

令和 5 年 6 月 26 日現在

機関番号：14301

研究種目：基盤研究(B)（一般）

研究期間：2019～2022

課題番号：19H03104

研究課題名（和文）過大子のリスク低減を目指したウシ体外受精卵のエピゲノム解析

研究課題名（英文）Epigenomic analysis of bovine in vitro produced embryos aiming to reduce the risk of large offspring syndrome

研究代表者

池田 俊太郎（Ikeda, Shuntaro）

京都大学・農学研究科・教授

研究者番号：50447893

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 12,900,000円

研究成果の概要（和文）：体外受精(IVF)は家畜ウシの増頭や遺伝的改良上有用だが、ウシIVFに付随する未解決課題として、母子双方の損耗につながる過大子症候群(LOS)がある。本研究では、LOSを防止する解決法を探るため、体内受精卵とIVF卵、正常産子と過大子の胎盤組織のゲノム全体にわたるヒストンのエピジェネティック修飾情報の統合解析を行い、当該修飾についての受精卵の段階での差異(体内受精卵 vs. IVF卵)と胎盤組織での差異(正常子 vs. 過大子)を照合することにより、受精卵の段階で既に決まっていると考えられる、LOSに関わるエピジェネティック修飾候補を同定し、その受精卵段階でのスクリーニング方法の創出を試みた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

エピジェネティクスは、DNAを含む構造に化学的な印が付くことによって遺伝子の働きが調節される仕組みで、動物の成長期間にその印が残ることで、長期にわたり遺伝子の働きが変化することが考えられます。ウシでも人間と同じように体外受精が行われていますが、ウシの体外受精では、過大子と呼ばれる通常の産子よりも大きい産子（時に臓器の異常な形成や、虚弱を伴います）が生まれることが、体外受精でない場合に比べて多く、難産の原因として問題の一つになっています。今回の成果は、過大子の発生と関連が深いと考えられるエピジェネティクスに関わる印を詳しく調べたもので、過大子の発生の防止に貢献する可能性をもつものです。

研究成果の概要（英文）：Although in vitro fertilization (IVF) is effective for breeding and genetic improvement of domestic cattle, the large offspring syndrome (LOS) is among the unresolved issues associated with bovine IVF, and it could cause the loss of both mother and offspring. In this study, in order to find a solution to prevent LOS, we conducted an integrated analysis of genome-wide histone epigenetic modifications in in vivo fertilization- or IVF-derived embryos, and fetal placenta obtained at the parturition of normal- or overweight- offspring. By comparing the differences in terms of these modifications at the embryonic stage (in vivo vs. IVF) and in placental tissues (normal vs. LOS calves), we identified candidates for epigenetic modifications related to LOS that may have already been determined at the embryonic stage and we also attempted to create a method for screening these modifications at the embryonic stage.

研究分野：生殖生物学

キーワード：ウシ 体外受精 過大子 ヒストン修飾 エピジェネティクス エピゲノム

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

発生初期の環境が胎子発育や出生後の形質に影響(長期影響)を与えるという事象は、貧困地域や戦時期における母体の栄養不足と出生児の形質の関係についての疫学データの解析に端を発し、他の社会的モデルや、動物実験による実証やエピゲノム解析を通じて確立されてきた。体外受精を含む生殖補助技術の歴史(約50年)は、貧困や戦時期の飢餓モデル(約100年)よりも歴史が浅く、今後より詳細に影響が検討されていくと考えられるが、現在においても出生時体重の変化や生後の慢性疾患との関わりを示唆する報告がある(Chen and Heilbronn, J Dev Orig Health Dis, 2017)。反芻家畜の体外受精卵において問題となる過大子も、受精卵期の環境の長期影響ととらえることができ、背景にあるエピゲノム異常の全容解明が望まれる。

2012年から2014年にかけて、マウスの卵子と受精卵のDNAメチローム(Kobayashi et al., PLoS Genet, 2012; Wang et al., Cell, 2014)について、次いで2016年に主要なヒストン修飾(Dahl et al., Liu et al., Zhang et al., いずれもNature, 2016)について、次世代シーケンスを用いた精度の高い網羅的なエピゲノム情報が報告された。一方、研究開始当初(2019年度)資源動物として重要なウシにおいては、受精卵のエピゲノムの網羅的解析データは不足しており、これらのデータの蓄積は、ウシ受精卵のエピゲノム研究を加速・充実させるためには急務と言えた。

本研究は、これまで特定の遺伝子に対するエピジェネティック修飾の解析に止まっていたウシ受精卵のエピゲノム研究を、網羅的な統合解析に発展させ、かつ家畜生産上重要な過大子のリスク軽減と関連させることにより、受精卵の発生上重要なエピゲノムを明らかにしようとするものである。

体外受精(In Vitro Fertilization, IVF)技術はヒトにおける生殖補助医療の一つとして十分に認知され、わが国でも年間6万人以上の子どもが体外受精児として誕生している。一方、家畜生産の分野でも特にウシにおいて、食肉市場で副産物として廃棄される卵巣に含まれる卵子、繁殖年齢に達しないあるいは繁殖以外の目的で飼養されている雌牛の卵子、繁殖障害を有しているが遺伝的に優良な雌牛の卵子等を利用でき、しかも単排卵動物であるウシの、一性周期に1個、一年に1産という利用可能卵子数を超えて子牛を生産できることから、生産基盤としての家畜の増頭、世代間隔の縮小による育種改良促進への貢献が期待され、国内外を問わずウシIVF卵の生産が拡大している。しかし、ウシIVF卵に付随する未解決課題の一つとして、体内での受精によって得られる受精卵(体内受精卵)と比較して、組織の過成長を伴う胎子の過大・虚弱・分娩困難の頻度が高いことがあげられ、これら一群の症状は「過大子症候群(Large Offspring Syndrome、以下LOS)」と呼ばれている。LOSは産子自体の損失だけでなく分娩事故にもなう母牛の損耗の原因ともなり、生産現場で大きな問題になっており、根本的な解決が望まれている。

LOSを防止する根本的な解決法を探るうえで、以下の3つの知見が糸口になると考えられる。

IVFそのものと、作出したIVF卵の体外培養環境の両方がLOSのリスクに関連する(Nagai et al., 2012)。

LOS胎子の組織では複数のインプリント遺伝子(父方・母方由来アレルのどちらか一方のエピジェネティック修飾により、片方のアレルからしか発現しない遺伝子)のインプリント喪失(両親性発現)が起きているが、インプリント喪失を示す遺伝子の数や組み合わせは個体ごとに異なる(Chen et al., 2015)。

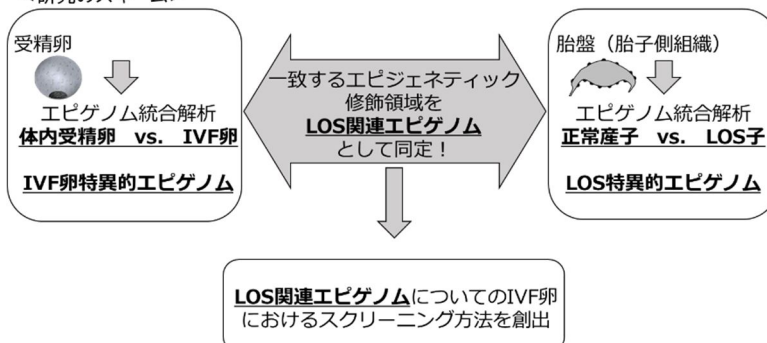
LOS胎子の組織では、インプリント遺伝子を含めゲノム全体にわたって多くの遺伝子発現の変化が起こるが、これらの変化は代表的なエピジェネティック修飾であるDNAのメチル化の変化を伴う場合と伴わない場合がある(Chen et al., 2017)。

これらの点から、LOSを発症するかしないかはIVF卵の作出段階で、エピジェネティック修飾、しかもDNAのメチル化だけによらない修飾によってすでに決定していること、その修飾が少数の遺伝子にとどまらずゲノム全体にわたっていることが予想される。そのエピジェネティック修飾の全貌を明らかにすることは、LOS発症リスクの指標としての、あるいはLOS防止のためのターゲットとしてのエピジェネティック修飾の同定につながると期待される。

2. 研究の目的

本研究では、体内受精卵と体外受精卵(IVF卵)正常産子と過大子(LOS子)の胎盤組織のエピゲノム(ゲノム全体にわたるエピジェネティック修飾情報)の統合解析から、受精卵の段階でのLOSに関わるエピジェネティック修飾(LOS関連エピゲノム)

<研究のスキーム>



を解明し、LOS 関連エピゲノムの受精卵段階でのスクリーニング方法の創出につなげることを目的とした。

解析するエピゲノムとしてヒストンのメチル化情報をターゲットとし、ヒストンのエピジェネティック修飾についての受精卵の段階での差異（体内受精卵 vs. IVF 卵）と胎盤組織での差異（正常子 vs. LOS 子）を照合することにより、LOS 関連エピゲノムを同定するというストラテジーを用いた。

3. 研究の方法

【研究】クロマチン免疫沈降シーケンス (ChIP-seq) によるウシ体外受精卵のゲノムワイドヒストン修飾解析

ウシ IVF 卵を作出し、胚盤胞期胚を得た。一群の受精卵（胚盤胞）に対して、クロマチン免疫沈降シーケンス (ChIP-seq) を用いて、代表的な転写促進性ヒストン修飾である H3K4me3 と抑制性修飾である H3K27me3 のゲノムワイドプロファイルを明らかにした。

【研究】CUT&Tag 法の改変法によるウシ体外受精卵のゲノムワイドヒストン修飾解析

単一のウシ受精卵に対するヒストン修飾解析を実現するために、少数の細胞でのヒストン修飾解析が可能な CUT&Tag 法 (Kaya-Okur et al., 2019) をさらに改変し、原法での抗体や酵素反応時に用いられる固相磁気ビーズを使用せずに、反応液中で胚を細胞塊としてハンドリングして行う方法を開発した。

【研究】生産方法の異なるウシ受精卵の H3K4me3 修飾の差異の解析

人工授精 (AI) により作出した体内受精卵と IVF 卵の H3K4me3 修飾の比較解析を行った。

【研究】生産方法の異なるウシ胎盤のゲノムワイド H3K4me3 解析

体内受精 (AI 由来) あるいは IVF 由来で出生した産子の分娩時に得られる胎盤から絨毛叢組織を採材し、ChIP-seq を用いてゲノムワイドな H3K4me3 修飾解析を行い、両者の比較解析を行った。

【研究】受精卵と胎盤の H3K4me3 修飾の統合解析による LOS 関連エピゲノムの同定

受精卵と胎盤の H3K4me3 修飾について、多変量解析を用いて統合的に比較し、LOS 関連エピゲノム候補を同定した。

【研究】受精卵のエピゲノム情報のスクリーニング方法の試行

LOS 関連エピゲノム候補を含む受精卵の性質を特徴づける H3K4me3 修飾を、次世代シーケンスを用いずに qPCR を用いて検出する方法を試みた。

4. 研究成果

以下の結果 ~ は、上述の研究 ~ にそれぞれ対応している。

【結果】ウシ体外受精卵のゲノムワイド H3K4me3 および H3K27me3 解析

約 11 個を一群とする、IVF で作出したウシ受精卵（胚盤胞）について、ChIP-seq を用いて H3K4me3 修飾をゲノム全体にわたって明らかにした。H3K4me3 修飾は約 2 万個のピークとして検出され、遺伝子のプロモーター領域に集積し、発現量の高い遺伝子群ほど高度な修飾を示すなど、転写促進性修飾としての特徴が再現性良く得られた（図 1）。

受精卵の H3K4me3 修飾を、公共データベースから得られる肝臓や筋肉といった体組織の修飾と比較した場合に、多くの共通する修飾が見られた。逆に体組織の修飾から、受精卵との共通修飾を差し引いた体組織特異的修飾が集積する遺伝子は、各体組織に特徴的な生物学的プロセスに関与することが示され、受精卵の修飾は、体組織の特徴的な修飾を抽出するための“ふるい (sieve)”として有用であることが分かった。

LOS の病因には、インプリント遺伝子の発現状態が関わっていることが示されているため、インプリント遺伝子群において、肝臓と受精卵の H3K4me3 修飾を比較解析した。両者で共通の修飾

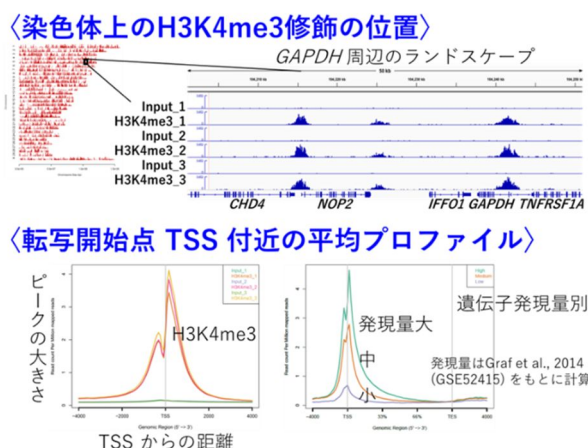


図 1. ウシ胚盤胞のゲノムワイドH3K4me3 プロファイルを得た。

が見られた遺伝子上の修飾量について、主成分分析を行うと、組織特異性だけでなく、個々の受精卵群の修飾の差異を代表する主成分を抽出でき、その成分には *IGF2R* や *KCNQOT1* といった、従来 DNA のメチル化による LOS への関連性が示唆されてきたインプリント遺伝子も寄与していた(図2)。これらのことから、精度の高い、ウシ胚盤胞の H3K4me3 修飾の全ゲノムプロファイルが得られ、体組織の同修飾との比較解析に用いることが可能となった。

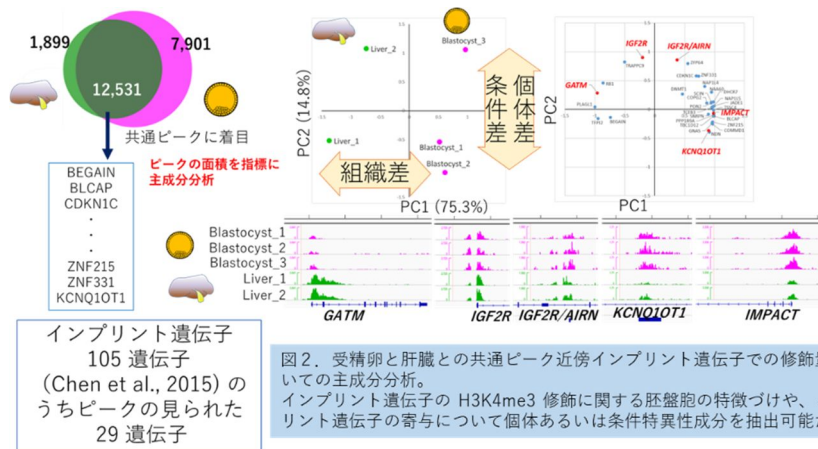


図2. 受精卵と肝臓との共通ピーク近傍インプリント遺伝子での修飾量について的主成分分析。インプリント遺伝子の H3K4me3 修飾に関する胚盤胞の特徴づけや、インプリント遺伝子の寄与について個体あるいは条件特異性成分を抽出可能だった。

ChIP-seq 解析データはNCBIの Gene Expression Omnibus (GEO) に GSE161221 として登録した。

同様に、約 15 個を一群とする、IVF で作出したウシ胚盤胞について、H3K27me3 修飾に対する ChIP-seq 解析を行った。H3K27me3 修飾においても、H3K4me3 修飾と同様に、受精卵の修飾は体組織の特徴的な修飾を抽出するための“ふるい (sieve)”として有用であることが分かった。また、受精卵と各体組織で共通の修飾は多くが重複し、ホメオボックス遺伝子やインプリント遺伝子など発生上重要な遺伝子に濃縮すること(図3)も確認できた。

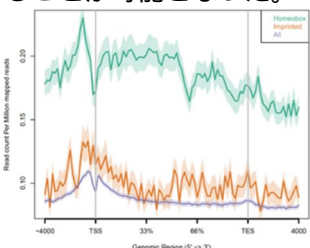


図3. ホメオボックス遺伝子群(緑)とインプリント遺伝子群(橙)のH3K27me3修飾の平均プロファイル。全遺伝子平均(紫色)に比べ高いことが分かる。

ChIP-seq 解析データはNCBIの GEO に GSE 171701 として登録した。

【結果】ウシ体外受精卵の H3K4me3 修飾の単一胚解析

上述のヒストン修飾解析は、複数の受精卵を一群として実施したものであり、それによって得られるヒストン修飾情報は、複数の受精卵の修飾を平均化したものということになる。今後、個々の受精卵のエピゲノム情報による特徴づけを目指すうえで、単一胚での解析が必要であるとの観点から、少数の細胞でのヒストン修飾解析が可能な CUT&Tag 法(Kaya-Okur et al., 2019)をさらに改良し、原法での抗体や酵素反応時に用いられる固相磁気ビーズを使用せずに、反応液中で胚を細胞塊としてハンドリングして行う方法を開発し、NON-TiE-UP CUT&Tag (NTU-CAT)法として報告した(図4)。NTU-CAT 法は、擬陽性ピークや偽陰性ピークの存在に注意を払う必要があるが、特に H3K4me3 修飾のようなシャープなピークの検出については、概ね ChIP-seq と同等の結果が得られ(図5)、単一胚を解析できるという利点は大きいと考えられた。

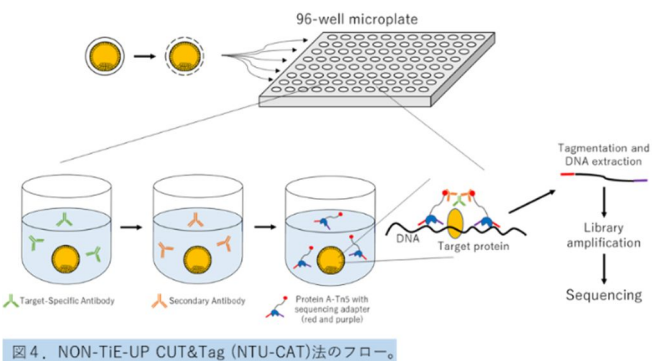


図4. NON-TiE-UP CUT&Tag (NTU-CAT)法のフロー。

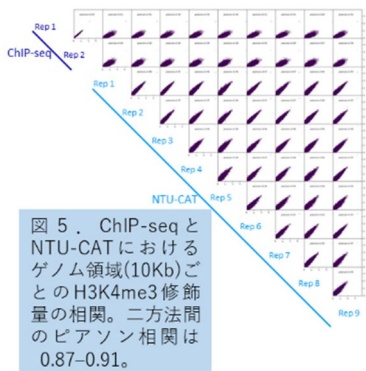


図5. ChIP-seqとNTU-CATにおけるゲノム領域(10Kb)ごとのH3K4me3修飾量の相関。二方法間のピアソン相関は0.87-0.91。

【結果】生産方法の異なるウシ受精卵の H3K4me3 修飾の差異の解析

NTU-CAT 法の開発により、様々な条件で生産される多数の受精卵サンプルを比較的容易に解析できるようになった。新鮮体内受精卵(AI由来)、新鮮 IVF 卵、凍結 IVF 卵の3群について NTU-CAT 法で解析した H3K4me3 修飾について主成分分析を行うと3群に類型化できた(図6)。このことから、NTU-CAT 法で検出できる修飾によって、培養条件や同一条件内での個々の受精卵の特徴づけが可能であることが示された。さらに本法を用いて、過大子の発生リスクに関連して、体内受精卵と IVF 卵で異なる修飾を持つ遺伝子を判別分析により多数同定した。

【結果】生産方法の異なるウシ胎盤のゲノムワイド H3K4me3 解析

人工授精 (AI) 由来の子牛 13 頭、IVF 由来の子牛 5 頭の分娩時に得られた胎盤から絨毛叢組織を採取し、H3K4me3 抗体を用いて ChIP-seq を実施した。使用した絨毛叢サンプルに、有意な母体組織の混入がないことを染色体全体の修飾量および *XIST* 遺伝子上の修飾の有無等で確認した。明らかになった H3K4me3 プロファイルは、活性遺伝子のプロモーター領域に多く分布するという H3K4me3 修飾の一般

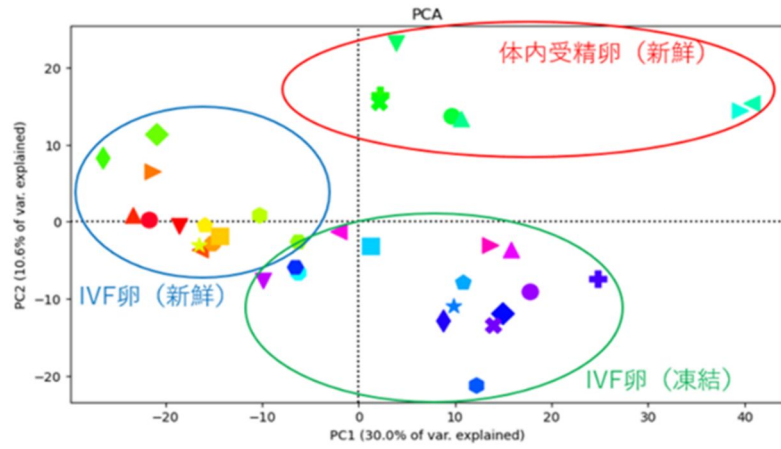


図 6. NTU-CAT法で検出したゲノム10kbごとのH3K4me3修飾量をもとにした、体内受精卵 (新鮮)、IVF卵 (新鮮・凍結) の主成分分析。

的な特徴を反映していた。結果 で述べた、受精卵の修飾を“ふるい”として用いた組織特異的生物学的过程の濃縮は、胎盤においても有効だった。また、このような多数のサンプルから共通の修飾を抽出することにより、“ふるい”の使用無しに、胎盤特有の生物学的过程を濃縮することも可能だった。

判別分析により、AI 由来と IVF 由来のサンプルで H3K4me3 修飾に差があることが示唆された (図 7)。この差に寄与する遺伝子は、発生に関する生物学的过程を濃縮し、いくつかのインプリント遺伝子もそれに含まれていた。雄サンプルのみを用いた主成分分析および判別分析では、胎子の体重 (正常体重あるいは過体重) と子牛の生産方法において、3つのグループに類型化することが出来た (図 8)。

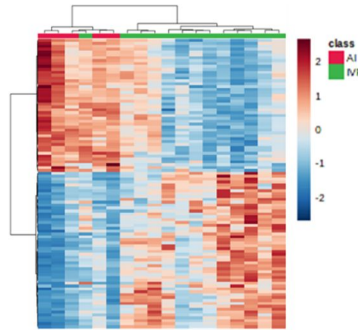


図 7. AI および IVF 由来胎盤の H3K4me3 修飾量に対する判別分析で抽出された、両者間の差異に寄与する遺伝子のヒートマップ。

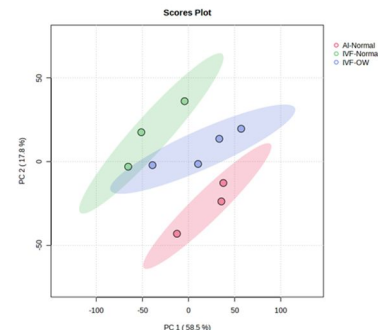


図 8. AI由来 (全て正常体重、ピンク)、IVF由来正常体重 (緑)、およびIVF由来過体重子 (紫) の胎盤のH3K4me3修飾量に対する主成分分析。3群に類型化できる。

【結果】受精卵と胎盤の H3K4me3 修飾の統合解析による LOS 関連エピゲノムの同定

上記の多変量解析の結果を用いて、受精卵の段階での差異 (体内受精卵 vs. IVF 卵) と胎盤組織での差異 (正常子 vs. LOS 子) を照合したところ、その差異が一致する遺伝子を同定することが出来た。その例を図 9 に示す。このような修飾を LOS 関連エピゲノム候補とした。

【結果】受精卵のエピゲノム情報のスクリーニング方法の試行

受精卵の特徴的なヒストン修飾について、移植に必要な受精卵の本体を残し、残りの一部 (バイオブシー) に対して、NTU-CAT 法と qPCR を組み合わせて、簡便に (次世代シーケンスを使わずに) 検出する方法を開発し、受精卵段階でのスクリーニング方法のプロトタイプとした。

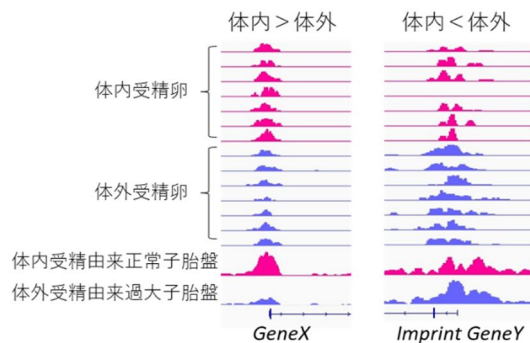


図 9. 受精卵と胎盤の共通修飾で作出条件間で差異があるものの例。いずれの遺伝子も修飾の多寡について、体内受精と体外受精での多寡の関係が受精卵と胎盤で一致している。

以上の結果から、本研究の目的であった、体内受精卵と IVF 卵、正常産子と LOS 子の胎盤組織のエピゲノムの統合解析から、受精卵の段階での LOS に関わるエピジェネティック修飾 (LOS 関連エピゲノム) を解明し、LOS 関連エピゲノムの受精卵段階でのスクリーニング方法の創出につながることを概ね達成できた。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計5件（うち査読付論文 4件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 3件）

1. 著者名 Shuntaro Ikeda	4. 巻 22
2. 論文標題 Current status of genome-wide epigenetic profiling of mammalian preimplantation embryos	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Reproductive Medicine and Biology	6. 最初と最後の頁 e12521
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1002/rmb2.12521	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Kazuki Susami・Shuntaro Ikeda・Yoichiro Hoshino・Shinnosuke Honda・Naojiro Minami	4. 巻 12
2. 論文標題 Genome-wide profiling of histone H3K4me3 and H3K27me3 modifications in individual blastocysts by CUT&Tag without a solid support (NON-TiE-UP CUT&Tag)	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 11727
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41598-022-15417-x	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Satomi Yamazaki・Shuntaro Ikeda・Naojiro Minami	4. 巻 93
2. 論文標題 Comparative analysis of histone H3K27me3 modifications between blastocysts and somatic tissues in cattle	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Animal Science Journal	6. 最初と最後の頁 e13684
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1111/asj.13684	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 池田俊太郎	4. 巻 68
2. 論文標題 体外受精卵産子はなぜ過大子が生まれるのか	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 家畜診療	6. 最初と最後の頁 623-628
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Mao Ishibashi・Shuntaro Ikeda・Naojiro Minami	4. 巻 11
2. 論文標題 Comparative analysis of histone H3K4me3 modifications between blastocysts and somatic tissues in cattle	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 8253
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-021-87683-0	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 -

[学会発表] 計15件(うち招待講演 2件/うち国際学会 0件)

1. 発表者名 須佐見和生・服部佳乃子・池田俊太郎・星野洋一郎・本多慎之介・南直治郎
2. 発表標題 ウシ組織および受精卵の雄性特異的マーカーとしてのPRAME
3. 学会等名 第45回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 服部佳乃子・池田俊太郎・星野洋一郎・可知正行・増田康充・本多慎之介・南直治郎
2. 発表標題 ウシ受精卵のエピゲノムとの比較解析を目的とした胎盤組織のヒストン修飾情報の収集
3. 学会等名 第115回日本繁殖生物学会大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 須佐見和生・池田俊太郎・星野洋一郎・本多慎之介・南直治郎
2. 発表標題 ゲノムワイドなH3K4me3修飾を指標とした作出条件ごとのウシ受精卵の特徴づけ
3. 学会等名 第115回日本繁殖生物学会大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 須佐見和生・池田俊太郎・星野洋一郎・本多慎之介・南直治郎
2. 発表標題 固相支持を用いないCUT&Tag法による個々の胚盤胞におけるヒストン修飾のゲノムワイドプロファイリング (NON-TiE UP CUT&Tag)
3. 学会等名 第10回関西生殖医学集談会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Shuntao Ikeda
2. 発表標題 Imprinted genes, energy-saving, and early embryos In a workshop: TAISHITSU Science from the viewpoint of Artificial Energy-Saving TAISHITSU model
3. 学会等名 第44回日本分子生物学会年会 (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 服部佳乃子・池田俊太郎・江頭海・可知正行・増田康充・星野洋一郎・太田毅・南直治郎
2. 発表標題 ウシ胎盤のヒストンH3K4me3修飾の全ゲノムプロファイル
3. 学会等名 第71回関西畜産学会大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 池田俊太郎
2. 発表標題 家畜生産のための受精卵のエピジェネティックリソースを探る 於：シンポジウム「初期栄養とエピジェネティクス機構を活用した新しい動物生産」
3. 学会等名 日本畜産学会第128回大会 (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 太田愛里・池田俊太郎・篠澤章久・岩田尚孝・杉本実紀・久米新一・南直治郎・太田毅
2. 発表標題 ウシ桑実胚でのヒストンメチル化プロファイリングおよび MAT2A の寄与の解析
3. 学会等名 第70回関西畜産学会大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 石橋真和・池田俊太郎・南直治郎
2. 発表標題 ウシ胚盤胞と体組織のヒストンH3K4me3修飾のゲノムワイド比較解析
3. 学会等名 第70回関西畜産学会大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 太田愛里・池田俊太郎・杉本実紀・南直治郎・太田毅
2. 発表標題 ウシ初期胚におけるヒストンメチル化修飾への外因性メチオニンの関与
3. 学会等名 第113回日本繁殖生物学会大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 石橋真和・池田俊太郎・南直治郎
2. 発表標題 ウシ胚盤胞と肝臓のH3K4me3修飾のゲノムワイド比較解析
3. 学会等名 第113回日本繁殖生物学会大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 石谷洋希・池田俊太郎・杉本実紀・南直治郎・太田毅
2. 発表標題 メチレンテトラヒドロ葉酸還元酵素 (MTHFR) の胚盤胞発生への寄与について
3. 学会等名 第8回関西生殖医学集談会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 太田愛里・池田俊太郎・杉本実紀・南直治郎・太田毅
2. 発表標題 ウシ初期胚のヒストンメチル化におけるメチオニンアデノシルトランスフェラーゼの役割
3. 学会等名 第112回日本繁殖生物学会大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 池田俊太郎
2. 発表標題 受精卵を取り巻く栄養環境とエピジェネティクス 於：シンポジウム「エピジェネティックコントロールの新展開 環境要因から人為制御まで」
3. 学会等名 第112回日本繁殖生物学会大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 池田俊太郎・本多慎之介・南直治郎
2. 発表標題 ウシ初期胚発生における内在性レトロウイルスの発現動態について
3. 学会等名 第3回日本胚移植技術研究会大会
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究 分担 者	星野 洋一郎 (Hoshino Yoichiro) (50541736)	京都大学・農学研究科・助教 (14301)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------