

HiSeq	1748	AGGCATAGAACCTGGCGAATAGATATAGTACCG—CAAGGGAAAGA-TG—	1802
PacBio	1824	AGGCATAGAACCTGGCGAATAGATATAGTACCGGGCAAGGG-AAGATTGAA	1882
HiSeq	1803	—AAAATTATAACCAAGCA-TAATATA-GCAAGGACTAACCCCTATACCTCTGCATAA	1858
PacBio	1883	AAAAAAATTATAACCA-GCATTAAATAAGCAAGGACTAACCCCTATACCTCTGCATAA	1941
HiSeq	1859	TGAATT—AACTAGAACATACTTGCAGGAGAGCCAAGCTAACGCCCGAACAGAC	1917
PacBio	1942	T—AATTAAACTAGAACATAACTTGCAGGAGAGCC-AAGCTAACGCCCGAACAGAC	1999
HiSeq	1918	GA—GCTACCTAAGAACAGCT—AAAAGAGCACACCGCTATGTAGCAAATAGT—GGG	1972
PacBio	2000	GAGGCTACCTAAGAACAGCTAAAAAGAGCACACCGCTATGTAGCAAATTAGTGGGG	2059
HiSeq	1973	AAGATTATAGGT—A-GAGGCGAACACCT-ACCGA-GCC-TGGTGATAGC-TGGTTGT	2025
PacBio	2060	AAGATTATAGTTATGAGGCGAACACCTTACCGAGGCTTGGTGATAGCTGGTTGT	2119
HiSeq	2026	CC—AAGATAGAATCTAGTCAC-TTTAAATTGCCACAGAACCCCTAAATCCCTT	2083
PacBio	2120	CCAAAGATAGAATCTAGTCACTTAAATTGCCACAGAACCCCTAA-TGCCCTT	2178
HiSeq	2084	GTAAATTAACTGTTAGTCACAGAGGAAACAGCTTTGGACACTAGG—AAAAACCTT	2141
PacBio	2179	GT—AATTAACTGTTAGTCACAGAGGAAACAGCTTTGGACACTAGGCAGAAAAACCTT	2236
HiSeq	2142	-GTAGAGAGAGTAAAAATTAAACACCCATAGTAGGCCTAAAGCAGCCACCAATTAAAGA	2200
PacBio	2237	CGTAGAGAGAGTAAAAATTAAACACCCATAGTAGGCCT-AAAGCAGCCACCAATTAAAGA	2295
HiSeq	2201	AAGCGTT—CAAGCTAACACCCACTACCTAAAAATCCAAACATATAA-CTG-AACTCC	2257
PacBio	2296	AAGCGTTCAAGCTAACACCCACTACCTAAAAATCCAAACATATACTGAAACTCC	2355
HiSeq	2258	TCACACCCAATTGGACCAA—TCTATCACC-C—TATAGAAGAACTAATGTTAGTATA	2310
PacBio	2356	TCACACCCAATTG—ACCAATTCTATCACCTCTATGTATAGAAGAACTAATTTAGTATA	2414
HiSeq	2311	AGTAACAT—GAAAACATTCTCCTCCGATAAGCCTGCGT---CAG-ATTAAGA-CACTGA	2364
PacBio	2415	AGTAACATTGAAAAC—TTCTCCTCCGATAAGCCTGCGTTCCAGTATTAAACCACTGA	2473
HiSeq	2365	ACTGACAATTAAACAGCCAA-TATCT-ACAATCAACCAACAAGTCATTATTACCCCTACT	2422
PacBio	2474	ACTGACATTAAACAGCCAAATTCTAACAAATCAACCAACAAGTCATTATTACCCCTACT	2533
HiSeq	2423	GTCAACCCAACACAGGC—ATGCTCATAGGAAAGG—TTaaaaaaaaATAAAAGGAAC—C	2478
PacBio	2534	GTCAACCCAACACAGGCATGCTCATAGGAAAGGCTTAAAAAAGTAAAGGAACCTC	2593
HiSeq	2479	GGCAAATCT—TACCCCGCTGTTAC—AAAACAT-CA-CCTCTAGCATC-ACCAAGTA	2532
PacBio	2594	GGCAAATCTGATA—CCCGCCTGTTACCAAAACATCCAGCCTCTAGCATCGACCAAGTA	2652
HiSeq	2533	TTAGAGGCACCGCC—TGCCCCAGT—GACACATGTTAACGGCCGCGGTACCTAACCGTGC	2590
PacBio	2653	TTAGAGGCACCGCCCTGCCAGTGAC-CATGTTAA—GGCCGGGGTACCTAACCGTGC	2710
HiSeq	2591	AAAGGTA-GCATAATCACTTGTCTTAAATAGGGACCTGT—ATGAAT—GGCTCCACGAG	2647
PacBio	2711	AAAGGTAGGCATAATCACTTGTCTTAAATAGGGAC-TGTATGAATGGGTCCACGAG	2769
HiSeq	2648	GG—TTCAAGCTGTCTTACTTTAACCAAGTGAATTGACCT—GCCCGTGAAGAGGGGGG—	2704
PacBio	2770	GGCTTCAGCTGTCTTAC—TTAACCAAGTGAATTGACCTGGCCCGTGAAGAGGGGGG	2827

Fig. 32 HiSeq で得られたショートリードをアセンブルした結果と、PacBio から得られた 1 つのローングリードを mtDNA の一部で比較。BLASTN によって計算された塩基の identity は mtDNA 全体で 92% であった。

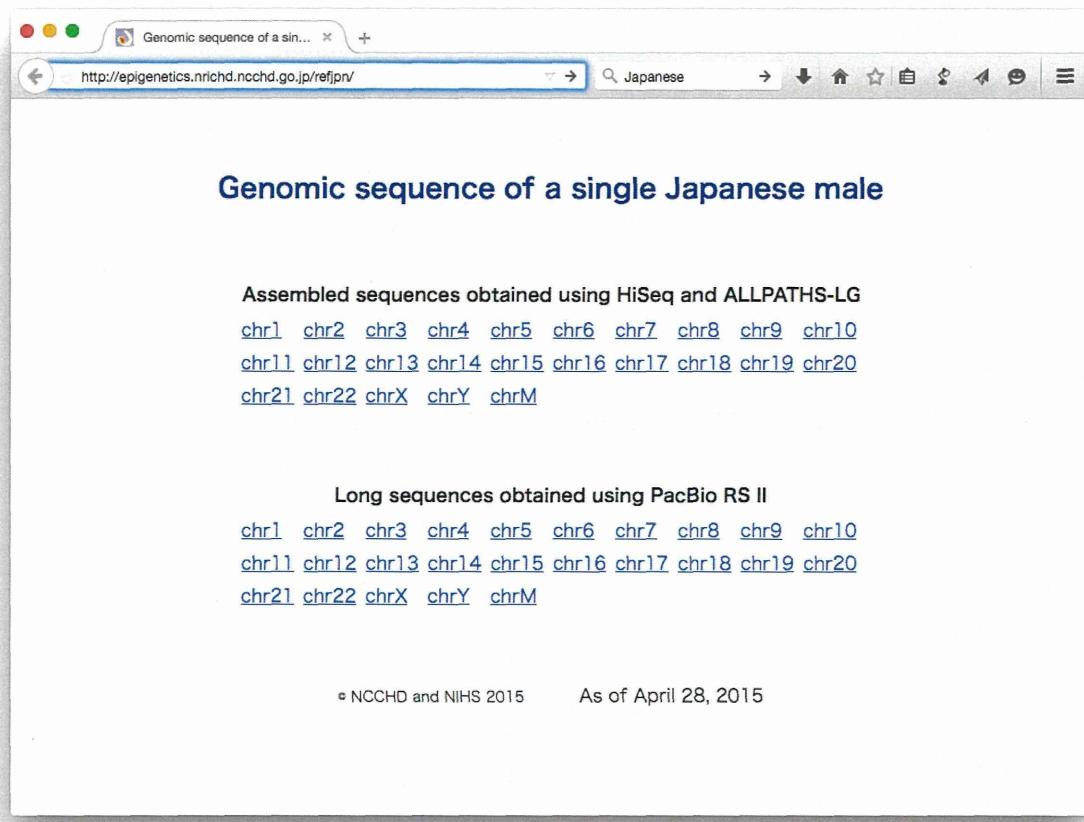


Fig. 33 JOM005 配列データ公開サイト <http://epigenetics.nrichd.ncchd.go.jp/refjpn/>

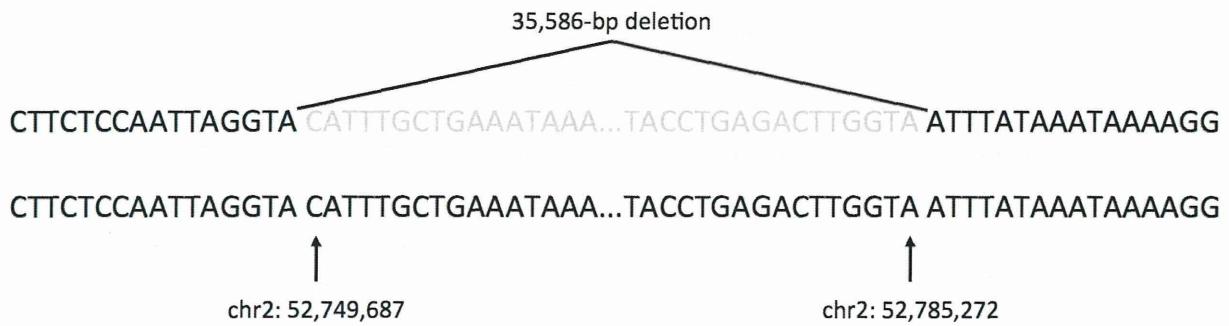


Fig. 34 多くの健常日本人が保有する第2番染色体短腕52.77 Mb (2p16.2) 26 kb欠失のブレークポイントをJOM005の配列データから決めることができた.

Table 23 本研究で用いたヒト iPS 細胞株

iPS 細胞株名	由来細胞	導入遺伝子	導入方法
201B7	皮膚線維芽細胞	Oct3/4, Sox2, Klf4, c-Myc	レトロウイルス
253G1	皮膚線維芽細胞	Oct3/4, Sox2, Klf4	レトロウイルス
409B2	皮膚線維芽細胞	Oct3/4, Sox2, Klf4, L-Myc, Lin28, p53shRNA	エピゾーマルベ クター
Human mc-iPS (mc-iPS)	脂肪幹細胞	Oct3/4, Sox2, Nanog, Lin28	プラスミド
HiPS-RIKEN-1A (R-1A)	臍帶由来線維芽細胞	Oct3/4, Sox2, Klf4, c-Myc	レトロウイルス
HiPS-RIKEN-2A (R-2A)	臍帶由来線維芽細胞	Oct3/4, Sox2, Klf4, c-Myc	レトロウイルス
HiPS-RIKEN-12A (R-12A)	臍帶由来線維芽細胞	Oct3/4, Sox2, Klf4	レトロウイルス
Tic	肺線維芽細胞	Oct3/4, Sox2, Klf4, c-Myc	レトロウイルス
ATCC-DYR0110 hiPSC (Ai-100)	皮膚線維芽細胞	Oct3/4, Sox2, Klf4, c-Myc	レトロウイルス
ATCC-DYR0103 hiPSC (Ai-103)	肝線維芽細胞	Oct3/4, Sox2, Klf4, c-Myc	レトロウイルス

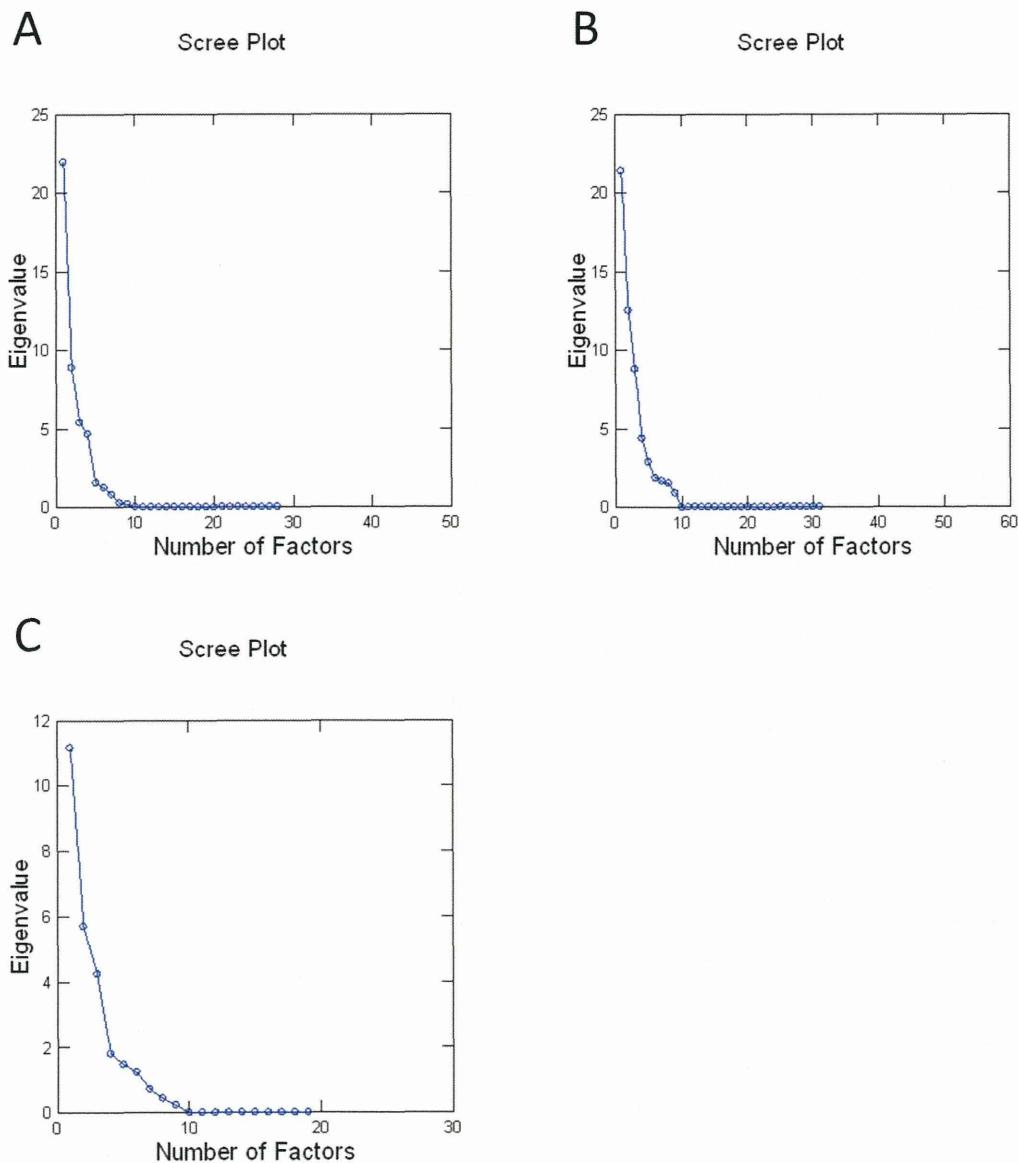


Fig. 35 三胚葉系細胞マーカー遺伝子発現量による主成分分析

A) 外胚葉系細胞マーカーでの主成分寄与率, B) 中胚葉系細胞マーカーでの主成分寄与率, C) 内胚葉系細胞マーカーでの主成分寄与率.

Table 24 外胚葉、中胚葉および内胚葉系細胞における遺伝子発現量の主成分分析から算出された第一主成分係数

外胚葉		中胚葉		内胚葉	
遺伝子名	主成分係数	遺伝子名	主成分係数	遺伝子名	主成分係数
<i>PAX3</i>	0.987	<i>TNFRSF1A</i>	0.969	<i>AFP</i>	0.948
<i>MAP2</i>	0.963	<i>ITGB3</i>	0.950	<i>GATA6</i>	0.931
<i>NES</i>	0.960	<i>ANPEP</i>	0.934	<i>GATA1</i>	0.907
<i>CDH2</i>	0.958	<i>STAT3</i>	0.928	<i>HNF1A</i>	0.904
<i>TUBB3</i>	0.955	<i>KDR</i>	0.926	<i>APOE</i>	0.894
<i>SYP</i>	0.954	<i>PDGFRA</i>	0.903	<i>CD44</i>	0.854
<i>PAX7</i>	0.949	<i>CD44</i>	0.889	<i>GATA4</i>	0.831
<i>PAX6</i>	0.915	<i>ITGB1</i>	0.888	<i>ITGB1</i>	0.795
<i>MAPT</i>	0.912	<i>MME</i>	0.882	<i>THY1</i>	0.794
<i>SOX9</i>	0.899	<i>PECAMI</i>	0.882	<i>ITGA6</i>	0.710
<i>SOX10</i>	0.884	<i>SPI1</i>	0.865	<i>GCG</i>	0.701
<i>NGFR</i>	0.854	<i>CD34</i>	0.855	<i>CDX2</i>	0.672
<i>OTX2</i>	0.854	<i>HAND1</i>	0.850	<i>SOX17</i>	0.598
<i>FOXD3</i>	0.851	<i>ITGAM</i>	0.844	<i>SLC2A2</i>	0.582
<i>NEFL</i>	0.836	<i>THY</i>	0.843	<i>SST</i>	0.535
<i>GBX2</i>	0.818	<i>ITGAL</i>	0.828	<i>SOX7</i>	0.533
<i>CRABP2</i>	0.808	<i>CD36</i>	0.823	<i>PDX1</i>	0.433
<i>MNX1</i>	0.798	<i>GATA4</i>	0.781	<i>NEUR3</i>	0.398
<i>ITGA4</i>	0.787	<i>ITGA6</i>	0.781	<i>FOXA2</i>	0.394
<i>NCAMI</i>	0.785	<i>CEACAMI</i>	0.753	<i>CTNNB1</i>	0.364
<i>SOX2</i>	0.731	<i>MYOG</i>	0.738	<i>MIXL1</i>	0.201
<i>MCAMI</i>	0.650	<i>INHBA</i>	0.726	<i>HNF1B</i>	0.186
<i>NOTCH1</i>	0.645	<i>ITGAX</i>	0.647	<i>EOMES</i>	0.015
<i>TH</i>	0.516	<i>RUNX1</i>	0.620	<i>ISL1</i>	-0.399
<i>EN1</i>	0.455	<i>TWIST1</i>	0.614	<i>CDH2</i>	-0.438
<i>FAS</i>	0.391	<i>BMP2</i>	0.597	<i>SYP</i>	-0.463
<i>FGF5</i>	0.363	<i>ICAMI</i>	0.597	<i>PAX6</i>	-0.530

<i>NEUROG3</i>	0.361	<i>ITGAV</i>	0.556
<i>NOG</i>	0.239	<i>ABCG2</i>	0.505
<i>IRF6</i>	0.076	<i>SDC</i>	0.503
<i>FUT4</i>	-0.186	<i>FUT4</i>	0.457
<i>PDGFRA</i>	-0.263	<i>SRF</i>	0.455
<i>ICAM1</i>	-0.271	<i>NODAL</i>	0.451
<i>ITGB1</i>	-0.334	<i>CDH5</i>	0.429
<i>FGFR2</i>	-0.378	<i>MYOD1</i>	0.419
<i>SNAI2</i>	-0.432	<i>GATA2</i>	0.356
<i>ITGA6</i>	-0.454	<i>KIT</i>	0.320
<i>THY1</i>	-0.492	<i>CD4</i>	0.319
<i>GATA2</i>	-0.526	<i>GATA3</i>	0.306
<i>HAND1</i>	-0.543	<i>MIXL1</i>	0.271
<i>GATA3</i>	-0.551	<i>ADIPOQ</i>	0.270
<i>ABCG2</i>	-0.597	<i>NOTCH1</i>	0.266
<i>CD44</i>	-0.599	<i>T</i>	0.258
<i>APOE</i>	-0.672	<i>ACTC1</i>	0.152
<i>TDGF1</i>	-0.842	<i>EOMES</i>	0.077
		<i>HHEX</i>	0.074
		<i>NCAMI</i>	0.023
		<i>FGF5</i>	0.008
		<i>MCAMI</i>	-0.024
		<i>ITGA4</i>	-0.070
		<i>FOXC1</i>	-0.071
		<i>NGFR</i>	-0.114
		<i>LEF1</i>	-0.186
		<i>NES</i>	-0.358
		<i>CDH2</i>	-0.421
		<i>DLL1</i>	-0.598

Table 25 iPS 細胞 10 株の第一主成分得点ランク

外胚葉		中胚葉		内胚葉	
iPS細胞株	主成分得点	iPS細胞株	主成分得点	iPS細胞	主成分得点
mc-iPS	28.625	R-2A	41.111	R-2A	18.867
R-1A	26.398	409B2	18.473	409B2	9.485
253G1	23.865	R-12A	12.138	Ai-100	5.555
201B7	22.213	201B7	1.540	R-1A	5.412
409B2	-11.643	Ai-100	0.877	Ai-103	2.757
Tic	-14.502	Ai-103	0.182	201B7	-0.253
Ai-100	-17.750	R-1A	-2.455	R-12A	-0.489
Ai-103	-18.153	253G1	-12.634	253G1	-9.377
R-12A	-19.165	Tic	-27.006	Tic	-14.033
R-2A	-19.889	mc-iPS	-32.226	mc-iPS	-17.924

Table 26 第一主成分得点ランクと有意な相関のある probe set 数

外胚葉		
正に相関のあるprobe set数	mRNA 136	miRNA 3
負に相関のあるprobe set数	mRNA 92	miRNA 3
中胚葉		
正に相関のあるprobe set数	mRNA 35	miRNA 12
負に相関のあるprobe set数	mRNA 7	miRNA 1
内胚葉		
正に相関のあるprobe set数	mRNA 9	miRNA 23
負に相関のあるprobe set数	mRNA 29	miRNA 0

Table 27 外胚葉分化に相関のある mRNA および miRNA

正に相関のある mRNA

Gene Symbol	相関係数
<i>LOC389906</i>	0.9030
<i>ADII</i>	0.8545
<i>NUP98</i>	0.8424
<i>LUC7L3</i>	0.8303
<i>WNT10B</i>	0.8182
<i>LOC100507265</i>	0.8182
<i>LOC389906</i>	0.8182
<i>YAF2</i>	0.8061
<i>IDS</i>	0.7939
<i>TFPI</i>	0.7818
<i>KREMEN2</i>	0.7818
<i>MBNL3</i>	0.7818
<i>CDK6</i>	0.7818
<i>TM4SF1</i>	0.7697
<i>MYL5</i>	0.7576
<i>PTX3</i>	0.7576
<i>SLC7A8</i>	0.7576
<i>C20orf103</i>	0.7576
<i>PCDH9</i>	0.7576
<i>SORBS2</i>	0.7576
<i>SFRS3</i>	0.7576
<i>MGC45800</i>	0.7576
<i>LOC100507226</i>	0.7576
<i>NR3C1</i>	0.7455
<i>PARD6B</i>	0.7455
<i>GPAM</i>	0.7455
<i>GUSBP1</i> ///GUSBP4	0.7455
<i>KCNH5</i>	0.7333
<i>MBNL1</i>	0.7333
<i>CHGA</i>	0.7333
<i>SRP19</i> /// <i>ZRSR1</i>	0.7333
<i>DGKI</i>	0.7333

<i>TFPI</i>	0.7333	<i>CDK6</i>	0.6848
<i>TRIM2</i>	0.7333	<i>ING5</i>	0.6848
<i>NAP1L5</i>	0.7333	<i>MRPL43</i>	0.6848
<i>RHOBTB2</i>	0.7212	<i>LOC644246</i>	0.6848
<i>FBN1</i>	0.7212	<i>ING3</i>	0.6848
<i>SYCP1</i>	0.7212	<i>DCAF8</i>	0.6848
<i>MPPED2</i>	0.7212	<i>PXDNL</i>	0.6848
<i>NGDN</i>	0.7212	<i>SMC3</i>	0.6727
<i>RABL3</i>	0.7212	<i>TAF13</i>	0.6727
<i>KIF21A</i>	0.7212	<i>NME5</i>	0.6727
<i>ARHGAP36</i>	0.7212	<i>TM4SF1</i>	0.6727
<i>SORBS2</i>	0.7091	<i>NR3C1</i>	0.6727
<i>APOBEC3B</i>	0.7091	<i>RABGAP1L</i>	0.6727
<i>ALG13</i>	0.7091	<i>STXBP5L</i>	0.6727
<i>CNFN</i>	0.7091	<i>DCLRE1C</i>	0.6727
<i>API5</i>	0.7091	<i>PRICKLE1</i>	0.6727
<i>SALL3</i>	0.6970	<i>TMEM43</i>	0.6727
<i>METTL6</i>	0.6970	<i>EIF3C</i>	0.6727
<i>LOC100510692</i> ///NAIP	0.6970	<i>BCLAF1</i>	0.6606
<i>ST8SIA3</i>	0.6970	<i>POLQ</i>	0.6606
<i>PVRL3</i>	0.6970	<i>PTN</i>	0.6606
<i>BCLAF1</i>	0.6970	<i>TCF12</i>	0.6606
<i>AIFM2</i>	0.6970	<i>NRP2</i>	0.6606
<i>BRWD1</i>	0.6970	<i>CSNK2A1</i>	0.6606
<i>STON2</i>	0.6970	<i>PRICKLE1</i>	0.6606
<i>LOC100131015</i>	0.6970	<i>ZNF326</i>	0.6606
<i>SPAG9</i>	0.6848	<i>SLC25A34</i>	0.6485
<i>WDFY2</i>	0.6848	<i>CCDC160</i>	0.6485
<i>KIAA0101</i>	0.6848	<i>C17orf104</i>	0.6485
<i>RPS21</i>	0.6848	<i>RIOK3</i>	0.6485
<i>ZFX</i>	0.6848	<i>ZFX</i> /// <i>ZFY</i>	0.6485
<i>SYCP1</i>	0.6848	<i>ITFG2</i>	0.6485
<i>DDI2</i>	0.6848	<i>LOC145474</i>	0.6485
		<i>CHD9</i>	0.6485

負に相関のある mRNA

Gene Symbol	相関係数
<i>UBR5</i>	-0.8667
<i>CPZ///GPR78</i>	-0.8545
<i>LY75</i>	-0.8303
<i>C6orf54</i>	-0.8303
<i>C3</i>	-0.8303
<i>DPEP3</i>	-0.8303
<i>LOC100288092</i>	-0.8303
<i>SLC6A15</i>	-0.8182
<i>CBLC</i>	-0.8061
<i>SCGB3A2</i>	-0.8061
<i>CTCFL</i>	-0.7939
<i>STOM</i>	-0.7939
<i>SOX15</i>	-0.7939
<i>CHP2</i>	-0.7939
<i>CYorf15B</i>	-0.7939
<i>FLJ35024</i>	-0.7818
<i>KLK8</i>	-0.7818
<i>TNNC1</i>	-0.7818
<i>C6orf54</i>	-0.7818
<i>ZNF204P</i>	-0.7818
<i>C9orf64</i>	-0.7818
<i>LOC728730</i>	-0.7818
<i>STOM</i>	-0.7697
<i>COCH</i>	-0.7697
<i>COMT</i>	-0.7697
<i>SRY</i>	-0.7576
<i>DPPA5</i>	-0.7576
<i>LOC728730</i>	-0.7576

<i>CASZ1</i>	-0.7576	<i>HGC6.3</i>	-0.6848
<i>ZNF385B</i>	-0.7455	<i>PION</i>	-0.6848
<i>LHX8</i>	-0.7455	<i>ZNF385B</i>	-0.6848
<i>ITPKB</i>	-0.7455	<i>SYNPR</i>	-0.6848
<i>DDX3Y</i>	-0.7455	<i>CAT</i>	-0.6727
<i>TMSB4Y</i>	-0.7455	<i>KDM5D</i>	-0.6727
<i>EFCAB4A</i>	-0.7455	<i>INVS</i>	-0.6727
<i>LOC100271722</i>	-0.7455	<i>BBS9</i>	-0.6727
<i>CLC</i>	-0.7333	<i>TCL1A</i>	-0.6727
<i>ART3</i>	-0.7333	<i>EFCAB2</i>	-0.6606
<i>CAT</i>	-0.7333	<i>NR3C2</i>	-0.6606
<i>TRIM22</i>	-0.7333	<i>ADCY8</i>	-0.6606
<i>SOHLH2</i>	-0.7333	<i>C7orf46</i>	-0.6606
<i>LOC440173</i>	-0.7333	<i>DLG2</i>	-0.6606
<i>SCNN1G</i>	-0.7333	<i>C13orf38</i>	-0.6606
<i>GALNT3</i>	-0.7212	<i>RBMS3</i>	-0.6606
<i>DDX3Y</i>	-0.7212	<i>CHRM3</i>	-0.6606
<i>PCDHB11</i>	-0.7212	<i>ACSM3</i>	-0.6485
<i>ECHDC3</i>	-0.7212	<i>TEK</i>	-0.6485
<i>CYP1B1</i>	-0.7091	<i>LRRC34</i>	-0.6485
<i>CORO2A</i>	-0.7091	<i>KCNQ5</i>	-0.6485
<i>LOC100507619</i>	-0.7091		
<i>NTN4</i>	-0.7091		
<i>COCH</i>	-0.6970		
<i>FKBP11</i>	-0.6970		
<i>DKFZP434L187</i>	-0.6970		
<i>LOC100505608</i>	-0.6970		
<i>ZNF385B</i>	-0.6848		
<i>PTCH1</i>	-0.6848		

正に相関のある miRNA

Gene Symbol	相関係数
hsa-miR-20b-star_st	0.7091
hp_hsa-mir-20b_x_st	0.6848
hvt-miR-H14-star_st	0.6606

負に相関のある miRNA

Gene Symbol	相関係数
hsa-miR-371-3p_st	-0.8303
hsa-miR-373_st	-0.8182
hsa-miR-371-5p_st	-0.6848

Table 28 中胚葉分化に相関のある mRNA および miRNA

正に相関のある mRNA

Gene Symbol	相関係数
<i>LOC400680</i>	0.8667
<i>TRIM4</i>	0.8061
<i>ALPK3</i>	0.7939
<i>KLK5</i>	0.7939
<i>ALPK3</i>	0.7939
<i>ZNF506</i>	0.7455
<i>FLJ34208</i>	0.7212
<i>SH3PXD2A</i>	0.7212
<i>PKIB</i>	0.7091
<i>FGFR4</i>	0.6970
<i>ZNF572</i>	0.6848
<i>ZFP3</i>	0.6848
<i>ZNF506</i>	0.6848
<i>CBLC</i>	0.6727
<i>CIDEB</i>	0.6727
<i>FLJ35024</i>	0.6606
<i>CAT</i>	0.6606
<i>CD47</i>	0.6606
<i>ZNF585B</i>	0.6485
<i>CAT</i>	0.6485
<i>DHDH</i>	0.6485
<i>ATP8B3</i>	0.6485
<i>LOC100128252</i>	0.6485

負に相関のある mRNA

Gene Symbol	相関係数
<i>TNFRSF11B</i>	-0.7939
<i>EN2</i>	-0.7818
<i>AJAP1</i>	-0.7212
<i>FOXG1</i>	-0.6970
<i>ASCL1</i>	-0.6849
<i>SALL3</i>	-0.6606
<i>LOC389906</i>	-0.6606

正に相関のある miRNA

Gene Symbol	相関係数
hp_hsa-mir-516a-2_s_st	0.7212
hsa-miR-518e-star_st	0.7212
hsa-miR-520c-5p_st	0.7212
hsa-miR-526a_st	0.7212
hsa-miR-518c-star_st	0.6848
hsa-miR-519c-5p_st	0.6848
hsa-miR-222-star_st	0.6727
hsa-miR-512-5p_st	0.6606
hsa-miR-519a-star_st	0.6606
hsa-miR-524-5p_st	0.6606
hsa-miR-518d-5p_st	0.6485
hsa-miR-518f-star_st	0.6485

負に相関のある miRNA

Gene Symbol	相関係数
aae-miR-100_st	-0.6970

Table 29 内胚葉分化に相関のある mRNA および miRNA

正に相関のある mRNA

Gene Symbol	相関係数
<i>DDX58</i>	0.842424
<i>C3orf67</i>	0.733333
<i>CRYZ</i>	0.721212
<i>AACSP1</i>	0.684848
<i>SLC25A4</i>	0.684848
<i>EFCAB2</i>	0.660606
<i>ATP8B3</i>	0.648485

負に相関のある mRNA

Gene Symbol	相関係数
<i>TNFRSF11B</i>	-0.89091
<i>NXPH2</i>	-0.80606
<i>RAB3B</i>	-0.79394
<i>ST8SIA4</i>	-0.79394
<i>NHS</i>	-0.78182
<i>MED13L</i>	-0.7697
<i>SORBS2</i>	-0.74545
<i>LHFP</i>	-0.73333
<i>LARP4</i>	-0.73333
<i>SPIRE2</i>	-0.72121
<i>BAGE2///BAGE3///BAGE5 //MLL3</i>	-0.72121
<i>FBN1</i>	-0.70909
<i>AJAP1</i>	-0.69697
<i>SORBS2</i>	-0.69697
<i>C17orf51</i>	-0.69697
<i>PCDH9</i>	-0.68485
<i>XPNPEP3</i>	-0.68485
<i>KLF12</i>	-0.68485
<i>DCC</i>	-0.68485
<i>CPNE8</i>	-0.68485
<i>AJAP1</i>	-0.67273
<i>C6orf106</i>	-0.66061
<i>GPAM</i>	-0.66061
<i>SALL3</i>	-0.66061
<i>CDK6</i>	-0.64848
<i>OSBPL11</i>	-0.64848
<i>CDK6</i>	-0.64848
<i>APCDD1L</i>	-0.64848

正に相関のある miRNA

Gene Symbol	相関係数
hsa-miR-150-star_st	0.7818
ame-miR-3741_st	0.7455
hp_hsa-mir-516a-2_s_st	0.7455
hsa-miR-367_st	0.7333
hsa-miR-4505_st	0.7091
hsa-miR-515-3p_st	0.7091
hsa-miR-516a-5p_st	0.7091
bdi-miR166a_st	0.6970
hsa-miR-4739_st	0.6848
hsa-miR-4521_st	0.6727
hsa-miR-520g_st	0.6727
bmo-miR-2785_st	0.6606

負に相関のある miRNA

なし

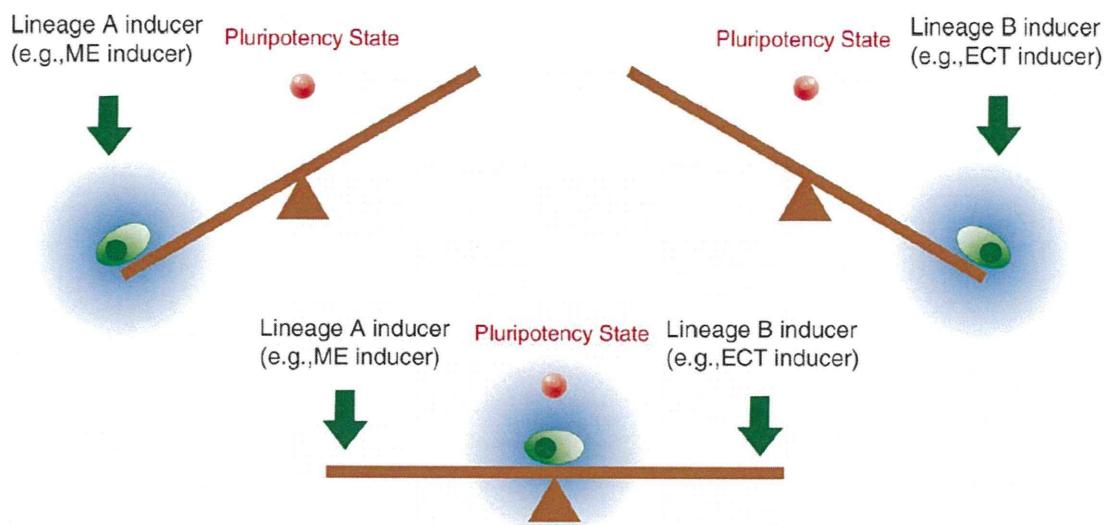


Fig. 36 シーソーモデル

iPS 細胞が分化多能性をもつメカニズムの仮説として Shu らの論文 (*Cell.* 2013; 153: 963-975) 中で紹介されたモデル。青色で示した領域は偶然性（ノイズ）があると思われる細胞状態、赤色で示した点は多能性領域を示す。ここでは例として、Lineage A inducer が中内胚葉への分化促進遺伝子、Lineage B inducer が外胚葉への分化促進遺伝子として示されており、両者がバランスを保った際に細胞は多能性を獲得するという概念を表している。

Table 30 未分化マーカーにおける iPS 細胞の第一主成分得点ランク

未分化	
iPS細胞株	主成分得点
R-2A	12.011
Ai-103	5.939
Tic	5.821
R-12A	3.695
Ai-100	3.434
409B2	2.106
R-1A	-7.200
253G1	-7.318
201B7	-7.437
mc-iPS	-11.050

Table 31 外胚葉分化関連候補 miRNA と標的候補遺伝子

miRNA	遺伝子名
miR-373	<i>BCLAF1</i>
	<i>BRWD1</i>
	<i>CHD9</i>
	<i>CORO2A</i>
	<i>GALNT3</i>
	<i>LAMP5</i>
	<i>LHX8</i>
	<i>MBNL1</i>
	<i>MBNL3</i>
	<i>MRPL43</i>
	<i>NTN4</i>
	<i>POLQ</i>
	<i>SLC6A15</i>
	<i>ST8SIA3</i>
	<i>STXBP5L</i>
miR-371-5p	<i>TRIM2</i>
	<i>ZFX</i>
	<i>BCLAF1</i>
	<i>CASZ1</i>
	<i>KIAA0101</i>
	<i>NME5</i>
	<i>NRP2</i>
	<i>SPAG9</i>
	<i>SRSF3</i>
	<i>STXBP5L</i>
miR-371-3p	<i>TFPI</i>
	<i>YAF2</i>
miR-371-3p	<i>DLG2</i>

Table 32 中胚葉分化関連候補 miRNA と標的候補遺伝子

miRNA	遺伝子名
miR-524-5p	<i>CD47</i>

Table 33 内胚葉分化関連候補 miRNA と標的候補遺伝子

miRNA	遺伝子名
miR-4739	<i>APCDD1L</i>
	<i>XPNPEP3</i>
miR-4505	<i>APCDD1L</i>
	<i>ATP8B3</i>
miR-4521	<i>EFCAB2</i>
	<i>ST8SIA4</i>
miR-520g	<i>BAGE2</i>
	<i>C17orf51</i>
miR-3714	<i>EFCAB2</i>
	<i>FBN1</i>
miR-367	<i>RAB3B</i>
	<i>SLC25A4</i>
	<i>CDK6</i>
	<i>CPNE8</i>
	<i>DCC</i>
	<i>FBN1</i>
	<i>KLF12</i>
	<i>PCDH9</i>
	<i>RAB3B</i>
	<i>XPNPEP3</i>

学会等発表実績

1. 学会等における口頭・ポスター発表

発表した成果（発表題目、口頭・ポスター発表の別）	発表者氏名	発表した場所（学会等名）	発表した時期	国内・外の別
NOG ヘアレスマウスにおける免疫不全能の定量的解析	町田一彦, 草川森士, 澤田留美, 安田智, 佐藤陽治, 堤秀樹	日本実験動物科学技術さっぽろ 2014	2014年5月15-17日	国内
Analysis of Line1 expression in human mesenchymal stem cells, ポスター	Kono K., Niimi S., Sawada R.	12th Annual Meeting of International Society for Stem Cell Research	2014.6	国外
Image-based profiling of mesenchymal stem cells using non-label images, ポスター	Sasaki H., Okada N., Kanie K., Kiyota Y., Honda H., Sawada R., Kato R.	TERMIS-EU 2014	2014.6	国外
生体親和性高分子材料によるヒト単球細胞の機能の制御について—遺伝子発現の網羅的解析による検討、ポスター	澤田留美, 河野健, 比留間瞳, 加藤玲子, 新見伸吾	第36回日本バイオマテリアル学会大会	2014.11	国内
ヒト単球系細胞の蛋白質発現挙動に基づく医用材料の血液適合性評価マーカーの探索、ポスター	加藤玲子, 酷島由二, 福井千恵, 比留間瞳, 澤田留美, 宮島敦子, 新見伸吾	第36回日本バイオマテリアル学会大会	2014.11	国内
間葉系幹細胞における細胞分化とLINE-1の発現について、ポスター	河野健, 新見伸吾, 澤田留美	第14回日本再生医療学会総会	2015.3	国内
骨髄由来および脂肪組織由来間葉系幹細胞の継代培養における品質劣化モニタリング	佐々木寛人, 高橋厚妃, 蟹江慧, 澤田留美, 本多裕之, 清田泰次郎, 加藤竜司	第14回日本再生医療学会総会	2015.3	国内
Individual variations in the human urinary proteome in relation to rat.	Suresh T., Maekawa K., Saito Y., Sato Y., Suzuki T.	The 3rd International Conference on Personalized Medicine (Prague)	2014.6	国外
変異原暴露モニタリング手法としてのタンパクアダクトミクス	スレッッシュ テイルパッティ、斎藤嘉朗、本間正充、佐藤陽治、鈴木孝昌	日本環境変異原学会第43回大会	2014.12	国内
Protein adductome analysis for the human exposure monitoring to mutagens.	Suzuki T., Suresh T.	The 4th Asian Conference on Environmental Mutagens (Kolkata)	2014.12	国外