命数理学	M1
三好 晃輔	計算生命数理学	M1
江本 光	計算生命数理学	M1
吉村 仁	データ駆動生物学	M1
佐藤 はるな★		B4
山本 佳音★		B4

★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

該当無し

- ・数理生命科学プログラム主催の講演会・セミナー

理論生物学春の学校 SSTB2025 2025/02/19-21 於：広島大学

- ・学術団体等からの受賞実績

該当無し

- ・学生の受賞実績

鳥野素生：ゲノム編集先端人材育成プログラム（卓越大学院プログラム）「入学後の学業成績及び在学中の学術活動成果等における顕著な業績があると認められる学生」として、2024年度後期に毎月給付される奨学金を獲得

新谷光雄：2024年度サタケ基金の「学生による学術研究への研究資金助成」採択

新谷光雄：広島大学創発的次世代AI人材育成・支援プロジェクト 次世代AIフェロー採択

米澤奏良：広島大学創発的次世代AI人材育成・支援プロジェクト 次世代AIフェロー採択

- ・産学官連携実績

令和6年度 … 21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6年度
論文	71
著書	4
総説	11
国際会議	43
国内学会（招待・依頼・特別講演）	77
特許出願	17

- ・RAの実績

令和6年度のRA

該当無し

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： タイトル：制御工学と数理科学の交差点で数理物理学を！

内容：これまでの研究・教育の総仕上げ的に、「制御工学と数理科学の交差点で数理物理学を！」というキャッチフレーズの下，数理物理学，制御理論の枠組みの下，その底流にある応用的な力学系を用いて，研究をしています。もう少し具体的には，アクチュエータにヒステリシス構造をもつような決定論的な非線形制御理論の構築，展開，発展に力を注いでいる。さらには，このような非線形性やそれから出てくる特徴的なオブジェクトが含まれるようなダイナミクスを閉ループ系に持つような MBPC (モデル予測制御，Model Based Predictive Control) にも多大に興味を持っている。学生たちには，微積分，線形代数の基礎知識に加えて，複素関数論の初歩，ラプラス変換，凸解析や変分法の初歩，微分方程式や分岐理論の初歩，といった2年生くらいまでに数理科学系の学科，特に，工学部の制御工学科や数理工学科などで学ぶ様々な知恵が役立つ制御理論は，古典的なものから最先端理論まで非常に面白い対象であると思う。また，最近では，産学協働にも携わっていく志である。その中では，“人工光合成”や“CO₂の還元”，“水素吸着合金”などのスイッチング機能が重要な問題に対して，量子力学的多体問題として定式化して，数理物理学的な理論研究を行っている。このような境界領域の複合的な研究，教育にチャレンジしたい！意欲ある学生のチャレンジを望む。

○発表論文

・原著論文

1. ノイズを含む線形システムのための制御戦略の比較分析：MPCの最適ホライズン選択 (Preprint).
2. Site Number Dependence of Hysteresis in Binary Memory Models via Renormalization Group Approach Application to CO₂ Reduction Reaction (Preprint).
3. Feedback Control and Stabilization in Nonlocal Cahn-Hilliard-Brinkman Systems (Preprint).
4. Stochastic Model Predictive Control of Cheer Spikes and Low-Frequency Noise in Outdoor Festivals (Preprint).
5. A Simple Stability Conjecture and Proofs to Lower Dimensional Phase Space's Examples for Discrete-Time Systems: Applications to PID control Theory (To appear in JCPA).
6. Fluctuations in SBM-ODE: Impact of Langevin-Type Noise on Hysteresis in Classical and Quantum Versions for CO₂ Reduction Catalysis (Preprint).
7. Symmetry Breaking and Universality in Quantum Many-Body Hysteresis for CO₂ Reduction (Preprint).
8. Topological Hysteresis in Quantum Many-Body Systems: Applications of the SBM Model and CoS₂ Heterostructures (Preprint).

※Remark：Preprints などは，例えば https://note.com/isamu_o0812 で公開しています

- ・ 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、個々の細胞や臓器における遺伝子発現動態とゲノム・エピゲノム動態を、公共データの数理解析やウニ胚及びイエネコ培養細胞を用いた実験を通じ考察している。さらにイエネコの遺伝的な疾患リスク、ウニの発生・形態形成に関わる遺伝子、脳神経ネットワーク形成やヒト神経疾患について、実験データ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. T. Komoto, K. Ikeo, S. Yaguchi, T. Yamamoto, N. Sakamoto, A. Awazu, “Assembly of continuous high-resolution draft genome sequence of *Hemicentrotus pulcherrimus* using long-read sequencing”, *Development Growth Differ.* 66, 297–304 (2024) 査読あり
- 2. K. Honda, A. Awazu, “Potential multiple disease progression pathways in female patients with Alzheimer’s disease inferred from transcriptome and epigenome data of the dorsolateral prefrontal cortex”, *PLOS ONE* 20, e0313733 (2025) 査読あり

・著書

該当無し

・総説・解説

- 1. A. Awazu, T. Komoto, “Construction of Coarse-Grained Molecular Dynamics Model of Nuclear Global Chromosomes Dynamics in Mammalian Cells”, *Computational Methods for 3D Genome Analysis*. Springer Protocols. Humana Press (Edited by Ryuichiro Nakato) (2024)

○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. 竹本大悟, 渡辺開智, 三澤祐太郎, 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. NGS EXPO 2024, 2024年9月4日-5日, 大阪府立国際会議場

2. 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の解析. NGS EXPO 2024, 2024年9月4日-5日, 大阪府立国際会議場
3. 藤井雅史, 粗視化分子動力学モデルによるタンパク質動態の定量評価. 日本物理学会2024年年会, 2024年9月16日-19日, 北海道大学
4. 本田晃誠, 栗津暁紀, 公共データ解析によるアルツハイマー病の病態進行-エピゲノム状態-APOE遺伝型間関係の考察. 第47回日本分子生物学会年会, 2024年11月26日-29日, 福岡国際会議場, マリンメッセA館・B館
5. 原岡郁弥, 栗津暁紀, ヒト健常由来細胞と疾患由来細胞の特異的な3次元ゲノム構造とその制御領域の特徴. 第47回日本分子生物学会年会, 2024年11月26日-29日, 福岡国際会議場, マリンメッセA館・B館
- ◎6. 後藤梨久都, 坂本尚昭, 栗津暁紀, イエネコ内在性レトロウイルスによるゲノム立体構造形成と転写の揺らぎの解析. 第47回日本分子生物学会年会, 2024年11月26日-29日, 福岡国際会議場, マリンメッセA館・B館
- ◎7. 栗津暁紀, 竹本大悟, 渡辺開智, 後藤梨久都, 坂本尚昭, 公共データの解析によるイエネコの被毛の色依存的な難聴と扁平上皮癌リスクの新規機序推定. 第167回日本獣医学会学術集会, 2024年9月10日-13日, 帯広畜産大学

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）、藤田雄介（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現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、生物周りの流れの制御および微生物の走光性に関する研究を行った。生物周りの流れはリミットサイクルで記述できることが多い。その位相応答を計算し、最適制御に関する研究を行った。またミドリムシ個体の光応答について数理モデルに基づいて詳細に調べ、走光性や光強度の空間勾配に応答することを見いだした。

以下の研究集会を開催した。

1. 飯間 信：ジオラマ行動力学勉強会 in 広島, 東広島, 2024.10.11
2. 飯間 信, 鈴木康祐：生物流体力学における運動・行動の機構, 京都, 2024.10.30-11.1
3. 飯間 信（アドバイザー）：SSTB2025 -Spring School for Theoretical Biology 2025-, 広島, 2025.2.19-21

○発表論文

・原著論文

1. Makoto Iima, Optimal external forces of the lock-in phenomena for flow past an inclined plate in uniform flow. *Physical Review E* (2024)8, 123101
2. Noriyasu Ando, Norio Hirai, Makoto Iima and Kei Senda, Electromyography of flight muscles in free-flying chestnut tiger butterflies, *Parantica sita*. *Zoological Science* (2024)41(6), 557

・著書

該当無し

・総説・解説

1. 飯間 信, 岩波書店「科学」11月号_特集かたちの数理生物学「昆虫の飛翔メカニズムと流れの遷移」
- ◎2. 藤田雄介, 山下博士, 飯間 信, 日本流体力学会誌「ながれ」44巻1号〔特集〕自然現象の渦「生物流体と渦」

・その他

1. 飯間 信, 東京大学出版会「UP」10月号_ジオラマ行動力学4「気持ちになる」

○講演等

・国際会議

招待講演

該当無し

一般講演

1. Makoto Iima, Optimizing external forces for lock-in to the oscillatory flow past a flat plate in a uniform flow. *Bifurcations and Instabilities in Fluid Dynamics Edinburgh 2024*, The Nucleus Building, Edinburgh, 2024.6.24
- ◎2. Hiroshi Yamashita, Takuya Suzumura, Takayuki Yamaguchi, Nobuhiko J. Suematsu, Makoto Iima, A model of localized convection appearing in *Euglena* suspensions. *Bifurcations and Instabilities in Fluid Dynamics Edinburgh 2024*, The Nucleus Building, Edinburgh, 2024.6.27
3. Makoto Iima, Spatio-temporal patterns of localized bioconvection. *ICTAM2024, EXCO*, Daegu, 2024.8.29

・国内学会

招待講演

1. 飯間 信, ホヤ型精子の走化性を記述する行動力学方程式. 日本機械学会第36回バイオエンジニアリング講演会, 名古屋, 2024年5月12日
2. 飯間 信, アクティブな流れに潜む制御の技巧. 日本物理学会第79回年次大会, シンポジウム「乱流科学の最前線: 多彩な乱流の統一的理解に向けて」, 札幌, 2024年9月16日
3. 飯間 信, 計画班紹介. ジオラマ行動力学第6回領域全体会議, 札幌, 2024年9月21日
4. 飯間 信, Elegant light algorithms: from single-cell sensing to control of bioconvection spots.

Dynamics Days Sapporo2024, 札幌, 2024年12月8日

5. 藤田雄介, トンボの翅の凹凸構造が生み出す渦運動と非定常揚力増大機構. 機能創成セミナー, 大阪, 2025年1月16日
6. 飯間 信, 計画班発表. ジオラマ行動力学第7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, 2025年3月21日

一般講演

1. 山下博士, ミドリムシ生物対流モデル: アスペクト比依存で見られる種々の解. 第5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, 2024年8月9日
- ◎2. 藤田雄介, 飯間 信, トンボの翅の周りで起こる渦運動. 第5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, 2024年8月9日
- ◎3. 上久保冬野, 山下博士, 飯間 信, ミドリムシ遊泳モデルが走光性を示す原因. 第5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, 2024年8月9日
- ◎4. 山下博士, 鈴村拓也, 山口崇幸, 末松 J. 信彦, 飯間 信, ミドリムシ生物対流モデルが示す様々な流れ場. ジオラマ行動力学第6回領域全体会議, 札幌(ポスター発表), 2024年9月20日
- ◎5. 飯間 信, 山下博士, 矢野諒子, 上久保冬野, 紫加田知幸, 赤潮藻が示す局在対流構造. 日本流体力学会年会2024, 仙台, 2024年9月26日
- ◎6. 山下博士, 鈴村拓也, 山口崇幸, 末松 J. 信彦, 飯間 信, ミドリムシの運動性を考慮した生物対流モデル. 日本流体力学会年会2024, 仙台, 2024年9月26日
- ◎7. 藤田雄介, 飯間 信, トンボ翼の凹凸構造に起因する渦運動の臨界レイノルズ数. 日本流体力学会年会2024, 仙台, 2024年9月25日
- ◎8. 上久保冬野, 山下博士, 飯間 信, ミドリムシの光応答を再現する遊泳モデルにおける境界の役割. 日本流体力学会年会2024, 仙台, 2024年9月26日
- ◎9. 鈴村拓也, 山下博士, 飯間 信, 重力走性を持つ微生物が作る生物対流パターン. 日本流体力学会年会2024, 仙台, 2024年9月26日
10. 山下博士, 鉛直上昇性起因の生物対流シミュレーション: 二次元矩形容器. ジオラマ行動力学勉強会in広島, 広島(ポスター発表), 2024年10月11日
- ◎11. 藤田雄介, 飯間 信, トンボ翼周りの流体解析におけるジオラマ的アプローチ. ジオラマ行動力学勉強会in広島, 広島(ポスター発表), 2024年10月11日
- ◎12. 上久保冬野, 山下博士, 飯間 信, 光驚動反応を再現したミドリムシ遊泳モデルはなぜ走光性も示すのか?. ジオラマ行動力学勉強会in広島, 広島(ポスター発表), 2024年10月11日
- ◎13. 鈴村拓也, 山下博士, 飯間 信, 重力走性のみを持つ微生物集団が示す局在生物対流の分岐構造. ジオラマ行動力学勉強会in広島, 広島(ポスター発表), 2024年10月11日
14. 山下博士, ミドリムシ生物対流スポットとそのモデル構築. 研究集会「生物流体力学における運動・行動の機構」, 京都, 2024年10月31日
- ◎15. 藤田雄介, 飯間 信, トンボ翼構造を由来にもつ渦運動と空力性能の関係におけるレイノルズ数依存性. 研究集会「生物流体力学における運動・行動の機構」, 京都, 2024年10月30日
- ◎16. 上久保冬野, 山下博士, 飯間 信, ミドリムシ遊泳モデルによる光応答の再現メカニズム. 研究集会「生物流体力学における運動・行動の機構」, 京都, 2024年10月30日
17. 飯間 信, 物体周りの流れに対する位相縮約解析とその応用. 第38回数値流体力学シンポジウム, 東京, 2024年12月13日
- ◎18. 藤田雄介, 飯間 信, 凹凸構造をもつトンボ翼周りの渦運動と揚力増大の関係における定

量的特徴づけ. 第38回数値流体力学シンポジウム, 東京, 2024年12月11日

◎19. 鈴木拓也, 山下博士, 飯間 信, シミュレーション上の生物対流に現れるパターン.

SSTB2025 -Spring School for Theoretical Biology 2025-, 広島(ポスター発表), 2025年2月19日

◎20. 藤田雄介, 飯間 信, 急出発するトンボ翼模型周りの渦構造の可視化実験. 日本物理学会
2025年春季大会, オンライン開催, 2025年3月18日

◎21. 山下博士, 飯間 信, ノイズを考慮した生物対流シミュレーション. ジオラマ行動力学第7
回領域全体会議, 仙台(ポスター発表), 2025年3月20日

データ駆動生物学研究グループ

構成員: 本田直樹 (教授), 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
6. 異種間データをトレ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

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), 2024.8.22
2. 本田直樹 (運営委員): 第9回理論免疫学ワークショップ, 岩手, 2025.2.3-5
3. 本田直樹 (主催者): 第3回理論生物学スプリングスクール, 広島大学, 2025.2.19-21

○発表論文

・原著論文

1. Ju H., Skibbe H., Fukui M., Yoshimura S.H., Honda N.*, Machine learning-guided reconstruction of cytoskeleton network from Live-cell AFM Images. *iScience* 27, 10110907 (2024)

・ 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. Yuichiro Yada, Empirical modeling of neurodegenerative disease progression with machine learning. 6th JP-UK Neuroscience Symposium, Awaji Island, 2025.1.23
2. Honda Naoki, Decoding mental conflict from behavioral data. Hikikomori International Symposium, Online, 2024.6.10
- ◎3. Masaya Fukui, Nen Saito, Honda Naoki, Mathematical modeling of cytoskeleton-driven cellular morphodynamics. The 3rd ASHBI workshop for Mathematical Human Biology: Human Immunology Mathematical Human Biology of Shape and Movement, Kyoto University, 2024.11.20
4. Honda Naoki, Burst stem cell dynamics regulated by hierarchy and neutral competition. ASPIRE-Kickoff Symposium, University of Cambridge, 2025.2.1
- ◎5. Honda Naoki, Data-driven Biology with Generative model. OIST's Visiting Program: Computational and Physical Understanding of Biological Information Processing Lecture, Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University, 2025.3.3
6. Honda Naoki, Decoding mental conflict in decision-making with inverse free energy principle. OIST's Visiting Program: Computational and Physical Understanding of Biological Information Processing Lecture, Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University, 2025.3.6

一般講演

- ◎1. Keita Nakao, Yuichiro Yada, Naoki Honda, Numerical representation of longitudinal clinical diagnosis data using natural language processing. KSMB-SMB 2024 Seoul, Konkuk University, 2024.7.1, ポスター発表
2. Mana Fujiwara, Naoki Honda, Failure in homeostatic maintenance: Analyzing state transitions between healthy to ill with a reinforcement learning model. KSMB-SMB 2024 Seoul, Konkuk University, 2024.7.2, 口頭発表
- ◎3. Yuichiro Yada, Naoki Honda, Predicting amyloid- β accumulation from primarily unpaired data of biomarker candidates. Joint annual meeting of the Korean Society for Mathematical Biology and the Society for Mathematical Biology, Konkuk University, 2024.7.4, 口頭発表
- ◎4. Ryosaku Ota, Ryusuke Kawada, Naoki Honda, Advancing Protein Engineering: Structure vs. Sequence-Based Predictive Models for Mutagenesis. Asia & Pacific Bioinformatics Joint Conference 2024, Naha Culture and Arts Theater, 2024.10.23, ポスター発表
- ◎5. Yohei Kondo, Simulation-based image analysis to infer biophysical parameters. The 1st AMED-ASPIRE Retreat, University of Cambridge, 2025.1.31, 口頭発表
6. Kengo Inutsuka, Tadaaki Nishioka, Tom Macpherson, Takatoshi Hikida, Naoki Honda, Development of quantitative decoding methods for 'insight' using generative models. TSVP Symposium: Computational and Physical Understanding of Biological Information Processing, 沖縄科学技術大学院大学, 2025.3.6~8, 口頭・ポスター発表
7. Jigen Koike, Naoki Honda, A data-driven approach to understanding the wiring principles of the brain connectome. TSVP Symposium: Computational and Physical Understanding of Biological Information

Processing, 沖縄科学技術大学院大学, 2025.3.6~8, ポスター発表

- ◎8. Keita Nakao, Yuichiro Yada, Naoki Honda, Development of numerical representation of clinical diagnosis time series using natural language processing techniques. TSVP Symposium: Computational & Physical Understanding of Biological Information Processing, 沖縄科学技術大学院大学, 2025.3.6~8, ポスター発表

・国内学会

招待講演

1. 矢田 祐一郎, 神経変性疾患研究に対する病態進行数理モデリングの応用. ネオMEセミナー, 名古屋大学東山キャンパス, 2024.5.7
 2. 堤 真人, 斉藤 稔, 古澤 力, 深層学習による生物形態定量解析手法の開発. 日本応用数理学会2024年度年会, 京都大学, 2024.9.16, 口頭発表
- ◎3. 矢田 祐一郎, 本田 直樹, Wasserstein 距離に基づくシングルセルデータからの臓器連関解析. 第3回プロジェクト横断型数理連携研究会, 東京大学, 2025.3.25
4. 本田直樹, 限定合理的な情報戦略のデータ駆動的解説. CiNETセミナー「定量・情報・データ駆動・理論生物学」, CiNET (大阪大学), 2024.4.19
 5. 本田直樹, データ駆動生物学: 空間トランスクリプトーム・神経回路形成・心の葛藤のデータ駆動的解説. コロキアムA, 奈良先端科学技術大学院大学, 2024.8.8
 6. 本田直樹, Marrの3レベルに基づくデータ駆動生物学 ~神経コネクトーム, 空間トランスクリプトーム, 心の揺れ・葛藤~. 理論生物学夏の学校, 北海道大学, 2024.9.9
 7. 本田直樹, 最適輸送理論に基づく1細胞RNA-seqデータ解析. 数理生物学会シンポジウム, 北海道大学, 2024.9.11
 8. 本田直樹, 認知症関連疾患における「未病」のデータ駆動的予測に向けて. 脳の世紀シンポジウム, オンライン, 2024.9.21
 9. 本田直樹, 最適輸送に基づく臓器連関の推定. シンポジウム「データサイエンスと生命医科学研究のフロンティア」, 東京大学, 2024.10.20
 10. 本田直樹, 心の揺れ・葛藤のデータ駆動的解説. 蛋白質研究所セミナー, 大阪大学, 2024.11.11
 11. 本田直樹, 最適輸送に基づく臓器連関の推定+異種間データトランスレーション. 創薬科学セミナー, 名古屋大学, 2024.12.11
 12. 本田直樹, 変異体1細胞RNA-seqデータから教師データなしに空間トランスクリプトームを再構成する機械学習. AMED-LINK, 東京, 2024.12.20
 13. 本田直樹, 複数バイオマーカーからの脳内アミロイド β 蓄積量の推定. JSTムーンショット課題2バイオ数理連携会議, 東京大学, 2024.12.24
 14. 本田直樹, Data-driven Biology. 名古屋大学医学系研究科プレミアムレクチャー, 名古屋大学, 2025.1.9
 15. 本田直樹, データ駆動生物学. 実験系生物学者のための数理・統計・計算生物学入門コース, 京都大学, 2025.1.17
 16. 本田直樹, 生命科学におけるデータ駆動アプローチ. 理論生物学スプリンスクール, 広島大学, 2025.2.19
 17. 本田直樹, 実環境における「生命体の動的情報処理」とその遺伝的基盤のデータ駆動的解説. 解剖学会・生理学会・薬理学会合同大会 (APPW2025), シンポジウム「デジタル/エクスポ

ソームとの異分野交流：生物－環境間相互作用の包括的理解を目指して」，幕張，2025.3.15

一般講演

- ◎1. 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. 第6回メディカル AI 学会, 名古屋市公会堂, 2024.6.21, ポスター発表
- ◎2. 矢田祐一郎, 本田直樹, 進行速度と進行パターンを分離した神経変性疾患進行の層別化. 第6回日本メディカル AI 学会学術集会, 名古屋市公会堂 (岡谷鋼機名古屋公会堂), 2024.6.22, 口頭発表
- 3. Yuichiro Yada, Data-driven modeling of neurodegenerative disease progression and its applications. 1st Workshop on Computational Neurology, 東京大学伊藤国際学術研究センター, 2024.6.28, 口頭発表
- 4. 藤原真奈, 本田直樹, 恒常性維持の失敗：強化学習モデルによる生物システムの疾病と死の分析, NEURO 2024, マリンメッセ福岡, 2024.7.24, ポスター発表
- 5. 石野誠也, 司 怜央, 藤原真奈, 本田直樹, 小川正晃, 報酬の欠如を乗り越えて報酬追求を続けるためのドーパミン信号伝達. NEURO 2024, マリンメッセ福岡, 2024.7.24, ポスター発表
- 6. Jigen Koike, Naoki Honda, A data-driven method to decode the wiring rule of neural connectome. NEURO2024, 福岡コンベンションセンター, 2024.7.25, ポスター発表
- ◎7. Yuichiro Yada, Naoki Honda, Deciphering the heterogeneity of disease progression patterns and speed in amyotrophic lateral sclerosis from the longitudinal clinical data. NEURO2024, 福岡国際センター, 2024.7.27, 口頭発表
- 8. 堤 真人, 斉藤 稔, 古澤 力, 深層学習による形態定量解析手法の提案. 2024 年度日本数理生物学会年会, 北海道大学, 2024.9.12, ポスター発表
- 9. 小池二元, 本田直樹, 神経コネクトームの配線ルールを解読するデータ駆動型手法. 2024 年度日本数理生物学会年会, 北海道大学学術交流会館, 2024.9.12, 口頭発表
- 10. 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を用いたリスク行動における楽観・悲観バイアスの解読. 第34回日本神経回路学会全国大会, 北海道大学, 2024.9.12, ポスター発表
- 11. 矢田祐一郎, 確率モデルで縦断的臨床データから読み解く疾患進行パターンと進行速度の不均一性. 2024 年度日本数理生物学会年会, 北海道大学, 2024.9.13, 口頭発表
- ◎12. 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. 研究会「理論と実験」, 広島大学, 2024.10.11, ポスター発表
- 13. 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くリスク行動における楽観・悲観バイアスのデータ駆動的解読. 第27回情報論的学習理論ワークショップ, ソニックシティ, 2024.11.6, ポスター発表
- 14. 小池二元, 本田直樹, 脳コネクトームの配線原理を理解するデータ駆動型解析. 定量生物学の会九州大学キャラバン 2025, 九州大学病院キャンパスコラボステーション I・II, 2025.1.11~12, ポスター発表
- 15. 東野伊織, 横山 寛, 伊東 諒, 加藤利佳子, 雨森賢一, 本田直樹, データ駆動アプローチによる楽観・悲観バイアスの情報処理過程の解読. 定量生物学の会九州キャラバン 2025, 九州大学, 2025.1.11~12, ポスター発表
- 16. 犬塚健剛, 西岡忠昭, Tom Macpherson, 疋田貴俊, 本田直樹, 「ひらめき」の定量的解読法開発に向けて. 定量生物学の会九州キャラバン 2025, 九州大学, 2025.1.11~12, ポスター発表

- ◎17. Keita Nakao, Yuichiro Yada, Naoki Honda, Numerical representation of longitudinal clinical diagnosis data using natural language processing. 第7回 ExCELLS シンポジウム, 岡崎カンファレンスセンター, 2025.1.30, ポスター発表
18. 矢田祐一郎, 機械学習モデルで読み解く疾患進行速度と経路の多様性. 第9回理論免疫学ワークショップ, 高知県立県民文化ホール, 2025.2.4, 口頭発表
19. 小池二元, 本田直樹, データ駆動型手法による脳コネクトームの配線原理の解明. 第9回理論免疫学ワークショップ, 高知県立県民文化ホール, 2025.2.4, 口頭発表
- ◎20. 中尾敬太, 矢田祐一郎, 本田直樹, 神経変性疾患の病態進行モデリングに向けた臨床診断時系列の数値表現法開発, Spring School for Theoretical Biology 2025, 広島大学 ミライクリエ, 2025.2.19, ポスター発表
21. 堤 真人, 久保太聖, 加藤隆弘, 本田直樹, エネルギーランドスケープ解析による緊急事態宣言中/後における心理状態遷移の推定, SSTB2025 -Spring School for Theoretical Biology, 広島大学 ミライクリエ, 2025.2.19, ポスター発表
22. 石原 匠, 本田直樹, グラフニューラルネットワークによる細胞集団の意思決定の予測. SSTB2025 -Spring School for Theoretical Biology, 広島大学 ミライクリエ, 2025.2.19, ポスター発表
23. 吉村 仁, 本田直樹, 山田恭史, コウモリの音響センシングによる空間認知表象についての数理的解析. Spring School for Theoretical Biology 2025, 広島大学 ミライクリエ, 2025.2.19, ポスター発表
- ◎24. 澤崎義仁, 近藤洋平, 斉藤 稔, 本田直樹, 真皮創傷治癒における異常瘢痕形成の数理モデル. Spring School for Theoretical Biology 2025, 広島大学 ミライクリエ, 2025.2.19, ポスター発表
25. 小池二元, 本田直樹, 脳コネクトームの配線原理を理解するデータ駆動型解析. Spring School for Theoretical Biology 2025, 広島大学 ミライクリエ, 2025.2.19~21, ポスター発表
26. 東野伊織, 横山 寛, 伊東 諒, 加藤利佳子, 雨森賢一, 本田直樹, データ駆動アプローチによる楽観・悲観バイアスの情報処理過程の解説. 理論生物学スプリングスクール 2025, 広島大学, 2025.2.19~21, ポスター発表
27. 犬塚健剛, 西岡忠昭, Tom Macpherson, 疋田貴俊, 本田直樹, 「ひらめき」の定量的解説法開発に向けて. Spring School for Theoretical Biology 2025, 広島大学 ミライクリエ, 2025.2.19~21, ポスター発表
28. 川田龍輔, 太田亮作, 本田直樹, 機械学習による人工機能性タンパク質の高性能配列の効率的探索手法の開発, 2024 年度日本生物物理学会中部支部討論会, 名古屋市立大学 大学院薬学研究科 (田辺通キャンパス), 2025.3.18, 口頭発表
29. 菊池雄斗, 本田直樹, 多細胞動態から紐解く, 群体形成・形態変化のデータ駆動的解説. 2024 年度日本生物物理学会中部支部討論会, 名古屋市立大学, 2025.3.18, ポスター発表
- ◎30. 澤崎義仁, 近藤洋平, 斉藤 稔, 本田直樹, 真皮創傷治癒における異常瘢痕形成の数理モデル. 2024 年度日本生物物理学会中部支部討論会, 名古屋市立大学, 2025.3.18, ポスター発表
31. 石原 匠, 本田直樹, グラフニューラルネットワークによる細胞集団の意思決定の予測. 2024 年度日本生物物理学会中部支部討論会, 名古屋市立大学, 2025.3.18, ポスター発表

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3回理論生物学スプリングスクール，広島大学，2025.2.19-21

○発表論文

・原著論文

1. Tomoya Nakatani, Yuzuko Utsumi, Koichi Fujimoto, Masakazu Iwamura, Koichi Kise, Image recognition-based petal arrangement estimation. *Frontiers in Plant Science* (2024) 10.3389/fpls.2024.13
- ◎2. Yuma Fujikake, Kéita Fukuda, Katsuyoshi Matsushita, Yasushi Iwatani, Koichi Fujimoto, Atsuo S. Nishino, Pulsation waves along the Ciona heart tube reverse by bimodal rhythms expressed by a remote pair of pacemakers. *Journal of Experimental Biology* (2024). 10.1242/jeb.246810
- ◎3. Mami Matsumoto, Katsuyoshi Matsushita, Masaya Hane, Chentao Wen, Chihiro Kurematsu, Haruko Ota, Huy Bang Nguyen, Truc Quynh Thai, Vicente Herranz-Pérez, Masato Sawada, Koichi Fujimoto, José Manuel García-Verdugo, Koutarou D Kimura, Tatsunori Seki, Chihiro Sato, Nobuhiko Ohno, Kazunobu Sawamoto, Neuraminidase inhibition promotes the collective migration of neurons and recovery of brain function. *EMBO molecular medicine* (2024) 10.1038/s44321-024-00073-7
- ◎4. Tanaka S., Matsushita Y., Hanaki Y., Higaki T., Kamamoto N., Matsushita K., Higashiyama T., Fujimoto K., Ueda M., HD-ZIP IV genes are essential for embryo initial cell polarization and the radial axis formation in Arabidopsis. *Curr. Biol.* (2024) 10.1016/j.cub.2024.08.038
- ◎5. Katsuyoshi Matsushita, Taiko Arakaki, Koichi Fujimoto, Motion Ordering in Cellular Polar-Polar and Polar-Nonpolar Interactions. *Journal of the Physical Society of Japan* (2025) 10.7566/JPSJ.93.114801

・著書

該当無し

・総説・解説

1. Sarper ESK., Kitazawa MS., Fujimoto K., 体の多様な対称性はどのように生まれるのか？ 科学【特集】かたちの数理生物学 (2024) 11月号

○講演等

・国際会議

招待講演

該当無し

一般講演

- 1. N. Kamamoto, K. Fujimoto, M. Shimamura, How cell division orientations achieve branching chirality in leafy liverwort: 3D tissue analysis and mathematical modeling. XX International Botanical Congress 2024, IFEMA MADRID, 2024.7.21

・国内学会

招待講演

1. M. Fujiwara, N. Kamamoto, K. Fujimoto, Modelling growth constraints of plant organ shape and arrangement. The 66th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Kanazawa University, 2025年3月14日
2. 池尻洋輔, 谷本悠生, 藤田幸輔, 平松文恵, 山崎修平, 遠藤雄人, 岩谷 靖, 藤本仰一, 木村幸太郎, 線虫*C.elegans*における経験依存的な感覚ゲイン調節のメカニズム. 日本生物学的精神医学会, 2024年7月24日

一般講演

- 1. N. Kamamoto, K. Fujimoto, M. Shimamura, 茎葉性タイ類の体制構築を実現する細胞分裂方向制御. The 88th Annual Meeting of the Botanical Society in Japan, Utsunomiya University, 2024年9月14日
2. N. Kamamoto, K. Fujimoto, 力学・幾何学モデルを用いた頂端幹細胞による体制構築の解明. 第2回CREST植田G大集合会, Kumamoto University, 2024年11月8日
 3. N. Kamamoto, K. Fujimoto, Apical stem cell shape-mediated body symmetry diversity in 3D mechano-geometrical model. International Marchantia Workshop 2024, RCCBC Conference Center, 2024年11月18日
 4. N. Kamamoto, K. Fujimoto, Apical stem cell divisions-mediated plant body symmetry diversity in 3D mechano-geometrical model. CREST多細胞領域第6回領域会議, PlazaVerde Convention Complex in Numazu, 2024年12月16日
 5. N. Kamamoto, K. Fujimoto, 頂端幹細胞の維持と分裂方向決定の数値モデリング. コケ幹細胞研究会, Tohoku University, 2024年12月21日
 6. N. Kamamoto, K. Fujimoto, 幹細胞の幾何学と力学が分裂方向決定を通して植物の対称性を多様化する. 第1回Evo-Devo若手研究会, NINS Okazaki Conference Center, 2025年3月11日
 7. N. Kamamoto, K. Fujimoto, Apical stem cell divisions-mediated body symmetry diversity in 3D mechano-geometrical model. The 66th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Kanazawa University, 2025年3月14日
- ◎8. 松下勝義, 藪中俊介, 藤本仰一, 短軸成長する細胞中の液胞による圧力均衡での核定位の理論. 日本物理学会, 2024年9月24日
9. 北條拓也, 新垣大幸, 藤本仰一, 生態系における種間相互作用の特徴的な分布は種数増加に伴い不可避に形成される. 日本物理学会, 2024年9月24日
 10. 新垣大幸, 藤本仰一, 脊椎動物の生活史多様性に広く存在するL字型の制約は, 増大しない

個体群の帰結として現れる．日本物理学会, 2024年9月24日

11. 池内 亨, 瀬野衣里奈, 橋本研志, 津川 暁, 康 子辰, 野々山朋信, 石本志高, 鎌本直也, 藤本仰一, 友井拓実, 朽津和幸, ゼニゴケにおける自発的な細胞内Ca²⁺濃度変化の時空間パターン．日本植物学会大会, 2024年9月15日
- 12. 村岡和広, 平島竜也, 鎌本直也, 藤本仰一, 嶋村正樹, コケ植物セン類の螺旋葉序を生み出す細胞分裂面制御と細胞壁成長制御．日本植物学会大会, 2024年9月15日
- 13. 鎌本直也, 藤本仰一, 嶋村正樹, 茎葉性タイ類の体制構築を実現する細胞分裂方向制御．日本植物学会大会, 2024年9月15日
14. 池内桃子, 爲重才覚, 土田岳志, 松下優貴, 藤本仰一, オーキシンとEPFL2の相互抑制系は鋸歯形成の空間パターンを制御する．日本植物学会大会, 2024年9月15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. 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**.
2. Nen Saito, Shuji Ishihara, Cell deformability drives fluid-to-fluid phase transition in active cell monolayers. *Science Advances* 10 (19), eadi8433, **2024**.
3. Thoma Itoh, Yohei Kondo, Kazuhiro Aoki, Nen Saito, Revisiting the evolution of bow-tie architecture in signaling networks. NPJ systems biology and applications 10 (1), 70, **2024**.

・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. Seiya Takamura, Nen Saito, Fourier Contour Cell model for Dividing Cell Population. International Symposium on morphogenesis by non-cellular materials, 京都大学, 京都府, 2024 年 11 月, ポスター
2. 窪田隆正, 斉藤 稔, Fourier Contour Cell model for Collective Cell Migration. International Symposium on morphogenesis by non-cellular materials, 京都大学, 京都府, 2024 年 11 月, ポスター

・国内学会

招待講演

1. 斉藤 稔, 数理モデルで読み解く細胞変形と多細胞動態. 定量生物学の会 九州大学キャンパス, 九州大学, 2025 年 1 月, 口頭
2. 斉藤 稔, 変形可能細胞の数理モデルから迫る, 高密度細胞集団の相転移. 第 12 回ソフトマター研究会, 大阪大学, 2024 年 12 月, 口頭
3. 斉藤 稔, マルチカノニカル MCMC によるレアイベントサンプリングと進化モデル解析への展開. トヨタコンポン研 WS: 未踏探索の数理情報技術, 東京 中野 セントラルパークカンファレンス, 2024 年 11 月, 口頭
4. 斉藤 稔, 変形する細胞集団が示す相転移現象. 2024 年度日本数理生物学会年会, 北海道大学, 2024 年 10 月, 口頭

一般講演

1. 斉藤 稔, 石原秀至, フーリエ細胞輪郭モデルによる細胞変形のモデリング: フェーズフィールド方程式との関係について. 日本物理学会 第 79 回年次大会, 北海道大学 北海道, 2024 年 9 月, 口頭
2. 高村征矢, 斉藤 稔, 細胞分裂を考慮したフーリエ輪郭モデル. 2024 年度数理生物学会年会, 北海道大学, 北海道, 2024 年 9 月, 口頭
3. 高村征矢, 斉藤 稔, 細胞分裂を考慮したフーリエ輪郭モデル. 日本物理学会 第 79 回年次大会, 北海道大学, 北海道, 2024 年 9 月, 口頭
4. 高村征矢, 斉藤 稔, 細胞分裂を考慮したフーリエ輪郭モデル. 第 12 回ソフトマター研究会, 大阪大学, 大阪府, 2024 年 12 月, ポスター
5. 高村征矢, 斉藤 稔, 細胞分裂を導入したフーリエ輪郭モデル. Spring School for Theoretical Biology 2025, 広島大学, 広島県, 2025 年 2 月, ポスター 1-3-4
6. 三好晃輔, 斉藤 稔, 深層強化学習による協調的狩り行動の創発. 2024 年度数理生物学会年会, 北海道大学, 北海道, 2024 年 9 月, ポスター
7. 江本 光, 斉藤 稔, Phase-field 法を用いた生体組織成長の数理モデル. 2024 年度数理生物学

- 会年会, 北海道大学, 北海道, 2024年9月, ポスター
8. 窪田隆正, 斉藤 稔, 遊走細胞の形状と集団運動を表現するフーリエ輪郭モデル. 日本物理学会 第79回年次大会, 北海道大学, 北海道, 2024年9月, 口頭
 9. 窪田隆正, 斉藤 稔, 遊走細胞の形と集団運動を表現するフーリエ輪郭モデル. Spring School for Theoretical Biology 2025, 広島大学, 広島県, 2025年2月, ポスター
 10. 伊藤冬馬, 近藤洋平, 青木一洋, 斉藤 稔, シグナル伝達系における時間符号化の進化. spring School for Theoretical Biology 2025, 広島大学, 広島, 2025年2月, ポスター
 11. 伊藤冬馬, 近藤洋平, 青木一洋, 斉藤 稔, シグナル伝達系における時間符号化の進化. 定量生物学の会 九州大学キャラバン2025, 九州大学, 2025年1月, ポスター
 12. 伊藤冬馬, 近藤洋平, 青木一洋, 斉藤 稔, シグナル伝達系における時間符号化の進化. 理論と実験, 広島大学, 広島, 2024年10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),

分子生物物理学グループは, タンパク質の緻密な立体構造解析からタンパク質の動的構造特性の分析までを通じて, タンパク質構造の変動が果たす機能的役割解明を目指す。特に, 内在性無秩序領域 (IDR) の新たな機能の解明に焦点を当てた研究を進める。なお, 楯真一教授は2024年度をもって退職した。

片柳克夫:

アトピー性皮膚炎患部から新たに発見されたエンテロトキシンの結晶構造解析や, タンパク質の分子進化 (特に選択的スプライシング) を明らかにするためのバルナーゼ二次構造配列並べ換え変異体の結晶構造解析などを, 高エネルギー加速器研 (KEK) の放射光X線回折データを用いて行った。

大前英司:

高圧力セルを導入した種々の分光装置を用いて, 深海生物由来酵素の機能解析を行った。また, 塩湖などの極限環境に生育する生物の酵素を用いて, 酵素の構造および機能発現における溶媒としての水の役割の解析を行った。

安田恭大:

マルチオミクス解析と種々の分子生物学的手法を通じて, タンパク質液液相分離機構のin vitro再構成およびそれを用いた実験を行った。また, 新たなRNA-seq技法を共同研究を通じて開発した (未発表)。参画しているWPI-SKCM²のアウトリーチメンバーとして, 学界での活動を行った。

○発表論文

・原著論文

- 1. N. Fujii, N. Hisano, T. Hirao, S.-i. Kihara, K. Tanabe, M. Yoshida, S.-i. Tate, T. Haino, Inside Back Cover: Controlled Helical Organization in Supramolecular Polymers of Pseudo-Macrocyclic Tetrakisporphyrins. *Angew. Chem. Int. Ed.* 2025, 64, e202422484.
<https://doi.org/10.1002/anie.202422484>

- 2. N. Fujii, N. Hisano, T. Hirao, S.-i. Kihara, K. Tanabe, M. Yoshida, S.-i. Tate, T. Haino, Controlled Helical Organization in Supramolecular Polymers of Pseudo-Macrocyclic Tetrakisporphyrins. *Angew. Chem. Int. Ed.* 2025, 64, e202416770. <https://doi.org/10.1002/anie.202416770>
- 3. D. Shimoyama, R. Sekiya, S. Inoue, N. Hisano, S.-i. Tate, T. Haino, Front Cover: Conformation Regulation of Trisresorcinarene Directed by Cavity Solvation. *Chem. Eur. J.* 2024, 30, e202486301. <https://doi.org/10.1002/chem.202486301>
- 4. D. Shimoyama, R. Sekiya, S. Inoue, N. Hisano, S.-i. Tate, T. Haino, Conformation Regulation of Trisresorcinarene Directed by Cavity Solvation. *Chem. Eur. J.* 2024, 30, e202402922. <https://doi.org/10.1002/chem.202402922>
- 5. Yamada S., Chea C., Furusho H., Oda K., Shiba F., Tanimoto K., Tate S.-i., Miyauchi M., Takata T. Effects of novel lactoferrin peptides on LPS-induced alveolar bone destruction in a rat model. *Chemical Biology & Drug Design*, 104, e14574. <https://doi.org/10.1111/cbdd.14574>
- 6. Junya Ichinose, Kenji Oba, Yuya Arase, Junichi Kaneshiro, Shin-ichi Tate, Tomonobu M. Watanabe, Quantitative prediction of rice starch digestibility using Raman spectroscopy and multivariate calibration analysis. *Food Chemistry*, Volume 435, 2024, 137505, ISSN 0308-8146, <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2023.137505>.

• 著書

- 1. Tate S. (2025) Protein Structure and Dynamics Determination by Residual Anisotropic Nuclear Spin Interactions. In: *Experimental Approaches of NMR Spectroscopy II*. Springer, Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-97-6830-1_14

• 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. Kyota Yasuda, Miyu Murata, Rina Mihara, Hyun-woo Rhee, Shin-ichi Tate, hnRNPs bi-directionally regulate stress granule growth and disassembly. 第47回日本分子生物学会年会, 2024年11月28日

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）、松尾宗征（助教）、久世雅和（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、複数の国際学術論文や国際会議でのDiscussion Leaderなど、研究成果が国際的に評価されている。また、Prof. Veronique Pimienta (University of Toulouse, France) や Prof. Hua Er (Northminzu University, China)等との国際共同研究も進展している。

（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。

（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7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6件（国外1件、国内5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。さらに、無機物をつかった自励振動系の創出とその社会実装を進めており、本成果はすでに国内特許出願済み（特願2024-145899）で、JSTの権利化支援に採択され国際特許出願中である。

（久世雅和）

非平衡開放系特有の時空間不均一な濃度場形成を活用することにより、生物様の特徴的な自律運動を再現する自己駆動系の研究を行った。また、実験結果に対応する反応速度を考慮した数理モデルを構築するなど、理論研究からのアプローチも志向しており、実験・理論の両輪で研究を発展させられる点で独創性が高い。これらの研究成果が評価され、本年度は一般雑誌での招待解説や企業からの受賞などがある。

○発表論文

・原著論文

- ◎1. H. Er, Y. Bai, M. Matsuo, S. Nakata, Oscillatory Motion of a Camphor Disk on a Water Phase with an Ionic Liquid Sensitive to Transition Metal Ions. *The Journal of Physical Chemistry B*, **2025**, 129, 592-597.
- ◎2. M. Kuze, N. Kawai, M. Matsuo, I. Lagzi, N.J. Suematsu, S. Nakata, Oscillatory Motion of a Self-Propelled Object Determined by the Mass Transport Path. *Physical Chemistry Chemical Physics*, **2025**,

27, 6640-6644.

- ◎3. R. Fujita, M. Matsuo, T. Mori, T. Hasegawa, S. Nakata, Self-Propulsion of a Benzoic Acid Disk Reflecting the Mesoscopic State of an Amphiphilic Molecular Layer. *ChemSystemsChem*, **2025**, e202400088.
4. Y. Noguchi, S. Sasaki, Y. Liao, M. Matsuo, K. Asakura, T. Banno, Photoinduced Shape Changes of Giant Vesicles Comprising Phospholipids and Azobenzene-Containing Cationic Amphiphiles. *Chemistry – An Asian Journal*, **2025**, e202401426.
5. R.J. Archer, S.J. Ebbens, Y. Kubodera, M. Matsuo, S.M. Nomura, P Menthyl Acetate Powered Self-Propelled Janus Sponge Marangoni Motors with Self-Maintaining Surface Tension Gradients and Active Mixing. *Journal of Colloid and Interface Science*, **2025**, 678, 11-19.
6. T. Sugawara, M. Matsuo, T. Toyota, “Life” as a Dynamic Supramolecular System Created Through Constructive Approach. *Bulletin of the Chemical Society of Japan*, **2024**, 98, uoae134.
7. M. Matsuo, K. Wakui, Y. Inami, A. Furukawa, S. Sato, K. Yoshimoto, Proficiently Partitioning of Bioactive Peptide-ssDNA Conjugates by Microbead-Assisted Capillary Electrophoresis (MACE). *Analytical Biochemistry*, **2024**, 687, 9279-9284

・著書

該当無し

・総説・解説

1. 久世雅和, 非平衡開放系における油滴の自発振動. 月刊化学(化学同人), 79, pp 65-66, 2024年.
2. 四元まい, 中田 聡, Sniffingに基づく混合臭におけるマスキング効果の評価. ファインケミカル(シーエムシー), 1月号, Vol.54, pp.30-35, 2025年.

○講演等

・国際会議

招待講演

1. M. Matsuo, Supramolecular Autonomy. 51st Chemical Engineering Forum, Department of Chemical Engineering, North Minzu University, Yinchuan, China, 2024.9.13
2. M. Yotsumoto, S. Nakata, Odor Identification Based on the Dynamic Responses of Phospholipid Molecular Layers. Gordon Research Seminar, Les Diablerets, Switzerland, 2024.7.13.

一般講演

1. M. Matsuo, Self-Growth and Self-Division of Inorganic Membrane. Gordon Research Conference on Oscillations and Dynamic Instabilities in Chemical Systems, Les Diablerets, Switzerland, 2024.7.14-19
 2. A. Kawamura, S. Tanaka, M. Matsuo, Spontaneous Regulation of 3-Phenylpropionaldehyde Droplet. ALIFE2024, Copenhagen, Denmark, 2024.7.22-26
 3. M. Yotsumoto, S. Nakata, Detection of alcohols using artificial sniffing. Soft Matter Day, Warsaw, Poland, 2024.9.26.
 4. S. Nakata, Self-propelled objects exhibiting spatio-temporal pattern under nonequilibrium. Gordon Research Conference, Les Diablerets, Switzerland, 2024.7.16-17.
- ◎5. Y. Kubodera, M. Matsuo, M. Fujii, S. Nakata, Formation of chemical canal. Gordon Research Conference, Les Diablerets, Switzerland, 2024.7.16-17.

・国内学会

招待講演

1. 松尾宗征, “超分子から遠い分子集合体の化学を目指して”. 第11回慶應有機シンポジウム, 慶應大学理工学部, 2024年5月11日
2. 松尾宗征, “化学で迫る“生命性”の今と未来”. 超領域リベラルアーツ「ALIFE：人工生命の今日」, 立命館大学, 2024年5月17日
3. 松尾宗征, “物理的自触媒反応が織りなす人工系の生命性”. 第76回日本生物工学会大会, 日本生物工学会, 2024年9月11日
4. 松尾宗征, “生命らしさを物理化学で創る”. 数理生命科学シンポジウム2024, 広島大学数理生命科学プログラム, 2024年9月24日
5. 松尾宗征, “分子ロボットが分子ロボットをつくる未来へ ～回帰的分子系による製造プロセスの新展開～”. 第8回分子ロボティクス年次大会, 分子ロボティクス研究会, 2025年3月13日

一般講演

- ◎1. 藤野拓也, 松尾宗征, 中田 聡, “水相中ドデシル硫酸ナトリウムの濃度に依存した酢酸チモール液滴の3種類の自己反転運動”. 日本化学会第105春季年会, 関西大学千里山キャンパス, 2025年3月28日
- ◎2. 久保寺裕進, 松尾宗征, 中田 聡, “樟成長方向が振動するケミカルガーデン”. 日本化学会第105春季年会, 関西大学千里山キャンパス, 2025年3月29日
- ◎3. 久世雅和, 川井望未, 松尾宗征, 北畑裕之, 長山雅晴, 中田 聡, “樟脳分子の物質移動に起因する樟脳自己駆動体の回転運動”. 日本化学会第105春季年会, 関西大学千里山キャンパス, 2025年3月29日
- 4. 久保寺裕進, 松尾宗征, “自動ケミカルポンプによって製造されたオタマジック型自己駆動体”. 第8回分子ロボティクス年次大会, 東京大学駒場キャンパス, 2025年3月13日
- ◎5. 藤野拓也, 松尾宗征, 中田 聡, “駆動力分子と界面活性剤との相互作用に依存した自己駆動体の運動様相”. 第75回コロイドおよび界面化学討論会, 東北大学川内北キャンパス, 2024年9月19日
- ◎6. 久世雅和, 川井望未, 松尾宗征, 中田 聡, “マランゴニ流による自己駆動体の回転運動”. 第75回コロイドおよび界面化学討論会, 東北大学川内北キャンパス, 2024年9月17日
- ◎7. 川井望未, 久世雅和, 松尾宗征, 中田 聡, “拡散の方向に依存した振動運動”. 第75回コロイドおよび界面化学討論会, 東北大学川内北キャンパス, 2024年9月17日
- ◎8. 四元まい, 松尾宗征, 菱田真史, 中田 聡, “側鎖の異なるアルコールの周期的刺激に対するリン脂質分子膜の動的応答”. 第75回コロイドおよび界面化学討論会, 東北大学川内北キャンパス, 2024年9月17日
- 9. 佐々木翔生, 野口雄太郎, 松尾宗征, 朝倉浩一, 伴野太祐, “アゾベンゼン骨格を有する両親媒性分子を含むベシクルの光照射下での形状変化”. 第75回コロイドおよび界面化学討論会, 東北大学川内北キャンパス, 2024年9月17日
- ◎10. 立石 舞, 久世雅和, 松尾宗征, 中田 聡, “自己駆動体の塩に対する可逆的走化性”. 西日本非線形科学研究会2024, 広島大学東広島キャンパス, 2024年6月29日
- ◎11. 住谷咲香, 松尾宗征, 中田 聡, “液滴の融合による自己駆動運動の持続”. 西日本非線形科学研究会2024, 広島大学東広島キャンパス, 2024年6月29日
- ◎12. 黒岩 司, 新井貴仁, 久世雅和, 松尾宗征, 中田 聡, “自己駆動体の塩に対する可逆的走化

- 性”. 西日本非線形科学研究会2024, 広島大学東広島キャンパス, 2024年6月29日
13. 河村絢汐, 田中晋平, 松尾宗征, “界面活性剤水溶液中におけるアルデヒド液滴の自己駆動現象”. 西日本非線形科学研究会2024, 広島大学東広島キャンパス, 2024年6月29日
- ◎14. 四元まい, 松尾宗征, 中田 聡, 菱田真史, “リン脂質分子膜の動的応答に基づくアルコールの識別”. 日本化学会 第105春季年会, 関西大学千里山キャンパス, 2025年3月28日
- ◎15. 新井貴仁, 久世雅和, 松尾宗征, 中田 聡, “油/水界面のpH条件によるオレイン酸ナトリウム円板の運動モード制御”. 日本化学会 第105春季年会, 関西大学千里山キャンパス, 2025年3月28日
- ◎16. 川井望未, 久世雅和, 松尾宗征, 中田 聡, “密度流に依存した樟脳自己駆動体の振動運動”, 日本化学会 第105春季年会, 関西大学千里山キャンパス, 2025年3月28日
- ◎17. 立石 舞, 松尾宗征, 中田 聡, “硫酸ナトリウムに応答する樟脳船の振動運動”. 日本化学会中国四国支部大会 岡山大会, 2024年11月17日
- ◎18. 新井貴仁, 久世雅和, 松尾宗征, 中田 聡, “油水界面を滑走するオレイン酸ナトリウム円板における水相のpH依存性”, 日本化学会中国四国支部大会 岡山大会, 2024年11月17日

生物化学研究グループ

構成員：泉 俊輔（教授），芦田嘉之（助教）

○研究活動の概要

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

- (A) 生体機能物質の構造・機能解析——微生物や植物が生産する『生理活性天然物』の探索，構造解明，構造－活性相関，生合成機構の解明
1. 蜜蜂が生産するプロポリスや花粉荷からの生理活性物質の解明
 2. 柑橘類からの香料物質，抗肥満活性物質および抗癌活性物質の探索・解明
- (B) 生体の物質合成・代謝機能の解明——細胞に外部から化学物質を加えた場合にその細胞が示す外来基質認識能と物質変換能の解明，およびその機能（酵素反応）を『生体触媒』（Biocatalyst）として活用する方法の開発
1. 植物細胞およびその酵素系を生体触媒とする不斉誘起反応の解明と開発
 2. 生体触媒を活用する環境浄化（Bioremediation）法の開拓
- (C) 生体の情報伝達機能と防御機能の解明——植物細胞が外部からの攻撃や環境ストレス（化学物質，温度，光など）を細胞内にどのようにして『情報伝達』し、『防御応答』して身を守るかの機構解明
1. 植物細胞の情報伝達，生体防御やアポトーシスに関与している生体物質（遺伝子，蛋白質）の構造・機能およびその制御機構の解明

2. 細胞のストレス応答における動的プロテオミクスの解明

(D) 生体高分子の構造解析法の開発——質量分析法と化学的手法を組み合わせる『質量情報を構造情報に変換』することによる生体高分子の新しい分析法の開発

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

1. M. Yamaguchi, Y. Fukuyama, S. Izumi, Alkylated Hydroxychalcone: A Novel Matrix for Peptide Analysis by Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization Mass Spectrometry. *Mass Spectrometry*, Vol. 14 (2025), A0170.

・著書

該当無し

・総説・解説

該当無し

○講演等

・国際会議

招待講演

該当無し

一般講演

1. M. Yamaguchi, S. Izumi, A novel matrix alkylated hydroxy chalcone for peptides analysis by MALDI-MS. International Mass Spectrometry Conference 2024, 2024.8.17-23, Melbourne Australia

・国内学会

招待講演

該当無し

一般講演

1. 高津舞衣, 泉 俊輔, 「表面支援レーザー脱離イオン化法によるイオン形成機構-寒天SALDIの場合」, 第72回質量分析総合討論会, 2024年6月10日-12日, ポスター発表(発表番号1P-44)

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), 杉 拓磨 (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, バイオ燃料, 細胞外基質

○発表論文

・原著論文

1. Ninagawa S., Matsuo M., Ying D., Oshita S., Aso S., Matsushita K., Taniguchi M., Fueki A., Yamashiro M., Sugawara K., Saito S., Imami K., Kizuka Y., Sakuma T., Yamamoto T., Yagi H., Kato K., Mori K., UGGT1-mediated reglucosylation of N-glycan competes with ER-associated degradation of unstable and misfolded glycoproteins. *Elife*, 12, RP93117, 2024
2. Aisyah R., Ohshima N., Watanabe D., Nakagawa Y., Sakuma T., Nitschke F., Nakamura M., Sato K., Nakahata K., Yokoyama C., Marchioni C.R., Kumrungsee T., Shimizu T., Sotomaru Y., Takeo T., Nakagata N., Izumi T., Miura S., Minassian B.A., Yamamoto T., Wada M., Yanaka N., GDE5/Gpcpd1 activity determines phosphatidylcholine composition in skeletal muscle and regulates contractile force in mice. *Commun Biol.* 7, 604, 2024
3. Chen S., Inui S., Aisyah R., Nakashima R., Kawaguchi T., Hinomoto M., Nakagawa Y., Sakuma T., Sotomaru Y., Ohshima N., Kumrungsee T., Ohkubo T., Yamamoto T., Miura Y., Suzuki T., Yanaka N., Role of Gpcpd1 in intestinal alpha-glycerophosphocholine metabolism and trimethylamine N-oxide production. *J Biol Chem.* 300, 107965, 2024
4. Sato K., Sasaguri H., Kumita W., Sakuma T., Morioka T., Nagata K., Inoue T., Kurotaki Y., Mihira N., Tagami M., Manabe R.I., Ozaki K., Okazaki Y., Yamamoto T., Suematsu M., Saido T.C., Sasaki E., Production of a heterozygous exon skipping model of common marmosets using gene-editing technology. *Lab Anim (NY)*. 53, 244-251, 2024
5. Katayama S., Watanabe M., Kato Y., Nomura W., Yamamoto T., Engineering of Zinc Finger Nucleases Through Structural Modeling Improves Genome Editing Efficiency in Cells. *Adv Sci (Weinh)*. 11, e2310255, 2024

6. Yambe S., Yoshimoto Y., Ikeda K., Maki K., Takimoto A., Tokuyama A., Higuchi S., Yu X., Uchibe K., Miura S., Watanabe H., Sakuma T., Yamamoto T., Tanimoto K., Kondoh G., Kasahara M., Mizoguchi T., Docheva D., Adachi T., Shukunami C., Sclerostin modulates mineralization degree and stiffness profile in the fibrocartilaginous enthesis for mechanical tissue integrity. *Front Cell Dev Biol.* 12, 1360041, 2024
7. Sato T., Narumi S., Sakuma T., Shimura K., Ichihashi Y., Yamamoto T., Ishii T., Hasegawa T., Establishment of Star-edited Y1 cells as a novel in vitro functional assay for STAR. *J Mol Endocrinol.* 73, e240009, 2024
8. Nakano K., Goto M., Fukuda S., Yanobu-Takanashi R., Yabe S.G., Shimizu Y., Sakuma T., Yamamoto T., Shimoda M., Okochi H., Takahashi R., Okamura T., A Novel Immunodeficient Hyperglycemic Mouse Carrying the Ins1 Akita Mutation for Xenogeneic Islet Cell Transplantation. *Transplantation.* 109, e81-e91, 2025
9. Ohishi H., Shinkai S., Owada H., Fujii T., Hosoda K., Onami S., Yamamoto T., Ohkawa Y., Ochiai H., Transcription-coupled changes in genomic region proximities during transcriptional bursting. *Sci Adv.* 10, eadn0020, 2024
10. Yaguchi J., Sakai K., Horiuchi A., Yamamoto T., Yamashita T., Yaguchi S., Light-modulated neural control of sphincter regulation in the evolution of through-gut. *Nat Commun.* 15, 8881, 2024
11. Furuhashi Y., Kimura M., Sakai A., Murakami T., Egi E., Sakuma T., Yamamoto T., Yoshizumi T., Kato Y., Direct protein delivery into intact Arabidopsis cells for genome engineering. *Sci Rep.* 14, 22568, 2024
12. Matsuzaki S., Sakuma T., Yamamoto T., REMOVER-PITCh: microhomology-assisted long-range gene replacement with highly multiplexed CRISPR-Cas9. *In Vitro Cell Dev Biol Anim.* 60, 697-707, 2024
- ©13. Tago T., Fujii S., Sasaki S., Shirae-Kurabayashi M., Sakamoto N., Yamamoto T., Maeda M., Ueki T., Satoh T., Satoh A.K., Cell-wide arrangement of Golgi/RE units depends on the microtubule organization. *Cell Struct Funct.* 49, 101-110, 2024
- ©14. Sakamoto N., Watanabe K., Awazu A., Yamamoto T., CRISPR-Cas9-Mediated Gene Knockout in a Non-Model Sea Urchin, *Haliocidaris crassispina*. *Zoolog Sci.* 41, 159-166, 2024
- ©15. Komoto T., Ikeo K., Yaguchi S., Yamamoto T., Sakamoto N., Awazu A., Assembly of continuous high-resolution draft genome sequence of *Hemicentrotus pulcherrimus* using long-read sequencing. *Dev Growth Differ.* 66, 297-304, 2024
16. Kiyokawa K., Sakuma T., Moriguchi K., Sugiyama M., Akao T., Yamamoto T., Suzuki K., Conversion of polyploid and allopolyploid *Saccharomyces sensu stricto* strains to leu2 mutants by genome DNA editing. *Appl Microbiol Biotechnol.* 108, 416, 2024
- ©17. Itabashi T., Hosoba K., Morita T., Kimura S., Yamaoka K., Hirose M., Kobayashi D., Kishi H., Kume K., Itoh H., Kawakami H., Hashimoto K., Yamamoto T., Miyamoto T., Cholesterol ensures ciliary polycystin-2 localization to prevent polycystic kidney disease. *Life Sci Alliance.* 3;8(4):e202403063, 2025
18. Kato S.Y., Shimazaki Y., Chuma S., Shiraya K., Nakane Y., Sugi T., Okabe K., Harada Y., Sotoma S., Fluorescent thermometers based on carbon quantum dots with various detection modes for intracellular temperature measurement. *Nano Letters.* 25(14) , 5688-5696, 2024

○著書

該当無し

○総説・解説

1. 片山翔太, 山本 卓, 純国産ゲノム編集ツール"Zinc Finger-ND1"の開発. ゲノム編集医療, 医学のあゆみ, 医歯薬出版株式会社, 2025年
2. 山本 卓, 革新的な「ツール」がもたらす多様な「ものづくり」の可能性. ヘルシスト, 49, 2025年
- ◎3. 栗田朋和, 山本 卓, 微細藻類の分子育種における外来遺伝フリーゲノム編集の重要性. アグリバイオ, Vol.8(2), 49-53, 2024年
4. 杉 拓磨, 伊藤浩史, 線虫を通じて知るアクティブマターの物理. 応用物理, 94(3), 151-155, 2025年

○国際会議での講演

招待講演

該当無し

一般講演

1. Takashina T., Sakuma T., Yamamoto T., Ishizaka Y., Development of a protein-based engineering system applicable for preparing hepatic progenitor cells and insulin-producing cells from human fibroblasts. Stem Cell and Regenerative Medicine 2024, 2024.10.7, Berlin, Germany

○国内学会での講演

招待講演

1. 山本 卓, ゲノム編集の医学・医療への応用. 第 142 回中部日本整形外科災害外科学会, 2024 年 4 月 12 日
2. 山本 卓, 国産ゲノム編集ツールを利用した産業技術開発. 第 7 回 JMUCGTR シンポジウム, 2025 年 2 月 20 日
3. 山本 卓, ゲノム編集を使った医学研究における倫理的課題. 第 70 回医学系大学倫理委員会連絡会議, 2025 年 1 月 10 日
4. 山本 卓, ひろしまバイオ DX コミュニティの活動について. 第 54 回石油・石油化学討論会, 2024 年 11 月 29 日
5. 山本 卓, ゲノム編集と DX が拓く未来. 日本ゲノム編集学会第 9 回大会 市民公開講座, 2024 年 6 月 19 日
6. 山本 卓, 国産ゲノム編集ツールを利用した産業技術開発. CBI 学会 第 462 回講演会「ゲノム編集の最先端と遺伝子治療の展望」, 2025 年 2 月 7 日
7. 杉 拓磨, コンピュータショナルイメージングが拓く 4D 神経科学の世界. NURO2024, 福岡コンベンションセンター, 2024 年 7 月 24 日
8. 杉 拓磨, コンピュータショナル 4D イメージングによる神経・物理化学ダイナミクスの解明. 第 47 回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場マリンメッセ福岡, 2024 年 11 月 28 日
9. 杉 拓磨, コンピュータショナルイメージングが拓く 4D 神経科学の世界. ニコン-同仁化学共催ウェビナー, 2024 年 12 月 4 日
10. 杉 拓磨, *In vivo* 3D thermometry by computational quantum light-field imaging. Biothermology workshop 2024, 岡山理科大学岡山キャンパス, 2024 年 12 月 26 日

11. 杉 拓磨, コンピュータショナル 4D イメージングによる痛覚情報処理機構の解明. APPW2025(第 130 回日本解剖学会・第 102 回日本生理学会・第 98 回日本薬理学会 合同大会), 幕張メッセ, 2025 年 3 月 17 日

依頼講演

1. 山本 卓, ゲノム編集と DX が拓く未来. 日本ゲノム編集学会第 9 回大会 市民公開講座, 2024 年 6 月 19 日
2. 山本 卓, ゲノム編集を利用した産業技術開発. 第 2 回広島大学 論説委員等との懇談会 in 東京, 2024 年 6 月 6 日
3. 山本 卓, バイオテクノロジーが未来を拓く. 広島大学 75+75 周年記念事業, 広島大学 in 関西, 2024 年 6 月 2 日

一般講演

- ◎1. 井口大雅, 栗津暁紀, 山本 卓, 坂本尚昭, バフンウニにおける標的遺伝子座のライブイメージング解析. 日本ゲノム編集学会第 9 回大会, 2024 年 6 月 19 日
- ◎2. 井口大雅, 栗津暁紀, 山本 卓, 坂本尚昭, CRISPR/Cas9-システムを用いたバフンウニにおける標的遺伝子座のライブイメージ. 日本動物学会第 95 回大会, 2024 年 9 月 12 日
- 3. 内村 惇, 神崎勇人, 森脇茉結, 園田紘子, 平井萌子, 東島佳毅, 中潟直己, 中川佳子, 佐久間哲史, 竹尾 透, 山本 卓, 三小田伸之, 池田正浩, ノックアウトラットを用いたコレクトリンの生理的役割についての検討. 第 167 回日本獣医学会学術集会, 2024 年 9 月 13 日, 帯広
- ◎4. 後藤梨久都, 坂本尚昭, 栗津暁紀, イエネコ内在性レトロウイルスによるゲノム立体構造形成と転写の揺らぎの解析. 第 47 回日本分子生物学会年会, 2024 年 11 月 27 日
- ◎5. 竹本大悟, 渡辺開智, 三澤祐太郎, 坂本尚昭, 栗津暁紀, ヘム輸送体 FLVCR の棘皮動物における機能はコリン輸送であった. 第 47 回日本分子生物学会年会, 2024 年 11 月 27 日
- 6. 片山翔太, 渡邊真宏, 加藤義雄, 野村 渉, 山本 卓, 構造モデリングに基づく Zinc Finger Nuclease の改変はゲノム編集効率を向上させる. 日本ゲノム編集学会第 9 回大会, 2024 年 6 月 18 日
- ◎7. 諸井桂之, 栗田朋和, 山本 卓, 微細藻類ナンノクロロプシスにおける脱落可能 CRISPR 塩基編集ベクターを用いた外来遺伝子フリー且つ DSB フリーゲノム編集システムの開発. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢大学角間キャンパス, 石川, 2025 年 3 月 14 日-16 日
- ◎8. 岡崎久美子, 岩井雅子, 栗田朋和, 堀 孝一, 下嶋美恵, 前田真一郎, 高見明秀, 山本 卓, 太田啓之, 坂本 敦, TALEN を介したポリリン酸合成酵素とリパーゼの遺伝子編集は油脂高生産藻ナンノクロロプシスにおいてリン欠乏下の油脂蓄積を増大させる. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢大学角間キャンパス, 石川, 2025 年 3 月 14 日-16 日
- 9. 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 マーモセットの作出と解析. 第 14 回日本マーモセット研究会大会, 東京, 2025 年 1 月 29 日
- 10. 中根有梨奈, 前岡遥花, 五十嵐龍治, 臼杵 深, 杉 拓磨, ライトフィールド ODMR 顕微鏡の開発と応用. 量子生命科学会第 5 回大会, 早稲田大学国際会議場, 2024 年 5 月 30 日
- 11. 中根有梨奈, 前岡遥花, 今村隆輝, 五十嵐龍治, 臼杵 深, 杉 拓磨, Precision-enhanced 1,000-fold faster 3D quantum thermometry in vivo. IUPUB2024, 国立京都国際会館, 2024 年 6 月 24 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

- ◎1. Misa Takahashi, Atsushi Sakamoto, Hiromichi Morikawa, Atmospheric nitrogen dioxide suppresses the activity of phytochrome interacting factor 4 to suppress hypocotyl elongation. *Planta* **260**(2), 42

(2024). <https://doi.org/10.1007/s00425-024-04468-1>

- ・ 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

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. Yuta Takeuchi, Kyoichi Kuriyama, Hiroshi Shimada, Atsushi Sakamoto, Functional augmentation of the purine catabolic pathway upon angiosperm evolution. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢（金沢大学角間キャンパス）, 2025年3月14日-16日
- ◎2. Kumiko Okazaki, Masako Iwai, Tomokazu Kurita, Koichi Hori, Mie Shimojima, Shinichiro Maeda, Akihide Takami, Takashi Yamamoto, Hiroyuki Ohta, Atsushi Sakamoto, TALEN-mediated targeted editing of polyphosphate synthetase and lipase genes enhances oil accumulation under phosphorus starvation in oleaginous microalga *Nannochloropsis oceanica*. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢（金沢大学角間キャンパス）, 2025年3月14日-16日
- ◎3. 高嶋 彬, 岩井雅子, 岡崎久美子, 櫻井 望, 長谷川嘉則, 坂本 敦, 太田啓之, 下嶋美恵, *Nannochloropsis oceanica* NIES-2145 における光化学系遺伝子の発現増強と油脂蓄積の相関関係. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢（金沢大学角間キャンパス）, 2025年3月14日-16日

ゲノム機能科学研究グループ

構成員：大森義裕（教授）

○研究活動の概要

本研究室では、魚類を中心とした脊椎動物のゲノム構造と機能を解析し、表現型と遺伝子型を結び付けることで、表現型の背後にある分子メカニズムを解明し、発生生物学や細胞生物学といった基礎生物学的な視点と同時にヒト遺伝性疾患の発症機構の解明を目的として研究をすすめている。具体的には以下のような研究を行っている。

- (1) キンギョ, メダカ, ニシキゴイなどの観賞魚に見られる表現型からその原因遺伝子を同定し, 分子メカニズムを解明する。
- (2) フナ・コイ属に共通する全ゲノム重複によってサブゲノムがどのような進化を辿るのかを解明する。
- (3) 生物多様性の観点から, 日本在来種のオオサンショウウオと中国外来種のオオサンショウウオの交雑種のゲノム解析により交雑の実体とオオサンショウウオの進化についての知見を得る。

○発表論文

・原著論文

該当無し

・著書

該当無し

・総説・解説

1. 大森義裕, 「進化を続ける観賞魚の世界：金魚とメダカ, 似て非なる変異」, 月刊アクアライフ別冊, MPJ, きんぎょ生活 2024 (10) 38-39

○講演等

・国際会議

招待講演

該当無し

一般講演

1. Rui Tang, Tetsuo Kon, Kentaro Fukuta, Soichiro Fushiki, Koto Kon-Nanjo, Hideki Noguchi, Atsushi Toyoda, Kiyoshi Naruse, & Yoshihiro Omori, The molecular mechanisms of fin morphology in ornamental Japanese medaka strains. International zebrafish conference 2024, Miyako Messe, Kyoto, Japan, ポスター発表, 2024 年 8 月 18 日
2. Yoshihiro Omori, Tetsuo Kon, Rui Tang, Shingo Yoshimi, Koto Kon-Nanjo, Saori Matsumoto, Takumi Fujimoto, Atsushi J. Nagano, Hideki Noguchi, Atsushi Toyoda, GWAS analysis of morphological phenotypes in domesticated goldfish strains. International zebrafish conference 2024, Miyako Messe, Kyoto, Japan, ポスター発表, 2024 年 8 月 18 日
3. Tetsuo Kon, Rui Tang, Kentaro Fukuta, Soichiro Fushiki, Koto Kon-Nanjo, Hideki Noguchi, Atsushi Toyoda, Kiyoshi Naruse, Yoshihiro Omori, Genomic basis of diversity and domestication of ornamental Japanese medaka strains. International zebrafish conference 2024, Miyako Messe, Kyoto, Japan, 口頭発表, 2024 年 8 月 18 日

・国内学会

招待講演

1. 大森義裕, キンギョのゲノム研究から遺伝病と進化の謎を解く～デメキンは何で目が飛び出ているのか?～. 千里ライフサイエンスフォーラム (第 375 回), 千里ライフサイエンスセン

タービル, 2025 年 2 月 19 日

2. 大森義裕, キンギョの全ゲノム重複と多様性の謎を解く. ゲノム量変動生物学研究推進体セミナー, 山口大学獣医学研究棟大講義室, 2025 年 2 月 13 日
3. 大森義裕, 動物・植物のゲノムワイド関連解析 (GWAS) が拓く生命科学の未来. 第 47 回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場, 招待講演 (オーガナイザー: 大森義裕), 2024 年 11 月 27 日
4. Kon Tetsuo, Tang Rui, Fushiki Soichiro, Kon-Nanjo Koto, Koji Mabuchi, Noguchi Hideki, Toyoda Atsushi, Naruse Kiyoshi, Omori Yoshihiro, 集団ゲノミクスによる観賞メダカ品種の起源と多様な表現型の遺伝的基盤の解明. 第 47 回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場, 2024 年 11 月 27 日
5. 大森義裕, キンギョのゲノム解読と変異体の GWAS 解析 ～デメキンの眼はなぜ飛び出ているのか～. 広島大学統合生命科学研究科シンポジウム, 広島大学学士会館 レセプションホール, 2024 年 11 月 26 日

一般講演

1. 高橋太一, 湯 瑞, 吉見紳吾, 永野 惇, 野口英樹, 豊田 敦, 大森義裕, キンギョにおける眼周辺の浮腫形成機構の理解. 第 47 回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場, ポスター発表, 2024 年 11 月 27 日
2. 松本沙織, 湯 瑞, 伏木宗一郎, 村宮一紀, 永野 惇, 野口英樹, 豊田 敦, 大森義裕, キンギョ鱗形態変異体を用いた鱗発生と再生メカニズムの理解. 第 47 回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場, ポスター発表, 2024 年 11 月 27 日
3. 佐藤優里奈, 湯 瑞, 伏木宗一郎, 吉見紳吾, 永野 惇, 野口英樹, 豊田 敦, 大森義裕, キンギョの茶色変異をモデルとした体色形成機構の解明. 第 47 回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場, ポスター発表, 2024 年 11 月 27 日
4. Yoshihiro Omori, Saori Matsumoto, Takumi Fujimoto, Tetsuo Kon, Rui Tang, Shingo Yoshimi, Koto Kon-Nanjo, Soichiro Fushiki, Atsushi J. Nagano, Hideki Noguchi, Atsushi Toyoda, 家畜化されたキンギョ (*Carassius auratus*) の形態形成と行動変化に対するゲノムワイド関連解析 (GWAS) . 第 97 回日本生化学会大会, パシフィコ横浜, ポスター発表, 2024 年 11 月 8 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. Nakano M., Sakamoto T., Ito Y., Kitano Y., Tsukakoshi K., Bono H., Tabunoki H., The metabolic ability of swallowtails results in the production of bioactive substances from plant components. *bioRxiv*, 2025.03.09.642260, 20250313
2. Suzuki T., Bono H., Pipeline to explore information on genome editing using large language models and genome editing meta-database. *DATABASE*, 2025巻, 20250308
3. Ikeda S., Zou Z., Bono H., Moriya Y., Kawashima S., Katayama T., Oki S., Ohta T., Extraction of biological terms using large language models enhances the usability of metadata in the BioSample database. *bioRxiv*, 2025.02.17.638570, 20250222
4. Nakamae K., Suzuki T., Yonezawa S., Yamamoto K., Kakuzaki T., Ono H., Naito Y., Bono H., Risk Prediction of RNA Off-Targets of CRISPR Base Editors in Tissue-Specific Transcriptomes Using Language Models. *International Journal of Molecular Sciences*, 26巻, 4号, pp. 1723, 20250218
5. Nakano M., Sakamoto T., Kitano Y., Bono H., Tabunoki H., *CYP6B* Subtype Expression Fluctuates in the Great Mormon, *Papilio memnon*, with Changes in the Components of the Host Plants. *Insects*, 16巻, 2号, pp. 159, 20250204
6. Mameda R., Bono H., Data-driven workflow for comprehensive gene expression analysis in complex microbiomes. *bioRxiv*, 2025.01.17.632662, 20250118
7. Yokoi K., Hatakeyama M., Kuwazaki S., Maeda T., Yoshiyama M., Horigane-Ogihara M., Matsuyama S., Jouraku A., Bono H., Kimura K., Comprehensive expression data for two honey bee species, *Apis mellifera* and *Apis cerana japonica*. *bioRxiv*, 2024.12.11.627317, 20241213
8. Nozu R., Kadota M., Nakamura M., Kuraku S., Bono H., Meta-analysis of gonadal transcriptome provides novel insights into sex change mechanism across protogynous fishes. *Genes to Cells*, 29巻, 11号, pp. 1052-1068, 20240929
9. Toga K., Kimoto F., Fujii H., Bono H., Genome-Wide Search for Gene Mutations Likely Conferring Insecticide Resistance in the Common Bed Bug, *Cimex lectularius*. *Insects*, 15巻, pp. 737, 20240924
10. 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. *Plant Biotechnology*, 41巻, pp. 303-308, 20240826
11. Suzuki T., Bono H., A systematic exploration of unexploited genes for oxidative stress in Parkinson's disease. *npj Parkinson's Disease*, 10巻, pp. 160, 20240817
12. Shintani M., Bono H., Meta-analysis of public RNA-sequencing data of drought and salt stresses in different phenotypes of *Oryza sativa*. *bioRxiv*, 2024.08.06.605779, 20240808

13. Uno M., Bono H., Transcriptional Signatures of Domestication Revealed through Meta-Analysis of Pig, Chicken, Wild Boar, and Red Junglefowl Gene Expression Data. *Animals*, 14巻, 13号, pp. 1998, 20240706
14. Wakuda M., Sakamoto T., Tanaka A., Sugimura S., Higashiura Y., Nakazato T., Bono H., Tabunoki H., High expression of serine protease, Brachyurin in the posterior midgut of black soldier fly (*Hermetia illucens*) during horse dropping processing. *BMC Research Notes*, 17巻, pp. 182, 20240629
15. 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). *Scientific Data*, 11巻, pp. 709, 20240628
16. 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). *G3 Genes|Genomes|Genetics*, pp. jkae127, 20240611
17. Nakamae K., Ide S., Ohnuki N., Nakagawa Y., Okuhara K., Bono H., PtWAVE: A High-Sensitive deconvolution software of sequencing trace for the Detection of Large Indels in Genome Editing. *bioRxiv*, 2024.04.17.589649, 20240417

○著書

1. 坊農秀雅, 小野浩雅, 生命科学者のためのデジタルツール入門 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, Dr. Bono のゲノム解説 - NGS によるシーケンシングとデータ解析の今. メディカル・サイエンス・インターナショナル
3. 坊農秀雅, 論文に出る遺伝子デルジーン 300. 羊土社

○総説・解説

該当無し

○国際会議での講演

招待講演

1. Hiromitsu Araki, Kouhei Toga, Makito Shindo, Kazunori Matsuo, Hidemasa Bono, Genome analysis of the pupal parasitoid of the stable fly, *Spalangia cameroni* (Hymenoptera: Spalangiidae). XXVII International Congress of Entomology (ICE2024), Kyoto, Japan, 2024.8
2. Kouhei Toga, Hidemasa Bono, Meta-analysis of publicly available RNA sequencing data of queens and workers in social hymenopterans and termites. XXVII International Congress of Entomology (ICE2024), Kyoto, Japan, 2024.8
3. Takeya Kasukawa, Hiroko Tabunoki, Hidemasa Bono, Functional annotation for insect transcriptomes. XXVII International Congress of Entomology (ICE2024), Kyoto, Japan, 2024.8
4. Kouhei Toga, Hidemasa Bono, Highly contiguous and well-annotated genome assemblies of Japanese insect strains using HiFi read sequencing, BRAKER, and Fanflow4insects: Case studies from the parasitic wasp *Copidosoma floridanum* and the common bed bug *Cimex lectularius*. The 4th International Collaborative Workshop on Functional Genomics, Molecular Biology, and Biochemistry of Insect Cuticular Extracellular Matrix, Fuchu, Tokyo, Japan, 2024.12
5. Hidemasa Bono, Opening remarks. The 4th International Collaborative Workshop on Functional Genomics, Molecular Biology, and Biochemistry of Insect Cuticular Extracellular Matrix, Fuchu, Tokyo, Japan, 2024.12
6. Kazuki Nakamae, Saya Ide, Nagaki Ohnuki, Yoshiko Nakagawa, Keisuke Okuhara, Hidemasa Bono,

Novel Bioinformatics Tools for Enhanced Safety and Activity Estimation of Genome Editing in Plant Science. IPSR International Forum 2024 on Plant Stress Sciences by/for Junior Scientists (IPSR 2024), Kurashiki, Okayama, Japan, 2024.12

7. Mitsuo Shintani, Hidemasa Bono, Exploring the phenotype-specific drought and salt stress responsive genes in *Oryza sativa* through meta-analysis of public transcriptome data. IPSR International Forum 2024 on Plant Stress Sciences by/for Junior Scientists (IPSR 2024), Kurashiki, Okayama, Japan, 2024.12

一般講演

1. Takayuki Suzuki, Hidemasa Bono. Exploration of Target Genes for Parkinson's disease using Transcriptomics and Unknomics. Biological Data Science, Cold Spring Harbor Laboratory, New York, USA 2024.11
2. Ryo Nozu, Naoya Oec, Shota Matsumoto, Hidemasa Bono. A Pathway Analysis Environment for Non-Model Organisms: Development and Application of Qpx. Plant and Animal Genome Conference / PAG 32, San Diego, CA, USA, 2025.1
3. Sora Yonezawa, Hidemasa Bono. Exploration of Novel Heat Stress-Responsive Genes Using Public Database Resources and Structural Similarity Search. Plant and Animal Genome Conference / PAG 32, San Diego, CA, USA, 2025.1
4. Mitsuo Shintani, Hidemasa Bono. Meta-Analysis of Public RNA-Seq Data reveals Novel Drought and Salt Stress-Responsive Genes in *Oryza sativa* and Corresponding Genes in *Arabidopsis thaliana*. Plant and Animal Genome Conference / PAG 32, San Diego, CA, USA, 2025.1

○国内学会での講演

招待・依頼講演

1. 坊農秀雅, ゲノム編集の植物育種への応用, 日本育種学会第146回講演会 市民公開シンポジウム, 東広島, 2024年09月23日
2. 坊農秀雅, 昆虫のゲノムデータ解析を始めよう, 第69回日本応用動物昆虫学会大会, 幕張メッセ, 2025年03月21日

一般講演

1. 伊出佐耶, 中前和恭, 大貫永輝, 中川佳子, 坊農秀雅, PtWAVE: ゲノム編集で生じるラージデリションを検出するための高感度なシーケンス波形分解 ソフトウェア. 日本ゲノム編集学会 第9回大会, 大阪, 2024年6月17日
2. 大豆田 亮, 坊農秀雅, 複合微生物のゲノム編集を目指したデータ駆動型メタトランスクリプトーム解析手法の開発. 日本ゲノム編集学会 第9回大会, 大阪, 2024年6月17日
3. 鳥野素生, 坊農秀雅, 家畜育種におけるゲノム編集ターゲット遺伝子選定のためのトランスクリプトームデータのメタ解析. 日本ゲノム編集学会 第9回大会, 大阪, 2024年6月17日
4. 米澤奏良, 坊農秀雅, 新規ゲノム編集ターゲット遺伝子選定のためのイネの熱ストレス関連トランスクリプトームのメタ解析. 日本ゲノム編集学会 第9回大会, 大阪, 2024年6月17日
5. 新谷光雄, 坊農秀雅, 塩・干ばつストレス耐性・感受性イネ品種の公共 RNA-Seq データのメタ解析によるゲノム編集ターゲットの選定. 日本ゲノム編集学会 第9回大会, 大阪, 2024年6月17日
6. 光成 仁, 坊農秀雅, 公共データベースのメタ解析による飢餓耐性獲得のためのゲノム編集ターゲット遺伝子の選定. 日本ゲノム編集学会 第9回大会, 大阪, 2024年6月17日
7. 米澤奏良, 坊農秀雅, 公共データベース統合化によるイネの熱ストレスに関連する新規育種標的遺伝子の同定. トランスクリプトームデータのメタ解析と構造類似性検索の実行. 日本

育種学会第146回講演会, 東広島, 2024年9月19日

8. 新谷光雄, 坊農秀雅, 塩・干ばつストレス耐性・感受性イネ品種の公共RNA-Seqデータのメタ解析による新規ストレス応答性遺伝子の同定. 日本育種学会第146回講演会, 東広島, 2024年9月19日
- ◎9. 江崎 僚, 渡邊天海, 寺田拓実, 松崎芽衣, 坊農秀雅, 山本 卓, 堀内浩幸, ゲノム編集技術を用いたニワトリの品種改良～全ゲノム解析によるゲノムワイドな変異の確認およびアレルギー低減卵を生産するニワトリ新品種の作出～. 第47回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場 マリンメッセ福岡, 2024年11月27日
10. 米澤奏良, 坊農秀雅, 公共データベース利活用による新規熱ストレス応答遺伝子解析ワークフローの開発: メタ解析と構造類似性検索の活用. 第47回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場 マリンメッセ福岡, 2024年11月27日
11. 新谷光雄, 坊農秀雅, 公共RNA-Seqデータベースを活用したイネの干ばつ・塩ストレス耐性品種と感受性品種の比較トランスクリプトーム解析. 第47回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場 マリンメッセ福岡, 2024年11月27日
12. 鈴木貴之, 坊農秀雅, UnknomicsとTranscriptomicsによるパーキンソン病関連遺伝子の探索. 第47回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場 マリンメッセ福岡, 2024年11月27日
13. 梅 浩平, 坊農秀雅, 昆虫のde novoゲノムアセンブリに対するBRAKER3による遺伝子予測およびFanflow4Insectsによる機能アノテーション. 第47回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場 マリンメッセ福岡, 2024年11月27日
14. 野津 了, 大石直哉, 坊農秀雅, 非モデル生物におけるパスウェイ解析環境qpxの開発. 第47回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場 マリンメッセ福岡, 2024年11月27日
15. 田村啓太, 大石直哉, 野津 了, 坊農秀雅, アカシソの特化代謝産物増産を目指したゲノム解読およびパスウェイ可視化システムの応用. 第47回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場 マリンメッセ福岡, 2024年11月27日
16. 中前和恭, 伊出佐耶, 大貫永輝, 中川佳子, 奥原啓輔, 坊農秀雅, ゲノム編集によって生じたラージデリションを高感度に検出するためのサンガーシーケンス解析ソフトウェアの開発. 第47回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場 マリンメッセ福岡, 2024年11月27日
17. 弓矢 誠, 坊農秀雅, データ駆動型ゲノム育種のためのゲノム編集関連植物育種情報データベース構築とその解析. 第47回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場 マリンメッセ福岡, 2024年11月27日
18. 鳥野素生, 坊農秀雅, ブタ, イノシシ, ニワトリ, セキショクヤケイを対象とした家畜動物とその原種における公共遺伝子発現データのメタ解析と手法の改良. 第47回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場 マリンメッセ福岡, 2024年11月27日
19. 坊農秀雅, 新奇モデル生物のための遺伝子機能アノテーションワークフロー. 第47回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場 マリンメッセ福岡, 2024年11月27日
20. 新谷光雄, 坊農秀雅, 塩および干ばつストレス下におけるイネの公共 RNA-Seq データの統合解析によるイネの新規ストレス応答遺伝子の同定. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢, 2025年3月14日
21. 弓矢 誠, 坊農秀雅, 野生品種と栽培品種の公共データによる栽培化に伴う発現変動遺伝子のメタ解析. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢, 2025年3月14日
22. 梅 浩平, 坊農秀雅, ピレスロイド感受性および抵抗性のトコジラミにおけるPacBio HiFiリードによるゲノムシーケンス解析. 第69回日本応用動物昆虫学会大会, 幕張メッセ, 2025年3月21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（2023.4-） 鎌本直也
- ・ HANQIU JU（博士課程後期）
- ・ SONG YUTONG（博士課程後期）
- ・ JAVAID ZUNERA（博士課程前期）
- ・ AKBAR MARIA（博士課程前期）
- ・ WALEED AHMED（博士課程前期）
- ・ Nguyen Thuy Trang（博士課程前期）
- ・ 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）「細胞実験と数理によるイエネコ白色遺伝子の機能及び疾患への影響の網羅的探索」代表

栗津暁紀：科学研究費助成事業・基盤研究（C）「棘皮動物におけるインスレーターを介したゲノムの組織化とその進化」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

栗津暁紀：JST ムーンショット型研究開発事業「複雑臓器制御系の数理的包括理解と超早期精密医療への挑戦」分担

藤井雅史：科学研究費助成事業・基盤研究（C）「粗視化分子動力学法による大規模分子運動シミュレーションのためのフレームワーク構築」代表

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運動・行動の機構」代表

飯間 信：科学研究費助成事業・基盤研究（A）「動的システム化の科学～蝶の羽ばたき飛翔を例として～」分担

藤田雄介：広島大学サタケ基金研究助成金「トンボ翼周辺の渦パターンにおける数値計算と実験の対応づけ」代表

藤田雄介：科学研究費助成事業・研究活動スタート支援「自然界にある凹凸構造物の流体力学的な意義の探究」代表

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（安田：分担）

楯 真一：科学研究費補助金 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」代表（安田：分担）

安田恭大：科学研究費助成事業 基盤（C）「ストレス顆粒形成でのオーダードリクルートメントとその生物学的役割解明」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：JST ACT-Xトランススケールな理解で切り拓く革新的マテリアル「自動マイクロポンプの創発とその応用展開」代表

松尾宗征：泉科学技術振興財団 令和6年度研究助成（金属・無機材料）「発振する無機膜の開発」代表

松尾宗征：「病気みえる化@ホーム」旭化成株式会社 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

久世雅和：石福金属興業株式会社 令和6年度研究助成金制度「化学反応が自発的に形成する3次元螺旋波の光制御」代表

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・坂本尚昭：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）「棘皮動物におけるインスレーターを介したゲノムの組織化とその進化」代表

坂本尚昭：科学研究費助成事業・基盤研究（C）「細胞実験と数理によるイエネコ白色遺伝子の機能及び疾患への影響の網羅的探索」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の制限を解除する新規ノックイン法の開発」代表

杉 拓磨：科学研究費助成事業・基盤研究（A）「動物集団における情報伝達機構の解明」代表

杉 拓磨：科学研究費助成事業・学術変革領域研究（B）計画班「細胞内3D環境のマルごととシングルスロット計測技術の開発と応用」代表

杉 拓磨：科学研究費助成事業・学術変革領域研究（B）総括班「マルチスケール4D生物学の創成」分担

杉 拓磨：科学研究費助成事業・挑戦的研究（開拓）「3次元空間の1細胞光遺伝学の創成」代表

杉 拓磨：科学研究費助成事業・基盤研究（C）「複数入力神経回路の情報流相互作用理論と線虫の超高速計測に基づく演算機構の解明」分担

杉 拓磨：JST・創発的研究支援事業「革新的リアルタイム三次元計測・操作技術の開発と応用」代表

杉 拓磨：JST・未来社会創造事業（探索加速型）「生体内三次元動態のオペランド解析技術の開発」代表

杉 拓磨：JST・A-STEP産学共同（育成型）「スキャンレス4Dイメージング・操作顕微鏡の開発」代表

杉 拓磨：キャノン財団 研究助成プログラム「超高速高分解能3D計測・操作を実現する新顕微鏡の開発」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：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

坂本 敦：共同研究講座研究「藻類生理学研究」代表（マツダ株式会社）

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：JST・戦略的創造研究推進事業 ALCA-Next フィージビリティスタディ「スーパーRubiscoによる高光合成植物の育種」代表

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：共同研究講座研究「藻類生理学研究」分担（マツダ株式会社）

大森義裕：科学研究費助成事業・基盤研究（B）「キンギョ変異体を用いたゲノム解析によるヒト遺伝性疾患発症機構の解明」代表

大森義裕：武田科学振興財団・生命科学研究助成「シングルセルオミクス解析による脊椎動物の網膜神経における全ゲノム重複後の視覚機能進化と網膜変性発症機構の解明」代表

大森義裕：内藤記念科学振興財団・研究助成「キンギョ品種をモデルとした眼科関連疾患の発症機構のゲノム科学的解析」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

栗津暁紀：物性研究地方編集委員

藤井雅史：文部科学省 科学技術・学術政策研究所(NISTEP) 専門調査員

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：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：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

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, 藤井雅史, 安田恭大：研究会「理論と実験」2024, 広島大学, 2024.10.10-11

藤本仰一, 本田直樹, 斉藤 稔, 栗津暁紀, 藤井雅史：SSTB2025 -Spring School for Theoretical Biology 2025, 広島大学（ミライクリエ）主催, 2025.2.19-21

斉藤 稔, 坂田綾香, 福島孝治：学際領域の開拓と探求～統計物理・データ科学・MCMC～（オンライン会議）, 2025.1.10-11, HP: <https://sites.google.com/view/gakusai-2025/>

安田恭大, 齋藤 稔, 藤井雅史：研究会「理論と実験」2024, 広島大学 運営

安田恭大：国際シンポジウム「NanoBioInfoChemistry」2024, 広島大学 運営

安田恭大：講演 広島大学附属福山高校, 2024.10.23

安田恭大：広島大学ホームカミングデイ ラボツアー@SKCM², VBL

安田恭大：Science-Japan meetingでのWPI-SKCM² ブース運営, 2025.3.10

大前英司：日本生物高分子学会 理事

大前英司：日本生物高分子学会Journal of Biological Macromolecules誌 編集委員

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 特任研究員

松尾宗征：北方民族大学 客員教授

松尾宗征：西日本非線形科学研究会 世話人

山本 卓：日本ゲノム編集学会 副会長

山本 卓：日本分子生物学会 理事

山本 卓：日本学術会議 連携会員

山本 卓：日本学術会議 遺伝学分科会・委員

山本 卓：日本学術会議 産業生物バイオテクノロジー分科会・委員

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・さきがけ副総括

山本 卓：国立研究開発法人科学技術振興機構(JST) A-step アグリバイオ分野総括

山本 卓：一般社団法人バイオ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：ナショナルバイオリソース事業ネットイッツメガエル運営委員会委員

山本 卓：熊本大学生命資源研究・教育センター客員教授

山本 卓：鳥取大学染色体工学センター客員教授

山本 卓：東京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

杉 拓磨：日本学術振興会 科学研究費委員会専門委員

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

坊農秀雅：独立行政法人 日本学術振興会 特別研究員等審査会審査委員及び学術国際交流事業書面審査員・書面評価員

坊農秀雅：日本ゲノム編集学会広報委員会委員

○産学官連携実績

非線形数理学研究グループ

- ・ 理化学研究所広島大学共同研究拠点における、理化学研究所ほかとの共同研究推進自己組織化学グループ

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
- ・ 松尾宗征：旭化成株式会社との共同研究

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

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

ゲノム機能科学研究グループ

- ・ 大森義裕：愛知県水産試験場弥富指導所との共同研究

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。

飯間 信：広島大学オープンキャンパス2024にて Open lab.「数理学と生命流体力学」実施
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

松尾宗征：文部科学省 卓越研究員

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（光永）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

中坪（光永）敬子：第22回男女共同参画学協会連絡会シンポジウム，中央大学茗荷谷キャンパス
（現地）&オンライン開催, 2024年10月12日, 「広島大学の若手研究者及び女性研究者活躍支援の取組」ポスター発表

杉 拓磨：NHK Eテレ サイエンスZERO出演「人類の未来を変える“ミラクル生物”線虫 驚異の能力と可能性」

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：バイオDXの世界 ゲノム解析を学び，実践に生かす，ゲノム解析からはじまるバイオDXにて講師 一般社団法人バイオDX推進機構, 2025年3月29日開催

坊農秀雅：広島県立西条農業高等学校にて講演，コンピュータを使った生物学研究とその応用，
2024年11月21日開催

○特許取得

坂本 敦，岡崎久美子：国内取得1件

○特許出願

坂口峻太，堤 真人，西 健太郎，本田直樹：国内出願1件

松尾宗征，久保寺裕進，藤井雅史：国内出願1件

松尾宗征：国内特許出願1件

山本 卓，栗田朋和，濱川匡史：特願2025-009490，ゲノム編集された原核細胞の製造方法

太田啓之，下嶋美恵，岩井雅子，加藤奈津子，坂本 敦，山本 卓，岡崎久美子，栗田朋和，前田真一郎：特願2024-218986，油脂高蓄積藻類における油脂製造強化方法

太田啓之，下嶋美恵，岩井雅子，坂本 敦，山本 卓，岡崎久美子，栗田朋和，前田真一郎：特願2024-219013，藻類のトリアシルグリセロール生産強化方法

杉 拓磨：PCT出願3件

坂本 敦，岡崎久美子：国内出願2件

○記事掲載

岡崎久美子：MAZDA MIRAI BASE「藻で未来のクリーンエネルギーをつくる!? マツダ×広島大学の挑戦～高校生が問うクルマの未来～」2024年10月31日掲載

