

# 教育研究業績書

2016年10月01日

所属：健康生命薬科学科

資格：准教授

氏名：村田 成範

研究分野	研究内容のキーワード
遺伝子検査に関わる教育研究及び遺伝子発現調節の研究	遺伝子検査、遺伝子教育、遺伝子発現、マイクロRNA
学位	最終学歴
博士（理学）、修士（理学）	筑波大学大学院 生物科学研究科 バイオテクノロジー専攻 博士課程 中途退学

教育上の能力に関する事項		
事項	年月日	概要
<b>1 教育方法の実践例</b>		
1. 実験における学生主体の調査研究発表	2013年～現在	様々な遺伝子の増幅・配列決定を行った後に、各グループの塩基配列を元に世界中のゲノムや論文データベースを検索して、遺伝子の機能や変異と体質の関係等を調査し、まとめたものを発表・討論する。
2. 学生主体の双方向授業	2009年04月～現在	病原体に関して総論は教員が行うが、各論は学生に割り当てられる。自分の担当分を事前に調べてレジュメを作成、教員による（授業外での）個別の発表指導ののち、発表・質問応答まで実施する。
<b>2 作成した教科書、教材</b>		
1. 臨床分子生物学（日本臨床社）	1994年	転移因子による疾患発症機構を、「レトロポゾンによる疾患のメカニズム」と題して、様々なタイプの発症例を交えて解説した。
2. 病態生理（永井書店）	1993年	遺伝病を引き起こす遺伝子変異のうち、転移因子が原因となる遺伝子機構について「レトロポゾンと遺伝病」と題して詳しいメカニズムを解説した。
3. Evolution of Life (Osawa S. & Honjo T. eds), Springer-Verlag.	1991年	遺伝子の進化の中で転移因子が及ぼした影響と、その現象をたどることでより確かな系統樹を作成できること（博士論文研究課題）を「Evolution of repetitive sequence」と題して解説した。
<b>3 実務の経験を有する者についての特記事項</b>		
1. 実験技術者研修	2001年3月2007年3月	マイクロアレイによるmiRNA検出のための新規実験技術開発に伴い、実験技術者に遺伝子に関する講義と遺伝子解析の基礎技術に関する解説を行い、論文作成のために必要なデータを出すための基本的な学術的背景を理解する研修を行った。
<b>4 その他</b>		

職務上の実績に関する事項		
事項	年月日	概要
<b>1 資格、免許</b>		
1. 理科教員免許（中学・高校）	1989年03月	
<b>2 特許等</b>		
1. マイクロRNAの検出方法、これに用いられるマイクロアレイおよびキット	2007年	特願2007-300748：マイクロRNAの検出方法、これに用いられるマイクロアレイおよびキット。アレイ上のプライマーを用いて、逆転写反応により特異的にマイクロRNAを検出できる実験系を開発した。
<b>3 実務の経験を有する者についての特記事項</b>		
1. 研究開発	2001年3月2007年3月	㈱DNAチップ研究所にてマウス脳マイクロアレイの開発と、それを利用したストレス応答遺伝子の研究を行った。更に経済産業省の科研費に調査研究から参加して、miRNA検出用新規マイクロアレイ技術開発を主導した。
<b>4 その他</b>		
1. Cleveland Clinicにおける研究活動	1997年4月2001年3月	Cell Biol. 部門において、霊長類のアポリポタンパク遺伝子転写後修飾調節の分子メカニズムを研究し、脂質代謝に関わる事象および遺伝子の発現機構について探求した。外国人のみの研究施設であったため、英語でのコミュニケーション、プレゼンテーション能力研鑽にもなり、現在のMFWI留学プログラムに活かす努力をしている。

研究業績等に関する事項				
著書、学術論文等の名称	単著・共著書別	発行又は発表の年月	発行所、発表雑誌等又は学会等の名称	概要
<b>1 著書</b>				
1. ゲノム医学10月号	共	2006年10月	メディカルビュー	村田成範、堀邦夫 機能性RNAの発現プロファイリング技術。
2. レトロポゾンによる疾患のメカニズム	共	1994年	臨床分子生物学（日本臨床社）	転移因子による疾患発症機構を症例を交えて解説した。

研究業績等に関する事項

著書、学術論文等の名称	単著・共著書別	発行又は発表の年月	発行所、発表雑誌等又は学会等の名称	概要
<b>1 著書</b>				
3. レトロポゾンと遺伝病	共	1993年	病態生理 (永井書店)	遺伝病を引き起こす遺伝子変異のうち、転移因子が原因となる遺伝子機構について解説した。
4. Evolution of repetitive sequence.	共	1991年	Evolution of Life (Oswawa S. & Honjo T. eds), Springer-Verlag.	遺伝子の進化の中で転移因子が及ぼした影響と、その現象をたどることでより確かな系統樹を作成できることを解説した。
<b>2 学位論文</b>				
1. 散在型の短い反復配列を進化の指標としたサケ科魚類の系統関係の決定	単	1996年	東京工業大学 博士 (理学) 乙第2897号	散在型反復配列のうちでレトロエレメントに属するSINEを進化の指標とすることで、分子進化学の主流であった相同配列の比較に基づく確率的な系統樹と異なり、ほぼ絶対的な系統関係を決定できる新たな実験系を確立し、10万年程度の短い期間で十種程が分岐した複雑な系統関係をもつサケ科魚類各種を用いて実証した。
<b>3 学術論文</b>				
1. Effects of ADH1B and ALDH2 Genetic Polymorphisms on Alcohol Elimination Rates and Salivary Acetaldehyde Levels in Intoxicated Japanese Alcoholic Men	共	2016年4月	ALCOHOLISM: CLINICAL AND EXPERIMENTAL RESEARCH	アルコール依存症患者における、代謝関連酵素ADH1BとALDH2遺伝子タイプと、アルコール代謝速度・唾液中アセトアルデヒド濃度の関連性に関して解析した。
2. 乾燥唾液を用いたアルコール代謝関連遺伝子ADH1B及びALDH2のSNPタイピング解析法の検証実験と妥当性確認	共	2015年11月63(11): 1253-1258	臨床病理	所属研究室で開発した非侵襲的なサンプリング法を用いて、DNA抽出を経ることなく直接解析する実験法において、実際の臨床検査サンプルを用いてその正確性と簡便性を検証し、非常に有用であることを証明した。
3. Associations between ALDH2 and ADH1B genotypes and ethanol-induced cutaneous erythema in young Japanese women.	共	2015年70, 134 - 138	日本衛生学雑誌	林田真梨子, 鎌田由佳, 大田智子, 児島沙由梨, 増見恭子, 村田成範, 木下健司, 遺伝子検査の実施が難しい未成年者を対象に遺伝子教育を行うために、遺伝子検査とアルコールパッチテストとの相関性を解析した。
4. Combination Analysis in Genetic Polymorphisms of Drug-Metabolizing Enzymes CYP1A2, CYP2C9, CYP2C19, CYP2D6 and CYP3A5 in the Japanese Population	共	2015年12(1): 78-82.	Int. J. Med. Sci.	Tomoko Ota, Yuka Kamada, Mariko Hayashida, Kyoko Iwao-Koizumi, Shigenori Murata, Kenji Kinoshita, 薬物代謝遺伝子CYP1A2, 2C9, 2C19, 2D6, 3A5の各多型を解析し、日本人での遺伝子頻度と、各タイプの組み合わせにおける薬剤応答性を議論した。
5. Direct Detection of Single Nucleotide Polymorphism (SNP) by the TaqMan PCR Assay Using Dried Saliva on Water-soluble Paper and Hair-roots, without DNA Extraction	共	2014年3月	Analytical Sciences	従来不可能であったろ紙片や生体サンプルを直接入れた反応液でのTaqman PCR検出を、水溶紙や一定の長さの髪の毛を用いることで可能にした。
6. High Performance and Straightforward Genotyping of the Cytochrome P450 2C9 (CYP2C9) and Vitamin K Epoxide Reductase Complex Subunit 1 (VKORC1) Polymorphisms.	共	2014年	Journal of Pharmaceutical Health Care and Sciences	作業効率と精度の高い薬剤代謝酵素遺伝子の検査技術を開発し、千人規模でのポピュレーション解析を行った。2014, 40 (7) 402-408に掲載された。
7. The ACTN3 gene is a potential biomarker for the risk of non-contact sports injury in female athletes	共	2014年doi:10.4172/2155-9929.S6-002	Journal of Molecular Biomarkers & Diagnostics.	Kyoko Iwao-Koizumi, Tomoko Ota, Mariko Hayashida, Yasukazu Yonetani, Ken Nakata, Kenji Kinoshita, Yoshio Koyanagi, and Shigenori Murata. 筋肉の強さを決めているACTN3遺伝子の変異と、スポーツにおける筋断裂などの障害との関連性について解析した。
8. Long PCR-based genotyping for deleted CYP2D6 gene without DNA extraction.	共	2013年12月29(3): 283-285	Drug Metabolism and Pharmacokinetics	薬物代謝に関わる遺伝子変異のうち、CYP2D6の欠失変異は数千塩基対におよぶLong PCR反応が必要であり、作業の煩雑さと判定率の低さが問題であった。本論文では、精製していないDNAからでも高効率で判定可能な実験方法を確立できたことで、臨床応用可能となった。
9. Genotyping of polymorphisms in alcohol and aldehyde dehydrogenase genes by direct application of PCR-RFLP on dried blood without DNA extraction.	共	2010年4月	Analytical Science	血液サンプルよりDNA抽出操作なしで直接PCR操作を行い、アルコール脱水素酵素およびアルデヒド脱水素酵素の遺伝子多型解析を行う実験方法を開発した。
10. Simple SNP Genotyping of Hair Thickness-determining Gene EDAR, Human Earwax-type Gene ABCC11 for Education of Genetic tests.	共	2010年58: 43-47.	Bull. Mukogawa Women's Univ. Nat. Sci.	Hayashida M, Ohta T, Masumi K, Murata S. 髪の毛の太さに関する遺伝子と耳垢の遺伝子を利用し、簡便な遺伝子検査法の開発により、遺伝子解析技術を教育に利用する方法について議論した。
11. 遺伝子診断教育：毛根ダイレクトPCR-RFLP法による耳垢型遺伝子(ABCC11)の迅速・簡便SNPタイピング法.	共	2010年	分析化学	林田真梨子, 小泉(岩尾) 恭子, 村田成範, 木下健司, 遺伝子教育にも利用可能な新規遺伝子検査法を開発した。
12. Single-Tube Genotyping from a Human hair root by Direct PCR	共	2009年12月	Analytical Sciences	Mariko Hayashida, Kyoko Iwao-Koizumi, Kenji Kinoshita

研究業績等に関する事項

著書、学術論文等の名称	単著・ 共著書別	発行又は 発表の年月	発行所、発表雑誌等 又は学会等の名称	概要
<b>3 学術論文</b>				
13. All-in-one tube method for quantitative gene expression analysis in oligo-dT30 immobilized PCR tube coated with MPC polymer	共	2009年01月	Analytical Sciences	PCR反応に用いるDNAは通常抽出・精製したものを用いるが、本論文では髪の毛1本を反应用チューブに入れた状態で反応を行い、簡便な方法ながら安定して精度良く増幅・判定できる実験系を確立した。 Tanaka A, Harikai N, Saito S, Yakabe T, Funaoka S, Yokoyama K, Fujiwara K, Iwao-Koizumi K, Murata S, Kinoshita K 一つのチューブ内で細胞からmRNAを精製して定量的PCRまでを実現した。
14. A comparative analysis of the transcriptome and signal pathways in hepatic differentiation of human adipose mesenchymal stem cells.	共	2008年03月	FEBS Journal	Yamamoto Y, Banas A, Murata S, Ishikawa M, Lim CR, Teratani T, Hatada I, Matsubara K, Kato T, Ochiya T. ヒト脂肪幹細胞から肝臓細胞を誘導・分化させる実験系において、正常個体の肝細胞との発現遺伝子をいくつかの実験手法を用いて比較することにより、正常に機能させることができることを証明した。
15. Multiple primer extension by DNA polymerase on a novel plastic DNA array coated with a biocompatible polymer.	共	2007年01月	Nucleic Acids Research	Kinoshita K, Fujimoto K, Yakabe T, Saito S, Hamaguchi Y, Kikuchi T, Nonaka K, Murata S, Masuda D, Takada W, Funaoka S, Arai S, Nakanishi H, Yokoyama K, Fujiwara K, Matsubara K.
16. Recapitulation of in vivo gene expression during hepatic differentiation from murine embryonic stem cells.	共	2005年09月	Hepatology	Yamamoto Y, Teratani T, Yamamoto H, Quinn G, Murata S, Ikeda R, Kinoshita K, Matsubara K, Kato T, Ochiya T
17. Psychophysiological stress-regulated gene expression in mice	共	2005年04月	FEBS Letters	Murata S, Yoshiara T, Lim CR, Sugino M, Kogure M, Ohnuki T, Komurasaki T, Matsubara K
18. Molecular evidence from short interspersed elements (SINEs) that <i>Oncorhynchus masou</i> (cherry salmon) is monophyletic.	共	1998年55: 1864-70.	Can J Fish Aquat Sci.	Murata, S, Takasaki, N., Okazaki, T., Kobayashi, T., Numachi, K., Chang, K. -H., Okada, N. 日本各地および台湾に生息しているサクラマスとその湖沼型であるヤマメについて、SINEを利用した系統解析を行い、単一系統であることを証明した。
19. Conflict among individual mitochondrial proteins in resolving the phylogeny of eutherian orders.		1998年47(3):307-22.	J Mol Evol.	Cao Y, Janke A, Waddell PJ, Westerman M, Takemura K, Murata S, Okada N, Paabo S, Hasegawa M. 哺乳類の中の真獣類においてミトコンドリア遺伝子の進化速度が変化していることが系統樹の解析に及ぼす影響を評価した。
20. Protein phylogeny of translation elongation factor EF-1 alpha suggests microsporidians are extremely ancient eukaryotes.	共	1996年42(2):257-63.	J Mol Evol.	Kamaishi T, Hashimoto T, Nakamura Y, Nakamura F, Murata S, Okada N, Okamoto K, Shimizu M, Hasegawa M. 翻訳伸長因子EF-1遺伝子による系統関係を解析した結果、微孢子虫類が真核生物の中で非常に古い系統であることが明らかになった。
21. Details of retropositional genome dynamics that provide a rationale for a generic division: the distinct branching of all the Pacific salmon and trout ( <i>Oncorhynchus</i> ) from the Atlantic salmon and trout ( <i>Salmo</i> ).	共	1996年142(3):915-26.	Genetics	Murata S, Takasaki N, Saitoh M, Tachida H, Okada N. レトロトランスポゾン (SINEなど) を用いた系統解析法において、太平洋のサケ属と大西洋のサケ・マス類とが独立の系統であることを、集団遺伝学的解析を交えて議論した。
22. Evolution of the active sequences of the HpaI short interspersed elements.	共	1995年41(6):986-95.	J Mol Evol.	Kido Y, Saitoh M, Murata S, Okada N. サケ科の中で新たに増幅因子として生じたHpaIファミリーSINEについて、サケ科の中での増幅と固定について議論した。
23. High Performance and Straightforward Genotyping of the Cytchrome P450 2C9 (CYP2C9) and Vitamin K Epoxide Reductase Complex Subunit 1 (VKORC1) Polymorphisms	共	1994年40(7):402-408	Journal of Pharmaceutical Health Care and Sciences	Tomoko Ota, Mariko Hayashida, Kyoko Iwao-Koizumi, Shigenori Murata and Kenji Kinoshita, 乾燥唾液検体を用いて直接Taqman-PCRを行うことで、薬剤代謝遺伝子群のCYP2C9とVKORC1遺伝子解析を行った。
24. Species-specific amplification of tRNA-derived short interspersed repetitive elements (SINEs) by retroposition: a process of parasitization of entire genomes during the evolution of salmonids.	共	1994年91(21):10153-7.	Proc Natl Acad Sci USA.	Takasaki N, Murata S, Saitoh M, Kobayashi T, Park L, Okada N. サケ科の中の各種ゲノム中で独立に増幅したSINEファミリーを解析し、その固定状態を日本各地およびロシア、サハリンで採取したサンプルから解析した。
25. Close phylogenetic relationship between Vestimentifera (tube worms) and Annelida revealed by the amino acid sequence of elongation factor-1 alpha.	共	1993年37(1):66-70.	J Mol Evol.	Kojima S, Hashimoto T, Hasegawa M, Murata S, Ohta S, Seki H, Okada N. 深海の熱水鉱床に生息するチューブワームについてEF-1アルファ遺伝子の解析を行い、現生の環形動物との近縁性を証明した。
26. Determination of the phylogenetic relationships among Pacific salmonids by using short interspersed elements (SINEs) as	共	1993年vol. 90, 6995-99	Proceeding National Academy of Science USA	Murata S., Takasaki N., Saitoh M., Okada N. ゲノム中に散在するSINE配列を使用してサケ科の系統関係を解析する新たな実験方法を提唱した。

研究業績等に関する事項

著書、学術論文等の名称	単著・共著書別	発行又は発表の年月	発行所、発表雑誌等又は学会等の名称	概要
<b>3 学術論文</b>				
temporal landmarks of evolution. 27. Shaping and reshaping of salmonid genomes by amplification of tRNA-derived retrotransposons during evolution.	共	1991年88(6):2326-30.	Proc Natl Acad Sci USA	Kido Y, Aono M, Yamaki T, Matsumoto K, Murata S, Saneyoshi M, Okada N. サケ科各種のゲノムよりtRNA由来のレトロトランスポゾン (SINE) を単離して、ゲノム流動性について議論した。
<b>その他</b>				
<b>1. 学会ゲストスピーカー</b>				
1. マウス脳cDNAチップを用いた抗うつ薬応答遺伝子群の発現解析.	共	2004年	東京大学大学院新領域創成科学研究科にて招待講演.	村田成範, Lim Chun Ren, 杉野麻衣子, 木暮みとり, 吉新妙子, 奥山茂, 松原謙一. 抗うつ薬投与後のマウス脳内での遺伝子発現変動およびうつを引き起こすストレス応答遺伝子の解析について解説した。
2. マウス脳cDNAチップを用いた抗うつ薬応答遺伝子群の発現解析		2003年05月	第3回分子生物学会春のシンポジウム	独自に開発したマウス脳発現遺伝子群の中で、通常投与容量の抗うつ薬を投与して脳内で変動する遺伝子群を解析した。
<b>2. 学会発表</b>				
1. 薬物代謝酵素CYP1A2, CYP2C9, CYP2C19, CYP2D6, CYP3A5の遺伝子解析に関する医療薬学的研究	共	2014年3月	日本薬学会第134年会	これまでに簡便で正確な遺伝子解析実験法を確立できた5遺伝子について千人規模での遺伝子解析を実施し、それぞれのタイプの組み合わせでの副作用および薬効について議論した。
2. スポーツ時の故障リスクを遺伝子多型で予測する (The ACTN3 gene is a potential biomarker for the risk of non-contact sports injury in female athletes)	共	2014年11月	日本遺伝子診療学会第21回大会 (日本人類遺伝学会第59回大会と合同)	女子スポーツ選手におけるスポーツ障害と、スポーツ関連遺伝子群のタイプについて解析を行い、ACTN3遺伝子タイプとの相関が得られたので、トレーニングプログラムなどを通して遺伝子検査を障害の予防に使用できる可能性が示唆された。
3. ファーマコゲノミクス実現に向けたダイレクトTaqMan-PCR法による薬物代謝酵素遺伝子の解析	共	2013年9月	第23回日本医療薬学会年会	医療系学会のため、医療の現場と患者の薬物治療を結ぶ薬剤師の役割と、薬剤代謝関連遺伝子群の遺伝子解析の現状を解説した。
4. ファーマコゲノミクス実現に向けた薬剤師の役割	共	2013年9月	第46回日本薬剤師会学術大会	薬剤代謝遺伝子群の遺伝子解析データをもとに、薬剤師が患者に対して副作用回避および治療効果を上げるために、遺伝子検査をどのように利用できるのか議論した。
5. 薬剤師によるアルコールパッチテストを用いた飲酒健康教育	共	2012年3月	日本薬学会第132年会	遺伝子解析を伴わない遺伝子教育の可能性を探るために、薬学生および薬局の薬剤師を対象に飲酒健康教育を行い、その効果を測定した。表現型との関連性について科学的議論が欠けてしまうため、次の研究課題となった。
6. 抗ヒスタミン薬服用後の眠気の遺伝子診断	共	2012年3月	日本薬学会第132年会	薬学生を対象に抗ヒスタミン薬投与後の副作用である眠気と、ヒスタミン代謝にかかわるCYP遺伝子タイプとの相関について解析した。
7. 高等学校における遺伝子教育のための簡便なALDH2遺伝子解析法	共	2012年10月20日	第62回日本薬学会近畿支部大会	遺伝子教育を高校などで出前実験する際に、実験器具や酵素類など実施が難しい場合がある。その際に調整済みの試薬類を持参して解析ができるように、安定化したmix試薬を調整することができた。
8. 薬物代謝酵素CYP2D6遺伝子多型解析法の確立	共	2012年10月20日	第62回日本薬学会近畿支部大会	遺伝子欠損を含むため検出が非常に難しい遺伝子検査について、周囲の塩基配列の詳細な解析を行うことにより新たなプライマーセットを設計し、実験解析の精度を上げるとともに、DNA抽出をしなくても (少し時間はかかるが) 解析可能な実験系を開発することができた。
9. 薬剤師国家試験過去問題e-ラーニングの改良および成果	共	2012年10月20日	第62回日本薬学会近畿支部大会	国家試験の過去問題をコンピュータ上で復讐するツールを新たに開発し、携帯電話などでも空き時間を利用して学習できるように改良し、昨年度および本年度途中までの薬学科5-6年生の成績向上率を測定した。
10. 薬剤師の活躍分野		2012年10月20日	第62回日本薬学会近畿支部大会	投薬前の遺伝子診断についてアメリカ留学中にインタビューなどで得られた知見をもとに、日本の医療での薬剤師としての個別化医療への関わりについて議論した。
11. 日本人におけるFTO遺伝子型とBMIの関連性について	共	2012年10月20日	第62回日本薬学会近畿支部大会	和歌山県立医大との共同研究で、肥満に関係のあると言われているFTO遺伝子と身長・体重から計算できるBMIとの相関について実験解析したが、地域性が年齢の偏りによるものか相関は得られなかった。
12. アルコールパッチテストによる飲酒健康教育	共	2012年10月20日	第62回日本薬学会近畿支部大会	小学校での遺伝子教育では遺伝子検査は難しすぎるので、アルコールパッチテストと表現型の相関関係について実験解析した結果、実施方法の規格化により9割程度の相関がみられたため、小学校用の教材として取り上げることが可能になった。
13. スポーツ体質遺伝子ACTN3の一塩基多型 (SNP) 解析法の開発	共	2011年10月22日	第61回日本薬学会近畿支部大会	筋肉を構成する遺伝子の一つであるACTN3の簡便な解析法を開発した。
14. 迅速・簡便・安価なSNPタイプピン	共	2009年3月	日本薬学会第129年会	DNA抽出をしないSNPタイプ判別法のための反応条件

研究業績等に関する事項

著書、学術論文等の名称	単著・共著書別	発行又は発表の年月	発行所、発表雑誌等又は学会等の名称	概要
<b>2. 学会発表</b>				
15. グ法の確立 高効率なアルコール感受性検査法の開発	共	2009年12月	第32回日本分子生物学会	を確立した 久里浜アルコール症センターと共同でアルコール代謝関連遺伝子群の解析を行い、300例中間違いのない判別実験法を確立できた。
16. 血球系細胞の分化に関するmiRNA発現解析への新規アレイツールの応用	共	2009年12月	分子生物学会	増見恭子, 林田真梨子, 川島高広 miRNAの発現量を解析するためのツールを開発できたため、血球系細胞の分化・誘導に関わる遺伝子群の解析を行った。
17. miRNA検出用の新規アレイツール開発と発現解析	共	2008年12月	分子生物学会	村田成範, 増見恭子, 川島高広 miRNAを直接検出できるツールを開発し、それをを用いた応用研究の事例を報告した。
18. マイクロアレイ上での酵素反応を用いたmiRNAの高感度かつ簡易検出ツールの開発	共	2007年12月	分子生物学会	村田成範, 川島高広, 松原謙一 miRNAという20塩基程度の短い分子をマイクロアレイ上で逆転写により検出する実験系において、高感度かつ簡易に検出できるように最適化を行った。
19. マイクロアレイ上での酵素反応系を用いた短鎖RNAの微量検出法の構築	共	2007年11月		村田成範, 川島高広, 小林みちえ, 山内理世 短鎖RNAの中でもmiRNAという20塩基程度の分子を検出する実験系を構築するために、マイクロアレイ上で逆転写反応を行うことにより標識を取り込ませる反応系について、モデル実験系と生体サンプルからのtotal RNAを用いて検証を行った。
20. マイクロアレイ上での酵素反応系を用いた短鎖RNAの微量検出法の構築	共	2006年11月		村田成範, 小林みちえ, 石川円, 山内理世
21. ストレス条件下のマウスにおいて転写活性と選択的スプライシングによる制御を受ける遺伝子の解析	共	2004年12月	分子生物学会	村田成範, 吉新妙子, Lim Chun Ren, 杉野麻衣子, 木暮みどり, 大貫達也, 小紫俊, 松原謙一
22. マウス脳における抗うつ薬応答遺伝子群の発現解析	共	2002年12月	分子生物学会	村田成範, Lim Chun Ren, 杉野麻衣子, 木暮みどり, 吉新妙子, 奥山茂, 松原謙一
<b>3. 総説</b>				
<b>4. 芸術（建築模型等含む）・スポーツ分野の業績</b>				
<b>5. 報告発表・翻訳・編集・座談会・討論・発表等</b>				
1. 「機能的RNA プロジェクト」報告書	共	2010年	独立行政法人新エネルギー・産業技術総合開発機構	研究開発項目(2)、小項目2.2.2.2において、DNAチップ研究所と武庫川女子大学において開発した、逆転写反応を利用した定量的なmiRNA微量検出法とその応用について報告した。pp. 25-38.
2. 機能的RNAの産業応用へ向けての基盤研究のための調査研究報告書	共	2005年3月	財団法人 機械システム振興協会 委託先 社団法人 パイオ産業情報化コンソーシアム www.jbic.or.jp/enterpr rise/survey/1601.pdf	4. RNA 機能研究に関する技術・研究動向 4.1 機能的RNA 探索技術 (28-37ページ) において、日本およびアメリカ、ドイツにおいて現地調査を行った現在進行中の機能的RNA解析技術およびその応用について報告した。
<b>6. 研究費の取得状況</b>				
1. 基盤研究(C)	単	2015年～2019年度	課題番号 15K01674 若年者スポーツにおける運動障害を予防する遺伝子健康教育	スポーツにおける筋断裂などの障害やスポーツ中の熱中症などを予防するために、関連する遺伝子群の検査やセミナーを通じて、予防に対する意識を若年者のうちから植え付け、障害がキャリアへの負担にならないようにする。同時に遺伝子と表現型に関する知識啓蒙を行う。
2. 基盤研究(C) 新規	単	2011年～2013年度		次世代への遺伝子および遺伝子検査教育のための研究 2011年4月～2014年3月
3. 機能的RNAプロジェクト 継続	共	2008年		機能的RNA検出ツールの開発
4. 機能的RNAプロジェクト 継続	共	2007年		機能的RNA検出ツールの開発
5. 機能的RNAプロジェクト 継続	共	2006年		機能的RNA検出ツールの開発
6. 機能的RNAプロジェクト 新規	共	2005年		機能的RNA検出ツールの開発
<b>学会及び社会における活動等</b>				
年月日	事項			
1. 2013年4月～現在	分子生物学会主催の講師派遣事業にて講師として派遣実績			
2. 2011年4月～現在	小学校～大学初年時教育での遺伝子教育および出前実験講義			