

教育研究業績書

2018年05月14日

所属：健康生命薬科学科

資格：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

1 教育方法の実践例		
1. 薬学部アメリカMFWIプログラムにおける現地学生との相互交流	2014年～現在	ワシントン州立大学薬学部訪問の際に、教員による講義と見学だけでなく、現地薬学生と直接交流できる機会を設定し、直接意見交換できる環境を整えた。またMFWIでのポスター発表の際にも現地学生や地域住民を招待して、英語での質疑応答の機会を設定した。
2. 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。
3. 修士・博士論文指導	2010年～現在	遺伝子解析実験法の新規開発と実証実験、および当該実験法を用いた臨床応用について実験指導とデータ解析の方法論を指導し、投稿論文（英語含む）の添削および修士・博士論文作成を指導した。7年間で修士4名、博士2名を輩出し、1名は2016年よりカナダでポスドクとして研究に従事（2017年9月現在）。学外からの論文博士申請者の論文指導実施。
4. 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。
5. 学問（生物学）と実生活の関連性想起	2009年～現在	一般教養としての共通教育科目「生命科学入門」において、実物（生物・一部標本）を持ち込んだり、最新のニュースを紹介している。更に大学構内や身の回りの生物をスケッチすることで、身近にある生命活動を実感してもらおうとともに、最後にレポートとして文章に表現して報告することで身につく学修を目指している。

2 作成した教科書、教材		
1. スタンダード薬学シリーズII	2017年9月29日 発刊	第8巻 薬学研究 において、「遺伝子解析を用いた薬学教育への取り組み」について記述した。
2. 生徒・学生のための遺伝子実験教材	2011年～現在	大学の研究室で可能な遺伝子解析ではなく、大学での基礎的な実験や高校での出前実験でも可能な実験方法と、それに付随する教育用ツールの開発
3. 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。
4. 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。
5. 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に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。

3 実務の経験を有する者についての特記事項		
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。

4 その他		
1. 同志社大学主催、第2回サイエンスコミュニケーター養成副専攻講演会	2017年5月28日	同志社大学主催の第2回サイエンスコミュニケーター養成副専攻講演会を聴講。
2. 大学コンソーシアム京都主催第22回FDフォーラム	2017年3月4日～5日	公益財団法人 大学コンソーシアム京都主催「第22回FDフォーラム」に参加し、シンポジウム：大学の教育力を発信する～教養教育改革と現代社会～の聴講、および第2分科会：理系基礎教育のデザインをめぐってでのグループディスカッションに参加。
3. 教育に関するセミナー参加	2016年7月29日	丸善雄松堂アカデミックセミナー2016「大学のグローバル化の進展と、その過程としての研究・教育理念における新たな展開」を聴講。
4. 私大フォーラム「学問するよろこび」	2016年11月5日	私大フォーラム「学問するよろこび」聴講

教育上の能力に関する事項		
事項	年月日	概要
4 その他		
5. 国際センター主催セミナーの参加	2016年～現在	1. 千宗守氏（茶道武者小路千家第14代家元） 2. 大島まり氏（東京大学大学院情報学環・生産技術研究所教授） コーディネーター 本田知宏氏（福岡大学工学部教授） ・渡部直樹氏（慶應義塾常任理事） 日下・フォッシーン公開講座他、講演会等多数参加。
6. 薬学部FD	2014年～現在	薬学部内でのFD活動参加。2014年5月14日、2015年5月13日、12月9日、2016年6月22日、7月27日、2017年7月26日。
7. 担任	2013年4月～現在	新薬Dクラスの担任として、履修指導、学習支援、学習環境支援に努めている。
8. 薬学部MFWI留学における奨学金獲得	2013年～現在	留学費用を補助するため、独立行政法人日本学生支援機構からの留学支援を獲得している。毎年10～15名分の奨学金を獲得して、学内で学生を選考している。
9. 教職に関する指導	2011年～現在	教職課程の履修に関する指導。教員採用試験受験に関する指導。大学推薦に必要な自己アピールおよび小論文の添削指導。模擬授業など二次試験に向けた指導。就職後の理科実験に関する指導。附属高校理科担当教員との教育実習改善に向けた取り組み。
10. 学外での出前講義・実験	2010年～現在	遺伝あるいは遺伝子教育を目的として、研究室で開発した簡便な遺伝子解析法と、様々な遺伝子と形質との関連性調査研究を元に、小・中・高校を訪問し講義あるいは実験指導をしている。
11. 第14回薬剤師のためのワークショップ	2008年1月13日～14	認定薬剤師養成のための教育カリキュラムプランニングを目的とした、SGD主体のワークショップ参加。
12. 附属高校3年生対象導入講義	2000年2月～現在	薬学部入学予定生徒に対して、大学での講義を受ける前に必要な学修事項や考え方について生物学を通して指導する。附属高校の理科教員と課題設定等協議のうえで実施する。
13. サークルの技術指導	2000年～現在	薬学部内のテニスサークル（ファミリア）の練習メニュー作成および技術指導。

職務上の実績に関する事項		
事項	年月日	概要
1 資格、免許		
1. 理科教員免許（中学・高校）	1989年03月	
2 特許等		
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。
3 実務の経験を有する者についての特記事項		
1. 研究開発	2001年3月2007年3月	株式会社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。
4 その他		
1. 薬学部国際交流委員	2013年4月～現在	委員長あるいは副委員長として国際交流の推進。留学プログラムの実施。留学時の学生引率。MFWI職員・教員および派遣大学であるワシントン州立大学薬学部教務責任者とプログラムの維持・発展のための協議。
2. 教職支援委員、学校教育センター委員	2011年4月～現在	健康生命薬科学科の委員として従事。毎年公立学校教員として1～2名、数年に1名程度の私立中高教員を輩出。教職課程履修学生の指導。薬学科より配属転向した学生の教職課程履修支援。
3. CBT運営委員（システム担当）	2010年4月～現在	薬学科4年生が受験する薬学共用試験のCBT（Computer Based Test）実施に必要なコンピュータおよびサーバのメンテナンス作業。共用試験センターとの情報交換。体験受験・本試験・追再試験の準備と試験中のPC状況監視。
4. 薬学部入試委員	2010年4月～現在	学部入試関連業務、大学院入試業務、オープンキャンパス・入試相談会（医療・薬学関連）での入試および入学後のカリキュラム説明など案内業務。
5. 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

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
1 著書				
1. スタンダード薬学シリーズII 第8巻	共	2017年9月29日発行	日本薬学会編 (総監修 市川厚) 東京化学同人	村田成範、木下健司共著。第8巻、第II部、107-112。「遺伝子解析を用いた薬学教育への取り組み」と題して、遺伝子実験解析技術の解説と薬学部あるいは薬剤師における遺伝子教育について論じた。
2. 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。6(3): 65-68 (289-292)。機能性RNAの発現プロファイリング技術。既存技術の利用法とそれぞれの技術的利点および注意する点について比較検討した。
3. 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)	村田成範、岡田典弘共著。102-106。転移因子による疾患発症機構を症例を交えて解説した。
4. 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。村田成範、岡田典弘共著。12(9): 739-745。
5. Evolution of repetitive sequence.	共	1991年	Evolution of Life (Osawa S. & Honjo T. eds), Springer-Verlag.	Okada, N., Aono, M., Endoh, H., Kido, Y., Koishi, R., Matsumoto, K., Matsuo, M., Murata, S., Nagahashi, S. & Yamaki, T. 175-186。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。
2 学位論文				
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。
3 学術論文				
1. Effects of ADH1B and ALDH2 Genetic Polymorphisms on Alcohol Elimination Rates and Salivary Acetaldehyde Levels in Intoxicated Japanese Alcoholic Men. (査読付)	共	2016年6月	ALCOHOLISM: CLINICAL AND EXPERIMENTAL RESEARCH	Akira Yokoyama, Yoko Kamada, Hiromi Imazeki, Emiko Hayashi, Shigenori Murata, Kenji Kinoshita, Tetsuji Yokoyama, and Yoshinori Kitagawa. Vol. 40, No. 6, 1241-1250。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 (査読付)	共	2015年11月	臨床病理	村田成範 林田真梨子 石黒裕子 今関ひろみ 林恵美子 横山 顕 木下健司。63(11) 1253-1258。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. (査読付)	共	2015年	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。70, 134 - 138。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. (査読付)	共	2015年	Int. J. Med. Sci.	Tomoko Ota, Yuka Kamada, Mariko Hayashida, Kyoko Iwao-Koizumi, Shigenori Murata, Kenji Kinoshita. 12(1): 78-82。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. (査読付)	共	2014年3月	Analytical Sciences	Hayashida M, Ota T, Ishii M, Iwao-Koizumi K, Murata S, Kinoshita K. 30 (3), 427-429。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. (査読付)	共	2014年	Journal of Pharmaceutical Health Care and Sciences	大田智子、林田真梨子、小泉(岩尾)恭子(増見恭子)、村田成範、木下健司。40(7), 402-408。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。
7. The ACTN3 gene is a potential biomarker for the risk of non-contact sports injury in female athletes. (査読付)	共	2014年	Journal of Molecular Biomarkers & Diagnostics.	Kyoko Iwao-Koizumi, Tomoko Ota, Mariko Hayashida, Yasukazu Yonetani, Ken Nakata, Kenji Kinoshita, Yoshio Koyanagi, and Shigenori Murata. doi: 10.4172/2155-9929.S6-002。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. (査読付)	共	2013年12月	Drug Metabolism and Pharmacokinetics	Ota T, Hayashida M, Ishii M, Iwao-Koizumi K, Murata S, Kinoshita K. 29(3): 283-285。薬物代謝に関わる遺伝子変異のうち、CYP2D6の欠失変異は数

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
3 学術論文				
9. Genotyping of polymorphisms in alcohol and aldehyde dehydrogenase genes by direct application of PCR-RFLP on dried blood without DNA extraction. (査読付)	共	2010年4月	Analytical Science	キロ塩基対におよぶ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。 Hayashida M, Iwao-Koizumi K, <u>Murata S</u> , Yokoyama A, Kinoshita K. 26 (4): 503-505. 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. (査読付)	共	2010年	Bull. Mukogawa Woman's Univ. Nat. Sci.	Hayashida M, Ohta T, Masumi K, <u>Murata S</u> . 58: 43-47. 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. Simple SNP Genotyping of Human Earwax-Type Gene ABCC11 for Genetic Education. (査読付)	共	2010年	BUNSEKI KAGAKU	林田真梨子, 小泉(岩尾) 恭子, 村田成範, 木下健司. 59:613-617. 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. (査読付)	共	2009年12月	Analytical Sciences	Hayashida M, Iwao-Koizumi K, <u>Murata S</u> , Kinoshita K. 25 (12):1487-1489. 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本を反応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。
13. All-in-one tube method for quantitative gene expression analysis in oligo-dT30 immobilized PCR tube coated with MPC polymer. (査読付)	共	2009年01月	Analytical Sciences	Tanaka A, Harikai N, Saito S, Yakabe T, Funaoka S, Yokoyama K, Fujiwara K, Iwao-Koizumi K, <u>Murata S</u> , Kinoshita K. 25 (1):109-114. 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. (査読付)	共	2008年03月	FEBS Journal	Yamamoto Y, Banas A, <u>Murata S</u> , Ishikawa M, Lim CR, Teratani T, Hatada I, Matsubara K, Kato T, Ochiya T. Mar 275: 1260-73. 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. (査読付)	共	2007年01月	Nucleic Acids Research	Kinoshita K, Fujimoto K, Yakabe T, Saito S, Hamaguchi Y, Kikuchi T, Nonaka K, <u>Murata S</u> , Masuda D, Takada W, Funaoka S, Arai S, Nakanishi H, Yokoyama K, Fujiwara K, Matsubara K. Jan 35(1):e3. Epub. DNAマイクロアレイ上で基盤上に合成したプライマーおよびハイブリダイズしたDNA分子を鋳型として用いて酵素反応が可能な実験系を開発した。
16. Recapitulation of in vivo gene expression during hepatic differentiation from murine embryonic stem cells. (査読付)	共	2005年09月	Hepatology	Yamamoto Y, Teratani T, Yamamoto H, Quinn G, <u>Murata S</u> , Ikeda R, Kinoshita K, Matsubara K, Kato T, Ochiya T. Sep 42(3): 558-567. マウスの胚性幹(ES)細胞を用いて、誘導因子により肝臓細胞に分化する過程での遺伝子発現の変化を解析した。
17. Psychophysiological stress-regulated gene expression in mice. (査読付)	共	2005年04月	FEBS Letters	<u>Murata S</u> , Yoshiara T, Lim CR, Sugino M, Kogure M, Ohnuki T, Komurasaki T, Matsubara K. Apr 579(10):2137-2142. マイクロアレイを用いたストレス誘導遺伝子群の解析と、ストレスで誘導される選択的スプライシングを詳細に解析した。
18. Conflict among individual mitochondrial proteins in resolving the phylogeny of eutherian orders. (査読付)		1998年	J Mol Evol.	Cao Y, Janke A, Waddell PJ, Westerman M, Takenaka O, <u>Murata S</u> , Okada N, Paabo S, Hasegawa M. 47(3):307-22. 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。
19. Molecular evidence from short interspersed elements (SINEs) that <i>Oncorhynchus masou</i> (cherry salmon) is monophyletic. (査読付)	共	1998年	Can J Fish Aquat Sci.	<u>Murata S</u> , Takasaki, N., Okazaki, T., Kobayashi, T., Numachi, K., Chang, K.-H., Okada, N. 55: 1864-70. 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。
20. Protein phylogeny of translation elongation factor EF-1 alpha suggests microsporidians are extremely ancient eukaryotes. (査読付)	共	1996年	J Mol Evol.	Kamaishi T, Hashimoto T, Nakamura Y, Nakamura F, <u>Murata S</u> , Okada N, Okamoto K, Shimizu M, Hasegawa M. 42(2):257-63. 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	共	1996年	Genetics	<u>Murata S</u> , Takasaki N, Saitoh M, Tachida H, Okada N. 142(3):915-26. 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。

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
3 学術論文				
(Oncorhynchus) from the Atlantic salmon and trout (Salmo). (査読付)				
22. Evolution of the active sequences of the HpaI short interspersed elements. (査読付)	共	1995年	J Mol Evol.	Kido Y, Saitoh M, Murata S, Okada N. 41(6):986-95. 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. 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. (査読付)	共	1994年10月	Proc Natl Acad Sci US A.	Takasaki N, Murata S, Saitoh M, Kobayashi T, Park L, Okada N. 91(21):10153-10157. サケ科の近年種間でのSINEについて詳細に解析することで、種分化の際に起こったと考えられる遺伝子の多様性・流動性について考察した。
24. Determination of the phylogenetic relationships among Pacific salmonids by using short interspersed elements (SINEs) as temporal landmarks of evolution. (査読付)	共	1993年	Proceeding National Academy of Science USA	Murata S., Takasaki N., Saitoh M., Okada N. vol. 90, 6995-99. 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。
25. Close phylogenetic relationship between Vestimentifera (tube worms) and Annelida revealed by the amino acid sequence of elongation factor-1 alpha. (査読付)	共	1993年	J Mol Evol.	Kojima S, Hashimoto T, Hasegawa M, Murata S, Ohta S, Seki H, Okada N. 37(1):66-70. 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. Shaping and reshaping of salmonid genomes by amplification of tRNA-derived retrotransposons during evolution. (査読付)	共	1991年	Proc Natl Acad Sci US A	Kido Y, Aono M, Yamaki T, Matsumoto K, Murata S, Saneyoshi M, Okada N. 88(6):2326-30. 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。
その他				
1. 学会ゲストスピーカー				
1. Genome Research Project at MWU	単	2015年8月20日	2015 Symposium, Pharmacy & Nutrition Sciences at Mukogawa Fort Wright Institute.	MFWIにて毎年実施されている女性研究者交流セミナーにおいて、武庫川女子大学薬学部での研究について紹介した。
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.	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, 木暮みどり, 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。
3. 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。
2. 学会発表				
1. 熱代謝関連遺伝子検査と遺伝子教育—薬剤師の健康教育サポートに向けて—		2016年8月28日	第一回日本薬学教育学会年会	熱中症関連遺伝子として知られるCPT2遺伝子は、熱中症やインフルエンザの発熱時の重篤化に関連しているという報告がある。若年者の遺伝子教育に使用できるだけでなく、かかりつけ薬剤師による健康教育にも使用できるツールとして、遺伝子検査法を簡便化するための研究開発を行い、高校の実験室程度の器材で実施可能にできた。今後教育用ツールとして遺伝子教育プログラムを開発していく。
2. 唾液中カフェイン体内動態解析と薬物代謝酵素CYP1A2遺伝子多型の相関について	共	2016年8月28日	第一回日本薬学教育学会年会	普段の食生活の中で摂取するカフェインを題材として、代謝遺伝子の解析と薬物動態を簡便に実施して、薬学教育の中で患者個人の治療に対する考察をする教育ツールとしての可能性を検討した。
3. 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。
4. 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。
5. 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。
6. 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。
7. 薬剤師によるアルコールパッチテ	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

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
2. 学会発表				
ストを用いた飲酒健康教育				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。
8. 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。
9. 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。
10. 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。
11. 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。
12. 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。
13. 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、地域性か年齢の偏りによるものか相関は得られなかった。
14. 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。
15. 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。
16. 迅速・簡便・安価なSNPタイピング法の確立	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を確立した
17. 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。
18. 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	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。
19. 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、それを用いた応用研究の事例を報告した。
20. 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。
21. 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。
22. 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
23. 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
24. 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
3. 総説				
4. 芸術（建築模型等含む）・スポーツ分野の業績				
5. 報告発表・翻訳・編集・座談会・討論・発表等				

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
5. 報告発表・翻訳・編集・座談会・討論・発表等				
1. 遺伝子検査普及と若年者への遺伝子教育～薬学生のためのプログラム開発と実践～	単	2016年	武庫川女子大学 バイオサイエンス研究所年報 第21号	カフェイン代謝酵素を題材に遺伝子検査と体内動態を測定して個別化医療について議論できる教育ツールを開発している。
2. 遺伝子検査普及と若年者への遺伝子教育に向けた基礎的技術開発およびその実践	単	2015年	武庫川女子大学 バイオサイエンス研究所年報 第20号	遺伝子検査の実験精度実証実験と一般的な高校の実験室でも可能な遺伝子解析実験法の開発と実施。
3. 「機能性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.
4. 機能性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 バイオ産業情報化コンソーシアム www.jbic.or.jp/enterprise/survey/1601.pdf	4. RNA 機能研究に関する技術・研究動向 4.1 機能性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性RNA解析技術およびその応用について報告した。
6. 研究費の取得状況				
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. 機能性RNAプロジェクト 継続	共	2008年		機能性RNA検出ツールの開発
4. 機能性RNAプロジェクト 継続	共	2007年		機能性RNA検出ツールの開発。2007年度より武庫川女子大学へ所属変更。ツール開発のための基礎的技術開発とともに、応用への検討を始めた。
5. 機能性RNAプロジェクト 継続	共	2006年		機能性RNA検出ツールの開発。2006年度までは(株) DNAチップ研究所所属。
6. 機能性RNAプロジェクト 新規	共	2005年		機能性RNA検出ツールの開発

学会及び社会における活動等

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. 2013年～現在	浜甲団地での健康相談（研究室での活動）
3. 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