

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

平成 25 年度～平成 29 年度「私立大学戦略的研究基盤形成支援事業」 研究成果報告書概要

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 ※平成 29 年 4 月の改組に伴い応用生物科学部から生命科学部へ所属学部変更

研究代表者名	所属部局名	職名
矢嶋 俊介	生命科学部	教授

8 プロジェクト参加研究者数 37 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

※平成 29 年 4 月の改組に伴い応用生物科学部所属の一部研究者が生命科学部へ所属学部変更

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	生命科学部・教授	甲虫の形態形成と種分化	生物の形態制御
河野友宏	生命科学部・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	生命科学部・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 聰	生命科学部・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	生命科学部・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	生命科学部・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	鳥類の就巣・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	鳥類の就巣・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
尾畠やよい	生命科学部・ 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	生命科学部・ 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
岩槻 健	応用生物科学 部・准教授	味覚幹細胞の分化制御	生物の形態制御
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	鳥類の就巣・育雛行動を制 御するメカニズムの解明	生殖の機能制御

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

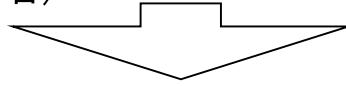
伊藤 隆司	九州大学・教授	生殖系列のリプログラミング	エピジェネティクスによる機能制御
横田 篤	北海道大学・教授	高い形質転換能をもつビフィズス菌ゲノム解析	ゲノム情報の保全と進化科学
板谷 光泰	慶應義塾大学・教授	合成ゲノム的アプローチによるゲノム構造大規模変化の導入	ゲノム情報の保全と進化科学
鈴木 穂	東京大学・教授	生殖系列のリプログラミング	エピジェネティクスによる機能制御
田中 良明	農業生物資源研究所・主任研究員	昆虫の形態形成と種分化	生物の形態制御

<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	応用生物科学部・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)



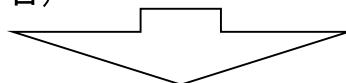
新

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

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

(変更の時期:平成 28 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
	応用生物科学部・准教授	岩槻 健	生物の形態制御

11 研究の概要(※ 項目全体を10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

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

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 37 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。

6分野の技術基盤は新型シーケンサーを利用した遺伝情報解析にあるという共通性を有する。そのため、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 m² 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。それぞれ導入後、通年で稼働可能となってからの年間平均利用時間は HiSeq2500 が約 4438 時間、MiSeq が2台で約 4710 時間である。NextSeq500 については、平均で約 804 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) 研究成果の概要 ※下記、13及び14に対応する成果には下線及び*を付すこと。

本プロジェクトでは、生命科学の研究分野で東京農大が重点領域と考える6分野を設定し、研究を遂行した。各分野の目指す最終的な方向性は異なるもの、プロジェクトにおける基盤技術は新型シーケンサーを利用した遺伝情報解析にある。このコア技術は生物資源ゲノム解析センターをハブとして集中的に遂行されることにより、各プロジェクトの研究進捗に大きく貢献した。それは、単なる解析のみならず、上に述べたような分野間での情報共有を行う機会の積極的な提供を可能にしたことでも大きく貢献している。結果、本プロジェクトにより生物

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

の機能解析を目指す生命科学の研究に情報解析技術が必須となる新型シーケンサーの技術を取り込み、アウトプットとして生命科学研究としての成果を上げることに成功した。また、その成果は、項目 13, 14 に記載のとおり多くの学術論文や学会発表として社会に発信された。それらの中には Nature, Nature Protoc., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, Cell Rep., Sci. Rep. などインパクトファクターが高い、あるいは広い分野の研究者の目に触れる学術雑誌が複数含まれている。特に、生命科学分野で年に1報のみに与えられるアメリカ科学アカデミー紀要の最優秀論文賞の受賞も含まれ、生命科学と情報科学を融合させ農学研究の拠点形成をめざす本プロジェクトの目的が十分に達成されたと考えている。

以下に代表的な課題を概要として報告する。

「生殖の機能制御」

＜卵子の質を制御する機構の解析＞

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などから、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。

この低下の原因を明らかにするため、遺伝子の発現解析を行いミトコンドリア関連の遺伝子が大きく異なっていることを見出した(*a13,*a16)。ミトコンドリアの質をさらに調べると加齢とともにゲノムに変異が蓄積することや数が減少することが分かった(*2a)。卵子形成中にミトコンドリアの数をコントロールする機構として初期卵胞時のエストラジオールが大きな役割をはたしていることが明らかになった(*a17-*a20)。次に卵子中のミトコンドリアの品質管理機構を検討した結果、ミトコンドリア障害に対する SIRT1 の活性化やミトコンドリアの分解や合成が加齢個体の卵子では、低調であることを見出した(*a1,*a8-10,*a12)。また卵子の質を決定づける他の要因を探索したところ、卵胞液や顆粒層細胞の質や数に大きな差があることを見出した。加齢個体の卵胞液には、卵子の質を損なう糖最終産物が大量に含まれていた(*a3)。卵子は周囲を取り囲んだ顆粒層細胞との相互作用のもと成長する。この細胞数は加齢や肝疾患有するなど生理状態が減退した個体の卵胞で減少する。このような個体の卵子は総じて質が悪く、発生能力も低く、卵子成長のマーカーとして用いられる ATP、脂質、卵核胞期のアセチル化状態が低調であった(*a6,*a7)。成長時期の異なる卵胞から採取した顆粒層細胞を用いて RNA-seq を行うと顆粒層細胞には解糖の亢進が認められ、卵胞中の酸素状態を模した体外培養系を用いて、細胞増殖には HIF1-VEGF を起点とした AKT-mTOR の活性化が必要であることが分かった(*a5)。このシグナルはインスリンやグルコースなどの添加物や培養条件の改変によっても活性化させることができ、この条件下で 2 週間培養した体外発育卵子は顆粒層細胞数が多く卵子の ATP、脂質含量や、アセチル化状態が高く発生能力も高かった(*a4)。

卵胞内の顆粒層細胞数を決定している要因の探索として卵胞を満たしている卵胞液を培地に添加して検討を行った。加齢と若齢個体の卵胞液を用いて small-RNAseq を行うと加齢個体特異的なマイクロ RNA を同定することが出来た。

＜卵子形成の全過程を再現する *in vitro* 系の確立＞

ほ乳類ではこれまでに、胎仔の発生過程で生じる始原生殖細胞から成熟卵子を產生する(卵子形成を再現する) *in vitro* 系がなかった。この *in vitro* 系が確立されると、複雑な過程の可視化や遺伝子機能の解析が容易になり卵子形成機構の解明が格段に進展する他、生

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

体内ではわずかにしか産生されない卵子を iPS 細胞や ES 細胞などの多能性幹細胞から量産できる可能性も秘めている。しかし、減数分裂期に移行する前の増殖期の始原生殖細胞や卵胞形成前の卵母細胞から成熟卵子を產生する *in vitro* 系の確立は、当該領域で 20 年に渡って達成できない課題であった。

そこで、卵子形成の全過程を再現する *in vitro* 系の確立を目的として、胎齢 12.5 日のマウス雌胎仔生殖巣の器官培養を行うことにした。まず、従前の *in vitro* 条件で始原生殖細胞が減数分裂期に移行することができるか否かを解析した。その結果、培養 0 日目では観察されなかった染色体対合(減数分裂期)の像が培養 5 日目には観察され、*in vitro* で始原生殖細胞から一次卵母細胞に分化する過程が達成できることがわかった。さらに培養を継続すると、卵巣内には数百の成長期卵母細胞が観察されたが、培養卵巣には血管系が存在しないことから成熟卵子を得るまで器官培養を延長することはできなかった。そこで、培養 17 日目(出生後 10 日齢相当)に培養卵巣から二次卵胞の単離を試みることにしたが、*in vitro* では正常に卵胞が形成されておらず、1 卵巣から 2–6 個の二次卵胞しか単離することができなかつた。生体の卵巣内では、顆粒膜細胞、基底膜、莢膜細胞の順で卵母細胞が覆われ卵胞という構造を形成して卵母細胞の成長・成熟が支持される。卵胞形成と卵胞の成長は卵母細胞の成長・成熟にも不可欠である。そのため、*in vitro* で始原生殖細胞から成熟卵子を產生するために克服すべき課題は卵胞形成にあると考えた。

in vitro における卵胞形成不全の原因を解明するため、我々は、卵胞形成直前の培養 7 日目の卵巣と、それと継時的に同等の出生 0 日目のマウス新生仔由来卵巣の RNA-seq 解析を行い、それぞれの遺伝子発現プロファイルを比較した。*in vitro* で分化した卵巣では、体内で分化した卵巣と同様に 35000 を超える遺伝子の発現があり両者間に大きな差が認められないことから($R = 0.99$)、卵巣の分化プログラムは *in vitro* でも概ね正常に進行していることが示唆された。これらの遺伝子群から、両者間で発現量に有意差がある遺伝子を抽出した後($p < 0.05$)、発現量が低い遺伝子を除外した($RPKM \leq 5$)。さらに両者間で 3 倍以上の発現差を呈する遺伝子群を濃縮した結果、547 遺伝子が *in vitro* で分化した卵巣と生体由来卵巣の差次的発現遺伝子として選出された。この 547 遺伝子の上流の制御因子を Ingenuity Pathway Analysis(IPA)にて検索した結果、 β -エストラジオール、SP1、 β -カテニンが有意に高い水準で発現制御に関与すると推察された。これらの因子はいずれもエストロジエン受容体である ESR1 および／あるいは ESR2 と結合し転写を制御することが既に報告されていた。そのため、*in vitro* で分化した卵巣における遺伝子発現の異常の多くは、エストロジエン受容体を介して起きていると考えられた。この事実は、胎仔期に接種した内分泌搅乱物質が卵胞形成を阻害するという過去の報告とも一致した。そこで、エストロジエン受容体の阻害剤(ICI182780; ICI)を卵胞形成期(培養 5–11 日目)の卵巣培養培地に添加した。培養 17 日目に卵巣から二次卵胞の単離を試みた結果、1、5、および $10 \mu\text{M}$ ICI 添加時に 44、53、および 82 個の二次卵胞が 1 卵巣から単離され、ICI の濃度依存的にその回収数が増加することがわかった。また、この際に、ICI と同濃度の β -エストラジオールを添加すると、1 卵巣から回収される二次卵胞数は 3 個まで減少することから、エストロジエンシグナルを制御することが卵胞形成に不可欠なことが示された。

卵母細胞をさらに成長させるため、*in vitro* で分化した卵巣から単離した二次卵胞の卵胞培養を実施した。先行研究で、高分子化合物であるポリビニルピロリドン(PVP)の添加が卵胞培養に有効であることが報告されていた。そこで、PVP を卵胞培養培地に添加した結果、卵胞培養 3 日目に卵胞発育に寄与するサイトカインの有意な発現上昇が mRNA レベルで観察された。PVP のもたらす粘性がパラクリンあるいはオートクリン因子の卵胞への作用を増

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

大きせた可能性が示唆された。卵胞培養 12–14 日目には、PVP 添加区では非添加区の 3 倍以上の数の卵丘細胞–卵母細胞複合体(Cumulus cells-Oocyte complexes; COCs)が得られ、PVP の添加が卵母細胞の生存や COCs の分化を大幅に改善することが示された。これらの COCs を成熟培養に供試し、第二減数分裂中期まで成熟させた。核型解析により、*in vitro* で PGC から分化した成熟卵子が正常な半数体であることが確認され、成熟卵子特異的な DNA メチル化インプリントも確立していることが示された。さらに、これらの卵子が機能的に成熟していることを最終証明するために、既報に従い、体外受精および胚移植を行ったところ、総計 100 匹を超えるマウスの誕生に至った。以上の結果から、マウス始原生殖細胞から成熟卵子を產生する *in vitro* 系の構築に成功したことが証明された(*a21,*a23,*a25: Cozzarelli 賞)。また、これらの *in vitro* 系を iPS 細胞や ES 細胞から分化した始原生殖細胞様細胞に導入した結果、多能性幹細胞からも個体発生支持能を有する成熟卵子の產生に成功することが示された(*a22,*a24)。

「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。(*b5)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。(*b4)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。(*b3) さらに生殖細胞の性差、ゲノム刷り込み機構の機序解明のため、シングルセル DNA メチローム解析により、マウス始原生殖細胞における脱メチル化に抵抗的な反復配列を特定した(*b1)。

「環境適応機構の制御」

＜ホルモン応答と陸上植物への進化の分子基盤解析＞

植物の環境ストレス応答においてアブシジン酸(ABA)は気孔コンダクタンスの調節や種子休眠、およびストレス関連遺伝子発現制御に関わる重要なホルモンである。細胞の ABA 応答は、ABA が PYL/PCAR 受容体に結合することで特異的なプロテインキナーゼ「SnRK2」が活性化することで開始される。活性化された SnRK2 は、ABA 誘導性遺伝子の発現制御に関わる bZIP 型転写因子をはじめ、多彩な細胞内調節因子を活性化する。このことから SnRK2 は ABA 情報伝達の「コア因子」として機能していると考えられているが、その活性化メカニズムについては不明な点が多い。そのため、遺伝子ターゲティングが可能であり、全ゲノム解析が完了しているモデルコケ植物である蘚類ヒメツリガネゴケ (*Physcomitrella patens*) において SnRK2 の活性化に欠損のある ABA 非感受性変異株 AR7 のゲノム解析を通して、SnRK2 活性化に関わる情報因子を同定することを目的とした。

従来、SnRK2 の活性化は、ABA 存在下で負の制御因子 PP2C による抑制が解除されることで、自己リン酸化の促進が起こると考えられてきた。しかし、坂田らによるヒメツリガネゴケ PP2C の完全ノックアウト株の解析により、SnRK2 の活性化には PP2C 以外の未知の活

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

性化因子が必須であることが強く示唆された。一方、ヒメツリガネゴケ AR7 株は他の植物にはない著しい ABA 非感受性表現型を示す変異株として単離された。最近、AR7 株では SnRK2 の活性化がほぼ消失していることが明らかとなり、この変異株が SnRK2 の活性化に関わる情報因子に欠損を持つ可能性が高いことが示唆された。AR7 株の変異遺伝子を特定することは、ABA 応答の初期プロセスを理解する上できわめて重要であると考えられるが、遺伝学的マッピングによるポジショナルクローニングが難しいヒメツリガネゴケでは、ゲノムシーケンシングによる遺伝子の比較解析が有効であると考えられた。

そこで、次世代シークエンサーを用いた AR7 株の全ゲノム配列の解読を行い、変異箇所の同定を試みた。AR7 株のゲノムは 20 倍を超える高いカバー率で解読された。AR7 株の元株となる野生型株 (WT) には、機能に影響しない自然発生的な変異の蓄積が予想されたため、WT 株のリシーケンスデータを取得し、自然発生変異を解析から除外する行程を挟んだ。その上で WT 株と AR7 株の配列比較を行った結果、AR7 株に特異的な 2068 の変異箇所が同定された。その中で、非同義置換を伴う変異は 47 箇所であった。これら変異を有する遺伝子に相当する野生型遺伝子 cDNA をクローニングし、AR7 の相補実験を行ったところ、Raf 様キナーゼをコードする遺伝子が AR7 の ABA 感受性を回復させた。我々は、この遺伝子を ARK (ABA and abiotic stress-responsive Raf-like kinase) と命名した。その後の生化学的実験から、ARK が SnRK2 を直接リン酸化して活性化することを示し、本研究は植物における SnRK2 の上流キナーゼを初めて同定した研究となった。（*c2）

＜ストレスに強いヨシの遺伝情報基盤の確立＞

様々なストレスに強いイネ科植物のヨシは研究者が少なく、公共データベース上の塩基配列情報も少ない。そこで 1 つの種子に由来する実生の根を塩ストレスにさらしたのち total RNA を取得し、RNA-Seq を依頼、イオン輸送体と思われる配列の抽出まで行った。これをもとに、根からの効率的な Na⁺ 排出に寄与すると思われる K⁺ 輸送体の絞り込みを行っている。植物ゲノム上の K⁺ 輸送体遺伝子は非常に数が多く、発現している輸送体遺伝子の配列を一挙に取得できたことで、ゲノムプロジェクトがない植物でも輸送体遺伝子の研究が容易になった。（*1c）

「生物の形態制御」

＜味幹細胞培養系の確立と分化メカニズムの解明＞

味細胞は再生を繰り返す内胚葉由来の上皮細胞であり、約 2 週間で再生する。しかし、味細胞分化に関する知見は少なく、ES 細胞や iPS 細胞から味細胞を作製することは困難である。我々は最近、世界に先駆けて味蕾基底部に味幹細胞を同定し、続いて味蕾オルガノイド培養系の確立に成功し、同培養系を用いてこれまで不明であった味幹細胞から成熟味細胞への分化メカニズムを目指した。

これまでに、Lgr5-EGFP の味蕾周辺部より EGFP 陽性細胞を分取し味蕾オルガノイド培養を成功させている。まず、Lgr5-EGFP マウスの舌より有郭乳頭周辺の味蕾組織を dispase 消化することにより取得し、FACS によるソーティングにより EGFP 陽性細胞のみ単離した上でオルガノイド培養に供した。オルガノイド培養では、幹細胞だけが増殖する環境を構築した。約 5 日後には、味蕾幹細胞が増殖した結果としてボール状の細胞塊が観察された。約 7 日経つと、免疫染色によりうま味、甘味、苦味を伝える II 型味細胞のマーカーである αGustducin および III 型味細胞のマーカーである CA4 (carbonic anhydrase 4) の発現が確認された。これらの味細胞マーカー分子の発現は、培養 12 日まで増え続けた。次に、培養

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

開始から培養 14 日に至るまでの遺伝子変化を調べるために、オルガノイド培養 Day 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14 の各ポイントにて RNA を抽出し、遺伝子発現を RNA-se により網羅的に解析した。

これまでの解析により、k-means クラスター解析 (k=6)により、培養を進めるにつれ、発現が亢進し続ける遺伝子群が見出された。本遺伝子群には化学感覚に関わる遺伝子群として味細胞関連分子が多く入っており、免疫染色の結果を裏付けるように約 2 週間で成熟した味細胞が出現する事が明らかとなった。遺伝子発現が亢進する 2 つのクラスターを見いだした。

逆に、培養 14 日に向けて減少する遺伝子群も存在したが、これらは幹細胞や増殖に関わる遺伝子群であり、発現が亢進する遺伝子群と機能が異なる事が分かった。

以上の事から、味幹細胞を 2 週間にわたり培養する事で、成熟した味細胞が出現する事が分かった。(*d1)

<ダイコンゲノムと根肥大メカニズムの解析>

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査した。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。(*d2)

<ラットモデルを用いたヒト小眼球症の解析>

ヒト小眼球症は 10,000 人に 1 人の割合で発症し、そのほとんどの患者が視力を欠失する極めて重篤な先天性眼疾患であり、多くの症例において発症原因が明らかにされていない。Nodai aphakia (NAK/Nokh) は東京農業大学生物産業学部において SD 系統から自然発症によって単離された劣性の無眼球ラットであり、我々は NAK ラットが胎子期の眼球発生異常により無眼球となることを明らかにしてきた。さらに、NAK と一般的なラット系統との戻し交配個体はヒト小眼球症と類似した不均一な病態を示し、そのパターンは交配する系統間によつて大きく異なった (*7d)。

また、連鎖解析により NAK の小眼球症における責任遺伝子座を第 16 番染色体および第 2 番染色体に検出し、NAK ラットの 小眼球症は複数の遺伝的要因によって引き起こされることを明らかにした (*7d, *11d)。さらに、これらの染色体領域にコードされる遺伝子群について、WGS および RNA-seq 解析、ならびにサンガーフラスによる変異解析を行った結果、*Tti2* のミスセンス変異、*Cyp4v3* の 3' 領域の大規模な欠失変異、ならびに *Gja8* のミスセンス変異が検出され、それらは NAK 表現型に関与する有力な候補遺伝子であることが推測された (*9d, *10d)。

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

「生物機能の食資源生産への応用」

<ホップの芳香を決める遺伝情報基盤の解析>

雌雄異株のアサ科の多年草植物ホップ(*Humulus lupulus L.*)は、ビールに独特の香氣と苦みをもたらす作物であり、ドイツ、チェコ、アメリカを中心に、年間約9万トンが生産されている。ホップの品質は苦味成分であるα酸含量を元に評価されてきたが、消費者の嗜好性の多様化に伴い、近年ではホップの様々な芳香に商品価値が見出されるようになってきた。これらの芳香は、ホップ雌花球果の苞葉の特殊な器官「ルプリン腺」において作られる精油成分(主にテルペノイド類)に起因し、特徴的な芳香をもつホップ品種の開発はホップの育種目標の一つにもなっている。ホップの雌花が多様な成分を生成する分子メカニズムを明らかにすべく研究を計画した。

本課題では、サッポロビール(株)が北海道の自社圃場において栽培しているホップ育成株の中から香氣成分含量の異なる品種を選び、ルプリン腺から RNA 画分を調製し、次世代シークエンサーを用いたトランスクリプトーム解析により、発現している遺伝子を網羅的に解析した。ホップ全ゲノム長の4倍程度の約 10,000 メガ塩基の配列解析結果から、ルプリンでは約 2 万個の遺伝子が発現していると推定された。そのうち 8 割は既知遺伝子と類似性が見出され、機能が推定された。

その結果として 1) ホップの葉及び根のトランスクリプトーム解析を実施し、ルプリンにおける発現遺伝子の特徴を示すことが出来た。2) 品種間の香氣成分含量と遺伝子発現量を比較し、両者が相關する遺伝子を選抜することが出来た。特定の遺伝子の発現が香氣成分量を規定していることが考えられた。3) 野生品種と栽培品種の発現遺伝子の比較から、野生品種の特徴的な芳香の生成に寄与する遺伝子を絞り込むことが出来た。

ルプリンにおいて発現している遺伝子を網羅的に解析し、その発現量を比較できたことから、種々の遺伝子について香氣成分量との相関を比較することができた。

「ゲノム情報の保全と進化科学」

<絶滅したカワウソの系統解析>

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、新型シークエ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。分歧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。
(*f14)(*79f,*92f)

<細胞における増殖停止期の生存戦略ならびに変異蓄積と進化に関する理論構築>

第一の課題は、細菌の増殖曲線における対数増殖期から定常期への遷移期に単細胞レベルの主要な細胞制御機構が凝縮していることにに基づく課題である。増殖遷移期は、栄養環境の変化を感じてさまざまな対処をし、個々の生命機能がネットワークを形成して連携し、生存戦略を練る時期であるといえる。このような細胞機能を幾つかの具体的な分子機能から探ることにより、生存戦略の全体像を明らかにすることを目的としている。1つは緊縮応答における RNA ポリメラーゼコア酵素の新規機能であり、転写開始点に依存した調節機構を見出した。枯草菌における通常の緊縮応答においては、アミノ酸飢餓等の状況に応じて GTP 合

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

成を下げる機構が働き、ATP レベルに対する GTP レベルを下げ、増殖を抑制してアミノ酸合成等の遺伝子発現を活発化させるという独特の系が働く。これに対し我々は、GTP レベルの低下がなくても転写装置の変異により、同様の遺伝子発現パターンを実現するという興味深い現象を見出した。RNA-seq 解析等により、細胞全体で転写開始点に依存した発現パターンの変化を確認した。転写制御に関するコア酵素の役割は、古くから知られていた転写制御に関する異種生物間での違いの謎を解き明かす手がかりにもなっている。コア酵素は転写装置の合成本体という認識のみよく知られていたが、環境変化に応答する新規機能として解明した点は、歴史的にも大きな意味がある。プロモーター認識においても、シグマ因子だけではないコアの機能を見出した点は転写制御に歴史的な 1 ページを加えられると考える。

次に、必須の二成分制御系 WalR/WalK の必須性に関する解析である。これは、細胞の増殖と分裂を司る必須の脂質合成因子 PlsX の解析から得られた結果の一つである。すなわち、WalR/WalK の必須性は生長環境に応じて、エンドペプチダーゼ (LytE, CwlO) とその阻害因子 (IseA, PdaC) の発現を調節してペプチドグリカン合成を協調させることであるという結論を得た (*f3, *f4)。*f3 の中心的実験結果として、必須二成分制御系を欠失させる人為的条件を見出したが、これはこれまで謎であった必須性の機能を示唆する上で極めて効果的な実験であり、世界中の多くの研究者が試みて出来なかつた成果である。学会でも高く評価され、この成果によって具体的な標的を目指した研究が加速すると考えられる。

第二の課題は、実験進化の手法を用い、進化方程式を確立させて理論構築を行おうという試みである。先ずは既存のデータベースを利用して SNP のパターン解析を行い、SNPs の入り方がランダムではなくべき乗則に従う、すなわち 一度入った変異の近傍に次の変異が入る確率が高い、という理論を提案した (*f11)。さらに酵母や枯草菌を用いて継代培養し、新しく入る変異がその理論に従うかどうかの検証を行ったところ、やはりべき乗則に従うことを証明する結果を得た。進化を時系列で追跡した報告は近年増えているが、それを数学者と共同で理論構築した例は世界で初だと思われる。

一方、枯草菌 168 株のゲノムには挿入配列 (IS) が存在しない謎を解き明かすべく、人為的転移アッセイ系を構築して解析してきたが、コンピテンス誘導が特徴的な 168 株において、形質転換に必須な recA が転移に必須であることを突き止めた (*f9)。挿入配列の転移において完全に依存する転移因子が同定されたのは初めてである。

以上の成果は、微生物遺伝学に極めて斬新な手法を用いることで、解析技術とコンセプトを拡げるために大きく貢献してきたと考える。

＜優れた成果が上がった点＞

- 項目 13 に示した中で特に、以下のとおり、主要な国際科学雑誌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) (*b4) などに掲載され、多くの成果を上げている。
 - ・アブシ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いだし、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。(*c2)
 - ・味覚幹細胞から成熟細胞への分化過程における遺伝子発現パターン解析の成果が Scientific Reports に掲載される (*d1) とともに日経産業新聞にも掲載された。
 - ・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

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

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(*d2)とともに新聞他メディアに掲載された。

- ・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る PLoS One (IF 3.2) に掲載される(*f14)とともに新聞他メディアに掲載された。
- ・上記に記載はないが、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。(f15)
- ・減数分裂期に移行する前の増殖期の始原生殖細胞や卵胞形成前の卵母細胞から成熟卵子を産生する *in vitro* 系の確立に成功し、その成果は Proc. Natl. Acad. Sci. USA(*a25), Nature(*a24), Nat Protocol(*a21,*a22)に掲載された。特に Proc. Natl. Acad. Sci USA では 2016 年度の最優秀論文賞(Cozzarelli 賞)を受賞した。日本人のみのチーム、日本人女性リーダーという点で日本初づくしとなった。

<課題となった点>

6つの分野ごとに進捗状況の差がみられるものの、研究対象がモデル生物なのか非モデル生物なのかという点や、ゲノムサイズが小さい細菌を対象としているのかなどにより、ほぼ考慮される範囲と考える。本プロジェクトでは、短期間で大量に得られる塩基配列データを処理するために、情報科学分野の技術が重要である。その認識の上に、ソフト、ハード面からの対応に務めてきたが、特にソフト面の人材確保という点において、研究が進捗に応じてさらに必要性、重要性が増す結果となり、その確保が容易ではなく、必要な人材を育成するなどのさらなる対策が重要であると考えられた。

<自己評価の実施結果と対応状況>

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。中間評価までで、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、との評価もあった。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。これに対し、2016 年 7 月には「NGS 利用法最前線」というシンポジウムを開催し次世代シーケンサー技術の有用性、応用性をアピールするとともに、2018 年 1 月には、本プロジェクトの課題名を冠したシンポジウムを開催し、プロジェクトの成果と東京農大での研究における次世代シーケンサーの有用性を学外に発信するための活動を行った。その結果、日経産業新聞の取材を受け、作物のマーカー作成(2018 年 2 月 26 日付)、環境ゲノム解析の試み(2018 年 2 月 9 日付)が記事として掲載された。

また、成果の論文発表、学会発表も多数おこなえたことも、成果の社会への発信に繋がったと考えている。

<外部(第三者)評価の実施結果と対応状況>

中間報告の段階で、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

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

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。そのため、学内の講習会や情報共有により、参加研究者や大学院生がセンターでの作業にもより積極的に取り組むことを目指した。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。そのため、セミナー、シンポジウムの開催による先端情報の収集などを行った。また、生物機能の解析には時間がかかるため、中間報告段階に比べ、最終報告段階では結果が得られてきたと考えられる。再度外部評価を依頼し、その成果を認めて頂く一方、今後ゲノム編集のような新たな技術との連携への期待も頂いた。

<研究期間終了後の展望>

本プロジェクトにより、次世代シーケンサーを利用することで、様々な生物あるいは、モデル生物における網羅的かつ精密な遺伝情報取得およびその解析が可能となった。プロジェクトの推進のために、ゲノム解析センターをハブとし、各テーマの技術的な共通点として、網羅的シーケンスとそのインフォマティクス解析を行った。これにより、単にシーケンスを行うだけ無く、各テーマ間での情報共有や技術移転が効率的に行われた。今後もセンターを中心に、さらなる研究の展開が期待される。

<研究成果の副次的効果>

- ・ウズラやダイコンゲノムの解析結果を広く利用してもらうために、公共データベースへの登録の他に、専用のデータベースを設置し、ゲノム情報だけではなく付随する関連情報も利用しやすいようにした。(ウズラ :www.nodai-genome.org よりリンク)(ダイコン :www.nodai-genome-d.org)
- ・卵細胞の生育研究結果は特許出願を行い、また企業との技術移転契約を行った。
- ・本プロジェクトの活動中心組織である生物資源ゲノム解析センターが、国内でも有数の次世代シーケンサーの運用実績を持つことの評価を得て、大学共同利用機関法人 情報システム研究機構 国立遺伝学研究所と東京農大が包括的連携協定の締結に至った(2016年8月4日)。
- ・本プロジェクトによる次世代シーケンサーを用いた解析技術の向上により、近年登場した環境ゲノム解析の分野にゲノムセンターとして貢献することができ、その成果は「コップ一杯の水からオランウータンの生息状況を知る」として、Biological Conservation (2017) 210, 281に掲載されるとともに、読売新聞(2018年2月2日)他、多数のメディアに取り上げられた。

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) 生殖 | (2) エピジェネティクス | (3) 環境適応 |
| (4) 生物の形態 | (5) 食資源 | (6) 進化 |
| (7) 遺伝情報 | (8) 次世代シーケンサー | |

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。

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

<雑誌論文>

a) 生殖の機能制御

- *a1. Kansaku K, Takeo S, Itami N, Kin A, Shirasuna K, Kuwayama T, Iwata H. Maternal aging affects oocyte resilience to carbonyl cyanide-m-chlorophenylhydrazone-induced mitochondrial dysfunction in cows. PLoS One. 12:e0188099 (2017).
- a2. Abe T, Kawahara-Miki R, Hara T, Noguchi T, Hayashi T, Shirasuna K, Kuwayama T, Iwata H. Modification of mitochondrial function, cytoplasmic lipid content and cryosensitivity of bovine embryos by resveratrol. J Reprod Dev. 63:455-461 (2017).
- *a3. Takeo S, Kimura K, Shirasuna K, Kuwayama T, Iwata H. Age-associated deterioration in follicular fluid induces a decline in bovine oocyte quality. Reprod Fertil Dev. 29:759-767 (2017).
- *a4. Munakata Y, Kawahara-Miki R, Shirasuna K, Kuwayama T, Iwata H. Polyacrylamide gel as a culture substrate improves in vitro oocyte growth from porcine early antral follicles. Mol Reprod Dev. 84:44-54(2017).
- *a5. Shiratsuki S, Hara T, Munakata Y, Shirasuna K, Kuwayama T, Iwata H. Low oxygen level increases proliferation and metabolic changes in bovine granulosa cells. Mol Cell Endocrinol. 5; 437:75-85 (2016).
- *a6. Munakata Y, Ichinose T, Ogawa K, Itami N, Tasaki H, Shirasuna K, Kuwayama T, Iwata H. Relationship between the number of cells surrounding oocytes and energy states of oocytes. Theriogenology. 86:1789-1798 (2016).
- *a7. Munakata Y, Kawahara-Miki R, Shiratsuki S, Tasaki H, Itami N, Shirasuna K, Kuwayama T, Iwata H. Gene expression patterns in granulosa cells and oocytes at various stages of follicle development as well as in in vitro grown oocyte-and-granulosa cell complexes. J Reprod Dev. 62:359-66 (2016).
- *a8: 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)
- *a9: 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)
- *a10: 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)
- a11: Oi A, Tasaki H, Munakata Y, Shirasuna K, Kuwayama T, Iwata H. Effects of reaggregated granulosa cells and oocytes derived from early antral follicles on the properties of oocytes grown in vitro. J Reprod Dev. 61:191-7 (2015).
- *a12: 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)
- *a13: 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).

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

- a14: 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).
- a15: 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).
- *a16: Takeo S, Kawahara-Miki R, Goto H, Cao F, Kimura K, Monji Y, Kuwayama T, Iwata H. Age-associated changes in gene expression and developmental competence of bovine oocytes, and a possible countermeasure against age-associated events. Mol Reprod Dev. 80: 508-21 (2013).
- *a17: Tasaki H, Iwata H, Sato D, Monji Y, Kuwayama T. Estradiol has a major role in antrum formation of porcine preantral follicles cultured in vitro. Theriogenology.;79:809-14 (2013).
- *a18: Takeo S, Goto H, Kuwayama T, Monji Y, Iwata H. Effect of maternal age on the ratio of cleavage and mitochondrial DNA copy number in early developmental stage bovine embryos. J Reprod Dev. 59:174-9 (2013).
- *a19: 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).
- *a20: Endo M, Kawahara-Miki R, Cao F, Kimura K, Kuwayama T, Monji Y, Iwata H. Estradiol supports in vitro development of bovine early antral follicles. Reproduction. 145:85-96 (2013).
- *a21: Morohaku K, Hirao Y, Obata Y. Development of fertile mouse oocytes from mitotic germ cells in vitro. Nat Protoc 12, 1817-1829 (2017)
- *a22: Hayashi K, Hikabe O, Obata Y, Hirao Y. Reconstitution of mouse oogenesis in a dish from pluripotent stem cells. Nat Protoc 12, 1733-1744 (2017)
- *a23: Morohaku K, Hirao Y, Obata Y. Differentiation of mouse primordial germ cells into functional oocytes in vitro. Ann Biomed Eng 45, 1608-1619 (2017)
- *a24: Hikabe O, Hamazaki N, Nagamatsu G, Obata Y, Hirao Y, Hamada N, Shimamoto S, Imamura T, Nakashima K, Saitou M, Hayashi K. Reconstitution in vitro of the entire cycle of the mouse female germ line. Nature 539, 299-303 (2016)
- *a25: Morohaku K, Tanimoto R, Sasaki K, Kawahara-Miki R, Kono T, Hayashi K, Hirao Y, Obata Y. Complete in vitro generation of fertile oocytes from mouse primordial germ cells. Proc Natl Acad Sci USA 113, 9021-9026 (2016) **Cozzarelli賞(Biological Sciences部門最優秀論文賞)**
- a26: Ishige T, Hara H, Hirano T, Mannen H, Kono T, Hanzawa K. Basic characterization of avian β -defensin genes in the Japanese quail, *Coturnix japonica*. Animal Science Journal 87:311-320 (2016)
- a27: 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)
- a28: Matsubayashi H, Hanzawa K, Kono T, Ishige T, Gakuhari T, Lagan P, Sunjoto I, Rafiah J, Sukor A, Sinun W, Ahmad AH. First molecular data on Bornean banteng *Bosjavanicus lowi* (Cetartiodactyla, Bovidae) from Sabah, Malaysian Borneo. Mammalia

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

78:523–531 (2014)

- a29: 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: Kobayashi H, Koike T, Sakashita A, Tanaka K, Kumamoto S, Kono T. Repetitive DNA methylome analysis by small-scale and single-cell shotgun bisulfite sequencing. *Genes Cells* 21, 1209-1222 (2016)
- b2: Morohaku K, Hirao Y, Obata Y. Developmental competence of oocytes grown in vitro: Has it peaked already? *J Reprod Dev* 62:1-5 (2016)
- *b3: 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)
- *b4: 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)
- *b5: 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)
- b6: 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)
- b7: Obata Y. Epigenetic modification in mouse oocytes. *J Mam Ova Res* 31:62-69 (2014)
- b8: 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)
- b9: 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)
- b10: 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)
- b11: 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: Kusunoki, K, Nakano Y, Tanaka K, Sakata Y, Koyama H, Kobayashi Y. Transcriptomic

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

variation among six *Arabidopsis thaliana* accessions identified several novel genes controlling aluminium tolerance. *Plant cell environ* 40, 249–263 (2016).

*c2: 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. Ren W, Aihara E, Lei W, Gheewala N, Uchiyama H, Margolskee R, Iwatsuki K, Jiang P. Transcriptome analyses of taste organoids reveal multiple pathways involved in taste cell generation. *Sci. Rep.* 7, 404 (2017)

*d2: 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)

d3: 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, Sasaki F, Maeno S, Kanesaki Y, Hamaguchi Y, Torres GA, Tomita S, Nakagawa J. In vitro and in silico characterisation of *Lactobacillus paraplatanarum* D2-1, a starter culture for soymilk fermentation. *Int J Food Sci Nutr* 10, 1-13 (2018).

e2: Maeno S, Tanizawa Y, Kanesaki Y, Kubota E, Kumar H, Dicks L, Salminen S, Nakagawa J, Arita M, Endo A. Genomic characterization of a bee symbiont fructophilic *Lactobacillus kunkeei* reveals its niche-specific adaptation. *Syst Appl Microbiol* 39, 516-526 (2016)

e3: 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)

e4: 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: Nishimura I, Shiwa Y, Sato A, Oguma T, Yoshikawa H, Koyama Y. Comparative genomics of *Tetragenococcus halophilus*. *J Gen Appl Microbiol*. 63: 369-372. (2018)

f2: Tajima N, Kanesaki Y, Sato S, Yoshikawa H, Maruyama F, Kurokawa K, Ohta H, Nishizawa T, Asayama M, Sato N. Complete Genome Sequence of the Nonheterocystous Cyanobacterium *Pseudanabaena* sp. ABRG5-3. *Genome Announc*. 6: e01608-17. (2018)

*f3: Takada H, Shiwa Y, Takino Y, Osaka N, Ueda S, Watanabe S, Chibazakura T,

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

- Su'etsugu M, Utsumi R, Yoshikawa H. Essentiality of WalRK for growth in *Bacillus subtilis* and its role during heat stress. Microbiology. 164(4):670-684. (2018)
- *f4: Takada H, Yoshikawa H. Essentiality and function of Walk/WalR two-component system: the past, present, and future of research. Biosci Biotechnol Biochem. 82(5):741-751. (2018) (日本農芸化学会功績賞 Award Review)
- f5: Inoue-Sakamoto K, Nazifi E, Tsuji C, Asano T, Nishiuchi T, Matsugo S, Ishihara K, Kanesaki Y, Yoshikawa H., and Sakamoto T. Characterization of mycosporine-like amino acids in the cyanobacterium *Nostoc verrucosum*. J Gen Appl Microbiol (2018) in press
- f6: Matsuda K, Hasebe F, Shiwa Y, Kanesaki Y, Tomita T, Yoshikawa H., Shin-Ya K, Kuzuyama T, Nishiyama M. Genome Mining of Amino Group Carrier Protein-Mediated Machinery: Discovery and Biosynthetic Characterization of a Natural Product with Unique Hydrazone Unit. ACS Chem Biol. 12(1):124-131. (2017)
- f7: Tezaki S, Iwama R, Kobayashi S, Shiwa Y, Yoshikawa H., Ohta A, Horiuchi H, Fukuda R. $\Delta 12$ -fatty acid desaturase is involved in growth at low temperature in yeast *Yarrowia lipolytica*. Biochem Biophys Res Commun. 488: 165-170. (2017)
- f8: Hirooka S, Hirose Y, Kanesaki Y, Higuchi S, Fujiwara T, Onuma R, Era A, Ohbayashi R, Uzuka A, Nozaki H, Yoshikawa H., Miyagishima SY. Acidophilic green algal genome provides insights into adaptation to an acidic environment. Proc Natl Acad Sci U S A. 114: E8304-E8313. (2017)
- *f9: Akashi M, Harada S, Moki S, Okouji Y, Takahashi K, Kada S, Yamagami K, Sekine Y, Watanabe S, Chibazakura T, Yoshikawa H. Transposition of insertion sequence IS256Bsu1 in *Bacillus subtilis* 168 is strictly dependent on recA. Genes Genet Syst. 92(2):59-71. (2017)
- f10: Hirokawa Y, Kanesaki Y, Arai S, Saruta F, Hayashihara K, Murakami A, Shimizu K, Honda H, Yoshikawa H., Hanai T. Mutations responsible for alcohol tolerance in the mutant of *Synechococcus elongatus* PCC 7942 (SY1043) obtained by single-cell screening system. J Biosci Bioeng. pil: S1389-1723 (17) 30912-X. (2017)
- *f11: 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(5):396-407. (2016)
- f12: Miwa S, Kihira E, Yoshioka A, Nakasone K, Okamoto S, Hatano M, Igarashi M, Eguchi Y, Kato A, Ichikawa N, Sekine M, Fujita N, Kanesaki Y, Yoshikawa H., Utsumi R. Identification of the Three Genes Involved in Controlling Production of a Phytotoxin Tropolone in *Burkholderia plantarii*. J Bacteriol. 198(11):1604-1609. (2016)
- f13: Ota Y, Chinen T, Yoshida K, Kudo S, Nagumo Y, Shiwa Y, Yamada R, Umihara H, Iwasaki K, Masumoto H, Yokoshima S, Yoshikawa H., Fukuyama T, Kobayashi J, Usui T. Eudistomin C, an Antitumor and Antiviral Natural Product, Targets 40S Ribosome and Inhibits Protein Translation. Chembiochem. 17(17):1616-20. (2016)
- *f14: Waku D, Segawa T, Yonezawa T, Akiyoshi A, Ishige T, Ueda M, Ogawa H, Sasaki H, Ando M, Kohno N, Sasaki T. Evaluating the Phylogenetic Status of the Extinct Japanese Otter on the Basis of Mitochondrial Genome Analysis. PLoS One 11:e0149341 (2016)
- f15: Ohbayashi R, Watanabe S, Ehira S, Kanesaki Y, Chibazakura T, Yoshikawa H. Diversification of DnaA dependency for DNA replication in cyanobacterial evolution.

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

ISME J, 10:1113-1121 (2016)

- f16: 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)
- f17: 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)
- f18: 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 lowii*; Cetartiodactyla, Bovidae). Mitochondria DNA 27:2453-2454 (2016)
- f19: 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)
- f20: 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)
- f21: 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)
- f22: 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)
- f23: 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)
- f24: 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)
- f25: 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)
- f26: 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)
- f27: Arai-Kichise Y, Shiwa Y, Ebana 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)
- f28: 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)

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

- f29: 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)
- f30: 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、尾畠やよい、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、大藏聰、代田眞理子、田中知己、岡村裕昭、河野友宏、尾畠やよい、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」株式会社インターブー 2013 年 9 月

d) 生物の形態制御

- 1: 岩槻健 おいしさの科学とビジネス展開の最前線 第 3 章 味細胞の発生・再生と培養、都甲潔、柏柳誠 編、シーエムシー出版(2017)
- 2: Mitsui Y. Gene expression profiles during tuberous root development. In Takeshi Nishio and Hiroyasu Kitashiba (eds.) Compendium Plant Genomes, The Radish Genome. pp.109-119. Springer Nature (2017).

f) ゲノム情報の保全と進化科学

- 1: Okamoto-Kainuma A, Ishikawa M. 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, 2016 年.

<学会発表>

a) 生殖の機能制御

- 1a: Iwata H. Granulosa cell number and oocyte growth, Fourth world congress of reproduction biology (WCRB2017.09.Okinawa)
- *2a: KinA, Kansaku K et al. Age associated increases in mitochondrial DNA mutation in bovine oocytes (The 11th congress of the pacific society for reproductive medicine (2017.10. Osaka))
- 3a: 尾畠やよい 「in vitro 卵形成から学ぶ卵胞形成のメカニズム」第 13 回日本生殖発生医学会シンポジウム 東京 2018 年 3 月 18 日
- 4a: 石井梓, 石毛太一郎, 平野貴, 原ひろみ, 半澤恵, ニホンウズラ腸内細菌叢の加齢に伴う変化.

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

日本畜産学会第 124 回大会, 文京区, 2018 年 3 月

- 5a: 石毛太一郎, 志波優, 原ひろみ, 平野貴, 半澤恵, ニホンウズラの宿主防御ペプチド(HDP)のアミノ酸配列と腸内細菌叢との関係 日本畜産学会第 124 回大会, 文京区, 2018 年 3 月
- 6a: Tanimoto R, Morohaku K, Kono T, Hirao Y, Obata Y. 4th World Congress of Reproductive Biology, Okinawa, 27–29 September 2017, Control of oocyte cyst breakdown and granulosa cell differentiation via inhibition of the estrogen pathway is required for normal follicle assembly.
- 7a: Obata Y. Maturing Embryonic Ovarian PGCs into Functional Oocytes in Culture. Gordon Research Conference 2017 Germinal Stem Cell Biology, Hong Kong, 18–23 June 2017.
- 8a: 朝治桜子, 石毛太一郎, 鈴木進悟, 細道一善, 椎名隆, 原ひろみ, 平野貴, 半澤恵, RNA-Seq によるニホンウズラ Mhc クラス IIB 遺伝子座の多様性解析. ConBio2017, 神戸市, 2017 年 12 月,
- 9a: 石井梓, 石毛太一郎, 平野貴, 原ひろみ, 半澤恵, ニホンウズラ腸内細菌未同定菌の検索と週齢に伴う変化. 日本畜産学会第 123 回大会, 伊那市, 2017 年 9 月
- 10a: Ishige T, Hara H, Hirano T, Hanzawa K. Diversity analysis of AvBD gene region in Japanese quail. 36th International Society for Animal Genetics Conference, Dublin, 2017 July (ベストポスター賞受賞)
- 11a: 石井梓, 石毛太一郎, 平野貴, 原ひろみ, 半澤恵, ニホンウズラ腸内細菌叢を構成するグラム陰・陽性細菌および週齢の関係. 日本畜産学会第 122 回大会, 神戸市, 2017 年 3 月
- 12a: 朝治桜子, 石毛太一郎, 細道一善, 鈴木進悟, 原ひろみ, 平野貴, 椎名隆, 半澤恵, RNA-seq により発現を確認したニホンウズラ MHC クラス Ia(Coja·IA) 遺伝子座の多様性解析. 日本畜産学会第 122 回大会, 神戸市, 2017 年 3 月
- 13a: 石毛太一郎, 原ひろみ, 平野貴, 半澤恵, ニホンウズラ Avian β -defensin(CjAvBD) 遺伝子群の解析. 日本畜産学会第 122 回大会, 神戸市, 2017 年 3 月
- 14a: 尾畠やよい、平尾雄二 「マウス始原生殖細胞から卵子を産生する新規 in vitro 系の開発」第 39 回日本分子生物学会年会ワークショップ 横浜 2016 年 11 月 30 日–12 月 2 日
- 15a: Hirao Y, Obata Y. Complete in vitro generation of fertile oocytes from mouse primordial germ cells. 2016 ART World Congress, N.Y., 13–14 September 2016,
- 16a: 朝治桜子, 石毛太一郎, 鈴木進悟, 細道一善, 椎名隆, 原ひろみ, 平野貴, 半澤恵, RNA-Seq によるニホンウズラの機能的主要素域適合性複合体遺伝子座の多様性解析. 日本DNA多型学会 第 25 回学術集会, 柏市, 2016 年 12 月,
- 17a: Ishige T, Hara H, Hirano T, Hanzawa K. Effect of the amino acid change in the Japanese quail NK-lysin (CJNKL) on antimicrobial activity. The 17th Asian-Australasian Animal Production (AAAP) Animal Science Congress, Fukuoka, 2016 August
- 18a: Asaji S, Suzuki S, Hosomichi K, Hara H, Hirano T, Shiina T, Hanzawa K. Identification of transcribed quail Mhc class II β loci of haplotype*01 via amplicon sequencing of cDNA by next generation sequencer. The 17th Asian-Australasian Animal Production (AAAP) Animal Science Congress, Fukuoka, 2016 August
- 19a: Asaji S, Suzuki S, Ishige T, Hosomichi K, Shiina T, Hara H, Hirano T, Hanzawa K. Diversity analysis of transcribed MHC class II β loci in Japanese quail. 35th International Society for Animal Genetics Conference, Salt Lake City, 2016 July
- 20a: 諸白家奈子、谷本連、佐々木恵亮、林克彦、平尾雄二、尾畠やよい 「マウス胎仔卵巣のガラス化保存と体外培養による始原生殖細胞の高度利用技術の開発」第 109 回日本繁殖生物学会 相模原市 2016 年 9 月 11 日–16 日
- 21a: 谷本連、諸白家奈子、河野友宏、平尾雄二、尾畠やよい 「ステロイドホルモン受容体の制御が in vitro におけるマウス卵胞形成に果たす役割」第 109 回日本繁殖生物学会 相模原市 2016 年 9 月 11 日–16 日

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

- 22a: Tanimoto R, Morohaku K, Sasaki K, Kawahara-Miki R, Kono T, Hayashi K, Hirao Y, Obata Y. Abnormal Follicle Assembly In Vitro Correlates with Ectopic Expression of Amh in Mice. 49th Annual Meeting of Society for the Study of Reproduction, San Diego, 16–20 July 2016
- 23a: 谷本連、諸百家奈子、河野友宏、平尾雄二、尾畠やよい 「in vitro で分化したマウス胎仔卵巢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 17 日–20 日
- 24a: 第 108 回日本繁殖生物学会シンポジウム 宮崎 2015 年 9 月 17 日–20 日 尾畠やよい、平尾 雄二 「in vitro において產生されたマウス卵の発生能」
- 25a: 石毛太一郎、原ひろみ、平野貴、半澤惠、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、日獸大、2016 年 3 月
- 26a: 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
- 27a: 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
- 28a: 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
- 29a: 朝治桜子、鈴木進悟、平野貴、原ひろみ、椎名隆、半澤惠、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 II β 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
- 30a: 石毛太一郎、原ひろみ、平野貴、半澤惠、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
- 31a: 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す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
- 32a: 石毛太一郎、覚張隆史、半澤惠、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
- 33a: 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す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
- 34a: 石毛太一郎、平野貴、原ひろみ、半澤惠、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
- 35a: 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する変異の探第 37 回 日本分子生物学会年会、横浜、2014 年 11 月
- 36a: 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. APPC, Jeju, Korea, 2014
- 37a: 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
- 38a: 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
- 39a: Kawahara-Miki R, Kono T, Kansaku N, Suzuki S, Kuwayama T. Comparative genomic analysis for identification of polymorphisms associated with the chicken

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

broodiness trait. 34th International Society for Animal Genetics Conference、西安、2014 年 7 月

40a: 石毛太一郎、平野貴、原ひろみ、万年英之、半澤惠、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

41a: 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巣行動発現制御に関する変異の探索 日本畜産学会大会、新潟、2013 年 9 月

42a: 杉山由香里、鈴木進悟、細道一善、椎名隆、平野貴、原ひろみ、半澤惠、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: 尾畠やよい、平尾雄二、in vitro において產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、尾畠やよい、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、原聰史、山上怜奈、竹内秀斗、長谷川沙紀、小肩実央、河野友宏、尾畠やよい、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: 尾畠やよい、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: 尾畠やよい、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: 尾畠やよい、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、尾畠やよい、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: 尾畠やよい、原聰史、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: 原聰史、川原玲香、尾畠やよい、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: 尾畠やよい、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: 横口恭子、原久美子 Na 回収・排出能力が高いヨシの K 吸収、日本土壤肥料学会年会(於 東

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

北大学)、2017 年 9 月

- 2c: 清水千佳、藤本尚志、渡辺智、大西章博、鈴木昌治、兼崎友、石毛太一郎、菊地英夫、秋葉道宏、草木湖における微生物群集の鉛直分布および季節変動 第 51 回日本水環境学会年会、熊本市、2017 年 3 月、
- 3c: 石田真由、藤本尚志、大西章博、蒋紅与、渡辺智、兼崎友、石毛太一郎、貧栄養ダム湖におけるアンモニア酸化古細菌の鉛直分布および分子系統 環境微生物系学会合同大会 2017、仙台市、2017 年 8 月(優秀ポスター賞)
- 4c: 石田真由、太布萌子、藤本尚志、大西章博、蒋紅与、渡辺智、兼崎友、石毛太一郎、貧栄養ダム湖におけるアンモニア酸化古細菌の鉛直分布および季節変動 第 52 回日本水環境学会年会、札幌市、2018 年 3 月
- 5c: Sakata Y. "Insights into the evolution of ABA signaling in plants from the study of bryophytes" 植物生理学会 盛岡 2016 年 3 月
- 6c: 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
- 7c: SasoY, 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
- 8c: 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
- 9c: 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- β -glucosyltransferase (AtCSLC4) and 6- α -xylosyltransferase (AtXXT1) in poplar. 日本植物生理学会年会、盛岡、2016 年 3 月
- 10c: 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- β -グルコシルトランスフェラーゼと 6- α -キシロ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
- 11c: 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
- 12c: 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
- 13c: 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: 伊藤晋作、細井昂人、広藤光季、田中啓介、佐々木康幸、浅見忠男、矢嶋俊介、ジベレリンによるストリゴラクトン生合成制御機構の解析、第59回日本植物生理学会年会、札幌市、2018年3月
- 2d: 岩槻健、マウスとサルの味蕾オルガノイド培養系、日本味と匂学会第 51 回大会、神戸、2017 年 9 月
- 3d: 岩槻健、オルガノイド培養系を用いた味蕾および消化管の機能解析、JAH 第 24 回総会・学術集会発表、東京、2017 年 6 月

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

- 4d: 岩槻健、難波みつき、熊木竣佑、大木淳子、今井啓雄、山根拓実、大石祐一、靈長類味蕾オルガノイド培養系の確立、日本農芸化学会 2017 年度大会、京都、2017 年 3 月 (トピックス賞)
- 5d: 岩槻健、味幹細胞培養系の確立、第 94 回日本生理学会大会、浜松、2017 年 3 月
- 6d: 伊藤晋作、野中詩織、勝山勉、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、1,10-Phenanthroline によるダイズシストセンチュウの孵化、日本農芸化学会関東支部大会、東京都、2016 年 10 月
- *7d: Wada K, Kikkawa Y. Identification of the gene mutations responsible for cataract in mouse and rat models. 招待講演. Crystalline Lens 2016 at Wakayama; Basic and Clinical Aspects. Wakayama, 4-5, Apr.
- 8d: 古屋薰実、宗形春花、内山博允、大久保咲、渡邊真、吉川欣亮、和田健太、ラットの小眼球症に関する遺伝子群の変異解析、第 14 回北海道実験動物研究会総会・学術集会 2017、網走、2017 年 7 月
- *9d: 和田健太、宗形春花、内山博允、大久保咲、渡邊真、阿部明弘、吉川欣亮、ラットの無眼球症に関する遺伝子群の探索、第 64 回日本実験動物学会総会、郡山、2017 年 5 月
- *10d: 和田健太、宗形春花、内山博允、大久保咲、吉川欣亮、NGS 解析に基づく NAK/Nokh ラットの小眼球症関連遺伝子のスクリーニング、第 13 回北海道実験動物研究会総会・学術集会 2016、札幌、2016 年 7 月
- *11d: 和田健太、宗形春花、内山博允、大久保咲、橋詰良一、吉川欣亮、NAK/Nokh ラットの無眼球症に関する複数の遺伝子座、第 63 回日本実験動物学会総会、川崎、2016 年 5 月
- 12d: 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
- 13d: 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
- 14d: 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
- 15d: 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
- 16d: 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: 前野慎太朗、佐々木鳳瑚、兼崎友、浜口悠、Glaezel Angelique Torres、富田理、中川純一、遠藤明仁、発酵豆乳製造スター Lactobacillus paraplatnarum D2-1 株の特徴解析、食品科学工学会北海道支部会、北海道、2018 年 3 月 (ベストプレゼンテーション賞)
- 2e: 前野慎太朗、梶川揚申、谷澤靖洋、兼崎友、久保田恵理、中川純一、有田正規、Leon Dicks、遠藤明仁、フルクトフィリック乳酸菌 Leuconostoc citreum F192-5 株の菌株特異的な環境適応に関する研究、日本農芸化学会 2018 年度大会、2018 年 3 月
- 3e: Maeno S, Tanizawa Y, Kanesaki Y, Kubota E, Kumar H, Dicks L, Salminen S, Nakagawa J, Arita M, Endo A. Genomic characterization of a fructophilic bee symbiont Lactobacillus kunkeei reveals niche-specific adaptation, FEMS2017, Valencia (Spain),

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

2017 年 7 月

- 4e: 遠藤明仁、谷沢靖洋、田中尚人、前野慎太朗、Himanshu Kumar、志和優、岡田早苗、吉川博文、Leon Dicks、中川純一、有田正規、*Fructobacillus* 属細菌と *Leuconostoc* 属細菌の比較ゲノム解析から明らかになった *Fructobacillus* 属細菌の退行的進化、日本乳酸菌学会、千葉、2016 年 7 月
- 5e: 前野慎太朗、谷沢靖洋、兼崎友、久保田恵理、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* の比較ゲノムから見える乳酸菌の環境適応、日本乳酸菌学会、千葉、2016 年 7 月
- 6e: 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
- 7e: 前野慎太朗、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
- 8e: 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: 大林龍胆、中町愛、渡辺智、吉川博文、宮城島進也、細胞成長に伴うゲノムコピー数の増加とその制御機構、日本ゲノム微生物学会 第 12 回年会、京都市、2018 年 3 月
- 2f: 丸山貴史、小林暢、角悟、高野(白鳥)初美、兼崎友、吉川博文、上田賢志、高野英晃、*Pseudomonas* 属細菌のクラス II LitR を介した光応答メカニズム、日本ゲノム微生物学会 第 12 回年会、京都市、2018 年 3 月
- 3f: 石垣媛菜、朝井計、吉川博文、シグマ因子の in vivo 進化実験、日本ゲノム微生物学会 第 12 回年会、京都市、2018 年 3 月
- 4f: 中原凌波、石川晴菜、板垣文子、甲賀栄貴、兼崎友、吉川博文、内山純爾、太田尚孝、*Synechocystis* sp. PCC6803 の S110914 欠損株は酸性ストレスに感受性を示す、日本ゲノム微生物学会 第 12 回年会、京都市、2018 年 3 月
- 5f: 神田健、安彦弦太、岩井伯隆、兼崎友、吉川博文、和地正明、大腸菌の酸耐性制御における TolC 外膜チャネルの役割、日本ゲノム微生物学会 第 12 回年会、京都市、2018 年 3 月
- 6f: 下山田悠希、水出理菜、朝井計、吉川博文、枯草菌における σ H 活性化機構の解明、日本ゲノム微生物学会 第 12 回年会、京都市、2018 年 3 月
- 7f: 川目貴裕、遠藤諭、岩井伯隆、兼崎友、吉川博文、和地正明、*Corynebacterium glutamicum* RNase E/G の機能解析、日本ゲノム微生物学会 第 12 回年会、京都市、2018 年 3 月
- 8f: 渡辺愛美、円谷優佑、大坂夏木、兼崎友、朝井計、吉川博文、アミノ酸飢餓への適応に関する枯草菌 RNA ポリメラーゼの変異解析、日本ゲノム微生物学会 第 12 回年会、京都市、2018 年 3 月
- 9f: 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、朝井 計プリンヌクレオチド生合成経路初発酵素 Prs による新規アミノ酸飢餓適応経路の解析、日本ゲノム微生物学会 第 12 回年会、京都市、2018 年 3 月
- 10f: 加藤浩、広瀬侑、兼崎友、藤澤貴智、中村保一、吉川博文、陸棲シアノバクテリアであるイシクラゲ (*Nostoc commune*) のゲノム解析、日本ゲノム微生物学会 第 12 回年会、京都市、2018

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

年 3 月

- 11f: 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, 朝井計、枯草菌における(p)ppGpp に依存しないアミノ酸飢餓適応機構の解析, 日本農芸化学会 2018年度大会、名古屋市、2018年3月
- 12f: 徳山麻里, 吉川博文, 朝井計, 原田翔太, 兼崎友、枯草菌168 株が挿入配列を持たない理由の解明, 日本農芸化学会 2018年度大会、名古屋市、2018年3月
- 13f: 渡辺葵, 山下園加, 井上拓也, 吉川博文, 朝井計、枯草菌における異種プロモーター認識能拡張の取り組み, 日本農芸化学会 2018年度大会、名古屋市、2018年3月
- 14f: 美田知也, 細村匡太郎, 渡辺智, 兼崎友, 板谷光泰, 朝井計, 吉川博文、シアノバチルスにおけるシアノバクテリア遺伝子大規模発現の試み, 日本農芸化学会 2018年度大会、名古屋市、2018年3月
- 15f: 中原凌波, 石川晴菜, 板垣文子, 甲賀貴栄, 兼崎友, 吉川博文, 内山純爾, 太田尚孝、*Synechocysits* sp. PCC 6803の酸性ストレス条件下におけるslI0914の転写解析, 日本植物生理学会 第59回年会、札幌市、2018年3月
- 16f: 香西紀子, 福田有里, 山野隆志, 兼崎友, 吉川博文, 福澤秀哉、De novo ランスク립トームアセンブリを用いた *Chaetoceros gracilis* におけるCCM 関連因子の探索, 日本植物生理学会 第59回年会、札幌市、2018年3月
- 17f: 北村夏美、法花津 匠、大塚 まみ、武井 若紗、小菅 是子、吉川博文、枯草菌分子シャペロン GroES/L による変異の蓄電池機能, 日本ゲノム微生物学会 第11回年会、藤沢市、2017年3月
- 18f: ベハラノフェリペ、チャクラボルティジョイディープ、水口千穂、兼崎友、吉川博文、岡田憲典、野尻秀昭、Genomic Analysis of Carbazole Degrading Bacteria from Different Environments, 日本ゲノム微生物学会 第11回年会、藤沢市、2017年3月
- 19f: 前田海成、広瀬侑、藤澤貴智、兼崎友、吉川博文、池内昌彦、繰り返し配列を介したゲノムシャッフルリングによる好熱性シアノバクテリアのゲノム構造の進化, 日本ゲノム微生物学会 第11回年会、藤沢市、2017年3月
- 20f: 阿部清孝、佐藤真幸、渡辺智、千葉櫻拓、園元謙二、門多真理子、吉川博文、*Enterococcus faecium* QU 50 株におけるカタボライト抑制機構の解析, 日本ゲノム微生物学会 第11回年会、藤沢市、2017年3月
- 21f: 小川なつみ、石毛太一郎、加藤広海、大坪嘉行、永田裕二、吉川博文、津田雅孝、フェナントレン分解細菌 *Mycobacterium* sp. EPa45 株のフェナントレンに対する転写応答, 日本ゲノム微生物学会 第11回年会、藤沢市、2017年3月
- 22f: 川目貴裕、遠藤諭、岩井伯隆、兼崎友、吉川博文、和地正明、*Corynebacterium glutamicum* におけるRNase E/Gと転写終結の関係, 日本ゲノム微生物学会 第11回年会、藤沢市、2017年3月
- 23f: 高松美沙樹、兼崎友、朝井計、吉川博文、枯草菌 RNAP コア酵素の変異による耐熱化と高温適応に対するトレードオフ, 日本ゲノム微生物学会 第11回年会、藤沢市、2017年3月
- 24f: 川口毅、渡辺智、板谷光泰、吉川博文、枯草菌ゲノムベクターを用いたシアノバクテリアゲノム編集系の構築, 日本ゲノム微生物学会 第11回年会、藤沢市、2017年3月
- 25f: 美田知也、細村匡太郎、渡辺智、兼崎友、板谷光泰、吉川博文、合成生物“シアノバチルス”におけるシアノバクテリア遺伝子の発現解析, 日本ゲノム微生物学会 第11回年会、藤沢市、2017年3月
- 26f: 渡辺正樹、渡辺葵、渡辺智、赤沼元気、河村富士夫、吉川博文、枯草菌リボソーム改変に

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

よる異種間における翻訳開始機構の多様性の解析、日本ゲノム微生物学会 第11回年会、藤沢市、2017年3月

- 27f: 大坂夏木、円谷優佑、高田啓、多喜乃雄太、兼崎友、渡辺智、千葉櫻拓、吉川博文、アミノ酸飢餓への適応に関する枯草菌RNAポリメラーゼの変異解析、日本ゲノム微生物学会 第11回年会、藤沢市、2017年3月 **(優秀ポスター賞)**
- 28f: 高田啓、植田修平、志波優、渡辺智、千葉櫻拓、内海龍太郎、吉川博文、枯草菌二成分制御系WalRK の熱ストレス応答と生育必須性に関する解析、日本農芸化学会 2017年度大会、京都市、2017年3月
- 29f: 朝井計、清水葉子、廣澤早香、高田啓、吉川博文、SigI とWalKR による枯草菌の増殖維持の制御ネットワークの解析、日本農芸化学会 2017年度大会、京都市、2017年3月
- 30f: 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 2017年度大会、京都市、2017年3月
- 31f: 渡辺正樹、渡辺葵、渡辺智、赤沼元気、河村富士夫、吉川博文、改変型リボソーム構築による異種間における翻訳開始機構の多様性の解析、日本農芸化学会 2017年度大会、京都市、2017年3月
- 32f: 北村夏美、法花津匠、大塚まみ、武井若紗、小菅是子、吉川博文、枯草菌分子シャペロンによる変異緩衝作用の検証、日本農芸化学会 2017年度大会、京都市、2017年3月
- 33f: 高松美沙樹、兼崎友、朝井計、吉川博文、枯草菌RNAPコア酵素の変異による耐熱化と高温適応に対するトレードオフ、日本農芸化学会 2017年度大会、京都市、2017年3月
- 34f: 木寺夏穂、小田嶋拓也、刀禰高広、竹内有、兼崎 友、吉川博文、朝井計、牧野修、rsiV 変異株における枯草菌ファージφ29の増殖阻害、日本農芸化学会 2017年度大会、京都市、2017年3月
- 35f: 赤沼元気、澤田真帆、多賀名智明、島田友裕、田中寛、大坂夏木、吉川博文、河村富士夫、山田康之、枯草菌FoF1 ATP 合成酵素活性調節の生理的意義の解明、日本農芸化学会 2017年度大会、京都市、2017年3月
- 36f: Takada H, Osaka N, Su'etsugu M, Yoshikawa H. Essentiality of WalRK for growth in *Bacillus subtilis* and its role under heat stress. 19th International Conference on Bacilli & Gram-Positive Bacteria, Berlin, 2017年6月
- 37f: 山野 隆志、新川 友貴、豊川 知華、王 連勇、兼崎 友、吉川 博文、福澤 秀哉、葉緑体Ca²⁺結合タンパク質CASによる核のCO₂応答性遺伝子発現とCO₂濃縮の制御、日本植物学会 第81回大会、野田市、2017年9月
- 38f: 廣岡 俊亮、広瀬 侑、兼崎 友、樋口 澄男、藤原 崇之、大沼 亮、恵良 厚子、大林 龍胆、宇塚 明洋、野崎 久義、吉川 博文、宮城島 進也、比較ゲノム解析による好酸性緑藻の酸性環境への適応機構の解明、日本植物学会 第81回大会、野田市、2017年9月8日～10日、日本植物学会 第81回大会、野田市、2017年9月
- 39f: 中原 凌波、石川 晴菜、甲賀 栄貴、板垣 文子、新垣 善之助、金丸 未来、岩田 直也、兼崎 友、吉川 博文、内山 純爾、太田 尚孝、*Synechocystis* sp. PCC6803の酸性ストレスに関わるSll0914の機能解析、日本植物学会 第81回大会、野田市、2017年9月
- 40f: 石川 晴菜、板垣 文子、甲賀 栄貴、中原 凌波、新垣 善之助、兼崎 友、吉川 博文、内山 純爾、太田 尚孝、*Synechocystis* sp.PCC6803におけるS-layerタンパク質Sll1951の機能解析、日本植物学会 第81回大会、野田市、2017年9月
- 41f: 河合 一輝、兼崎 友、吉川 博文、平沢 敏、長期間の継代培養を基盤とした出芽酵母へのグリセロール資化能の賦与、日本生物工学会 第69回大会、東京、2017年9月

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

- 42f: 菅原 卓也, 鎮西 真理子, 川又 透, 田島 直幸, 兼崎 友, 中平 洋一, 吉川 博文, 佐藤 直樹, 朝山 宗彦、新奇糸状性シアノバクテリアのSigB 相同性因子の特徴付と発現解析, 日本生物工学会 第69回大会、東京、2017年9月
- 43f: 大坂夏木, 高田啓, 多喜乃雄太, 兼崎友, 渡辺智, 千葉櫻拓, 朝井計, 吉川博文、枯草菌における(p)ppGpp に依存しないアミノ酸飢餓適応機構の解析, 日本遺伝学会 89回大会、岡山市、2017年9月 (**Best Papers 賞**)
- 44f: 木寺夏穂、小田嶋拓矢、刀禰高広、兼崎 友、吉川博文、牧野 修、*rsiV* 変異株における枯草菌 ファージφ29 の増殖阻害, 日本遺伝学会 88回大会、三島市、2016年9月
- 45f: 小島健司、古田芳一、矢原耕史、福世真樹、志波優、西海信、吉田優、東健、吉川博文、小林 一三、制限修飾系の違いを超えて水平伝播する遺伝情報はピロリ菌の種分化を妨げている?, 日本分子生物学会 第39回年会、横浜市、2016年11月
- 46f: 沖野凪沙、稻垣瑞穂、佐藤綾子、澤野博之、坪内美香、林将大、田中香お里、兼崎友、吉川博文、鈴木徹、*Staphylococcus aureus* に注目したアトピー性皮膚炎の重症化メカニズムの理解, 日本分子生物学会 第39回年会、横浜市、2016年11月
- 47f: 小田嶋拓矢、刀禰高広、兼崎友、竹内有、吉川博文、牧野修、バクテリオファージφ29の感染に抵抗性を持つ枯草菌変異株の探索と解析, 日本分子生物学会 第39回年会、横浜市、2016年11月
- 48f: 上妻美菜、石川晴菜、内山純爾、船水健斗、松橋歩、甲賀栄貴、板垣文子、兼崎友、吉川博文、太田尚孝、*Synechocystis* sp. PCC6803の酸性順化株が持つFoF1-ATPaseの性質, 日本分子生物学会 第39回年会、横浜市、2016年11月
- 49f: 木寺 夏穂、小田嶋拓矢、刀禰高広、竹内有、兼崎友、吉川博文、牧野修、*rsiV* 変異株における枯草菌ファージΦ29の増殖阻害, 日本分子生物学会 第39回年会、横浜市、2016年11月
- 50f: 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
- 51f: 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
- 52f: 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
- 53f: 高松美沙樹、兼崎友、朝井計、吉川博文、熱耐性と胞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
- 54f: 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
- 55f: 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
- 56f: 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
- 57f: 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、アミノ基キャ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
- 58f: 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

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

一男、葛山智久、西山真、II 型アミノ基キャ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

59f: 三輪瞬平、吉岡誠訓、紀平絵梨、仲曾根薰、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

60f: 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

61f: 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

62f: 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

63f: 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

64f: 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する 第57回日本植物生理学会年会、盛岡、2016年3月

65f: 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

66f: 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

67f: 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

68f: 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

69f: 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

70f: 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

71f: 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)ppGpp⁰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

72f: 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

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

- 73f: 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
- 74f: 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
- 75f: 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
- 76f: 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
- 77f: 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
- 78f: 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
- *79f: 和久大介、瀬川高弘、米澤隆弘、秋好歩美、石毛太一郎、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
- 80f: 明石基洋、吉川博文、枯草菌における3'→5' エキソス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
- 81f: 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
- 82f: 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
- 83f: 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
- 84f: Kanesaki Y, Ohbayashi R, Watanabe S, Yoshikawa H. Identification of the associated genes for substrate-specific phenotypes of a cyanobacterium *Synechococcus elongatus* PCC 7942. 15th International Symposium on Phototrophic Prokaryotes. Germany, 2015年8月
- 85f: 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
- 86f: 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
- 87f: 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

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

- 88f: 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
- 89f: 細村匡太朗、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
- 90f: 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
- 91f: Watanabe S, Ohbayashi R, Kanesaki 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
- *92f: 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
- 93f: 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、次世代シークエ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
- 94f: 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
- 95f: 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
- 96f: 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
- 97f: 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

<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)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)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 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>

Metagenome 解析パイプラインの公開を予定。

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

14 その他の研究成果等

a)生殖の機能制御

特許

- 1: 尾畠やよい、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.
- 2: 尾畠やよい、平尾雄二、林克彦 「始原生殖細胞を卵子に分化させる培養法」
"Culture Method For Differentiating Primordial Germ Cells Into Functionally Mature Oocytes" Yayoi Obata, Yuji Hirao, Katsuhiko Hayashi
(ベンチャー企業との間でライセンス契約が成立した)
特許(PCT 出願) PCT/JP2016/077574

d)生物の形態制御

報道

- 1: 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。(*d2)
- 2: 味細胞の発現する遺伝子群を特定したことが日経産業新聞(2017年6月29日)に掲載された。

e)生物機能の食資源生産への応用

产学連携

- 1: 生物機能の食資源生産への応用分野では、ホップに関してサッポロビール株式会社との連携により研究を進めている。

f)ゲノム情報の保全と進化科学

報道

- 1: 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。(*f14)

その他

- 1: 本ゲノムセンターが農学拠点として日経産業新聞(2017年9月5日)に紹介記事が掲載された。

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

15 「選定時」及び「中間評価時」に付された留意事項及び対応

<「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、外部の意見を取り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行っている。

<「中間評価時」に付された留意事項>

該当なし。

<「中間評価時」に付された留意事項への対応>

該当なし。

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 閣 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	47,386	15,795	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				
平成二十八年度	施 設	0	0	0	0	0	0	
	装 置	0	0	0	0	0	0	
	設 備	9,063	9,063	0	0	0	0	
	研 究 費	140,913	89,128	51,785				
平成二十九年度	施 設	0	0	0	0	0	0	
	装 置	0	0	0	0	0	0	
	設 備	0	0	0	0	0	0	
	研 究 費	149,920	96,648	53,272				
総 額	施 設	0	0	0	0	0	0	0
	装 置	0	0	0	0	0	0	0
	設 備	111,436	43,188	68,248	0	0	0	0
	研 究 費	631,737	379,996	251,741	0	0	0	0
総 計		743,173	423,184	319,989	0	0	0	0

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

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 ²	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 m²

《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	4,438 h	99,950	49,975	私学助成
(研究設備) ・新型シーケンサー (MiSeqシステム)	H25年度	MS-J-001	2	4,710 h	32,445	21,630	私学助成
・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	804 h	35,000	23,333	私学助成
・アコースティックソルビライザー	H28年度	S220	1	77.2 h	9,063		

稼働時間は25年度以降通年稼働した後の年間平均値、

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 使 途	金 額	主 な 内 容
教 育 研 究 経 費 支 出				
消 耗 品 費	36,559	研究用消耗品	36,559	研究用試薬、サンプル調製用試薬 他
光 熱 水 費	0		0	
通信運搬費	151	通信費	151	インターネット使用料
印刷製本費	472	印刷費	472	報告書作成
旅費交通費	491	学会参加、研究打合せ	491	学会・研究打合せ旅費
報酬・委託料	39,498	委託管理	39,498	解析支援、研究機器保守
(その他)	2,770	雑費、修繕費 他	2,770	学会参加費等、塩基配列解析、研究機器修繕 他
計	79,941			
ア ル バ イ ト 関 係 支 出				
人件費支出				月額 420千円 年間月数6ヶ月 実人数1人
(兼務職員)	13,974	研究補助・事務	13,974	月額 415千円 年間月数4ヶ月 実人数1人
教育研究経費支出	0			月額 385千円 年間月数9ヶ月 実人数1人
計	13,974			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				
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	ワークステーション 他
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	主 な 内 容
教 育 研 究 経 費 支 出				
消 耗 品 費	75,501	研究用消耗品	75,501	研究用試薬、サンプル調製用試薬 他
光 熱 水 費	0		0	
通 信 運 搬 費	123	通信費	123	インターネット使用料
印 刷 製 本 費	493	印刷費	493	報告書作成
旅 費 交 通 費	847	学会参加、研究打合せ	847	学会・研究打合せ旅費
報 酬・委 託 料	38,454	委託管理	38,454	解析支援、研究機器保守
(その他の)	2,763	雑費、修繕費 他	2,763	学会参加費等、複写費、研究機器修繕 他
計	118,181			
ア ル バ イ ト 関 係 支 出				
人件費支出 (兼務職員)	15,183	研究補助	15,183	月額 420千円 年間月数12ヶ月 実人数1人 月額 340千円 年間月数12ヶ月 実人数1人 月額 320千円 年間月数12ヶ月 実人数1人 月額 180千円 年間月数12ヶ月 実人数1人 交通費年間 63千円 実人数1名
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500万円未満のもの)				
教育研究用機器備品	6,615	サンプル調整、解析 他	6,615	サンプル調整用機器、ワークステーション 他
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			

(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	主 な 内 容
教 育 研 究 経 費 支 出				
消 耗 品 費	48,052	研究用消耗品	48,052	研究用試薬、サンプル調製用試薬 他
光 熱 水 費	0		0	
通 信 運 搬 費	124	通信費	124	インターネット使用料
印 刷 製 本 費	732	印刷費	732	報告書作成
旅 費 交 通 費	1,312	学会参加、研究打合せ	1,312	学会・研究打合せ旅費
報 酬・委 託 料	31,719	委託管理、講師謝礼	31,719	解析支援、研究機器保守 他
(その他の)	1,731	会費・雑費、修繕費 他	1,731	学会参加費、塩基配列解析、研究機器修繕 他
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	6,745	月額 342千円 年間月数12ヶ月 実人数1人 月額 195千円 年間月数12ヶ月 実人数1人 時給 1,060円 年間時間数203時間 実人数1名 交通費年間 85千円 実人数2人
教育研究経費支出	112	研究補助	112	時給1060円 年間時間数96時間 交通費11千円 実人数1人
計	6,857			
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	5,124	サンプル調整、解析 他	5,124	サンプル調整用機器、ワークステーション 他
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	学内2人
研究支援推進経費				
計	9,300			

法人番号	131064
プロジェクト番号	S1311017

(千円)

年 度	平成 28 年度			
小 科 目	支 出 額	積 算 内 訳		
		主 な 使 途	金 額	主 な 内 容
教 育 研 究 経 費 支 出				
消 耗 品 費	74,714	研究用消耗品	74,714	研究用試薬、サンプル調製用試薬、他
光 熱 水 費	0		0	
通 信 運 搬 費	124	通信費	124	インターネット使用料
印 刷 製 本 費	804	印刷費	804	ニュースレター(報告書)作成
旅 費 交 通 費	612	学会参加、研究打合せ	612	学会・研究打合せ旅費
報 酬・委 託 料	34,679	委託管理、講師謝礼	34,679	解析支援、研究機器保守、セミナー講師謝礼
(その他の)	2,027	会費、雑費、修繕費 他	2,027	学会参加費、論文投稿費、研究機器修繕 他
計	112,960			
ア ル バ イ ト 関 係 支 出				
人 件 費 支 出	9,203	研究補助	9,203	月額 345千円 年間月数12ヶ月 実人数1人 月額 210千円 年間月数12ヶ月 実人数1人 月額 310千円 年間月数8ヶ月 実人数1人 交通費年間 63千円 実人数1人
(兼務職員)				
教 育 研 究 経 費 支 出				
計	9,203			
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	9,174	サンプル調製、薬品保管 他	9,174	メデカルフリーザー、ワークステーション、サンプル調製用機器 他
図 書				
計	9,174			
リサーチ・アシスタント				
ポスト・ドクター	9,576		9,576	学内2人
研究支援推進経費				
計	9,576			

(千円)

年 度	平成 29 年度			
小 科 目	支 出 額	積 算 内 訳		
		主 な 使 途	金 額	主 な 内 容
教 育 研 究 経 費 支 出				
消 耗 品 費	74,371	研究用消耗品	74,371	研究用試薬、サンプル調製用試薬 他
光 熱 水 費	0		0	
通 信 運 搬 費	124	通信費	124	インターネット使用料
印 刷 製 本 費	867	印刷費	867	報告書作成
旅 費 交 通 費	1,653	学会参加、研究打合せ	1,653	学会・研究打合せ旅費
報 酬・委 託 料	42,705	委託管理、講演謝礼	42,705	解析支援、研究機器保守、シンポジウム講演謝礼
(その他の)	3,882	会費、雑費、修繕費 他	3,882	学会参加費、論文投稿費、研究機器修繕 他
計	123,602			
ア ル バ イ ト 関 係 支 出				
人 件 費 支 出	10,623	研究補助	10,623	月額 345千円 年間月数12ヶ月 実人数1人 月額 220千円 年間月数12ヶ月 実人数1人 月額 315千円 年間月数12ヶ月 実人数1人 交通費年間 63千円 実人数1人
(兼務職員)				
教 育 研 究 経 費 支 出				
計	10,623			
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	7,871	サンプル調製、解析 他	7,871	サンプル調製用機器、ワークステーション、サーバー 他
図 書				
計	7,871			
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	7,824		7,824	学内2人
研究支援推進経費				
計	7,824			