

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

## 研究進捗状況報告書の概要

### 1 研究プロジェクト

学校法人名	東京農業大学	大学名	東京農業大学
研究プロジェクト名	生命科学と情報科学の融合による農学研究の拠点形成		
研究観点	研究拠点を形成する研究		

### 2 研究プロジェクトの目的・意義及び計画の概要

本学は、国内唯一の農学系専門大学として、生物資源の開発、活用を目指した研究を行っている。応用に特化した学問と思われがちな農学分野において、研究のさらなる発展のために、生命科学を基盤とした技術の取り込みを行っている。近年新型シーケンサーという遺伝子解析の新技术の登場により、短期間に膨大かつ網羅的な遺伝情報を取り出すことが可能になってきた。この技術は様々な生物を研究対象としている農学分野において、非常に有効であると期待される。一方で、この技術利用の鍵はシーケンサーから得られる膨大なデータ量の取り扱いであり、情報科学分野の取り込みが必要である。そこで、本学において重要な研究対象となっている、生殖機能、エピジェネティクス、環境適応、形態制御といった生物機能システムの解明や食資源生産への応用、ゲノム情報の保全と進化科学の分野に、この新型シーケンサーの技術と情報科学の分野を組み込み、遺伝子機能といったミクロな視点から細胞や個体レベルの機能といったマクロな視点の解析まで迫る。これにより、生物の基本機能の解明から応用までを網羅し、非モデル生物を多く取り扱う農学研究の新たな展開を切り開くための研究拠点形成を目指す。

### 3 研究プロジェクトの進捗及び成果の概要

本プロジェクトは、6つのテーマに分かれて研究が進められている。新型シーケンサーの利用は、本学の生物資源ゲノム解析センターを軸に順調に進んでいる。その中で、特に「生物の形態の制御」部門において、ダイコンのゲノム及び遺伝子発現解析の成果が得られた。日本におけるダイコンの生産・流通量は世界一であり、世界的にも種類が多い。ダイコンの分子育種に大きく貢献する成果である。「エピジェネティクスによる機能制御」の部門では、哺乳動物の発生段階の生殖細胞におけるメチローム解析を行った。この成果は、哺乳動物における雌雄別の遺伝子発現メカニズムや発生の仕組みの解明に大きく貢献する成果である。「環境適応機構の制御」部門では、植物ホルモンであるアブシジン酸のシグナル伝達系を明らかにした。この成果は、植物が進化の過程で陸上で乾燥適応獲得のメカニズム解明に大きく貢献する成果である。「ゲノム情報の保全と進化科学」部門では、絶滅したニホンカワウソについて剥製から得たDNAを解析することにより、日本列島に生息したニホンカワウソは現存するユーラシアカワウソとは異なる独自の系統であることを明らかにし、進化的な議論に結論をだした。以上のように、本プロジェクトでは、テーマごとにおける主要な成果が得られている状況である。

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

**平成 25 年度選定「私立大学戦略的研究基盤形成支援事業」  
研究進捗状況報告書**

1 学校法人名 東京農業大学                      2 大学名 東京農業大学

3 研究組織名 生物資源ゲノム解析センター

4 プロジェクト所在地 東京都世田谷区桜丘1-1-1

5 研究プロジェクト名 生命科学と情報科学の融合による農学研究の拠点形成

6 研究観点 研究拠点を形成する研究

7 研究代表者

研究代表者名	所属部局名	職名
矢嶋 俊介	応用生物科学部	教授

8 プロジェクト参加研究者数 36 名

9 該当審査区分 理工・情報      生物・医歯      人文・社会

10 研究プロジェクトに参加する主な研究者

研究者名	所属・職名	プロジェクトでの研究課題	プロジェクトでの役割
佐々木卓治	総合研究所・教授	根菜の形状を制御するメカニズム	生物の形態制御
矢嶋俊介	応用生物科学部・教授	甲虫の形態形成と種分化	生物の形態制御
河野友宏	応用生物科学部・教授	生殖系列のリプログラミング	エピジェネティクスによる機能制御
吉川博文	応用生物科学部・教授	ゲノム変異解析と進化科学	ゲノム情報の保全と進化科学
喜田 聡	応用生物科学部・教授	脳機能と疾患	エピジェネティクスによる機能制御
新村洋一	応用生物科学部・教授	乳酸菌のプロバイオティクス機構	生物機能の食資源生産への応用
坂田洋一	応用生物科学部・教授	コケ植物のストレス適応	環境適応機構の制御
貝沼章子	応用生物科学部・教授	酢酸菌のゲノム情報と分類	ゲノム情報の保全と進化科学
樋口恭子	応用生物科学部・教授	植物のストレス適応	環境適応機構の制御
阿部尚樹	応用生物科学部・教授	食品成分による細胞制御	生物機能の食資源生産への応用

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

桑山岳人	農学部・教授	鳥類の就巢・育雛行動を制御するメカニズムの解明	生殖の機能制御
岩田尚孝	農学部・教授	老化ウシ生殖細胞分化と機能	生殖の機能制御
半澤 恵	農学部・教授	ウシ生殖細胞分化と機能	生殖の機能制御
小川 博	農学部・教授	鳥類の就巢・育雛行動を制御するメカニズムの解明	生殖の機能制御
雨木若慶	農学部・教授	植物のストレス適応	環境適応機構の制御
入江憲治	国際食料情報学部・教授	植物のストレス適応	環境適応機構の制御
小栗 秀	生物産業学部・教授	優良ホップの選抜	生物機能の食資源生産への応用
渡邊研一	生物産業学部・教授	貝類の高温耐性因子の制御	環境適応機構の制御
中川純一	生物産業学部・教授	酵母のワインアロマの制御	生物機能の食資源生産への応用
尾畑やよい	応用生物科学部・教授	生殖系列のリプログラミング	エピジェネティクスによる機能制御
太治輝昭	応用生物科学部・教授	植物のストレス適応	環境適応機構の制御
佐々木 剛	農学部・教授	動物の系統分類と進化	ゲノム情報の保全と進化科学
千葉 晋	生物産業学部・教授	海産物高温耐性因子の制御	環境適応機構の制御
相根義昌	生物産業学部・教授	優良ホップの選抜	生物機能の食資源生産への応用
石川森夫	応用生物科学部・准教授	酢酸菌のゲノム情報と分類	生物機能の食資源生産への応用
大西章博	応用生物科学部・准教授	醸造微生物による物質生産	生物機能の食資源生産への応用
松原 創	生物産業学部・准教授	魚類の性成熟機構制御のメカニズムの解明	生殖の機能制御
三井裕樹	農学部・准教授	根菜の形状を制御するメカニズムの解明	生物の形態制御
坂本 光	生物産業学部・准教授	優良ホップの選抜	生物機能の食資源生産への応用
和田健太	生物産業学部・准教授	脳機能と疾患	エピジェネティクスによる機能制御
(共同研究機関等) 松田洋一	名古屋大学・教授	鳥類の就巢・育雛行動を制御するメカニズムの解明	生殖の機能制御
伊藤 隆司	九州大学・教授	生殖系列のリプログラミング	エピジェネティクスによる機能制御

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

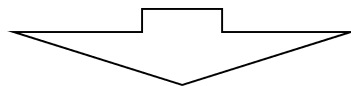
横田 篤	北海道大学・教授	高い形質転換能をもつビフィズス菌ゲノム解析	ゲノム情報の保全と進化科学
板谷光泰	慶應義塾大学・教授	合成ゲノムのアプローチによるゲノム構造大規模変化の導入	ゲノム情報の保全と進化科学
鈴木 穰	東京大学・准教授	生殖系列のリプログラミング	エピジェネティクスによる機能制御
田中良明	農業生物資源研究所・主任研究員	昆虫の形態形成と種分化	生物の形態制御

<研究者の変更状況(研究代表者を含む)>

旧

プロジェクトでの研究課題	所属・職名	研究者氏名	プロジェクトでの役割
植物のストレス適応	応用生物学部・教授	仲下 英雄	環境適応機構の制御

(変更の時期:平成26年 4月 1日)



新

変更前の所属・職名	変更(就任)後の所属・職名	研究者氏名	プロジェクトでの役割
	国際食料情報学部・教授	入江 憲治	環境適応機構の制御

11 研究進捗状況(※ 5枚以内で作成)

(1) 研究プロジェクトの目的・意義及び計画の概要

本学は、国内唯一の農学系専門大学として、生物資源の開発、活用を目指した研究を行っている。応用に特化した学問と思われがちな農学分野において、研究のさらなる発展のために、生命科学を基盤とした技術の取り込みを行っている。近年新型シーケンサーという遺伝子解析の新技術の登場により、短期間に膨大かつ網羅的な遺伝情報を取り出すことが可能になってきた。この技術は様々な生物を研究対象としている農学分野において、非常に有効であると期待される。一方で、この技術利用の鍵はシーケンサーから得られる膨大なデータ量の取り扱いであり、情報科学分野の取り込みが必要である。そこで、本学において重要な研究対象となっている、生殖機能、エピジェネティクス、環境適応、形態制御といった生物機能システムの解明や食資源生産への応用、ゲノム情報の保全と進化科学の分野に、この新型シーケンサーの技術と情報科学の分野を組み込み、遺伝子機能といったミクロな視点から細胞や個体レベルの機能といったマクロな視点の解析まで迫る。これにより、生物の基本機能の解明から応用までを網羅し、非モデル生物を多く取り扱う農学研究の新たな展開を切り開くための研究拠点形成を目指す。

(2) 研究組織

本研究プロジェクトは、研究代表者のもと農学研究の柱となる、生殖の機能制御、エピジェネティクスによる機能制御、環境適応機構の制御、生物の形態制御、生物機能の食資源生産への応用、ゲノム情報の保全と進化科学の6分野から構成されている。研究代表者は6分野を統括し、プロジェクト全体の研究推進をコーディネート、予算の執行管理、全テーマで必要となる新型シーケンサーの運用や、情報交換・公開のためセミナーなどの開催等を主導している。プロジェクトに参加する研究者は、学内ではオホーツクキャンパス、厚木キャンパス、世田谷キャンパスにわたって所属しているが、分野

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

ごとに岩田、河野、坂田、佐々木、小栗、吉川を各分野リーダーとし、分野に所属する各研究者が研究課題を遂行する体制である。また、この6分野に共通する新型シーケンサーによる最新遺伝子機能解析と情報科学分野の解析を推進するため、本学の生物資源ゲノム解析センターを拠点として6分野の研究を結びつけている。

研究プロジェクトには主な研究者 36 名が参加し、大学院生は分野ごとに数名が参画、PDはゲノムセンターに2名である。

プロジェクトの拠点となるゲノムセンターには、研究員(教員)、事務員、PD、技術補助員が配置され、高度な解析技術、情報処理技術により、本プロジェクトの進捗を大きく支援している。

研究チーム間の連携は、ゲノムセンターを中心に、技術情報の交換や共同で研究などを行い、6 分野で有機的に連携しながらプロジェクト研究の推進に努めている。また、必要に応じて学内共同研究を進めることで研究の進捗をはかっている。また、共同研究機関との連携についても、ゲノムセンターを拠点に、学内の担当研究者を窓口として進めている。また、総合研究所が事務部門として全面的な支援を行っている。

### (3) 研究施設・設備等

本プロジェクトは、本学の生物資源ゲノム解析センターを拠点として実施する。本施設の面積は 368 m<sup>2</sup>であり、利用者数は 約 60 名であった。

本センターには、新型シーケンサーとして1台(HiSeq2500)、中型1台(NextSeq500)、小型2台(MiSeq)が設置されている。それぞれの平成27年度の年間利用時間は HiSeq2500 が約 2900 時間、MiSeq が2台で約 5100 時間である。NextSeq500 については、平成 27 年度の後半に導入されたため、約 240 時間となっている。また、それらのシーケンサーから得られるデータの情報解析装置も備え、大型装置を3台運用している。これらは、年間を通して動いている状態である。以上のうち、MiSeq、NextSeq500、情報解析装置3台は、本支援事業による支援のもとに導入した。

### (4) 進捗状況・研究成果等 ※下記、13及び14に対応する成果には下線及び\*を付すこと。

#### < 現在までの進捗状況及び達成度 >

本プロジェクトでは、6分野に分かれて研究を遂行している。以下、各分野の主要な成果について報告する。申請時の年度別計画では、平成 27 年度までに各分野において分野に必要な手法の開発とそれを踏まえたシーケンスデータの取得を行う予定であった。それを踏まえ、各分野において、ほぼ予定通りの進捗状況であると考えている。

#### 「生殖の機能制御」

哺乳動物では加齢に伴い産仔を得ることが難しくなるが、主な要因として卵子の質の低下がある。これに対し、ヒトでは倫理的制約から、マウスでは繁殖年限や卵子選抜過程が大きく異なることから、要因解明には制約が多い。本研究ではウシをモデルに使い、加齢に伴う卵子の質の原因低下とその制御方法に取り組んでいる。

まず遺伝子発現解析により卵子や顆粒層細胞ではミトコンドリアの機能や酸化ストレス関連の遺伝子群の発現が変化することが分かった。(\*a7)また、卵子内のミトコンドリア数は加齢に伴い減少すること、培養方法によってはこの数が増加することが明らかになった。(\*a10)レスベラトロールで卵子を処理したところ、同様に活発なミトコンドリアの合成と分解が確認され卵子の能力が改善した(\*a6,a8)。加齢ウシから採取した未発育な卵子の体外培養条件にレスベラトロールを添加すると顆粒層細胞の性状が退行卵胞様から正常な卵胞に近づくことが遺伝子解析で確認され、卵子中のミトコンドリアも増加する結果となった。(\*a9)さらに、レスベラトロールなどは卵子の成熟や胚の培養時にもミトコンドリアに働きかけ質を改善する効果がある事が示された。(\*2a)一方で卵子周囲の顆粒層細胞

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

や卵胞液にも加齢に伴う変化が認められたため、若齢由来の細胞の外挿や若齢の卵胞液の添加といった手段でも、卵子の質を改善出来ることが示されている。

#### 「エピジェネティクスによる機能制御」

哺乳動物の生殖細胞(精子や卵子などの配偶子)が形成される過程では、細胞核内のゲノム DNA がダイナミックな修飾を受ける。DNA メチル化はそのような修飾の一つであり、特にエピジェネティクス修飾として、生殖細胞ですべての細胞に分化しうる能力“全能性”が再獲得されるために重要な過程であると考えられている。そこで、各発生段階における雌雄の生殖細胞(始原生殖細胞を含む)の全ゲノム DNA メチル化プロファイル(DNA メチロームと呼ぶ)を明らかにし、性特異的なメチル化の初期化が起こることを明らかにした。(\*b4)また、重要な役割を担う小分子 RNA の一種である“piRNA”に注目し、piRNA 生成の責任因子である Mili、Miwi2 のノックアウトマウスを解析したところ、精原細胞(精子のもととなる細胞)における散在性反復配列 LINE1、LTR レトロトランスポゾンのメチル化および発現を制御することを明らかにした。(\*b3)また、始原生殖細胞のトランスクリプトーム、ヒストン修飾プロファイルを明らかにし、性決定直後の細胞特性の分岐を明らかにした。(\*b2)

#### 「環境適応機構の制御」

植物ホルモンであるアブシジン酸(ABA)は陸上植物の環境応答において主要な働きを持つ。モデル被子植物であるシロイヌナズナを用いた知見に対し、モデル基部陸上植物であるヒメツリガネゴケを用いた解析から、ABAによるリン酸化酵素 SnRK2 活性化に関わる未知上流因子の存在を示唆する結果を得た。変異体ヒメツリガネゴケの全ゲノム配列を解読し、候補遺伝子を機能相補実験に供した結果、リン酸化タンパク質(ARK)を同定した。さらに、ARK はヒメツリガネゴケの ABA シグナル伝達系において SnRK2 の上流で働く新規のリン酸化タンパク質であると結論づけた。さらに、この ABA 依存的活性化機構が陸上植物間で保存されている可能性を示唆した。以上より、今まで未知であった ABA による SnRK2 の活性化因子を初めて明らかにするとともに、植物の ABA シグナル伝達機構の進化プロセスにおける新たなモデルの提唱を行った。(\*c1)(\*1c)

#### 「生物の形態制御」

アブラナ科の1年生草本であるダイコンは、世界中で栽培され、とりわけ日本におけるダイコンの生産・流通量は世界一であり、我が国が誇る農作物である。一方で、これまでにダイコンの分子遺伝学研究はあまり進んでいなかったことから、ダイコンの全ゲノム配列を解読し、根の発達段階で発現する全遺伝子を検出することで、“ダイコンをダイコンたらしめている”形態形成のしくみや生理機能の分子基盤に迫ることを目指した。まず、最も生産・流通量の多い青首総太系ダイコンをモデルとして、新型シーケンサーから得られたデータを組み合わせて全ゲノム配列を解読し、分子遺伝学的研究の基盤となる約 65,000 個の遺伝子のデータベースを構築した。続いて、このゲノム情報をもとに、根が太りだすタイミングや肥大を促す細胞分裂組織で特徴的に働く遺伝子群を探索した。その結果、糖代謝関連の遺伝子群、なかでも光合成産物であるショ糖代謝にかかわる遺伝子経路の機能活性化が、肥大に主要な役割を果たしていること、それらの経路は一度スイッチが入ると高い活性が持続して肥大を進行させていくことが明らかとなった。とりわけ、肥大期には根に運ばれたショ糖を代謝する特定の酵素遺伝子が活性化し、急速にダイコンは太っていくことが推定された。(\*d1)

#### 「生物機能の食資源生産への応用」

ホップ精油成分は、モノテルペン類とセスキテルペン類の混合物であり、その成分量と組成はホップ栽培品種によって大きく異なっており、ホップ品種の特徴の一つとなっている。中でも、芳香性の高いホップ品種は商業価値が高く、その開発はホップ育種目標の 1 項目となっている。しかし、ホップ品種

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

間のテルペン成分のバリエーションを説明する知見は得られていない。本研究では、サッポロビール社が自社で育成している約90種のホップ系統と精油成分量データをベースに、ゲノム解析からテルペン合成に関する制御を明らかにし、多様な香気成分を生成する分子メカニズムを明らかにするものである。ホップのルプリン腺毛から RNA を抽出し、de novo トランスクリプトーム解析を行った。また、ルプリン腺毛に特異的な遺伝子発現を調べるために、テルペン含量の高い品種と低い品種の 2 品種について葉と根の発現遺伝子と発現量をトランスクリプトーム解析により調べた。しかしながらこれらが実際にテルペン含量と相関するかどうかは、より多数の品種の発現量を比較する必要があり、さらなるデータの取得が必要である。

#### 「ゲノム情報の保全と進化科学」

絶滅したニホンカワウソは日本固有種とする意見と、大陸に現存するユーラシアカワウソと同種とする意見があり議論が続いている。本研究では、高知県大月町で 1977 年に捕獲された個体と神奈川県城ヶ島で 1915 年頃に捕獲された個体の本剥製や毛皮標本から DNA を抽出し、新型シーケンサーで解析することでミトコンドリア DNA ゲノム配列を決定した。分子系統解析の結果、本州と四国に 2 系統が存在した可能性が示唆された。分岐年代推定および地質学的情報に照らし合わせ、高知県産ニホンカワウソの祖先は約 127 万年前に陸橋を渡り移住した系統で、日本固有種もしくは日本固有亜種として扱うことが妥当と考えられた。(\*f1)(\*30f,43f)

シアノバクテリアは光合成原核生物であるため、光依存的に生育することは周知の事実であるが、光と増殖機構との直接的な関連性は示されていなかった。今回、光が光化学系電子伝達鎖を介して DNA 複製を制御していることを初めて明らかにした>(\*f2)さらにこの光依存性にはシアノバクテリア間で多様性があること、またこの多様性は暗所における代謝活性の違いが生み出す異なる呼吸鎖電子伝達活性によることも見出した。

#### <特に優れた研究成果>

以下のとおり、国際英語科学雑誌(査読付、インパクトファクター付(IF))に成果が掲載された。

エピジェネティクスによる機能制御における DNA メチロームプロファイルの成果は、エピゲノム研究を行う研究者にとって、基盤となる情報を与える優れた成果であり、Cell Reports (IF 8.6) (\*b3)などに掲載され、多くの成果を上げている。

アブジジン酸シグナル伝達経路の解明を行った成果は、新規のリン酸化シグナル応答経路を見だし、植物の環境適応と進化相関にもつながる成果であり、Proc. Natl. Acad. Sci. USA (IF 9.7) に掲載された>(\*c1)(\*1c)

主要な野菜の一つであり、また国内だけでも多様な品種が存在するダイコンのゲノムを解析し、根が太るメカニズムやその味を特徴付ける辛味成分の違いの要因となる遺伝子発現解析を行い、その成果は Scientific Reports (IF5.6)に掲載されるとともに新聞他メディアに掲載された>(\*d1)

絶滅したニホンカワウソの剥製から得られた DNA をもとに、その種の系統解析を行い、日本独自の系統であることを明らかにした。手法の開発や、生物の系統解析に大きなインパクトを与え PLoS One (IF 3.2) に掲載されるとともに新聞他メディアに掲載された>(\*f1)

シアノバクテリアにおける、光による DNA 複製制御機構の解明は The ISME journal (IF 9.3)に掲載された>(\*f2)

#### <問題点とその克服方法>

6つの分野において、研究の進捗状況に差が見られる。まだ論文の成果があまり見られない分野については、投稿準備中という状況もあるが、ゲノムセンターを拠点に分野間での情報交換や、情報交

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

換会などによる外部からの意見も取り入れ、進めていく予定である。

＜研究成果の副次的効果(実用化や特許の申請など研究成果の活用の見直しを含む。)＞

卵子の老化の要因を明らかにすることで、優良家畜の維持や増産につなげることが期待される。

ダイコンやホップといった作物のゲノム解析、発現遺伝子解析を進めることにより、品種改良に有用な情報を提供できると見込んでいる。

日本では絶滅したカワウソの系統解析で用いられた手法は、他の生物種にも適用可能であり、絶滅種や絶滅危惧種、希少種などの遺伝情報解析が広がると期待される。また、カワウソの成果が発表された際、民間から自発的なサンプル提供の申し出があった。研究が社会と直接的な接点を有していることを表していると考える。

その他、全般を通して新型シーケンサーを用いた解析について、特に微量サンプルからの実験手法などを研究者コミュニティに情報提供し、研究分野全体の進展に貢献できると考える。

＜今後の研究方針＞

卵子の老化については、ミトコンドリアの品質管理機構に焦点を当てた解析を進めると共に、加齢卵子資源を十分に獲得するため、体外培養系の確立もめざす。

エピジェネティクスの解析では、生殖細胞形成時のみならず、分化過程にも広げ、世代交代におけるメチロームマップの作成を目指す。

ダイコンゲノムについては、さらに高精度な配列情報の獲得をめざし、個々の有用な遺伝子の機能解析につなげていく。

植物ホルモンの解析では、エチレンとの関係も示唆されている。そのため、アブシジン酸以外のホルモンも含め解析を進め、植物におけるシグナル伝達制御様式の解明につなげる。

ホップの芳香性に関する解析では、芳香化合物の合成に係わると考えられる遺伝子群の抽出や、その解析をすすめ、ホップ品種との相関解析を目指す。

カワウソの系統解析では、さらに個体数を増やし、詳細な解析を進める。

＜今後期待される研究成果＞

卵子の老化要因やメカニズムが明らかとなり、老化の進行を遅らせるなどの卵子の質の改善手法や、将来的には育種への応用も期待される。

エピジェネティクスの制御機構では、生殖細胞運命を決めるエピジェネティクス要因が明らかとなり、繁殖生物学上で有用な知見が得られること、さらには育種への応用も期待される。

ホップにおける芳香性を作り出すメカニズムが明らかとなる。これにより、遺伝子発現レベルを指標に、ホップの育種につなげることが期待される。また、ダイコンにおいても、太さや辛味、色といったダイコンを特徴付ける遺伝的要因が明らかとなり、育種への応用が期待される。また、根が太くなる野菜の育種にも応用が期待される。

絶滅したニホンカワウソの系統解析をさらに進めることで、その集団の遺伝的多様性や系統関係が明らかとなり、地理的要因を取り入れた進化生態学の成果が期待される。

＜自己評価の実施結果及び対応状況＞

毎年度末に、本学の研究支援組織である総合研究所が主催する報告会において、研究代表者が報告を行い内部評価が行われている。評価者は、研究所所長（教授）、研究所所属教授、兼任教授の6名で構成されている。東京農大らしい研究成果が得られてきている、という評価の一方で、研究成果が社会的に有益というところをアピールする発信力も必要である、との評価



法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

もあった。これに対し、メディア掲載や論文発表についてホームページ上に掲載することや、セミナーなどを開催して発信していくことを始めているが、さらにそれを進めることが必要と考えている。

また、学外共同研究者である、名古屋大学附属鳥類バイオサイエンス研究センター長 松田洋一教授による評価は、ダイコンやウズラ、有用微生物の解析は本学ならではの成果であり、農学分野におけるインパクトは大きい、一方、目的遺伝子機能を明らかにし応用に役立てることは簡単では無いが、適確な研究アプローチによる研究進展に期待する、であった。そのため、セミナーなどの開催により、外部研究者との情報交換などを検討し、進めている。

#### <外部（第三者）評価の実施結果及び対応状況>

平成 25, 26 年度の活動について、国立遺伝学研究所 藤山秋佐夫教授および東京大学大学院農学生命科学研究科 正木春彦教授に外部評価を委託した。藤山教授からは、ゲノムセンターを中心としてプロジェクトを推進することで、計画が進んでいることを評価する一方で、センターの能力が律速段階にならないようにも配慮する必要がある、との指摘があった。正木教授からは、生物の表現型とゲノム情報を結びつけるための展開を期待する、との指摘があった。これらに対し、学内からの共同研究などによる研究支援や、国内外の研究者との連携や研究協力を行うことを目指している。また、センターの利用法について適切な手法や規模を採用するために、センタースタッフと研究者間での打合せをより綿密に行うことで、効率かつ効果的な研究の遂行を行うことに務めている。

12 キーワード(当該研究内容をよく表していると思われるものを8項目以内で記載してください。)

- |                  |                      |                 |
|------------------|----------------------|-----------------|
| (1) <u>生殖</u>    | (2) <u>エピジェネティクス</u> | (3) <u>環境適応</u> |
| (4) <u>生物の形態</u> | (5) <u>食資源</u>       | (6) <u>進化</u>   |
| (7) <u>遺伝情報</u>  | (8) <u>新型シーケンサー</u>  |                 |

13 研究発表の状況(研究論文等公表状況。印刷中も含む。)

上記、11(4)に記載した研究成果に対応するものには\*を付すこと。

#### <雑誌論文>

##### a) 生殖の機能制御

a1: Ishige T, Hara H, Hirano T, Mannen H, Kono T, Hanzawa K. Basic characterization of avian  $\beta$ -defensin genes in the Japanese quail, *Coturnix japonica*. *Animal Science Journal* 87:311-320 (2016)

a2: Ishige T, Hara H, Hirano T, Kono T, Hanzawa K. Effect of single polymorphism in the Japanese quail NK-lysin gene on antimicrobial activity. *Animal Science Journal* 87:143~146 (2016)

a3: Takeo S, Abe T, Shirasuna K, Kuwayama T, Iwata H. Effect of 5-aminoimidazole-4-carboxamide ribonucleoside on the mitochondrial function and developmental ability of bovine oocytes. *Theriogenology*. 84:490-7. (2015)

a4: Itami N, Shiratsuki S, Shirasuna K, Kuwayama T, Iwata H. Mitochondrial biogenesis and degradation are induced by CCCP treatment of porcine oocytes. *Reproduction*. 150:97-104 (2015)

a5: Sugiyama M, Kawahara Miki R, Kawana H, Shirasuna K, Kuwayama T, Iwata H. Resveratrol-induced mitochondrial synthesis and autophagy in oocytes derived from early antral follicles of aged cows. *J Reprod Dev*. 61:251-9. (2015)

\*a6: Itami N, Shirasuna K, Kuwayama T, Iwata H. Resveratrol improves the quality of pig oocytes derived from early antral follicles through sirtuin 1 activation. *Theriogenology*. 83:1360-7. (2015)

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

- \*a7: Itami N, Kawahara-Miki R, Kawana H, Endo M, Kuwayama T, Iwata H. Age-associated changes in bovine oocytes and granulosa cell complexes collected from early antral follicles. *J Assist Reprod Genet.* 31:1079-88(2014)
- \*a8: Sato D, Itami N, Tasaki H, Takeo S, Kuwayama T, Iwata H. Relationship between mitochondrial DNA copy number and SIRT1 expression in porcine oocytes. *PLoS One.* 9: e94488(2014)
- \*a9: Takeo S, Sato D, Kimura K, Monji Y, Kuwayama T, Kawahara-Miki R, Iwata H. Resveratrol improves the mitochondrial function and fertilization outcome of bovine oocytes. *J Reprod Dev.* 60:92-9. (2014)
- \*a10: Endo M, Kimura K, Kuwayama T, Monji Y, Iwata H. Effect of estradiol during culture of bovine oocyte-granulosa cell complexes on the mitochondrial DNA copies of oocytes and telomere length of granulosa cells. *Zygote.* 22:431-9 (2014)
- a11: Matsubayashi H, Hanzawa K, Kono T, Ishige T, Gakuhari T, Lagan P, Sunjoto I, Sunjoto I, Rafiah J, Sukor A, Sinun W, Ahmad AH. First molecular data on Bornean banteng *Bos javanicus lowi* (Cetartiodactyla, Bovidae) from Sabah, Malaysian Borneo. *Mammalia* 78:523–531 (2014)
- a12: Ishige T., Hara H., Hirano T., Kono T., Hanzawa K. Basic characterization of avian NK-lysin (NKL) from the Japanese quail, *Coturnix japonica*. *Animal Science Journal* 85:90~95 (2014)

#### b) エピジェネティクスによる機能制御

- b1: Morohaku K, Hirao Y, Obata Y. Developmental competence of oocytes grown in vitro: Has it peaked already? *J Reprod Dev* 62:1-5 (2016)
- \*b2: Sakashita A, Kawabata Y, Jincho Y, Tajima S, Kumamoto S, Kobayashi H, Matsui Y, Kono T. Sex Specification and Heterogeneity of Primordial Germ Cells in Mice. *PLoS One* 10:e0144836 (2015)
- \*b3: Nagamori I, Kobayashi H, Shiromoto Y, Nishimura T, Kuramochi-Miyagawa S, Kono T, Nakano T. Comprehensive DNA Methylation Analysis of Retrotransposons in Male Germ Cells. *Cell Rep* 12:1541-1547 (2015)
- \*b4: Kubo N, Toh H, Shirane K, Shirakawa T, Kobayashi H, Sato T, Sone H, Sato Y, Tomizawa S, Tsurusaki Y, Shibata H, Saitsu H, Suzuki Y, Matsumoto N, Suyama M, Kono T, Ohbo K, Sasaki H. DNA methylation and gene expression dynamics during spermatogonial stem cell differentiation in the early postnatal mouse testis. *BMC Genomics* 16:624 (2015)
- b5: Yoshizawa Y, Wada K, Shiomi G, Kameyama Y, Wakabayashi Y, Fukuta K, Hashizume R. A 1-bp deletion in *Fgf5* causes male-dominant long hair in the Syrian hamster. *Mamm Genome* 26:630-637 (2015)
- b6: Obata Y. Epigenetic modification in mouse oocytes. *J Mam Ova Res* 31:62-69 (2014)
- b7: Hara S, Takano T, Ogata M, Yamakami R, Sato Y, Kono T, Obata Y. Establishment of a conditional transgenic system using the 2A peptide in the female mouse germline. *J Reprod Dev* 60:250-255 (2014)
- b8: Hara S, Takano T, Fujikawa T, Yamada M, Wakai T, Kono T, Obata Y. Forced expression of DNA methyltransferases during oocyte growth accelerates the establishment of methylation imprints but not functional genomic imprinting. *Hum Mol Genet* 23:3853-3864 (2014)
- b9: Wada K, Matsushima Y, Tada T, Hasegawa S, Obara Y, Yoshizawa Y, Takahashi G, Hiai H, Shimanuki M, Suzuki S, Saitou J, Yamamoto N, Ichikawa M, Watanabe K, Kikkawa Y. Expression of truncated PITX3 in the developing lens leads to microphthalmia and aphakia in mice. *PLoS One* 9:e111432 (2014)

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

b10: Obata Y, Wakai T, Hara S, Kono T. Long exposure to mature ooplasm can alter DNA methylation at imprinted loci in non-growing oocytes but not in prospermatogonia. *Reproduction* 147:H1-6 (2013)

#### c) 環境適応機構の制御

\*c1: Saruhashi M, Kumar Ghosh T, Arai K, Ishizaki Y, Hagiwara K, Komatsu K, Shiwa Y, Izumikawa K, Yoshikawa H, Umezawa T, Sakata Y, Takezawa D. Plant Raf-like kinase integrates abscisic acid and hyperosmotic stress signaling upstream of SNF1-related protein kinase2. *Proc Natl Acad Sci USA* 112:201511238–E6396 (2015)

#### d) 生物の形態制御

\*d1: Mitsui Y, Shimomura M, Komatsu K, Namiki N, Shibata-Hatta M, Imai M, Katayose Y, Mukai Y, Kanamori H, Kurita K, Kagami T, Wakatsuki A, Ohyanagi H, Ikawa H, Minaka N, Nakagawa K, Shiwa Y, Sasaki T. The radish genome and comprehensive gene expression profile of tuberous root formation and development. *Sci Rep* 5:10835 (2015)

d2: Ito S, Nozoye T, Sasaki E, Imai M, Shiwa Y, Shibata-Hatta M, Ishige T, Fukui K, Ito K, Nakanishi H, Nishizawa N, Yajima S, Asami T. Strigolactone regulates anthocyanin accumulation, acid phosphatases production and plant growth under low phosphate condition in *Arabidopsis*. *PLoS One* 10:e0119724 (2015)

#### e) 生物機能の食資源生産への応用

e1: Endo A, Tanizawa Y, Tanaka N, Maeno S, Kumar H, Shiwa Y, Okada S, Yoshikawa H, Dicks L, Nakagawa J, Arita M. Comparative genomics of *Fructobacillus* spp. and *Leuconostoc* spp. reveals niche-specific evolution of *Fructobacillus* spp. *BMC Genomics* 16:1117 (2015)

e2: Shiwa Y, Atarashi H, Tanaka N, Okada S, Yoshikawa H, Endo A, Miyaji T, Nakagawa J. Genome sequence of three strains of *Lactobacillus paracasei* of different origins and with different cholate sensitivities. *Genome Announc* 3:e00178-15 (2015)

#### f) ゲノム情報の保全と進化科学

\*f1: Waku D, Segawa T, Yonezawa T, Akiyoshi A, Ishige T, Ueda M, Ogawa H, Sasaki H, Ando M, Kohno N, Sasaki T. Evaluate the Phylogenetic Status of the Extinct Japanese Otter on the Basis of Mitochondrial Genome Analysis. *PloS One* 11:e0149341 (2016)

\*f2: Ohbayashi R, Watanabe S, Ehira S, Kanesaki Y, Chibazakura T, Yoshikawa H. Diversification of DnaA dependency for DNA replication in cyanobacterial evolution. *ISME J*, 10:1113-1121 (2016)

f3: Yano K, Masuda K, Matsumoto T, Shiwa Y, Ishige T, Wada T, Inaoka T, Yoshikawa H, Kawamura F. Growth and sporulation defects in *Bacillus subtilis* mutants with a single *rrn* operon can be suppressed by amplification of the *rrn* operon. *Microbiology* 162:35-45 (2016)

f4: Gouda N, Shiwa Y, Akashi M, Yoshikawa H, Kasahara K, Furusawa M. Distribution of human single-nucleotide polymorphisms is approximated by the power law and represents a fractal structure. *Genes Cells* 21:396-407 (2016)

f5: Ishige T, Gakuhari T, Hanzawa K, Kono T, Sunjoto I, Sukor AR, Ahmad HA, Matsubayashi H. Complete mitochondrial genomes of the tooth of a poached Bornean banteng (*Bos javanicus lowi* Cetartiodactyla, Bovidae). *Mitochondria DNA* 27:2453-2454 (2016)

f6: Watanabe S, Ohbayashi R, Kanesaki Y, Saito N, Chibazakura T, Soga T, Yoshikawa H. Intensive DNA replication and metabolism during the lag phase in cyanobacteria. *PLoS One* 10:e0136800 (2015)

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

- f7: Nindita Y, Cao Z, Yang Y, Arakawa K, Shiwa Y, Yoshikawa H, Tagami M, Lezhava A, Kinashi H. The tap-tpg gene pair on the linear plasmid functions to maintain a linear topology of the chromosome in *Streptomyces rochei*. *Mol Microbiol* 95:846-858 (2015)
- f8: Nishijima Y, Kanesaki Y, Yoshikawa H, Ogawa T, Sonoike K, Nishiyama Y, Hihara Y. Analysis of spontaneous suppressor mutants from the photomixotrophically grown pmgA-disrupted mutant in the cyanobacterium *Synechocystis* sp. PCC 6803. *Photosynth Res* 126:465-475 (2015)
- f9: Fujiwara T, Kanesaki Y, Hirooka S, Era A, Sumiya N, Yoshikawa H, Tanaka K, Miyagishima S. A nitrogen source-dependent inducible and repressible gene expression system in the red alga *Cyanidioschyzon merolae*. *Front Plant Sci* 6:657 (2015)
- f10: Ishihara A, Ohishi K, Yamada T, Shibata-Hatta M, Arai-Kichise Y, Watanabe S, Yoshikawa H, Wakasa K. Biochemical and molecular characterization of orange- and tangerine-1 colored rice calli. *Plant Biotechnol* 32:193-203 (2015)
- f11: Yanase H, Araya-Kojima T, Shiwa Y, Watanabe S, Zendo T, Chibazakura T, Shimizu-Kadota M, Sonomoto K, Yoshikawa H. Transcriptional regulation of xylose utilization in *Enterococcus mundtii* QU 25. *RSC Advances* 5:93283-93292 (2015)
- f12: Takada H, Fukushima-Tanaka S, Morita M, Kasahara Y, Watanabe S, Chibazakura T, Hara H, Matsumoto K, Yoshikawa H. An essential enzyme for phospholipid synthesis associates with the *Bacillus subtilis* divisome. *Mol Microbiol*. 91:242-255 (2014)
- f13: Nishida H, Matsumoto T, Kondo S, Hamamoto M, Yoshikawa H. The early diverging ascomycetous budding yeast *Saitoella complicata* has three histone deacetylases belonging to the Clr6, Hos2, and Rpd3 lineages. *J Gen Appl Microbiol* 60:7-12 (2014)
- f14: Arai-Kichise Y, Shiwa Y, Eban K, Shibata-Hatta M, Yoshikawa H, Yano M, Wakasa K. Genome-Wide DNA Polymorphisms in Seven Rice Cultivars of *Temperate* and *Tropical Japonica* Groups. *PLoS One* 9:e86312 (2014)
- f15: Ehara A, Suzuki H, Kanesaki Y, Yoshikawa H, Amachi S. Draft Genome Sequence of Strain Q-1, an Iodide-Oxidizing Alphaproteobacterium Isolated from Natural Gas Brine Water. *Genome Announc* 2:e00659-14 (2014)
- f16: Kono N, Arakawa K, Sato M, Yoshikawa H, Tomita M, Itaya M. Undesigned selection for replication termination of bacterial chromosomes. *J Mol Biol* 426:2918-2927 (2014)
- f17: Miyamoto K, Matsumoto T, Okada A, Komiyama K, Chujo T, Yoshikawa H, Nojiri H, Yamane H, Okada K. Identification of target genes of the bZIP transcription factor OsTGAP1, whose overexpression causes elicitor-induced hyperaccumulation of diterpenoid phytoalexins in rice cells. *PLoS One* 9:e105823 (2014)

## <図書>

### a) 生殖の機能制御

- 1: 桑山岳人. ストレス反応. ニワトリの科学(古瀬充宏 編集)158-163頁. 朝倉書店. 東京. 2014年

### b) エピジェネティクスによる機能制御

- 1: 佐藤英明、河野友宏、内藤邦夫、小倉淳郎 編、尾畑やよい、宮野隆、平尾雄二、種村健太郎、柏崎直巳、川原学、濱野光市、長嶋比呂志、三谷匡、徳永智之、今井裕、若山照彦、高岸聖彦 著「発生学とエピジェネティクス」pp. 13-26 「哺乳動物の発生工学」朝倉書店 2014年4月
- 2: 西原真杉、眞鍋昇、前多敬一郎、内藤邦彦、小倉淳郎 編、奥田潔、宮野隆、高坂哲也、大蔵聡、代田眞理子、田中知己、岡村裕昭、河野友宏、尾畑やよい、金井克晃、東村博子、渡辺元、服部眞彰、田中智、今川和彦、高橋祐司、細井美彦、長嶋比呂志、若山照彦 著「遺伝的性」pp.134-147 「繁殖生物学」株式会社インターズー 2013年9月

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

#### f)ゲノム情報の保全と進化科学

- 1: Akiko Okamoto-Kainuma and Morio Ishikawa, Physiology of *Acetobacter* spp.: Involvement of molecular chaperones during acetic acid fermentation. In "Acetic Acid Bacteria: Ecology and Physiology", Kazunobu Matsushita, Hirohide Toyama, Naoto Tonouchi, and Akiko Okamoto-Kainuma eds., Springer, Tokyo, in press 2016 年.

#### <学会発表>

##### a)生殖の機能制御

- 1a: 石毛太郎、原ひろみ、平野貴、半澤恵、ニホンウズラ cathelicidin (CATH) の遺伝学的解析 日本畜産学会第 121 回大会、日獣大、2016 年 3 月
- \*2a: Abe T, Kobayashi A, Shirasuna K, Kuwayama T, Iwata H. Supplementation of culture medium with resveratrol increases developmental rate to the blastocyst stage concomitant with increase in ATP content and decrease in lipid content. Ovarian Club 6 Barcelona Spain 2015 年 11 月
- 3a: Shiratsuki S, Shirasuna K, Kuwayama T, Iwata H. Low oxygen tension changes the metabolism and proliferative activity of bovine granulosa cells. Ovarian Club 6 Barcelona Spain 2015 年 11 月
- 4a: Shun T, Abe T, Shirasuna K, Kuwayama T, Iwata H. Maternal aging affects mitochondrial turnover in bovine oocytes Ovarian Club 6 Barcelona Spain 2015 年 11 月
- 5a: 朝治桜子、鈴木進悟、平野貴、原ひろみ、椎名隆、半澤恵、次世代シーケンサーによるニホンウズラの機能的 MHC クラス IIβ 遺伝子座のハプロタイプ解析 日本 DNA 多型学会第 24 回学術集会、岡山、2015 年 11 月
- 6a: 石毛太郎、原ひろみ、平野貴、半澤恵、ニホンウズラ Liver expressed antimicrobial peptide 2 (CjLEAP2)の遺伝学的解析 日本畜産学会第 120 回大会、酪農大学、2015 年 9 月
- 7a: 川原玲香、神作宜男、河野友宏、桑山岳人、比較ゲノム解析によるニワトリの就巢性発現に関わる変異の探索と絞り込み NGS 現場の会第四回研究会、つくば、2015 年 7 月
- 8a: 石毛太郎、覚張隆史、半澤恵、松林尚志、ボルネオ島に生息するバンテンおよびマメジカの MtDNA の解析 第 4 回 NGS 現場の会第四回研究会、つくば市、2015 年 7 月
- 9a: 川原玲香、神作宜男、河野友宏、桑山岳人、品種間の比較ゲノム解析によるニワトリの就巢行動発現制御に関わる変異の探索と絞り込み 日本畜産学会第 119 回大会、宇都宮、2015 年 3 月
- 10a:石毛太郎、平野貴、原ひろみ、半澤恵、ニホンウズラ Nk-lysin (CjNKL)のアミノ置換(Gly31Asp)の抗菌活性への影響 日本畜産学会第 119 回大会、宇都宮、2015 年 3 月
- 11a: 川原玲香、河野友宏、神作宜男、桑山岳人、比較ゲノム解析によるニワトリの就巢行動発現に関わる変異の探第 37 回 日本分子生物学会年会、横浜、2014 年 11 月
- 12a: Suzuki S, Shirasuna K, Iwata H, Kuwayama T. Relationship among brood patch development, plasma concentrations of triiodothyronine, and duration of incubation behavior in broody hens. APCC, Jeju, Korea, 2014
- 13a: 鈴木聖哉、増山敦則、白砂孔明、岩田尚孝、桑山岳人、就巢性を保持するニワトリの抱卵斑の発達は保温対象から刺激される 鳥類内分泌研究会、熱海、2014 年
- 14a: Kawahara-Miki R, Kono T, Kansaku N, Suzuki S, Kuwayama T. "Comparative genomic analysis for identification of polymorphisms associated with the chicken broodiness trait" 26th International Ornithological Congress, 東京、2014 年 8 月
- 15a: Kawahara-Miki R, Kono T, Kansaku N, Suzuki S, Kuwayama T. Comparative genomic analysis for identification of polymorphisms associated with the chicken broodiness trait. 34th International Society for Animal Genetics Conference, 西安、2014 年 7 月
- 16a: 石毛太郎、平野貴、原ひろみ、万年英之、半澤恵、ニホンウズラ Avian β-defensin(CjAvBD)の遺伝学的解析 日本畜産学会第 118 回大会、筑波、2014 年 3 月

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

17a: 川原玲香、神作宜男、河野友宏、桑山岳人、比較ゲノム解析によるニワトリの就巢行動発現制御に関わる変異の探索 日本畜産学会大会、新潟、2013年9月

18a: 杉山由香里、鈴木進悟、細道一善、椎名隆、平野貴、原ひろみ、半澤恵、ニホンウズラ CjDMB1 における多型マーカーの確立 日本畜産学会第117回大会、新潟大学、2013年9月

#### b) エピジェネティクスによる機能制御

1b: 尾畑やよい、平尾雄二、in vitro において産生されたマウス卵の発生能 第108回日本繁殖生物学会シンポジウム、宮崎、2015年9月

2b: 谷本連、諸白家奈子、河野友宏、平尾雄二、尾畑やよい、in vitro で分化したマウス胎仔卵巣における網羅的遺伝子発現解析 第108回日本繁殖生物学会、宮崎、2015年9月

3b: 佐々木恵亮、原聡史、山上怜奈、竹内秀斗、長谷川沙紀、小肩実央、河野友宏、尾畑やよい、胚発生過程において DNA メチル化酵素がアクセス可能な遺伝子座の探査 第108回日本繁殖生物学会、宮崎、2015年9月

4b: 尾畑やよい、平尾雄二、in vitro における機能的卵母細胞の作出 第36回日本炎症・再生医学会シンポジウム、東京、2015年7月

5b: Sasaki K, Hara S, Yamakami R, Takeuchi S, Hasegawa S, Ogata M, Kono T, Obata Y. Ectopic expression of DNMT3A2 and DNMT3L during embryogenesis leads to abnormal methylations at certain gene promoters but not at the imprinted loci. Gordon Research Conference, Fertilization & Activation of Development. NH, USA (July 2015)

6b: Morohaku K, Kono T, Hirao Y, Obata Y. In vitro growth of primordial follicles derived from neonatal mouse ovaries. Gordon Research Conference, Fertilization & Activation of Development. NH, USA (July 2015)

7b: 大久保咲、内山博允、石原真吾、橋詰良一、吉川欣亮、和田健太、無眼球症ラット NAK/Nokh における RNA-seq 解析 第62回日本実験動物学会総会、京都、2015年5月

8b: 尾畑やよい、in vitro における卵母細胞の成長・成熟 第60回日本生殖医学会シンポジウム、横浜、2015年4月

9b: 尾畑やよい、DNA メチル化による卵子特異的インプリントの確立機構 第59回日本生殖医学会シンポジウム、東京、2014年12月

10b: 諸白家奈子、平尾雄二、河野友宏、尾畑やよい、新生仔マウス由来卵胞から体外培養で得られた卵の発生能解析 第107回日本繁殖生物学会、帯広、2014年8月

11b: 尾畑やよい、原聡史、河野友宏、DNA メチル基転移酵素過剰発現により卵母細胞で早期に誘導されたメチル化インプリントの機能 第55回日本卵子学会、神戸、2014年5月

12b: 原聡史、川原玲香、尾畑やよい、河野友宏、マウス卵母細胞におけるゲノム刷込みの分子機構 第106回日本繁殖生物学会、東京、2013年9月

13b: Wada K, Okubo S, Hashizume R, Kikkawa Y. Identification of candidate genetic loci responsible for a new spontaneous-microphthalmos rat strain, NAK/Nokh. The 27th International Mammalian Genome Conference, Salamanca, Spain, 2013年9月

14b: 尾畑やよい、卵子形成過程におけるエピジェネティクス 第31回日本受精・着床学会シンポジウム、別府 2013年8月

#### c) 環境適応機構の制御

\*1c: 坂田洋一、梅澤泰史、竹澤大輔、Insights into the evolution of ABA signaling in plants from the study of bryophytes 日本植物生理学会年会(シンポジウム)、盛岡、2016年3月

2c: Saso Y, Ariga H, Yoshihara R, Nozawa S, Hase Y, Narumi I, Iuchi S, Kobayashi M, Sakata Y, Hayashi T, Taji T, Functional analysis of the acquired osmotolerance defective 1, *aod1* mutant 日本植物生理学会、盛岡、2016年3月

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

- 3c: Sakamoto Y, Ohhira R, Arakawa R, Nagamine M, Tanaka K, Kameyama A, Yaoi K., Kaida R, Taji T, Sakata Y, Hayashi T. Occurrence of xyloglucan in poplars for standing stems as land plants. 日本植物生理学会年会、盛岡、2016年3月
- 4c: Kaida R, Sakamoto Y, Isamu T, Sato E, Yamazaki R, Baba K, Nishio S, Nishida K, Taji T, Sakata Y, Hayashi T. Co-expression of xyloglucan 4- $\beta$ -glucosyltransferase (AtCSLC4) and 6- $\alpha$ -xylosyltransferase (AtXXT1) in poplar. 日本植物生理学会年会、盛岡、2016年3月
- 5c: 坂本由里奈、勇達也、佐藤瑛梨奈、大平莉加、山崎稜太、海田るみ、太治輝昭、坂田洋一、林隆久、馬場啓一、高田直樹、谷口亨、亀山昭彦、矢追克郎、ナズナのキシログルカン 4- $\beta$ -グルコシルトランスフェラーゼと 6- $\alpha$ -キシログルコシルトランスフェラーゼを共発現するポプラ 日本木材学会大会、名古屋、2016年3月
- 6c: 海田るみ、坂本由理奈、太治輝昭、坂田洋一、林隆久、馬場啓一、西尾伸也、西田幸次、ポプラにおけるキシログルカンの機能解析 日本木材学会大会、名古屋、2016年3月
- 7c: 林隆久、大平莉加、坂本由里奈、荒川諒平、永峰菜奈、山崎稜太、田中啓介、海田るみ、太治輝昭、坂田洋一、馬場啓一、地震に対するキシログルカンの効果 日本木材学会大会、名古屋、2016年3月
- 8c: Otake R, Shinozawa A, Yonehara T, Takezawa D, Cuming AC, Taji T, Hayashi T, Sakata Y. “Functional analysis of SnRK2 in ABA signaling pathway of the moss *Physcomitrella patens*” Moss meeting、メキシコ・カンクン、2015年12月

#### d)生物の形態制御

- 1d: 内山博允、菅野晃平、田島晴菜、長島孝行、矢嶋俊介、RNA sequencing による甲虫の視覚オプシン探索 日本昆虫学会第76回大会・第60回日本応用動物昆虫学会大会合同大会、大阪、2016年3月
- 2d: 伊藤晋作、野中詩織、細井昂人、勝山勉、内山博允、近藤竜彦、佐々木康幸、矢嶋俊介、ダイズシストセンチュウの孵化機構に関する研究 日本農薬学会第41回大会、島根、2016年3月
- 3d: 野中詩織、細井昂人、内山博允、近藤竜彦、佐々木康幸、浅見忠男、矢嶋俊介、伊藤晋作、o-phenanthroline によるダイズシストセンチュウの孵化促進 日本農芸化学会 2016年度大会、札幌、2016年3月
- 4d: 細井昂人、内山博允、近藤竜彦、佐々木康幸、矢嶋俊介、伊藤晋作、ダイズシストセンチュウの硝酸イオンへの誘引 日本農芸化学会 2016年度大会、札幌、2016年3月
- 5d: Uchiyama H, Sugano K, Nagashima T, Yajima S. Finding blue opsins in beetles. CompBiol 2015 広島大会 第40回日本比較内分泌学会大会・日本比較生理生化学会第37回大会 合同大会、広島、2015年12月

#### e)生物機能の食資源生産への応用

- 1e: 長嶋雄大、小俣翼、田邊義和、石毛太一郎、久保田恵理、豊島拓樹、広瀬優、新村洋一、川崎信治、過酷な生育環境から単離した真核微細藻類がもつ新奇な環境ストレス耐性機構の解析 日本農芸化学会 2016年度大会、札幌、2016年3月
- 2e: 前野慎太郎、谷沢靖洋、兼崎友、久保田恵理、矢嶋俊介、Seppo Salminen、中川純一、有田正規、遠藤明仁、フルクトフィリック乳酸菌 *Lactobacillus kunkeei* の比較ゲノム解析から見える乳酸菌の環境適応 日本農芸化学会 2016年度大会、札幌、2016年3月
- 3e: 板橋貴智、上野一輝、石毛太一郎、平井昂二郎、岩田絢子、田川可琳、千葉誠、新村洋一、川崎信治、花に生息する嫌気性細菌に関する研究 日本微生物生態学会 第7回 JTK symposium JSME2015、茨城、2015年10月

#### f)ゲノム情報の保全と進化科学

- 1f: 徳田裕太、ベハラノフェリペ、水口千穂、兼崎友、岩田健一、吉川博文、岡田憲典、野尻秀昭、カルバゾール分解菌における分解遺伝子群の多様性の解析 日本農芸化学会2016年度大会、札幌、2016年3月

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

- 2f: 鍋田啓介、岩永美優、渡辺智、千葉櫻拓、門多真理子、園元謙二、吉川博文、*Enterococcus mundtii* QU 25におけるPhosphoketolase活性の翻訳後調節機構の解析 日本農芸化学会2016年度大会、札幌、2016年3月
- 3f: 小林和夫、兼崎友、吉川博文、*Paenibacillus* sp. NAIST15-1 株の特異な運動能 日本農芸化学会2016年度大会、札幌、2016年3月
- 4f: 高松美沙樹、兼崎友、朝井計、吉川博文、熱耐性と孢子形成に関する枯草菌 *rpoC*遺伝子の新規機能解析 日本農芸化学会2016年度大会、札幌、2016年3月
- 5f: 多喜乃雄太、高田啓、兼崎友、渡辺智、千葉櫻拓、吉川博文、枯草菌の中央代謝系と脂質代謝系を共役させる新規制御機構の解析 日本農芸化学会2016年度大会、札幌、2016年3月
- 6f: 大坂夏木、高田啓、多喜乃雄太、兼崎友、渡辺智、千葉櫻拓、吉川博文、枯草菌における栄養状態に応じた新規GTP制御機構の解析 日本農芸化学会2016年度大会、札幌、2016年3月
- 7f: 小田しおり、重信直人、兼崎友、渡辺智、千葉櫻拓、笠原浩司、三角修己、吉川博文、新規単離極限環境紅藻のMn耐性関連遺伝子の探索 日本農芸化学会2016年度大会、札幌、2016年3月
- 8f: 松田研一、長谷部文人、富田武郎、志波優、兼崎友、吉川博文、新家一男、葛山智久、西山真、アミノキヤリアタンパク質を指標とした新規天然化合物の探索及びその生合成に関する研究 日本農芸化学会2016年度大会、札幌、2016年3月
- 9f: 内藤一洋、松田研一、長谷部文人、富田武郎、手塚武揚、大西康夫、志波優、吉川博文、新家一男、葛山智久、西山真、II型アミノキヤリアタンパク質を介した二次代謝産物の生合成に関する研究 日本農芸化学会2016年度大会、札幌、2016年3月
- 10f: 三輪瞬平、吉岡誠訓、紀平絵梨、仲曾根薫、五十嵐雅之、波多野和樹、吉川博文、兼崎友、江口陽子、内海龍太郎、3成分制情報伝達システムによる病原性因子トロポロンの生産制御 日本農芸化学会2016年度大会 札幌、2016年3月
- 11f: 吉田咲紀、村田正之、高坂智之、兼崎友、吉川博文、山田守、Mutatorを利用した *Zymomonas mobilis* のさらなる耐熱化 日本農芸化学会2016年度大会、札幌、2016年3月
- 12f: 新村利恵、松谷峰之介、石川森夫、矢吹岳、海野祥子、志波優、鈴木治夫、平川英樹、吉川博文、松下一信、小泉幸道、貝沼(岡本)章子、ゲノム情報を用いたアプローチによる酢酸菌 *Komagataeibacter* 属の分類学的位置づけの検証 日本農芸化学会2016年度大会、札幌、2016年3月
- 13f: 佐藤契太、石川森夫、原田佳子、勝間田憲子、兼崎友、吉川博文、小泉幸道、貝沼(岡本)章子、RNA-seq法による酢酸菌 *Acetobacter pasteurianus* NBRC 3283株のRpoEレギュロンの解析 日本農芸化学会2016年度大会、札幌、2016年3月
- 14f: 阿部達明、石川森夫、松原拓哉、兼崎友、吉川博文、小泉幸道、貝沼(岡本)章子、RNA-seq法による酢酸菌 *Acetobacter pasteurianus* NBRC 3283株のグリセリン利用時における転写挙動の網羅的解析 日本農芸化学会2016年度大会、札幌、2016年3月
- 15f: 新川はるか、梶川昌孝、山野隆志、兼崎友、吉川博文、福澤秀哉、緑藻クラミドモナスTAG accumulation regulator 1 (TAR1)は光独立栄養の窒素欠乏条件下で光合成の抑制と脂質・デンプン蓄積量の維持に関与する 第57回日本植物生理学会年会、盛岡、2016年3月
- 16f: 上妻美菜、田崎理澄、石川晴菜、船水健斗、松橋歩、伊藤雄太郎、内山純爾、兼崎友、吉川博文、太田尚孝、シアノバクテリア*Synechocystis* sp PCC6803のFoF1 ATPaseは、酸耐性の獲得に関与する 第57回日本植物生理学会年会、盛岡、2016年3月
- 17f: 内山純爾、船水健斗、田崎理澄、上妻美菜、兼崎友、吉川博文、太田尚孝、Ssl2616は、*Synechocystis* sp PCC 6803の酸性ストレス耐性に関与する 第57回日本植物生理学会年会、盛岡、2016年3月
- 18f: 高松美沙樹、兼崎友、佐藤絢、渡辺智、千葉櫻拓、吉川博文、枯草菌の転写開始点に依存した新規熱ショック応答機構のゲノムワイドな検証 第10回日本ゲノム微生物学会年会、東京、2016年3月
- 19f: 安藤愛美、明石基洋、宮田真吾、兼崎友、千葉櫻拓、渡辺智、吉川博文、枯草菌におけるラギング鎖複製 "Hand-off"モデルの検証 第10回日本ゲノム微生物学会年、東京、2016年3月



法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

- 20f: 辻出亘寛、渡辺智、橋本千晴、大林龍胆、兼崎友、吉川博文、*Synechococcus elongatus* PCC 7942におけるゲノムコピー数制御機構の解析 第10回日本ゲノム微生物学会年会、東京、2016年3月
- 21f: 多喜乃雄太、高田啓、兼崎友、渡辺智、千葉櫻拓、吉川博文、枯草菌における糖輸送制御系PTSの脂質代謝に及ぼす新規制御系の解析 第10回日本ゲノム微生物学会年会、東京、2016年3月
- 22f: 大坂夏木、高田啓、多喜乃雄太、兼崎友、渡辺智、千葉櫻拓、吉川博文、枯草菌(p)ppGpp<sup>0</sup>株を用いた栄養状態に応じた新規GTP制御機構の解析 第10回日本ゲノム微生物学会年、東京、2016年3月
- 23f: 内桶香那、渡辺智、野田明日翔、中武誌津花、森岡さゆみ、湯本真実、大林龍胆、兼崎友、千葉櫻拓、吉川博文、*Synechococcus elongatus* PCC 7942におけるマルチコピーゲノムの分布制御機構の解析 第10回日本ゲノム微生物学会年、東京、2016年3月
- 24f: 藤原治子、鍋田啓介、兼崎友、田代幸寛、善藤威史、門多真理子、吉川博文、園元謙二、*Enterococcus mundtii* QU 25のポストゲノム研究:RNA-sequencing解析を用いた混合糖条件下での転写解析 第10回日本ゲノム微生物学会年会、東京、2016年3月
- 25f: 辻出亘寛、渡辺智、橋本千晴、大林龍胆、兼崎友、吉川博文、*Synechococcus elongatus* PCC 7942におけるゲノムコピー数制御機構の解析 第10回ゲノム微生物学会年会、東京、2016年3月
- 26f: 渡辺智、大林龍胆、辻出亘寛、兼崎友、千葉櫻拓、吉川博文、複数コピーゲノムを持つシアノバクテリアの複製・増殖機構 第89回日本細菌学会総会、大阪、2016年3月
- 27f: 渡辺智、大林龍胆、山本純也、兼崎友、千葉櫻拓、吉川博文、複数コピーゲノムを持つシアノバクテリアの細胞増殖戦略 日本微生物生態学会第30回大会、土浦、2015年10月
- 28f: 今井健太郎、石川森夫、吉田将也、山本有紀、松原拓哉、兼崎友、吉川博文、小泉幸道、貝沼(岡本)章子、*Acetobacter* 属二種における基幹代謝経路の動作機序の比較解析 第67回日本生物工学会大会、鹿児島、2015年9月
- 29f: 阿部達明、石川森夫、松原拓哉、兼崎友、Andrés-Barrao Cristina、吉川博文、小泉幸道、貝沼(岡本)章子、RNA-seq法による *Acetobacter* 属酢酸菌二種のグルコース存在下における代謝戦略の比較解析 第67回日本生物工学会大会、鹿児島、2015年9月
- \*30f: 和久大介、瀬川高弘、米澤隆弘、秋好歩美、石毛太郎、小川博、佐々木浩、安藤元一、甲能直樹、佐々木剛、ミトコンドリアゲノム配列に基づくニホンカワウソの系統進化 日本進化学会第17回大会、東京、2015年8月
- 31f: 明石基洋、吉川博文、枯草菌における3'→5' エキソヌクレアーゼドメインを持つ新規遺伝子の変異解析 日本進化学会第17回大会、東京、2015年8月
- 32f: Takamatsu M, Kanesaki Y, Sato A, Watanabe S, Chibazakura T, Yoshikawa H, Genome-wide identification of transcription start sites upon heat shock in *Bacillus subtilis*. 8th International Conference on Gram-Positive Microorganisms. Italy, 2015年6月
- 33f: Watanabe S, Ohbayashi R, kanesaki Y, Chibazakura T, Yoshikawa H. Cell division-uncoupled DNA replication and metabolism in cyanobacteria *Synechococcus elongatus* PCC 7942. 15th International Symposium on Phototrophic Prokaryotes. Germany, 2015年8月
- 34f: Ohbayashi R, Watanabe S, Ehira S, kanesaki Y, Chibazakura T, Yoshikawa H. Variety of dependency on DnaA protein for DNA replication among cyanobacterial lineages. 15th International Symposium on Phototrophic Prokaryotes. Germany, 2015年8月
- 35f: Kanesaki Y, Ohbayashi R, Watanabe S, Yoshikawa H. Identification of the associated genes for sybstrain-specific phenotypes of a cyanobacterium *Synechococcus elongatus* PCC 7942. 15th International Symposium on Phototrophic Prokaryotes. Germany, 2015年8月
- 36f: 松原拓哉、石川森夫、兼崎友、Cristina Andrés-Barrao、吉川博文、小泉幸道、貝沼(岡本)章子、RNA-seq法による酢酸菌3種の酢酸発酵時における代謝戦略の比較解析 日本農芸化学会2015年度大会、岡山、2015年3月
- 37f: 大坂夏木、多喜乃雄太、高田啓、兼崎友、吉川博文、枯草菌における栄養状態に応じた新規GTP制御機構の解析 日本農芸化学会2015年度大会、岡山、2015年3月

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

- 38f: 西澤正文、兼崎友、吉川博文、東江昭夫、病原性真菌 *Cryptococcus neoformans* のPHO遺伝子の発現制御 日本農芸化学会2015年度大会、岡山、2015年3月
- 39f: 兼崎友、重信直人、小田しおり、齋藤夏帆、渡辺智、吉川博文、有用形質を持つ極限環境紅藻の新規単離と環境ストレス応答遺伝子の解析 第56回日本植物生理学会年会、東京、2015年3月
- 40f: 細村匡太郎、渡辺智、兼崎友、板谷光奏、吉川博文、合成生物学の申し子“シアノバチルス”の転写装置起動の試み 第9回日本ゲノム微生物学会年会、神戸、2015年3月
- 41f: 渡辺智、大林龍胆、兼崎友、齋藤菜摘、千葉櫻拓、曾我朋義、吉川博文、シアノバクテリアにおける増殖相に依存したゲノムコピー数制御機構 第37回分子生物学会年会、横浜、2014年11月
- 42f: Watanabe S, Ohbayashi R, Kanasaki Y, Saito N, Hirota R, Shigenobu N, Chibazakura T, Soga T, Yoshikawa H, Control of chromosome copy number depending on growth phase in Cyanobacteria. 9th European Workshop on the Molecular Biology of Cyanobacteria, Texel, Netherland, 2014年9月
- \*43f: Waku D, Sasaki H, Yonezawa T, Kohno N, Murai H, Ueda M, Tatara S, Ogawa H, Segawa T, Ando M, Sasaki T. A Systematic study of extinct Japanese otter. XII IUCN OSG International Otter Congress, Rio de Janeiro, 2014年8月
- 44f: 貝沼(岡本)章子、松谷峰之介、石川森夫、矢吹岳、志波優、鈴木治夫、吉川博文、松下一信、小泉幸道、次世代シーケンサーを用いたゲノムスケールでの酢酸菌分類の試み(第二報)日本農芸化学会 2014年度大会、東京、2014年3月
- 45f: 貝沼(岡本)章子、勝木浩平、今井健太郎、石川森夫、志波優、吉川博文、小泉幸道、酢酸菌 *Acetobacter pasteurianus* NBRC3283 株のエタノール培養条件下における電子伝達系/ROS 除去系の発現挙動 第66回日本生物工学会大会、札幌、2014年9月
- 46f: 山本純也、大林龍胆、兼崎友、得平茂樹、千葉櫻拓、渡辺智、吉川博文、暗所におけるシアノバクテリアの代謝とDNA複製制御 第8回日本ゲノム微生物学会年会、東京、2014年3月
- 47f: 大林龍胆、渡辺智、兼崎友、千葉櫻拓、吉川博文、シアノバクテリアにおける*dnaA*欠損によって引き起こされるもう一つの複製開始機構 第8回日本ゲノム微生物学会年会、東京、2014年3月
- 48f: 小田しおり、重信直人、兼崎友、渡辺智、千葉櫻拓、三角修己、黒岩常祥、吉川博文、極限環境紅藻の新規単離と重金属イオン耐性に関わる遺伝子の探索 第8回日本ゲノム微生物学会年、東京、2014年3月

#### <研究成果の公開状況>(上記以外)

シンポジウム・学会等の実施状況、インターネットでの公開状況等  
ホームページで公開している場合には、URL を記載してください。

##### <既に実施しているもの>

1. 本プロジェクトの情報や成果に関し、シンポジウム、学術論文への成果発表などについて、生物資源ゲノム解析センターのホームページ ([www.nodai-genome.org](http://www.nodai-genome.org))にて随時掲載を行っている。
2. 毎年度末にニュースレターを発行し、ゲノムセンターのホームページで公開している。
3. 研究成果として、ダイコンゲノムデータベースの公開 ([www.nodai-genome-d.org](http://www.nodai-genome-d.org))を行った。また、ウズラゲノムのデータベースの公開 ([www.nodai-genome.org](http://www.nodai-genome.org) のメニューより)とNBRP(名古屋大学)への相互リンクを行った。

##### <これから実施する予定のもの>

新型シーケンサーを用いて、農学関連のゲノム解析や育種を行っている専門家によるセミナーを 2016年7月に開催予定している。また、例年通り、年度末にニュースレターを発行予定している。

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

#### 14 その他の研究成果等

「12 研究発表の状況」で記述した論文、学会発表等以外の研究成果及び企業との連携実績があれば具体的に記入してください。また、上記11(4)に記載した研究成果に対応するものには\*を付してください。

「エピジェネティクスによる機能制御」分野で特許出願を行った。尾畑やよい、平尾雄二、林克彦 「始原生殖細胞を機能的に成熟した卵母細胞へと分化させる培養方法」特願2015-184513.

「生物の形態の制御」分野の、ダイコンゲノム解析の成果に関し、読売新聞(2015年6月12日)他メディアに記事が掲載された>(\*d1)

「ゲノム情報の保全と進化科学」分野の、ニホンカワウソの系統解析の成果に関し、朝日新聞(2016年2月27日)他メディアに記事が掲載された>(\*f1)

生物機能の食資源生産への応用分野では、ホップに関してビール会社との連携により研究を進めている。

#### 15 「選定時」に付された留意事項とそれへの対応

##### <「選定時」に付された留意事項>

研究成果の集約を計るために実績のある研究者に加え、外部の意見を取入れる仕組みが必要である。

##### <「選定時」に付された留意事項への対応>

学内の研究参画者として、Nature 誌に掲載歴があるなど特に優れた業績を有し、大型の外部資金を獲得している研究者が参加している。また、外部機関からの研究者らは、その分野の先端的成果を上げている。これらの研究者の参加により、研究成果の集約を目指している。また、外部評価者として、国立遺伝学研究所 藤山秋佐夫教授、また東京大学大学院農学生命科学研究科 正木春彦教授が外部評価者となり、本プロジェクトについて意見を頂いている。

また、セミナーの開催では、各分野で業績を上げている講師を招き、情報交換を行うことで、研究の適確なアプローチに帰することを目指している。

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

## 16 施設・装置・設備・研究費の支出状況(実績概要)

(千円)

年度・区分	支出額	内 訳						備 考
		法 人 負 担	私 学 助 成	共同研 究機関 負担	受託 研究等	寄付金	その他( )	
平成 二十五 年度	施 設	0	0	0	0	0	0	
	装 置	0	0	0	0	0	0	
	設 備	47,387	15,796	31,591	0	0	0	
	研究費	95,974	54,680	41,294				
平成 二十六 年度	施 設	0	0	0	0	0	0	
	装 置	0	0	0	0	0	0	
	設 備	9,994	3,332	6,662	0	0	0	
	研究費	139,979	74,415	65,564				
平成 二十七 年度	施 設	0	0	0	0	0	0	
	装 置	0	0	0	0	0	0	
	設 備	44,993	14,998	29,995	0	0	0	
	研究費	104,951	65,125	39,826				
総 額	施 設	0	0	0	0	0	0	
	装 置	0	0	0	0	0	0	
	設 備	102,374	34,126	68,248	0	0	0	
	研究費	340,904	194,220	146,684	0	0	0	
総 計	443,278	228,346	214,932	0	0	0	0	

## 17 施設・装置・設備の整備状況 (私学助成を受けたものはすべて記載してください。)

《施 設》(私学助成を受けていないものも含め、使用している施設をすべて記載してください。)

(千円)

施 設 の 名 称	整備年度	研究施設面積	研究室等数	使用者数	事業経費	補助金額	補助主体
世田谷キャンパス12号館6階 生物資源ゲノム解析センター	H20年度	368m <sup>2</sup>	4	60	33,600	16,800	私学助成

※ 私学助成による補助事業として行った新增築により、整備前と比較して増加した面積

0 m<sup>2</sup>

(様式1)

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

《装置・設備》(私学助成を受けていないものは、主なもののみを記載してください。)

(千円)

装置・設備の名称	整備年度	型番	台数	稼働時間数	事業経費	補助金額	補助主体
(研究装置) ・次世代シーケンス解析装置	H22年度	HS-J-001T	1	2900 h	99,950	49,975	私学助成
(研究設備) ・新型シーケンサー	H25年度	MS-J-001	2	各2,550 h	32,445	21,630	私学助成
(MiSeqシステム) ・情報解析装置	H25年度	TS-R4650(4)	1	通年稼働	14,941	9,961	私学助成
・情報解析装置	H26年度	TS-R4890v2(1)	1	通年稼働	9,994	6,662	私学助成
・情報解析装置	H27年度	TS-R4890v2(1)R1	1	通年稼働	9,993	6,662	私学助成
・新型高速シーケンサー	H27年度	NS-J-101	1	240 h	35,000	23,333	私学助成
(情報処理関係設備)							

## 18 研究費の支出状況

(千円)

年度	平成 25 年度		
小科目	支出額	積算内訳	
		主な用途	金額
教育研究経費支出			
消耗品費	36,559	研究用消耗品	36,559
光熱水費	0		0
通信運搬費	151	通信費	151
印刷製本費	472	印刷費	472
旅費交通費	491	学会参加、研究打合せ	491
報酬・委託料	39,498	委託管理	39,498
(その他)	2,770	雑費、修繕費 他	2,770
計	79,941		
アルバイト関係支出			
人件費支出	13,974	研究補助・事務	13,974
(兼務職員)			月額 420千円 年間月数6ヶ月 実人数1人 月額 415千円 年間月数4ヶ月 実人数1人 月額 385千円 年間月数9ヶ月 実人数1人 月額 301千円 年間月数4ヶ月 実人数1人 月額 330千円 年間月数12ヶ月 実人数1人 時給 1,060円 年間時間数1,099時間 実人数1人
教育研究経費支出	0		
計	13,974		
設備関係支出(1個又は1組の価格が500万円未満のもの)			
教育研究用機器備品	2,059	データ解析用	2,059
図書			
計	2,059		
研究スタッフ関係支出			
リサーチ・アシスタント			
ポスト・ドクター			
研究支援推進経費			
計	0		

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

## 18 研究費の支出状況

(千円)

年 度	平成 26 年度		
小 科 目	支 出 額	積 算 内 訳	
		主 な 使 途	金 額
教 育 研 究 経 費 支 出			
消 耗 品 費	75,501	研究用消耗品	75,501
光 熱 水 費	0		0
通 信 運 搬 費	123	通信費	123
印 刷 製 本 費	493	印刷費	493
旅 費 交 通 費	847	学会参加、研究打合せ	847
報 酬 ・ 委 託 料	38,454	委託管理	38,454
( そ の 他 )	2,763	雑費、修繕費 他	2,763
計	118,181		
ア ル バ イ ト 関 係 支 出			
人 件 費 支 出	15,183	研究補助	15,183
( 兼 務 職 員 )			
教育研究経費支出	0		
計	15,183		
設 備 関 係 支 出 ( 1 個 又 は 1 組 の 価 格 が 5 0 0 万 円 未 満 の も の )			
教育研究用機器備品	6,615	サンプル調整、解析 他	6,615
図 書			
計	6,615		
研 究 ス タ ッ フ 関 係 支 出			
リサーチ・アシスタント			
ポスト・ドクター			
研究支援推進経費			
計	0		

(様式1)

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

## 18 研究費の支出状況

(千円)

年 度	平成 27 年度		
小 科 目	支 出 額	積 算 内 訳	
		主 な 使 途	金 額
教 育 研 究 経 費 支 出			
消 耗 品 費	48,052	研究用消耗品	48,052
光 熱 水 費	0		0
通 信 運 搬 費	124	通信費	124
印 刷 製 本 費	732	印刷費	732
旅 費 交 通 費	1,312	学会参加、研究打合せ	1,312
報 酬 ・ 委 託 料	31,719	委託管理、講師謝礼	31,719
( その他 )	1,731	会費・雑費、修繕費 他	1,731
計	83,670		
ア ル バ イ ト 関 係 支 出			
人 件 費 支 出 ( 兼 務 職 員 )	6,745	研究補助	6,744
教育研究経費支出	112	研究補助	112
計	6,857		
設 備 関 係 支 出 ( 1 個 又 は 1 組 の 価 格 が 5 0 0 万 円 未 満 の も の )			
教育研究用機器備品	5,124	サンプル調整、解析 他	5,124
図 書			
計	5,124		
研 究 ス タ ッ フ 関 係 支 出			
リサーチ・アシスタント			
ポスト・ドクター	9,300		9,300
研究支援推進経費			
計	9,300		