

SFC 研究所所長 殿

SFC 研究所ラボラトリ年次活動実績報告書

ラボ名称	システムバイオロジー・ラボ			
ラボ代表者	氏名	富田 勝	所属	環境情報学部 教授
ラボ設置期間	2002年7月1日 ~ 2020年3月31日		17	年間
構成メンバー(提出時点)				
氏名	所属・職位		役割	
富田 勝	環境情報学部 教授		バイオインフォマティクス、情報科学	
金井 昭夫	環境情報学部 教授		分子生物学、分子細胞生物工学	
曾我朋義	環境情報学部 教授		分析化学、有機化学	
内藤泰宏	環境情報学部 教授		システムバイオロジー、数理生物学	
荒川和晴	環境情報学部 准教授		バイオインフォマティクス、システム生物学	
福田正嗣	政策・メディア研究科 特任教授		微生物学、免疫学	

年次活動実績報告

研究活動報告（設置申請書、継続申請書の研究活動計画と対比するように記載してください。）

■応用研究

【健康分野】

①ガン医療への展開

- ・マーカーの候補となった物質は保存条件や採取条件などの影響を調べて検体処理のプロトコルの標準化をはかることができた。
- ・大規模な健常者のデータを用い、生活環境や食生活などの影響を横断的に解析し、マーカーの感度・特異度の評価を行うことができた。
- ・複数のマーカーを組みあせて疾患特異性のある識別指標を開発することができた。

②CKD（慢性腎臓病）のバイオマーカーの探索

- ・昨年度同定したマーカー候補について、試薬合成を行うとともに、これまで測定した検体の定量値を算出することができた。
- ・対象疾患以外の検体についても幅広く収集し、本マーカーの疾患特異性についても検証を行うことができた。

【農業分野】

①農作物・食品の風味に与える諸条件の検討

栽培農産物の呈味を中心とした影響をメタボローム解析で実施した。イネ、トマト、ブドウ、エダマメ、ネギにおいては栽培様式、品種、収穫時期などの項目で比較を行ったが、多くの植物種において収穫時期による構成成分への影響が大きいことが明らかになった。食品においては加工過程のメタボローム解析を実施した。その結果、加工過程を経るに伴い農作物では確認された違いが加工過程を経て均質化する現象が起こっていることが確認された。

②農作物・食品メタボロームデータベースの構築

トマト、水産練り物、餅については製造工程を追った成分変化をメタボローム解析で明らかにした。水産練り物については材料の混合に関して、実際の生産に即した加工過程における構成成分の変化に関するデータを蓄積した。

■基礎研究

【医療分野】

1. これまでの研究で、大腸癌の代謝は、発がんの関与する転写因子MYCによって制御されていることが判明した。

また、転写因子CEBPZがAURKAを介してMYCの発現を制御していることを見いだした。

2019年度は、さらにこれらを制御する分子メカニズムの機序を詳細に解明し、MYCの発現を制御する方法を検討する予定である。

2. 常在菌が健康に与える影響のシステム生物学的理解

- ①疾患モデルマウスへの食品摂取による改善効果の検討（継続）することができた。
- ②腸内細菌叢の乱れがもたらす宿主恒常性破綻に関する研究（継続）することができた。
- ③皮膚微生物叢を活用した応用研究することができた。

3. 生体シミュレーション

①E-Cell Systemの開発

- ・昨年度から引きつづき、E-Cell3およびE-Cell4の開発を進めた。
- ・シミュレーション結果の可視化アプリケーションの開発を進めることができた。
- ・昨年度から引きつづき、ドキュメント整備を進めた。

②生命現象のモデル化とシミュレーション

- ・心筋細胞モデル…心筋細胞の発生過程の数理モデルを用いて分化過程に存在する拘束条件を推定することができた。
- ・肝小葉の代謝区域化モデル…恒常性を考慮した代謝モデルを用いて、代謝区域化の確立に関わる拘束条件を推定することができた。
- ・合成生物学に関連する数理モデル…合成生物学技術を用いて合成した遺伝子回路の表現型を予測する量的モデルを構築することができた。

■基盤技術研究

1. メタボローム解析技術

①代謝物データベース作成

これまでに幾つかのメタボローム分析法を開発してきたが、本年度はこれらの情報をまとめた代謝物データベースの作成を行う。具体的には、各分析法において測定可能な代謝物の一覧を作成し、分析条件と化合物の双方から検索可能なデータベースの作成を行うことができた。

2. ゲノムデザイン技術

- ①独自技術の納豆菌接合伝達系のまとめを報告、公開する。
- ②独自技術の大腸菌接合伝達系を次世代技術として確立させる。

3. トランスクリプトーム

① RNA制御酵素の生化学、進化学的解析（酵素の試験管内反応系を確立する）

バクテリアのClp1様ポリヌクレオチドキナーゼを発見し、その性状解析を行った。

本研究内容を学術論文として、発表した。

Saito, M., Sato, A., Nagata, S., Tamaki, S., Tomita, M., Suzuki, H., and Kanai, A. (2019)

Large-scale Molecular Evolutionary Analysis Uncovers a Variety of Polynucleotide Kinase Clp1 Family Proteins in the Three Domains of Life. *Genome Biology and Evolution* 11(10): 2713–2726.

② 大腸菌のストレス解放時に見られる遺伝子発現変化の解析

ある程度の方向性を決めた。新しいプロテオーム装置の導入に伴い、プロテオーム解析をやり直すこととした。

③ 超好熱性アーキアのストレス時に見られるプロテオーム及び遺伝子発現変化の解析

着実に成果が上がっている。本年度に低分子RNAの解析結果を加えて考察する予定である。

④ CPRバクテリアの比較ゲノム解析

CPRバクテリアにおいて、リボソームタンパク質やrRNAの一部が欠失しているような特徴を見出した。

研究成果(学術論文、著作物、メディア露出等)□

Published

"Chromatin Remodeling and Immediate Early Gene Activation by SLFN11 in Response to Replication Stress" Murai, J., Zhang, H., Pongor, L., Tang, SW., Jo, U., Moribe, F., Ma, Y., Tomita, M. and Pommier, Y. *Cell Rep.* 30(12):4137-4151.e6. (2020 Mar 24)

"Sensory properties and metabolomic profiles of dry-cured ham during the ripening process" Sugimoto, M., Sugawara, T., Obiya, S., Enomoto, A., Kaneko, M., Ota, S., Soga, T. and Tomita, M. *Food Res Int.* 129:108850. (2020 Mar) [Epub 2019 Nov 30]

"The use of a double coaxial electrospray ionization sprayer improves the peak resolutions of anionic metabolites in capillary ion chromatography-mass spectrometry" Hirayama, A., Tabata, S., Kudo, R., Hasebe, M., Suzuki, K., Tomita, M. and Soga, T. *J Chromatogr A.* 460914.(2020 Jan 2) [Epub ahead of print]

"Comparison of the transcriptomes of two tardigrades with different hatching coordination" Yoshida, Y., Sugiura, K., Tomita, M., Matsumoto, M. and Arakawa, K. *BMC Dev Biol.* 19(1):24. (2019 Dec 9)

"Cutibacterium acnes (Propionibacterium acnes) 16S rRNA Genotyping of Microbial Samples from Possessions Contributes to Owner Identification" Yang, J., Tsukimi, T., Yoshikawa, M., Suzuki, K., Takeda, T., Tomita, M. and *Fukuda, S. *mSystems.* 4(6). pii: e00594-19. (2019 Nov 26)

"AMPK activity is required for the induction of anhydrobiosis in a tardigrade *Hypsibius exemplaris*, and its potential up-regulator is PP2A" Kondo, K., Mori, M., Tomita, M. and Arakawa, K. *Genes Cells.* (2019 Oct 14) [Epub ahead of print]

"Association between dyslipidemia and plasma levels of branched-chain amino acids in the Japanese population without diabetes mellitus" Fukushima, K., Harada, S., Takeuchi, A., Kurihara A., Iida, M., Fukai, K., Kuwabara, K., Kato, S., Matsumoto, M., Hirata, A., Akiyama, M., Tomita, M., Hirayama, A., Sato, A., Suzuki, C., Sugimoto, M., Soga, T., Sugiyama, D., Okamura, T. and *Takebayashi, T. *J Clin Lipidol.* pii: S1933-2874(19)30274-0 (2019 Sep 11)

"Mass Spectrometry-compatible Subcellular Fractionation for Proteomics" Masuda, T., Sugiyama, N., Tomita, M., Ohtsuki, S. and *Ishihama, Y. *J Proteome Res.* (2019 Oct 17) [Epub ahead of print]

"Draft Genome Sequences of *Enterococcus faecalis* Strains Isolated from Healthy Japanese Individuals" Tanaka, K., Watabe, T., Kato, K., Tsukimi, T., Sato, MP., Odamaki, T., Tomita, M. and Fukuda, S. *Microbiol Resour Announc.* 8(40). pii: e00832-19 (2019 Oct 3)

"Large-scale Molecular Evolutionary Analysis Uncovers a Variety of Polynucleotide Kinase Clp1 Family Proteins in the Three Domains of Life" Saito, M., Sato, A., Nagata, S., Tamaki, S., Tomita, M., Suzuki, H. and Kanai, A. *Genome Biol Evol.* pii: e00832-19 (2019 Oct 1)

"Clinical Features of Febrile Urinary Tract Infection Caused by Extended-spectrum Beta-lactamase-producing *Escherichia Coli* in Children" Ohnishi, T., Mishima, Y., Takizawa, S., Tsutsumi, K., Amemiya, A., Akiyama, N., Kanna, Y., Asato, S., Tomita, M., Ikemiyagi, M., Shikoro, N., Nakazawa, M., Kurihara, N. and Kamimaki I. *Keio J Med.* (2019 Aug 30) [Epub ahead of print]

"Strand-specific Single-stranded DNA Sequencing (4S-seq) of *E. coli* genomes" Masuda, T., *Kono, N., Tomita, M., and Arakawa, K. *bio-protocol* (2019 Aug)

"Salivary metabolomics with alternative decision tree-based machine learning methods for breast cancer discrimination" Murata, T., Yanagisawa, T., Kurihara, T., Kaneko, M., Ota, S., Enomoto, A., Tomita, M., Sugimoto, M., Sunamura, M., Hayashida, T., Kitagawa, Y. and Jinno, H. *Breast Cancer Res Treat.* 177(3):591-601 (2019 Oct)

"Orb-weaving spider *Araneus ventricosus* genome elucidates the spidroin gene catalogue" Kono, N., Nakamura, H., Ohtoshi, R., Moran, DAP., Shinohara, A., Yoshida, Y., Fujiwara, M., Mori, M., Tomita, M. and Arakawa, K. *Sci Rep.* 9(1):8380 (2019 Jun 10)

"The bagworm genome reveals a unique fibroin gene that provides high tensile strength" Kono, N., Nakamura, H., Ohtoshi, R., Tomita, M., Numata, K. and Arakawa, K. *Commun Biol.* 2:148 (2019 Apr 29)

"Stable mutants of restriction-deficient/modification-proficient *Bacillus subtilis* 168: Hub strains for giant DNA engineering" *Itaya, M., Sato, M., Watanabe, S., Yoshikawa, H., Tomita, M. and Sato, R. *J Biochem.* 166(3):231-236 (2019 Sep 1)

"Genomic Analysis of *Pseudomonas* sp. Strain SCT, an Iodate-Reducing Bacterium Isolated from Marine Sediment, Reveals a Possible Use for Bioremediation" Harada, M., Ito, K., Nakajima, N., Yamamura, S., Tomita, M., Suzuki, H. and Amachi, S. *G3 (Bethesda)* 9(5):1321-1329 (2019 May 7)

"Metabolome profiling of various seaweed species discriminates between brown, red, and green algae" Hamid, SS., Wakayama, M., Ichihara, K., Sakurai, K., Ashino, Y., Kadowaki, R., Soga, T. and Tomita, M. *Planta.* 249(6):1921-1947 (2019 Jun)

"Complete Genome Sequence of *Arthrobacter* sp. Strain MN05-02, a UV-Resistant Bacterium from a Manganese Deposit in the Sonoran Desert" Ii, KM., Kono, N., Paulino-Lima, IG., Tomita, M., Rothschild, LJ. and Arakawa, K. *J Genomics* 7:18-25 (2019 Feb 8)

"Comparison of Rigid and Soft-Brace Treatments for Acute Osteoporotic Vertebral Compression Fracture: A Prospective, Randomized, Multicenter Study" Kato, T., Inose, H., Ichimura, S., Tokuhashi, Y., Nakamura, H., Hoshino, M., Togawa, D., Hirano, T., Haro, H., Ohba, T., Tsuji, T., Sato, K., Sasao, Y., Takahata, M., Otani, K., Momoshima, S., Tateishi, U., Tomita, M., Takemasa, R., Yuasa, M., Hirai, T., Yoshii, T. and Okawa, A. *J Clin Med.* 8(2). pii: E198 (2019 Feb 6)

"Stable and efficient delivery of DNA to *Bacillus subtilis* (natto) using pLS20 conjugational transfer plasmids" *Itaya, M., Nagasaku, M., Shimada, T., Ohtani, N., Shiwa, Y., Yoshikawa, H., Kaneko, S., Tomita, M. and Sato, M. *FEMS Microbiol Lett.* 366(4). pii: fnz032 (2019 Feb 1)

"Comparative genomics of Bacteria commonly identified in the built environment" Merino, N., Zhang, S., Tomita, M. and Suzuki, H. *BMC Genomics* 20(1):92. (2019 Jan 28)"

【ポスター発表・国際学会】

ISEV2019

Date: 2019.4.24 - 4.28 Venue: みやこめっせ, 京都

HP: <https://www.isev.org/page/ISEV2019>

1) Metabolome analysis of pancreatic cancer-derived extracellular vesicles

* Ryosuke Hayasaka, Akiyoshi Hirayama, Sho Tabata, Tomoyoshi Soga, Masaru Tomita

ASME & TSME meeting 2019 Date: 2019.5.11 - 5.13

Venue: Tunghai University, Taiwan

HP: <https://asme-tsme-2019.weebly.com/>

1) Genomic Analysis of *Geobacter* sp. SbR, an Antimony-Reducing Bacterium Isolated from Soil in Japan

* Tomoro Warashina, Masafumi Harada, Nobuyoshi Nakajima, Shigeki Yamamura, Masaru Tomita, Haruo Suzuki, and Seigo Amachi

RNA2019

Date: 2019.6.11 - 6.16 Venue: Krakow, Poland

HP: <https://www.rnasociety.org/conferences/rna-2019/>

1) Large-scale molecular evolutionary analysis uncovers a variety of polynucleotide kinase Clp1 family protein in the three domains of life

* Motofumi Saito, Asako Sato, Shohei Nagata, Masaru Tomita, Satoshi Tamaki, Haruo Suzuki, Akio Kanai

2) Comparative genomics analysis of CPR bacteria with their complete genomes: Minimized profiles of ribosomal proteins and ribosomal RNAs

* Megumi Tsurumaki, Motofumi Saito, Masaru Tomita, Akio Kanai

3) Comprehensive computational analysis reveals noncanonical reverse transcriptases in CPR bacteria

* Shohei Nagata, Masaru Tomita, Akio Kanai

4) Molecular evolutionary analysis of hepatitis C virus non-structural protein NS5A and interferon sensitivity

* Akane Nishigata, Shohei Nagata, Masaru Tomita, Akio Kanai

5) An archaeal in vitro reconstitution system for pre-tRNA splicing and characterization of a putative RNA-regulating protein PF1614

* Ayano Sakai, Motofumi Saito, Asako Sato, Masaru Tomita, Satoshi Tamaki, Akio Kanai

6) Comprehensive sequence analysis of group II introns and their phylogenetic profiles in bacteria

* Masahiro C. Miura, Shohei Nagata, Satoshi Tamaki, Masaru Tomita, Akio Kanai

7) Computational analysis of tRNA gene clusters in bacterial evolution

* Yuka Takahashi, Shohei Nagata, Masahiro Miura, Masaru Tomita, Satoshi Tamaki, and Akio Kanai

第 13 回国際ゲノム会議(13AGW) Date: 2019.6.25 - 6.27

Venue: 一橋講堂(学術総合センター内), 東京都 HP: <http://gt164.jpn.org/13agw/>

1) A CRISPR-barcode technology to isolate a target clone from different cell population samples

* Soh Ishiguro, Kana Ishida, Hideto Mori, Mamoru Tanaka, Nanami Masuyama, Rina Sakata, Motoaki Seki, Keiji Nishida, Akihiko Kondo, Satoru Kuhara, Masaru Tomita, Hiroyuki Aburatani, and Nozomu Yachie

2) SPADE for exploring periodic sequence repeats as potential genome editing modules

* Hideto Mori, Daniel Evans-Yamamoto, Soh Ishiguro, Masaru Tomita & Nozomu Yachie

3) Towards high-resolution whole-body cell lineage tracing of mammalian development using an evolving DNA barcode technology

* Nanami Masuyama, Hideto Mori, Soh Ishiguro, Osamu Masui, Hirofumi Nishizono, Mikiko Negishi, Rina Sakata, Arman Ade, Motoaki Seki, Keiji Nishida, Akihiko Kondo, Masaru Tomita, Hiroyuki Aburatani, Haruhiko Koseki & Nozomu Yachie

ISMB/ECCB 2019 Date: 2019.7.21 - 7.25

Venue: Basel, Switzerland

HP: <https://www.iscb.org/ismbecb2019>

1) Transcriptomic analysis of the developmental stages of tardigrades reveals piRNA and hormone regulation

* Yuki Yoshida, Kenta Sugiura, Masaru Tomita, Midori Matsumoto, Kazuharu Arakawa

2) Convergent evolution of anhydrobiosis-related proteins in Tardigrades suggested by multi-omics analysis of *Echiniscus testudo*

* Yumi Murai, Masayuki Fujiwara, Masaru Tomita, Kazuharu Arakawa

ICSB2019

Date: 2019.11.1 - 11.5

Venue: 沖縄科学技術大学院大学(OIST), 沖縄

HP: https://www2.aeplan.co.jp/icsb2018/index_ja.html

1) A CRISPR-barcode technology to isolate a target clone from a heterogeneous cell population

* Soh Ishiguro, Kana Ishida, Hideto Mori, Mamoru Tanaka, Nanami Masuyama, Rina Sakata, Motoaki Seki, Keiji Nishida, Akihiko Kondo, Satoru Kuhara, Masaru Tomita, Hiroyuki Aburatani, Nozomu Yachie

2) SPADE for exploring periodic sequence repeats as potential genome editing modules

* Hideto Mori, Daniel Evans-Yamamoto, Soh Ishiguro, Masaru Tomita, Nozomu Yachie

- 3)Comparative genomics of two tardigrades with different cryptocytotic capacities
 *Yuki Yoshida, Georgios Koutsovoulos, Dominik Laetsch, Lewis Stevens, Sujai Kumar, Daiki Horikawa, Kyoko Ishino, Shiori Komine, Takekazu Kunieda, Masaru Tomita, Mark Blaxter, Kazuharu Arakawa
- 4)Towards high-resolution whole-body cell lineage tracing of mammalian development using an evolving DNA barcode technology
 *Nanami Masuyama, Hideto Mori, Soh Ishiguro, Osamu Masui, Hirofumi Nishizono, Mikiko Negishi, Rina Sakata, Arman Adel, Motoaki Seki, Keiji Nishida, Akihiko Kondo, Masaru Tomita, Hiroyuki Aburatani, Haruhiko Koseki, Nozomu Yachie
- 5)Pooled matrix screen of protein interactomes using Barcode Fusion Genetics-Protein-fragment Complementation Assay (BFG-PCA)
 *Daniel Evans-Yamamoto, Piyush Nanda, François Rouleau, Koji Makanae, Hitoshi Matsuo, Motoaki Seki, Alexandre K. Dube, Diana Ascencio, Masaru Tomita, Hiroyuki Aburatani, Cristian R. Landry, Nozomu Yachie
- 6)Barcode Split Genetics (BSG) Public-key Cryptography
 *Sean Leo Kito Okawa, Daniel Evans-Yamamoto, Masaru Tomita, Nozomu Yachie
- 7)Comprehensive detection of group II intron sequences from genome data and their phylogenetic profiles in bacteria
 *Masahiro C. Miura, Shohei Nagata, Satoshi Tamaki, Masaru Tomita, Akio Kanai

第 10 回極域科学シンポジウムDate: 2019.12.3 - 12.5

Venue: 国立極地研究所, 東京都

HP: <https://www.nipr.ac.jp/symposium2019/>

1) Walking behavior of Tardigrada

* Kurumi Yoshimura, Megumu Tsujimoto

-Miami Winter Symposium 2020, Molecular Mechanisms Linking the Microbiome and Human Health

Date: 2020.1.26 - 1.29

Venue: University of Washington, Washington, United States

HP:<https://fems-microbiology.org/opportunities/plasmid-biology-2018-conference-5-9-august-2018/>

1)Gut microbiota-derived tryptophan metabolites from rice bran dietary intervention ameliorate colonic inflammation

*Kazuki Tanaka, Wanping Aw, Kenta Suzuki, Nozomu Obana, Jiayue Yang, Akihiro Kimura, Masaru Tomita, Shinji Fukuda

2)Development of target bacterial isolation method using anti-bacterial species specific monoclonal antibody

Hikaru Inoue, Gaku Nakato, Masaru Tomita, Joe Inoue, Shinji Fukuda

3)Gut microbiota-derived tryptophan metabolites from rice bran dietary intervention ameliorate colonic inflammation

*Kazuki Tanaka, Wanping Aw, Kenta Suzuki, Nozomu Obana, Jiayue Yang, Akihiro Kimura, Masaru Tomita, Shinji Fukuda

4)Understanding the anti-obesity molecular mechanisms of rare sugar, D-psicose, intake via gut microbiota modulation

*Nao Takeuchi, Kazuki Tanaka, Wanping Aw, Nozomu Obana, Masaru Tomita, Shinji Fukuda

5)The investigation of the suppression effect of honey dietary intervention in DSS-induced colitic mice

*Yuya Iwamoto, Wanping Aw, Masaru Tomita, Shinji Fukuda

6)Investigation of the obesity onset in androgen receptor knockout mice

*Haruno Takahashi, Kazuki Tanaka, Nao Takeuchi, Nozomu Obana, Masaru Tomita, Shinji Fukuda

7)Investigation of the relationship between sleep deprivation and gut microbiota

*Kaho Yajima, Yukino Ogawa, Masaru Tomita, Shinji Fukuda

8)Do the gut microbiota affect host dietary preferences?

*永田真結子, Wanping Aw, 月見友哉, 富田勝, 福田真嗣

【ポスター発表・国内学会】

・日本発生物学会(52回) Date: 2019.5.14 - 5.17

Venue: 大阪国際交流センター, 大阪府

HP: <http://www2.jsdb.jp/kaisai/jsdb2019/index-e.php>

1) The Expression and Functional Analysis of Axial Protocadherin/Protocadherin-1 in mouse embryo

* Kanako Fukunaga, Kuroda Hiroki, Masafumi Inui

・日本ゲノム編集学会第4回大会 Date: 2019.6.3 - 6.5

Venue: タワーホール船堀, 東京都

HP: <https://www2.aeplan.co.jp/ge2019/>

1) A CRISPR-barcode technology to isolate a target clone from different cell population samples

* Soh Ishiguro, Kana Ishida, Hideto Mori, Mamoru Tanaka, Nanami Masuyama, Rina Sakata, Motoaki Seki, Keiji Nishida, Akihiko Kondo, Satoru Kuhara, Masaru Tomita, Hiroyuki Aburatani, and Nozomu Yachie

2) Towards high-resolution whole-body cell lineage tracing of mammalian development using an evolving DNA barcode technology

* Nanami Masuyama, Hideto Mori, Soh Ishiguro, Osamu Masui, Hirofumi Nishizono, Mikiko Negishi, Rina Sakata, Arman Adel, Motoaki Seki, Keiji Nishida, Akihiko Kondo, Masaru Tomita, Hiroyuki Aburatani, Haruhiko Koseki & Nozomu Yachie

□

・第7回がん代謝研究会 Date: 2019.8.1 - 8.2

Venue: 東北大学医学部, 宮城県

HP: <http://www.cmm2019.com/index.html>

1) 低酸素ストレス下でがん細胞が放出した細胞外小胞中の代謝物質量変化

* 早坂亮祐, 平山明由, 田畑祥, 長谷部雅子, 石川貴正, 曾我朋義, 富田勝

・進化学会若手の会 Date: 2019.8.6

Venue: 北海道大学, 北海道

HP: <https://evowakate.wixsite.com/website>

1) バクテリアにおける tRNA 遺伝子クラスターの進化解析

* 高橋佑歌, 永田祥平, 富田勝, 玉木聡志, 金井昭夫

・日本進化学会第21回大会 Date: 2019.8.7 - 8.10 Venue: 北海道大学, 北海道

HP: <http://www.ige.tohoku.ac.jp/prg/plant/info/2019/07/21.html>

1) バクテリアにおける tRNA 遺伝子クラスターの進化解析

* 高橋佑歌, 永田祥平, 富田勝, 玉木聡志, 金井昭夫

□

・第31回高遠・分子細胞生物学シンポジウム Date: 2019.8.22 - 8.23

Venue: 高遠さくらホテル, 長野県

HP: <http://takato-sympo.com/history/detail.php?id=31>

1) 哺乳動物細胞を不均質な細胞集団から単離・解析する遺伝学的手法の開発

* 石黒宗, 石田花, 森秀人, 田中護, 増山七海, 坂田莉奈, 関元昭, 西

田敬二, 近藤昭彦, 久原哲, 富田勝, 油谷浩幸, 谷内江望

2) SPADE によるゲノム編集モジュールに関連した周期的反復配列の探索

* 田中一己, Wanping Aw, 鈴木健大, 尾花望, 富田勝, 福田真嗣

3) RNA キナーゼ Clp1 の大規模分子進化解析から予測された新規バクテリア Clp1 の機能検証

* 森秀人, 山本楠, 石黒宗, 富田勝, 谷内江望

4) Towards high-resolution whole-body cell lineage tracing of mammalian development using an evolving DNA barcode technology

* Nanami Masuyama, Hideto Mori, Soh Ishiguro, Osamu Masui, Hirofumi Nishizono, Mikiko Negishi, Rina Sakata, Arman Adel, Motoaki Seki, Keiji Nishida, Akihiko Kondo, Masaru Tomita, Hiroyuki Aburatani, Haruhiko Koseki & Nozomu Yachie

□

・慶應義塾大学先端生命研-薬研 合同リトリート「総合システム適塾」 Date: 2019.9.5 - 9.6

Venue: 慶應義塾大学 鶴岡タウンキャンパス, 山形県

1) ヨコヅナクマムシとドウジャルダンヤマクマムシの比較ゲノム解析

* 吉田祐貴, Georgios Koutsovoulos, Dominik R. Laetsch, Lewis Stevens, Sujai Kumar, 堀川大樹, 石野響, 小峰菜, 國枝武和, 富田勝, Mark Blaxter, 荒川和晴

2) 断眠が腸内細菌叢に及ぼす影響

* 矢島佳歩, 小川雪乃, 富田勝, 福田真嗣

・日本地球化学会第66回年会 Date: 2019.9.17 - 9.19

Venue: 東京大学 本郷キャンパス, 東京都

1) 土星の水衛星エンセラダスの海底熱水環境における水-岩石相互作用による水素発生

* 沼保壮太, 渋谷岳造, 上田修裕, 齋藤拓也, 菊池早希子, 眞壁明子,

西澤学, 鳥本淳司, 富田勝

2) 液体二酸化炭素-海水間の元素移動に関する実験的研究

*瀬尾海渡, 渋谷岳造, 菊池早希子, 眞壁明子, 藤島皓介, 高井研, 富田勝

・RNA フロンティアミーティング 2019 Date: 2019.9.24 - 9.27

Venue: IBM 天城ホームステッド, 静岡県

1) バクテリアの有するグループ II イントロンの大規模配列解析

* 三浦昌浩, 永田祥平, 玉木聡志, 富田勝, 金井昭夫

□

・生命情報科学若手の会 第 11 回研究会 Date: 2019.10.18 - 20

Venue: 人材開発センター 富士研修所, 山梨県 HP: <https://www.bioinfowakate.org/meeting11>

1) バクテリアにおける tRNA 遺伝子クラスターの進化解析

* 高橋佑歌, 永田祥平, 富田勝, 玉木聡志, 金井昭夫

・第6回 日本細胞外小胞学会(JSEV2019) Date: 2019.10.24 - 25

Venue: 国立がん研究センター研究所, 東京都 HP: <http://www.jsev.jp/meetingoverview/>

1) 低酸素腫瘍がん細胞が放出する細胞外小胞のマルチオミクス解析

* 早坂亮祐, 平山明由, 田畑祥, 森大, 長谷部雅子, 曾我朋義, 富田勝

・第三回水惑星学全体会議 Date: 2019.11.12 - 11.14 Venue: オーテピア, 高知県

HP: http://aquaplanetology.sakura.ne.jp/3rd_General_Assembly/index.htm

1) 海水から液体二酸化炭素への元素分配に関する実験的研究

* 瀬尾海渡, 渋谷岳造, 菊池早希子, 眞壁明子, 藤島皓介, 高井研, 富田勝

・日本放射線影響学会 Date: 2019.11.14 - 11.16

Venue: 京都大学 吉田キャンパス, 京都府

HP: <https://www2.aeplan.co.jp/ge2020/index.html>

1) SLFN11 accelerates apoptosis in response to γ -irradiation

* 渡部素世香, 小林純也, Yves Pommier, 富田勝, 村井純子

・第 42 回日本分子生物学会 Date: 2019.12.3 - 12.7

Venue: 福岡国際展示場, 福岡県

HP: <https://www2.aeplan.co.jp/mbsj2019/>

1) 短波長紫外線に曝露したヨコヅナクマムシのトランスクリプトーム解析

* 吉田祐貴, 堀川大樹, 富田勝, 荒川和晴

2) がん細胞が放出する細胞外小胞のメタボローム解析

* 早坂亮祐, 平山明由, 田畑祥, 森大, 長谷部雅子, 曾我朋義, 富田勝

3) トゲアリ (*Polyrhachis lamellidens*) が宿主アリのコロニーに侵入する際に用いる化学偽装行動の理解

* 岩井碩慶, 河野暢明, 富田勝, 堀川大樹, 荒川和晴

4) 比較ゲノム解析による Micrococcaceae 科及び Geodermatophilaceae 科における紫外線耐性関連遺伝子群の探索

* 飯井虹之介, 河野暢明, 森大, Ivan Glaucio Paulino-Lima, 富田勝, Lynn Justine Rothschild, 荒川和晴

5) C 型肝炎ウイルス由来非構造タンパク質 NS5A の分子進化とインターフェロン感受性

* 西潟茜子, 永田祥平, 富田勝, 金井昭夫

6) 生命の 3 大ドメインにわたる大規模分子進化解析によって明らかとなった Polynucleotide kinase Clp1 の多様性

* 齋藤元文, 佐藤朝子, 永田祥平, 玉木聡志, 富田勝, 鈴木治夫, 金井昭夫

7) 米ぬか摂取による大腸炎抑制効果は腸内細菌叢由来トリプトファン代謝物質がもたらす

* 田中一己, Wanping Aw, 鈴木健大, 尾花望, 楊佳約, 木村彰宏, 富田勝, 福田真嗣

8) 大腸菌ミューター株を用いたマウス腸内環境における適応変異解析

* 月見友哉, 重盛駿, 荒川和晴, 増田貴宏, 宮内栄治, 中東憲治, 富田勝, 大野博司, 森浩禎, 福田真嗣

9) 小型なゲノムを有する難培養細菌群 "CPR" の比較ゲノム解析

* 鶴巻萌, 齋藤元文, 富田勝, 金井昭夫

10) CPR バクテリアにおける逆転写酵素関連タンパク質の網羅的探索と分子進化

* 永田祥平, 富田勝, 金井昭夫

11) Development of target bacterial isolation method using anti-bacterial species specific monoclonal antibody

* Hikaru Inoue, Gaku Nakato, Masaru Tomita, Joe Inoue, Shinji Fukuda

12) pre-tRNA スプライシングの試験管内再構成系と RNA 制御候補タンパク質 PF1614 の性状解析

* 酒井彩乃, 齋藤元文, 佐藤朝子, 富田勝, 玉木聡志, 金井昭夫

13) 希少糖摂取がもたらす腸内細菌叢を介した抗肥満効果の分子機構の解明

* 竹内奈穂, 田中一己, Wanping Aw, 尾花望, 富田勝, 福田真嗣

14) マウス胚における Axial Protocadherin/Protocadherin-1 の発現・機能解析

* 福永佳菜子, 黒田裕樹, 乾雅史

15) 乾眠機構解明に向けたトゲクマムシ *Echiniscus testudo* のマルチオミクス解析

* 村井結美, 藤原正幸, 富田勝, 荒川和晴

16) 各種病原菌移植における各種宿主応答性化機構の解明

10)免疫臓器移植における免疫応答活性に及ぼす影響の解明

*河合真悟, 富田勝, 井上浄

17)自己免疫疾患および免疫老化における絶食効果の検討

*川田ひかる, 富田勝, 井上浄

18)一時的な社会寄生種であるトゲアリ(Polyrhachis lamellidens)における宿主識別機構の解明

*栗原悠, 岩井碩慶, 河野暢明, 富田勝, 荒川和晴

19)アンドロゲン受容体欠損マウスにおける腸内細菌叢を介した肥満発症機構の解明

*高橋春乃, 田中一己, 竹内奈穂, 尾花望, 富田勝, 福田真嗣

20)バクテリアにおけるtRNA 遺伝子クラスターのゲノム上の位置と増殖速度の関係性

*高橋佑歌, 永田祥平, 三浦昌浩, 富田勝, 玉木聡志, 金井昭夫

21)Comprehensive detection of group II intron sequences from genome data and their distribution in bacteria

*Masahiro C. Miura, Shohei Nagata, Satoshi Tamaki, Masaru Tomita, Akio Kanai

22)Geobacter 属細菌におけるゲノムの特徴解析

*藁科友朗, 富田勝, 鈴木治夫

23)睡眠不足がもたらす腸内細菌叢変動の網羅的解析

*矢島佳歩, 小川雪乃, 富田勝, 福田真嗣

24)超好熱性アーキア Pyrococcus furiosus の熱ストレス時におけるプロテオーム解析

*岡部晴子, 三浦昌浩, 富田勝, 足達俊吾, 金井昭夫

25)Shewanella 属のゲノム塩基組成解析

*渡邊あおい, 藁科友朗, 富田勝, 鈴木治夫

26)過酷な熱ストレスからの回復過程における大腸菌遺伝子発現のプロテオーム解析

*黄沐陽, 三浦昌浩, 猪瀬礼璃菜, 佐藤朝子, 亀崎圭太, 富田勝, 森大,

荒川和晴, 金井昭夫

27)アーキアにおけるコア遺伝子セットの推定とその性状解析

*武山尚生, 高橋佑歌, 富田勝, 金井昭夫

第 67 回日本生態学会大会 Date: 2020.3.4 - 3.8 Venue: 名城大学, 愛知県

HP: <http://www.esj.ne.jp/meeting/67/>

1) 一時的な社会寄生種であるトゲアリが行う化学偽装の検証

* 岩井碩慶, 河野暢明, 堀川大樹, 富田勝, 荒川和晴

□

■新聞記事

2019/4/29 読売新聞

乳がんの細胞増殖と治療薬効果のカギとなるタンパク質を発見、英学術誌「Nature」に掲載される

2019/5/10 日経産業新聞

乳がんの細胞増殖と治療薬効果のカギとなるタンパク質を発見、英学術誌「Nature」に掲載される

2019/6/7 朝日新聞

メタゲノム・メタボローム解析により大腸がん発症関連細菌を特定

2019/6/7 日刊工業新聞

メタゲノム・メタボローム解析により大腸がん発症関連細菌を特定

2019/6/7 日本経済新聞

メタゲノム・メタボローム解析により大腸がん発症関連細菌を特定

2019/8/14 朝日新聞

第9回高校生バイオサミット 開催

2019/8/19 日刊工業新聞

唾液中代謝物の人工知能(AI)解析によって乳がんを検出する方法を開発

2019/12/6 the Japan Times

Defying local skepticism and 'Tokyo first' mentality, Science Park thrives in rural Yamagata

2020/2/21 日本経済新聞

革新攻防(下) 求むスター研究者 「出るくい」を育ててこそ