

令和 4 年 5 月 21 日現在

機関番号：82675

研究種目：基盤研究(B)（一般）

研究期間：2019～2021

課題番号：19H03313

研究課題名（和文）ヒト特異的な脳細胞は果たしてあるのか？シングルセル比較トランスクリプトーム解析

研究課題名（英文）Quest for human-specific brain cell through single-cell transcriptome analysis

研究代表者

郷 康広（Go, Yasuhiro）

大学共同利用機関法人自然科学研究機構（新分野創成センター、アストロバイオロジーセンター、生命創成探究・生命創成探究センター・特任准教授

研究者番号：50377123

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 13,400,000円

研究成果の概要（和文）：ヒトらしさをつかさどるヒト特異的脳細胞の存在を検証するために、ヒトと類人猿の死後脳を用いたシングルセル比較トランスクリプトーム解析を行った。ヒト2検体、チンパンジー1個体、ゴリラ1個体の前頭前野を用いて、それぞれの死後脳から約5000から9000細胞核からの遺伝子発現データを取得した。その結果、合計で28種類の細胞タイプを同定した。その中には、先行研究においてヒト特異的な細胞タイプとして報告された抑制性神経細胞が3種で共通して存在することも明らかになった。解析サンプル数、解析細胞核数が十分でないものの、細胞タイプの構成比が3種の間で異なる可能性を示唆した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

ヒトをヒトたらしめる分子基盤の解明に次世代シーケンサーを代表としたゲノム研究は大きな成果をあげてきたが、残された大きな課題のひとつは、真にヒトらしさをつかさどるヒト特異的脳細胞が存在するかという点にある。本研究では、ヒトとヒトに最も近縁な類人猿の死後脳を用いて1細胞レベルの遺伝子発現解析を行うことで、真にヒト固有の脳細胞が存在するかを明らかにする点において、ヒトの進化、特に脳の進化に寄与した質的な違いがヒトと類人猿の間にあるかどうかを検証する点において学術的意義に加えて社会的な意義も非常に高いと考えられる。

研究成果の概要（英文）：To verify the existence of human-specific brain cells responsible for “humanness,” we performed single-cell comparative transcriptome analyses using human and ape postmortem brains. Single nuclei expression data from approximately 5,000 to 9,000 nuclei were obtained from the postmortem brains of two humans, one chimpanzee, and one gorilla. A total of 28 cell types were identified. Among them, inhibitory neurons, which have been reported as a human-specific cell type in a previous study, were found to be commonly present in the three species. Although the number of samples and nuclei analyzed was insufficient, our result suggests that the composition of cell types may differ among the three species.

研究分野：神経ゲノム科学

キーワード：進化 ヒト 類人猿 脳 シングルセル 遺伝子発現

1. 研究開始当初の背景

「宇宙とは何か」「物質とは何か」「生命とは何か」という問いに並び「ヒトとは何か」という問いは現代科学の根源的な問いである。2000年代初頭に最初のヒトゲノム配列が明らかになって以来、塩基配列を決定するシーケンス技術は革新的な技術進歩を遂げ、米国では100万人、英国で50万人、中国で20万人、日本では15万人規模のヒト全ゲノム配列解読プロジェクトが進行している。しかし、いきものらしさを支える表現型の可塑性・多様性はゲノムというハードにだけ組み込まれたものでないことは明らかである。ゲノムという一次情報が基本的な設計図となり、そこに書き込まれた情報がどのように時空間的に制御され読み出されるかを理解することが、今後の生物学の大きな課題である。また、「ヒトとは何か」という問いに答えるためには、ヒトだけを研究対象とするのではなく、ヒト以外の生物(アウトグループ)から見た視点が必要不可欠である。そこで、本研究では、ヒトをヒトたらしめている最も大きな特徴である脳の進化を「ヒトとは何か」という問いに迫る切り口として捉えることにする。ヒトとヒトに最も近縁なチンパンジーを含めた類人猿を対象とし、ゲノムという設計図がそれぞれの脳という場においてどのように時空間的に制御され、種の固有性・特殊性となって現れるのか、それをシングルセルレベルで解明することを通して「ヒトとは何か」という問いを明らかにすることを目指す。

遺伝子発現の多様化が表現型の多様化にとって重要であると、キングとウィルソンは示唆した(King and Wilson 1975, Science) (図1)。実際に、ヒトとチンパンジーのゲノムの差は約1.2%であるのに対して、遺伝子発現の差は脳で約10%、精巣で約35%もの違いがある(Khaitovich et al. 2005, Science)。我々もヒトとチンパンジーの脳・小脳など異なる領域間で約30%もの遺伝子に両種間で発現差を示すことを見だし、さらに遺伝子発現制御ネットワークに注目した結果、ヒトにおいてチンパンジーよりも有意に多くの遺伝子が発現変動していることを明らかにしてきた(Xu et al. 2018, Genome Research)。また、遺伝子単位ではなく、一つの遺伝子から選択的スプライシング機構によって生成される転写産物に注目し、その数をヒトとチンパンジーの脳において比較したところ、一つの遺伝子からの転写産物数はヒトのほうがチンパンジーよりも有意に多いことを明らかにした(平均転写産物数: ヒト2.83個, チンパンジー2.34個)(論文投稿準備中)。

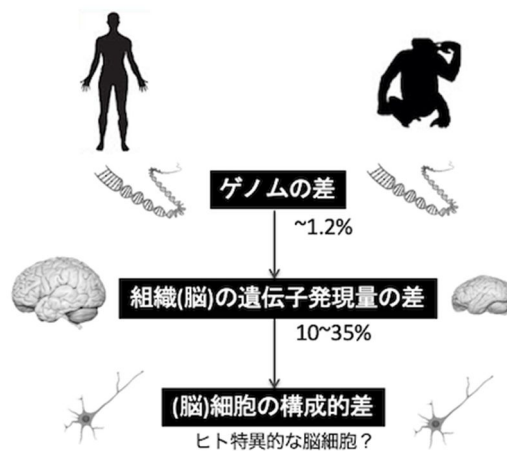


図1. ヒトとチンパンジーの多階層における差違

このように、次世代シーケンサーの技術発展の恩恵も受け、ヒトとチンパンジーのゲノム(設計図)が、それぞれの脳における遺伝子産物(部品)によってどのように読み出され(組み立てられ)、それがどのように種の固有性・特異性をもたらすのか、理解が深まりつつある。しかし、残された大きな課題は、現在までに得られている結果のすべては、ある組織や領域に存在する細胞群の平均的な描像にすぎないという点にある。

多細胞生物は、多種多様な組織・細胞から構成されており、ヒトは少なくとも200種類以上、約37兆におよぶ細胞を持つと考えられている。脳は、からだを構成する組織の中でもとりわけ複雑性が高く、さまざまな細胞集団から構成される組織である。哺乳類の脳中枢神経系の細胞は、大きく神経細胞とグリア細胞に大別され、形態学的に少なくとも10種類以上の神経細胞、少なくとも5種類以上のグリア細胞(アストロサイト、オリゴデンドロサイト、ミクログリアなど)から構成される。しかし、形態学的な分類の欠点は、網羅性と定量性の低さにあり、代替となる研究手法の開発が必要であった。

近年、シングルセルレベルでの細胞の個性を定量化することのできる「シングルセル生物学」が注目を集めている。その中でもシングルセルの遺伝子発現を定量化することのできるシングルセルトランスクリプトーム研究の進展が目覚ましい。この技術を用いることで、形態学的分類に加えて、細胞ごとの遺伝子発現情報をもとにした分類が、一度の実験で数万から数十万の単位で同時計測が可能となる。実際に、マウスを用いたシングルセルトランスクリプトーム研究において、一次視覚野と一次体性感覚野に、それぞれ47種類、49種類の細胞があること(Zeisel et al. 2015, Science, Tasic et al. 2016, Nature Neuroscience)や、ヒトの脳新皮質6領域にはそれぞれ8種類ずつの興奮性および抑制性神経細胞があることなどが見出されている(Lake et al. 2016, Science)。それらの技術を進化的な観点にも応用した研究例も見られるようになってきた。LeinとTamásらは、ヒトとマウスの脳皮質のシングルセル比較発現解析をおこない、形態学的な知見も加味することで、ヒト特異的な抑制性神経細胞を同定した(Boldog et al. 2018, Nature Neuroscience)。

上記のようなシングルセル生物学，特にシングルセルトランスクリプトーム研究が急速に進展しつつある中，真の意味で「ヒトとは何か」をシングルセルレベルで解明する研究の基盤ができてきた。

2. 研究の目的

上記の状況を踏まえて，本研究では，ヒトとヒトに最も近縁なチンパンジーを含む類人猿 4 種（チンパンジー，ゴリラ，オランウータン，テナガザル）の死後脳複数脳領域を対象としたシングルセル比較トランスクリプトーム解析をおこなうことにより，ヒト脳の特異性を担保する「ヒト特異的脳細胞」を同定することに挑戦する。

3. 研究の方法

ヒトや類人猿は実験動物ではなく，また種の保全や倫理的な観点から必然的に死後脳を研究に用いる必要がある。死後脳を用いる場合，多くの場合，死後すぐに脳試料を利用できる状況ではなく，凍結組織を用いる必要が生じる。その場合，組織の凍結・融解の過程で細胞膜が壊れてしまうため，細胞が生きた状態，つまり生細胞の利用は難しい。代替手段として，細胞の核内に存在する転写産物の発現動態を計測する方法が考えられる（シングル核トランスクリプトームと呼ぶ）。脳神経系などその細胞構成が高度に複雑でヘテロな細胞集団を対象とする場合，特に，長い軸索や樹状突起を持つ投射ニューロンなどの場合，細胞調整の過程で軸索や樹状突起などが失われてしまい，本来，軸索や樹状突起に存在する転写産物を同定することが難しい。そのため，転写産物の定量的な計測にバイアスが生じる可能性がある。細胞核を用いた場合，細胞核内で転写され細胞質に輸送される前の転写産物を計測することができるため，バイアスが少なく定量的な遺伝子発現量を計測できるメリットがある。

以上の理由により，本研究では

(1) 死後脳からのシングル核トランスクリプトーム解析手法の開発

(2) ヒト特異的脳神経系細胞の同定

をおこなう。

(1) 死後脳からのシングル核トランスクリプトーム解析手法の開発

ヒト，類人猿 4 種（チンパンジー，ゴリラ，オランウータン，テナガザル）の死後脳 3 領域（大脳前頭前野，海馬，小脳）からのシングル核サンプルの調整を以下の手法によりおこなう。

50-100mg の凍結死後脳を解剖ハサミなどで細かく細断

細胞核調整溶液（Nuclei Lysis Buffer）で細胞核を調整

セルストレイナーで大きな細胞塊を除去

細胞洗浄溶液で細胞核をリンス

DAPI による細胞核の染色

フローサイトメトリーによる細胞核分画の回収

シングルセルトランスクリプトームライブラリ作製装置によるライブラリ作製

次世代シーケンサーによるシーケンシング

配列情報解析

(2) ヒト特異的脳神経系細胞の同定

ヒトと類人猿 4 種の死後脳 3 領域からそれぞれ 1 万細胞核に相当する配列情報を取得する。得られた細胞核の転写産物の発現情報をもとにノンパラメトリック次元削減法である tSNE 法や UMAP 法による次元削減と可視化をおこない，類人猿には認められないヒト特異的脳神経系細胞が存在するかどうか明らかにする。そのような細胞の存在が認められた場合，それらの細胞集団を規定する発現マーカー遺伝子を同定し，ヒト死後脳および比較対象としてチンパンジー死後脳のスライス標本を用いた *in situ* ハイブリダイゼーション法および免疫組織化学的手法を用いて，該当細胞集団の局在や形態的・解剖学的特徴を明らかにする。

定性的に明瞭なヒト固有の細胞集団が認められない場合には，ヒトに有意に細胞集団の数が増加している細胞集団の同定を試みる。また，そのような細胞集団の局在や形態的・解剖学的な特徴を明らかにする。

4. 研究成果

ヒトらしさをつかさどるヒト特異的脳細胞を同定するために，ヒトと類人猿の死後脳を用いたシングルセル比較トランスクリプトーム解析を行うことを目的とした。ヒトや類人猿は実験動物ではないため，新鮮な脳試料を入手することが難しい。そのため，シングルセルトランスクリプトーム解析に通常用いられる生細胞ではなく，凍結試料でも使用が可能であると考えられている細胞核を用いたシングルセル（核）トランスクリプトーム解析の実験プロトコル・解析パイプラインを構築する必要がある。

研究期間の初年度（2019 年度）の終わり頃から新型コロナ感染拡大と感染拡大防止による研究活動の大幅な制限を受けた影響で，当初予定していたヒトと類人猿の死後脳のサンプリングが大幅に縮小せざるを得ない状況に陥った。しかし，2021 年度に，ヒト 2 検体，チンパンジー 1 個

体,ゴリラ 1 個体死後脳の前頭前野の収集をする機会を得て,それらの前頭前野を用いたシングル核トランスクリプトーム実験のプロトコルの確立と実験データを得ることが可能となった. 10xGenomics 社製 Chromium Controller を用いてそれぞれの死後脳から約 5000 から 9000 細胞核からの遺伝子発現データを取得した(表 1). 情報解析の結果,それぞれのサンプルから 1 細胞核あたり平均 2000 から 3500 遺伝子の遺伝子発現データを取得することができた(表 1).

表1. ヒト, チンパンジー, ゴリラ死後脳(前頭前野)を用いたシングル核トランスクリプトーム結果

Sample	Num Cells	Mean Reads/Cell	Median Genes/Cell	Median UMIs/Cell
Human 1 (male: Prefrontal Cortex)	6,569	73,211	3,278	7,761
Human 2 (male: Prefrontal Cortex)	9,325	50,199	2,662	6,080
Chimpanzee (female: Prefrontal Cortex)	5,071	25,349	1,783	3,090
Gorilla (male: Prefrontal Cortex)	6,459	41,549	2,067	3,805

4 サンプルを統合して解析した結果,11 種類の興奮性神経細胞,8 種類の抑制性神経細胞,2 種類のアストロサイト,3 種類のオリゴデンドロサイト,1 種類のオリゴデンドロサイト前駆細胞,2 種類のミクログリア,1 種類の上皮細胞を 3 種すべてにおいて同定することができた. その中には,2018 年の先行研究 (Boldog et al. 2018, Nature Neuroscience) においてヒト特異的な細胞タイプとして報告された抑制性神経細胞が 3 種で共通して存在することを示唆する結果を得ることができた. さらに,解析サンプル数,解析細胞核数が十分でないものの,細胞タイプの構成比が 3 種の間で異なる可能性を示唆された(図 2).

今後は,より多くのサンプルからの細胞核のデータを取得し,ヒト特異的な細胞タイプの存在の有無を検証する.

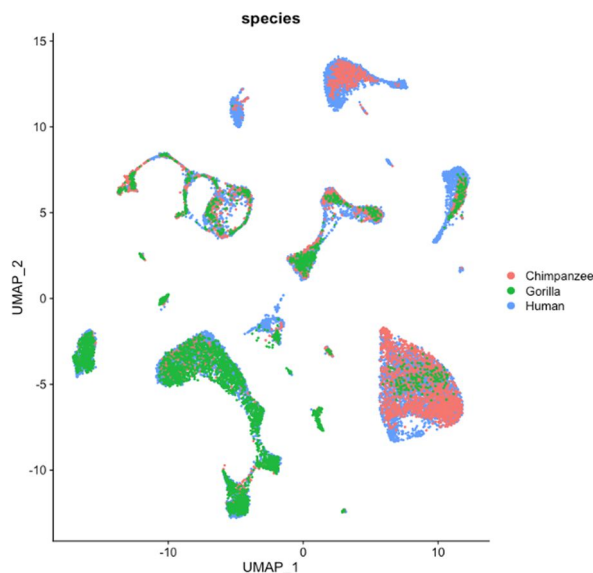


図2. ヒト(青), チンパンジー(赤), ゴリラ(緑)の死後脳前頭前野由来シングル核トランスクリプトームデータを用いたUMAP図

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計11件（うち査読付論文 11件／うち国際共著 2件／うちオープンアクセス 8件）

1. 著者名 Asogwa Norman Chinweike, Toji Noriyuki, He Ziwei, Shao Chengru, Shibata Yukino, Tatsumoto Shoji, Ishikawa Hiroe, Go Yasuhiro, Wada Kazuhiro	4. 巻 in press
2. 論文標題 Nicotinic acetylcholine receptors in a songbird brain	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Journal of Comparative Neurology	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1002/cne.25314	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 Ishishita Satoshi, Kitahara Shumpei, Takahashi Mayuko, Iwasaki Sakura, Tatsumoto Shoji, Hara Izumi, Kaneko Yoshiki, Kinoshita Keiji, Yamaguchi Katsushi, Harada Akihito, Ohmori Yasushige, Ohkawa Yasuyuki, Go Yasuhiro, Shigenobu Shuji, Matsuda Yoichi, Suzuki Takayuki	4. 巻 17
2. 論文標題 Uterus-specific transcriptional regulation underlies eggshell pigment production in Japanese quail	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 PLOS ONE	6. 最初と最後の頁 e0265008
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0265008	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 Nakai Kento, Shiga Takahiro, Yasuhara Rika, Sarkar Avijite Kumer, Abe Yuka, Nakamura Shiro, Hoashi Yurie, Kotani Keisuke, Tatsumoto Shoji, Ishikawa Hiroe, Go Yasuhiro, Inoue Tomio, Mishima Kenji, Akamatsu Wado, Baba Kazuyoshi	4. 巻 11
2. 論文標題 In vitro monitoring of HTR2A-positive neurons derived from human-induced pluripotent stem cells	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 15437
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-021-95041-3	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 Labuguen Rollyn, Matsumoto Jumpei, Negrete Salvador Blanco, Nishimaru Hiroshi, Nishijo Hisao, Takada Masahiko, Go Yasuhiro, Inoue Ken-ichi, Shibata Tomohiro	4. 巻 14
2. 論文標題 MacaquePose: A Novel "In the Wild" Macaque Monkey Pose Dataset for Markerless Motion Capture	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Frontiers in Behavioral Neuroscience	6. 最初と最後の頁 581154
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fnbeh.2020.581154	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 Kishida Takushi, Toda Mamoru, Go Yasuhiro, Tatsumoto Shoji, Sasai Takahide, Hikida Tsutomu	4. 巻 155
2. 論文標題 Population history and genomic admixture of sea snakes of the genus Laticauda in the West Pacific	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Molecular Phylogenetics and Evolution	6. 最初と最後の頁 107005
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.ympev.2020.107005	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 Hiraga Kou, Inoue Yukiko U., Asami Junko, Hotta Mayuko, Morimoto Yuki, Tatsumoto Shoji, Hoshino Mikio, Go Yasuhiro, Inoue Takayoshi	4. 巻 3
2. 論文標題 Redundant type II cadherins define neuroepithelial cell states for cytoarchitectonic robustness	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Communications Biology	6. 最初と最後の頁 574
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s42003-020-01297-2	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 Ishishita Satoshi, Tatsumoto Shoji, Kinoshita Keiji, Nunome Mitsuo, Suzuki Takayuki, Go Yasuhiro, Matsuda Yoichi	4. 巻 15
2. 論文標題 Transcriptome analysis revealed misregulated gene expression in blastoderms of interspecific chicken and Japanese quail F1 hybrids	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 PLOS ONE	6. 最初と最後の頁 e0240183
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0240183	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 Hori K, Yamashiro K, Nagai T, Shan W, Egusa SF, Shimaoka K, Kuniishi H, Sekiguchi M, Go Y, Tatsumoto S, Yamada M, Shiraishi R, Kanno K, Miyashita S, Sakamoto A, Abe M, Sakimura K, Sone M, Sohya K, Kunugi H, Wada K, Yamada M, Yamada K, Hoshino M.	4. 巻 23
2. 論文標題 AUTS2 Regulation of Synapses for Proper Synaptic Inputs and Social Communication	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 iScience	6. 最初と最後の頁 101183
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.isci.2020.101183	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 Autio JA, Glasser MF, Ose T, Donahue CJ, Bastiani M, Ohno M, Kawabata Y, Urushibata Y, Murata K, Nishigori K, Yamaguchi M, Hori Y, Yoshida A, Go Y, Coalson TS, Jbabdi S, Sotiropoulos SN, Kennedy H, Smith S, Van Essen DC, Hayashi T.	4. 巻 215
2. 論文標題 Towards HCP-Style macaque connectomes: 24-Channel 3T multi-array coil, MRI sequences and preprocessing	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 NeuroImage	6. 最初と最後の頁 116800 ~ 116800
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.neuroimage.2020.116800	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 該当する

1. 著者名 Kishida Takushi, Go Yasuhiro, Tatsumoto Shoji, Tatsumi Kaori, Kuraku Shigehiro, Toda Mamoru	4. 巻 286
2. 論文標題 Loss of olfaction in sea snakes provides new perspectives on the aquatic adaptation of amniotes	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences	6. 最初と最後の頁 20191828
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1098/rspb.2019.1828	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 Hirai Hirohisa, Go Yasuhiro, Hirai Yuriko, Rakotoarisoa Gilbert, Pamungkas Joko, Baicharoen Sudarath, Jahan Israt, Sajuthi Dondin, Tosi Anthony J.	4. 巻 158
2. 論文標題 Considerable Synteny and Sequence Similarity of Primate Chromosomal Region VIIq31	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Cytogenetic and Genome Research	6. 最初と最後の頁 88 ~ 97
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1159/000500796	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 該当する

〔学会発表〕 計27件 (うち招待講演 9件 / うち国際学会 3件)

1. 発表者名 郷康広、渡邊恵、中垣慶子、小賀智文、辰本将司、石川裕恵、白井千夏、一戸紀孝
2. 発表標題 自閉症モデルマーマモセット脳におけるシングルセル遺伝子発現解析
3. 学会等名 第11回日本マーマモセット研究会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 柳下晴也、岡本和樹、郷康広、池谷裕二、佐々木拓哉
2. 発表標題 In vivo条件で発火活動を記録した神経細胞の遺伝子発現解析法の開発
3. 学会等名 日本薬学会第142年会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 柳下晴也、岡本和樹、郷康広、池谷裕二、佐々木拓哉
2. 発表標題 成体動物において発火活動を記録した神経細胞の遺伝子発現解析
3. 学会等名 第145回日本薬理学会関東部会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 郷康広
2. 発表標題 適応回路を担う網羅的細胞種センサ技術の開発と高度化
3. 学会等名 学術変革領域(B)「ハブ決定剛軟因子」シンポジウム(招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 木下豪太, 布目三夫, 郷康広, 牧野能士, 辰本将司, Alexey P. KRYUKOV, Sang-Hoon HAN, Irina KARTAVTSEVA, 永野惇, 山田文雄, 井鷲裕司, 北野潤, 鈴木仁
2. 発表標題 ノウサギ属における冬季白化/非白化の遺伝基盤と収斂進化
3. 学会等名 日本進化学会第23回東京大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 田路矩之, 柴田ゆき野, 辰本将司, 石川裕恵, 郷康広, 和多和宏
2. 発表標題 鳴禽類の歌行動進化の神経分子メカニズム
3. 学会等名 第92回日本動物学会 (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 郷康広, 辰本将司, 石川裕恵, 白井千夏, 渡邊恵, 小賀智文, 一戸紀孝
2. 発表標題 自閉症モデルマーマウス脳におけるシングルセル遺伝子発現解析
3. 学会等名 第37回日本霊長類学会大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 五藤花, 大石高生, 郷康広, 早川卓志
2. 発表標題 シロテナガザルの複数脳領域における網羅的遺伝子発現解析
3. 学会等名 第37回日本霊長類学会大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 郷康広, 辰本将司, 石川裕恵
2. 発表標題 ヒトとチンパンジーの選択的スプライシングの多様性解析とその脳内表現
3. 学会等名 第36回日本霊長類学会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 郷康広, 渡邊恵, 小賀智文, 辰本将司, 石川裕恵, 白井千夏, 一戸紀孝
2. 発表標題 自閉症モデルマーモセット脳におけるシングルセル遺伝子発現解析
3. 学会等名 第10回日本マーモセット研究会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 郷康広
2. 発表標題 脳・こころの個性・多様性理解にむけた比較認知ゲノム研究
3. 学会等名 第3回ExCELLSシンポジウム(招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 木下豪太, 布目三夫, 郷康広, 牧野能士, 辰本将司, Alexey P KRYUKOV, Sang-Hoon HAN, Irina KARTAVTSEVA, 永野惇, 山田文雄, 鈴木仁, 井鷲裕司
2. 発表標題 ニホンノウサギが冬季に白化するか茶色のままかを定める原因遺伝子と進化史
3. 学会等名 第68回日本生態学会大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 林義剛, 福家聡, 郷康広, 中林一彦, Abdullah Asmaa, Mohd Zakiyyah, 守村直子, Daun Kenny, 小山なつ, 等誠司
2. 発表標題 Glial cells missing 1は損傷脳においてグリア細胞分化と血管新生を促進する
3. 学会等名 第63回日本神経化学学会大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Yasuhiro Go
2. 発表標題 Quantitative assessment of brain transcriptome dynamics in primate neuropsychiatric disease model
3. 学会等名 The 2nd NIBB-Princeton Joint Symposium "Imaging and Quantitative Biology (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Yasuhiro Go
2. 発表標題 Spatiotemporal brain transcriptome architecture and application for disease model in primates
3. 学会等名 Frontier Bioorganization Forum 2019 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Takashi Hayakawa, Shoji Tatsumoto, Takushi Kishida, Hikoyu Suzuki, Hiroe Ishikawa, Masato Nikaido, Yasuhiro Go
2. 発表標題 Life slowly, life in the dark - insight from slow loris genome
3. 学会等名 The 11th International Symposium on Primatology and Wildlife Science (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 郷康広
2. 発表標題 マーマセットにおける遺伝的多様性解析および精神・神経疾患関連遺伝子解析
3. 学会等名 日本医療研究開発機構セミナー (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 中谷仁, 豊田太, 郷康広, 堀家慎一, 小山なつ, 等誠司, 内匠透, 遠山育夫, 森川茂廣, 犬伏俊郎, 澤野俊憲, 田中秀和
2. 発表標題 15q11-13領域重複ASDモデルマウスの電気生理学的異常
3. 学会等名 第42回日本神経科学大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 林義剛, 福家聡, 郷康広, 中林一彦, 淵上孝裕, 守村直子, 小山なつ, 等誠司
2. 発表標題 Glial cells missing 1は成長因子分泌を促進し、細胞の分化・増殖および血管新生を誘導する
3. 学会等名 第42回日本神経科学大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 江草早紀, 堀啓, 坂本亜沙美, 阿部学, 崎村建司, 郷康広, 星野幹雄
2. 発表標題 マウス海馬歯状回における自閉症感受性遺伝子AUTS2の機能解析
3. 学会等名 第42回日本神経科学大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 早川卓志, 辰本将司, 岸田拓士, 鈴木彦有, 石川裕恵, 二階堂雅人, 郷康広
2. 発表標題 全ゲノム解析が示すスローロリスの特殊生態の進化
3. 学会等名 日本進化学会第21回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 郷康広, 辰本将司, 石川裕恵, 平井啓久
2. 発表標題 テナガザル3属の新規ゲノム配列決定とテナガザル科の大規模構造変化・核型進化解析
3. 学会等名 日本進化学会第21回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 木下豪太, 布目三夫, 郷康広, 牧野能士, 辰本将司, 山田文雄, 鈴木仁, 井鷲裕司
2. 発表標題 ノウサギ属における冬季白化の責任遺伝子の探索と起源
3. 学会等名 日本進化学会第21回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 堀啓, 山城邦比古, 永井拓, Shan Wei, 江草早紀, 嶋岡可純, 郷康広, 辰本将司, 菅野康太, 坂本亜沙美, 阿部学, 崎村健司, 惣谷和宏, 功刀浩, 山田清文, 星野幹雄
2. 発表標題 自閉症感受性遺伝子Auts2変異により引き起こるシナプス形成障害およびマウス行動異常の病態解析
3. 学会等名 第42回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 郷康広
2. 発表標題 マーモセットにおける遺伝的多様性解析および精神・神経疾患関連遺伝子解析
3. 学会等名 第9回日本マーモセット研究会(招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 木下豪太, 布目三夫, 郷康広, 牧野能士, 辰本将司, Alexey P Kryukov, Sang-Hoon Han, Irina Kartavtseva, 山田文雄, 鈴木仁, 井鷲裕司
2. 発表標題 全ゲノム解析によるニホンノウサギの冬季毛色二型に関わる遺伝子の特定
3. 学会等名 日本生態学会第67回全国大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 松本惇平, 西条寿夫, 三村喬生, 井上謙一, 郷康広, 柴田智広
2. 発表標題 神経科学における動物用マーカーレスモーションキャプチャーの活用
3. 学会等名 第97回日本生理学会大会 (招待講演)
4. 発表年 2020年

〔図書〕 計4件

1. 著者名 郷康広 (分担執筆), 技術情報協会 (編集)	4. 発行年 2022年
2. 出版社 技術情報協会	5. 総ページ数 530
3. 書名 疾患原因遺伝子・タンパク質の解析技術と創薬/診断技術への応用	

1. 著者名 郷康広 (分担執筆), 井ノ上逸朗, 今西規, 河村正二, 斎藤成也, 颯田葉子, 田嶋 敦 (共同編集)	4. 発行年 2021年
2. 出版社 一色出版	5. 総ページ数 448
3. 書名 ヒトゲノム事典	

1. 著者名 郷康広（分担執筆），保前文高、大隅典子（共同編集）	4. 発行年 2021年
2. 出版社 朝倉書店	5. 総ページ数 244
3. 書名 個性学入門	

1. 著者名 郷康広（分担執筆），松沢哲郎（編集）	4. 発行年 2019年
2. 出版社 岩波書店	5. 総ページ数 278
3. 書名 心の進化を語ろう	

〔産業財産権〕

〔その他〕

自然科学研究機構生命創成探究センター（郷ラボ）のホームページ http://www.nips.ac.jp/coggen/

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

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